

**REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE**  
**Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche scientifique**

**Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem**  
**Faculté des sciences de la nature Et de la vie**  
**كلية علوم الطبيعة و الحياة**

**DÉPARTEMENT D'AGRONOMIE**



**Mémoire de fin d'études en vue de L'obtention du Diplôme**  
**MASTER EN AGRONOMIE**

**Spécialité: GENETIQUE ET**  
**REPRODUCTION ANIMALE**

**Thème**

**Impact de l'épigénétique sur la sélection**  
**génétique des bovins laitiers**

**Réalisé par : Benguerinat sana**

**Devant le jury :**

**Président : Mr Sebai Ali**

**MCB. Université Abdel Hamid Ibn Badis MOSTAGANEM**

**Encadreur : Fassih Aicha**

**MAA. Université Abdel Hamid Ibn Badis MOSTAGANEM**

**Examineur : SISbane Ismahane**

**MAA. Université Abdel Hamid Ibn Badis MOSTAGANEM**

**Année Universitaire 2021/ 2022**

## ***Remerciement***

Avant tout, louange à Dieu qui m'a donné l'aide et le courage pour réaliser ce travail. Je tiens à exprimer ma profonde gratitude à mon encadreur *Mme. FASSIH AICHA* qui m'a guidé *pour mener à bien cette étude, pour ses conseils et ses orientations.*

, avec patience, confiance et ses précieux conseils. mes vifs remerciements vont également aux membres du jury pour l'intérêt qu'ils ont porté à notre recherche en acceptant d'examiner notre travail et de l'enrichir par leurs propositions

Je remercie aussi :

\*sans oubliés Aussi le personnel administratif du DSA de Relizane  
Enfin, je remercie chaleureusement ma famille et mes proches.

The word "Merci" is written in a cursive, handwritten style in black ink. To the right of the word, the tip of a black pen nib is visible, as if it has just finished writing the word.

## *Dédicaces*

Avec l'expression de ma reconnaissance, je dédie ce modeste travail à ceux qui, quels que soient les termes embrassés, je n'arriverais jamais à leur exprimer mon amour sincère.

A l'homme, mon précieux offre du dieu, qui doit ma vie, ma réussite et tout mon respect : **mon cher père.**

A la femme qui a souffert sans me laisser souffrir, qui n'a jamais dit non à mes exigences et qui n'a épargné aucun effort pour me rendre heureuse: **mon adorable mère.**

A ma chère sœur " **Nabila, Amina, Manal**" et mon frère "**Mostapha**".qui n'ont pas cessée de me conseiller, encourager et soutenir tout au long de mes études. Que Dieu les protège et leurs offre la chance et le bonheur.

### *Résumé*

L'épigénétique est un facteur qui a une incidence sur la production laitière. La présente étude visait à établir la relation d'épigénétique essentiellement la mammite et sous-alimentation sur la production laitière.

La recherche portait sur le suivi de la production de 30 vaches de la race montbéliarde du même âge et du même stade de lactation.

L'analyse des résultats révèle que l'épigénétique a une influence considérable sur la production laitière quotidienne moyenne des vaches.

**Mots-clés:** épigénétique - production laitière –mammite –vache laitière –sous-alimentation.

### *Abstract*

Epigenetics Is a factor that affects milk production. The present study aimed to establish the relationship of epi genetics mainly mastitis and undernutrition on milk production.

The research involved monitoring the production of 30 cows of the Montbéliarde breed of the same age and the same stage of lactation.

Analysis of the results reveals that epi genetics has a considerable influence on the average daily milk production of cows.

**Keywords:** epigenetics, mastitis, milking frequency, undernourishment dairy cow.

### الملخص

علم التخلق هو عامل يؤثر على إنتاج الحليب. هدفت الدراسة الحالية إلى تحديد علاقة الوراثة الوراثية بشكل رئيسي التهاب الضرع ونقص التغذية بإنتاج الحليب.

تضمن البحث مراقبة إنتاج 30 بقرة من سلالة مونبيليارد من نفس العمر ونفس مرحلة الإرضاع.

يكشف تحليل النتائج أن الجينات الوراثية لها تأثير كبير على متوسط إنتاج الحليب اليومي للأبقار.

الكلمات المفتاحية: الوراثة اللاجينية ، التهاب الضرع ، تكرار الحلب ، نقص التغذية ، بقرة حلوب

## Table des matières

*Remerciement*

*Dédicaces*

*Résumé*

Table des matières

Liste des figures

Introduction : ..... 2

### **CHAPITRE 1**

#### *Evaluation de production laitière chez la vache laitière*

I. Situation laitière en Algérie..... 5

I.1. Production laitière en Algérie ..... 5

I.1.1. Zones de productions laitières : ..... 5

I.2. Evolution de la production laitière : ..... 5

I.3. Collecte : ..... 6

I.4. Transformation ..... 6

I.5. Importations : ..... 7

II. Bonnes pratiques d'élevage appliquées à la production bovine  
laitière : ..... 8

II.1. Choix des races ..... 8

II.2. Gestion de la reproduction ..... 9

### **CHAPITRE 2**

#### *LA SELECTION GENETIQUE*

1- Mieux comprendre la sélection génétique : ..... 11

2 - Le progrès génétique, indissociable de la variabilité génétique :... 12

2-1- La génétique quantitative classique et les évaluations polygéniques : ..... 12

2-2 - Les évaluations génomiques : ..... 13

3 - Les conséquences de la sélection sur la variabilité génétique et le  
compromis progrès/variabilité : ..... 13

4 - La diversité génétique : importance et lien avec la sélection..... 14

## Table des matières

---

4-1 - Diversité et dépression de consanguinité :.....	15
4-2 - Diversité et potentiel adaptatif : .....	15
<b>5-La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables:</b>	<b>16</b>
5.1/Caractères de robustesse :.....	17
<b>6-Evaluations génétiques : .....</b>	<b>18</b>
6-1/Objectifs de sélection et index de synthèse .....	19
6-2/Les leviers génétiques renouvelés avec la sélection génomique :.....	19
6-2.1/Principe général des évaluations génomiques .....	19
6-3/Conséquences pour les programmes de sélection en bovins laitiers :.....	20
<b>7- Opportunités offertes par la sélection génomique :.....</b>	<b>21</b>
<b>8-Nouveaux caractères, opportunités pour la durabilité ? .....</b>	<b>21</b>

### **CHAPITRE III**

CHAPITRE III

#### *L'épi-génétique*

<b>1. Introduction :.....</b>	<b>24</b>
<b>2. Les différentes marques épi génétiques :.....</b>	<b>24</b>
2-1 Les modifications post-traductionnelles des histones : .....	24
2-2-Les ARN non-codants :.....	25
<b>3- Méthylation de l'ADN : .....</b>	<b>26</b>
3-1) Principe général.....	26
3-2) Méthyltransférases de l'ADN : .....	27
<b>4- Effet De L'épigénétique Sur Les Paramètres Physico-chimique Du Lait :28</b>	
<b>5. Mécanismes épigénétique contrôlant la différenciation cellulaire. 28</b>	
5.1. Glande mammaire.....	28
5.2. Endomètre.....	29
<b>6. Environnement et production laitière : .....</b>	<b>29</b>
<b>7. Conclusion .....</b>	<b>31</b>

### **CHAPITRE IV**

CHAPITRE IV

#### *Partie expérimentale*

<b>I. présentation .....</b>	<b>33</b>
------------------------------	-----------

## Table des matières

---

<b>1. Objectif :</b> .....	<b>33</b>
<b>2. présentation de la région:</b> .....	<b>33</b>
<b>3. présentation de l'exploitation :</b> .....	<b>34</b>
<b>4. Présentation du troupeau :</b> .....	<b>35</b>
<b>5. L'alimentation :</b> .....	<b>36</b>
5.1 Utilisation de sous-produits agro-alimentaire : .....	36
5.2 Stockage des aliments : .....	37
5.3 Rationnement de la vache laitière : .....	37
<b>6. Conduite de la reproduction :</b> .....	<b>37</b>
6.1. La détection de chaleur : .....	37
6.2. Saillie naturel : .....	37
<b>7-Méthodologie de travail:</b> .....	<b>37</b>
7.1- Matériels et méthodes : .....	38
7.1.1- Personnels de l'exploitation : .....	38
7.1.2. Equipements bâtiments : .....	38
7.1.3-Construction des Bâtiments d'élevage: .....	38
<b>8. Hygiène et prophylaxie :</b> .....	<b>39</b>
<b>II. Résultats et Discussions</b> .....	<b>40</b>
1- Résultat .....	40
2. Discussion:.....	42
2.1 Production moyenne des vaches mammites : .....	42
2.2 Production moyenne des vaches sous-alimentations : .....	42
<b>CONCLUSION :</b> .....	<b>44</b>
<b>Quelque définition :</b> .....	<b>45</b>
<b>Reference bibliographies: :</b> .....	<b>48</b>
<b>ANNEXE:</b> .....	<b>46</b>



# Liste des figures

---

## Liste des figures

### Chapitre 01 : Evaluation de production laitière chez la vache laitière

**Figure 01** : Répartition des capacités de transformation par type de produits..... 07

**Figure 02** : Evolution des importations alimentaires et des importations laitières de l'Algérie (2000- 2012) *Valeur en milliards USD*.....08

### Chapitre 03 : L'épigénétique

**Figure 01** : Méthylation des histones (Betty Lafon / Sciences et Avenir).....22

**Figure 02** : Mécanismes de régulation des transposons par les piARN ..... 22

**Figure03** : Réaction de méthylation d'une cytosine par les méthyltransférases de l'ADN..... 24

### Chapitre 04 : partie expérimentale

**Figure01** : localisation de la région de la commune Zemmora \_Relizane..... 27

**Figure02** : délimitation géographique de la ferme..... 28

**Figure 03** : la ferme..... 28

**Figure 04**: les vaches laitières (Montbéliarde ; Holstein)..... 29

**Figure 05**: veaux de race Montbéliarde..... 30

**Figure06** :salledetraite.....32

## *LISTE DES TABLEAUX*

**Tableau 1** : liste d'élevage bovins utilise dans la ferme.....29

**Tableau 2** : rationnement de la vache laitière..... 31

**Tableau3** : la production laitier des vache (premier contrôle laitier).....34

**Tableau 4** : La production laitière des vaches (deuxième contrôle laitier) .....35

**Tableau5**: les résultats de comparaison de production laitière moyenne entre les vaches à Bonne état sanitaire et les vaches mammites.....36

**Tableau 6** : les résultats de comparaison de production laitière moyenne entre les vaches saines et les vaches sous-alimentées.....36

# Liste des abréviations

---

## Liste des abréviations

ADN : acide désoxyribonucléique

ARN : acide ribonucléique

H2A H2B, H3,H4 : sont les protéines composant en octamère qui formé histone

G; guanine

C: Cytosine

DNMT: ADN methyl transférase

CPG: cytosine-phosphate-guanine

SINE : Séquences répétées du génome

SAM: S-adenosine methionine

HAT: histones acetyl transférase

# ***INTRODUCTION***

---

# ***INTRODUCTION***

### Introduction :

La production laitière constitue un secteur stratégique de la politique agricole algérienne, notamment pour son rôle de fournisseur de protéines animales face à une croissance démographique galopante, ainsi que pour son rôle de créateur d'emploi et de richesses (Ouakli et Yakhlef, 2003).

En amont de la filière, la production laitière est assurée en grande partie pour environ 80% par le cheptel bovin (Kacimi El Hassani, 2013).

Les programmes d'intensification des différentes productions animales et notamment, celle de la production laitière par l'importation de génisses à haut potentiel de production, n'ont pas permis la satisfaction des besoins nationaux. En effet, l'Algérie est considérée comme l'un des grands pays consommateurs en ce qui concerne la filière lait et dérivés, et cela est dû aux traditions alimentaires, à la valeur nutritive du lait, à sa substitution aux viandes relativement chères et le soutien de l'Etat, qui sont autant de paramètres qui ont dopé la demande. Une demande qui ne peut être satisfaite par la production laitière nationale. Celle-ci a atteint environ 03 milliards de litres en 2011, soit un accroissement de 84% par rapport à l'année 2000 ; année de lancement du plan National de Développement Agricole (PNDA).

La consommation de lait a connu une augmentation rapide, elle passe successivement de 54 l/hab./an en 1970 à 112 l/hab./an en 1990, pour atteindre les 120L de nos jours (Kacimi El Hassani, 2013).

L'efficacité de la reproduction des vaches laitières est un facteur clef dans la détermination de la production du lait et du calcul de la rentabilité. Pour optimiser la rentabilité d'un élevage bovin, l'objectif est de produire un veau par vache et par an. Ce veau doit être en bonne santé et pourvu d'un patrimoine génétique correct. Afin d'atteindre ces objectifs il faut assurer un taux élevé de mise à la reproduction des vaches ainsi qu'un taux de fécondité élevé. Une multitude de facteurs peuvent influencer les performances de reproduction des vaches laitières. Qu'il soit question d'ajuster l'alimentation, de revoir la gestion de la période de transition ou même d'améliorer le confort à l'étable.

Par ailleurs, les processus épigénétiques impliqués dans la reprogrammation des génomes tels que le remodelage de la chromatine, la Méthylation de L'ADN et l'empreinte parentale, les modifications des histones ont un rôle important encore largement sous-estimé, dans le contrôle de l'expression génique et le développement des phénotypes. Ces modifications épigénétiques prennent place principalement au cours de deux périodes critiques : élaboration des gamètes et période péri-conceptionnelle, elles ont un impact physiologique et physiopathologique considérable sur l'implantation, la placentation, le développement de l'embryon et celui de l'unité fœto-placentaire. De plus en plus des données montrent que ces modifications épigénétiques ont un impact sur le phénotype avec, parfois une longue latence. Ce travail a pour objectif d'un côté d'établir un diagnostic de la situation d'une exploitation de point de vue d'étudier l'influence de l'épigénétique sur les paramètres de la production.

# ***Partie Bibliographique***

---

# ***CHAPITRE 1***

---

*CHAPITRE 1*

*Evaluation de production laitière chez la vache laitière*

### I. Situation laitière en Algérie

#### I.1. Production laitière en Algérie

La production laitière constitue un secteur stratégique de la politique agricole algérienne, notamment pour son rôle de fournisseur de protéines animales face à une croissance démographique galopante, ainsi que pour son rôle de créateur d'emploi et de richesses (Ouakli et Yakhlef, 2003).

En amont de la filière, la production laitière est assurée en grande partie pour environ 80% par le cheptel bovin (Kacimi El Hassani, 2013).

Les programmes d'intensification des différentes productions animales et notamment, celle de la production laitière par l'importation de génisses à haut potentiel de production, n'ont pas permis la satisfaction des besoins nationaux. En effet, l'Algérie est considérée comme l'un des grands pays consommateurs en ce qui concerne la filière lait et dérivés, et cela est dû aux traditions alimentaires, à la valeur nutritive du lait, à sa substitution aux viandes relativement chères et le soutien de l'Etat, qui sont autant de paramètres qui ont dopé la demande. Une demande qui ne peut être satisfaite par la production laitière nationale. Celle-ci a atteint environ 03 milliards de litres en 2011, soit un accroissement de 84% par rapport à l'année 2000 ; année de lancement du plan National de Développement Agricole (PNDA).

La consommation de lait a connu une augmentation rapide, elle passe successivement de 54 l/HAB/an en 1970 à 112 l/HAB/an en 1990, pour atteindre les 120L de nos jours (Kacimi El Hassani, 2013).

##### I.1.1. Zones de productions laitières :

On distingue trois zones de productions déterminées sur la base des conditions de milieu, principalement le climat :

**A-** Une zone littorale et sublittorale à climat humide. Cette zone représente 60% de l'effectif bovin laitier et 63% de la production de lait, fortement liée à la production fourragère, où elle présente une superficie de 60.90% des superficies fourragères totales.

**b-** Une zone agropastorale et pastorale à climat semi aride et aride, représentant 26% de l'effectif bovin laitier et 26% de la production du lait cru. Cette zone renferme 31.8% des superficies fourragères totales.

**C-** Une zone saharienne à climat désertique, représente 14% de l'effectif de bovin laitier, et 11% de la production de lait cru, et un apport fourrager ne dépassant pas les 7,3% de l'ensemble des superficies (Temmar, 2005).

##### I.2. Evolution de la production laitière :

La production laitière collectée durant l'année 2012, était de 756 millions de litres, dont près de 160 millions de litre par les 14 filières du secteur laitier public. Près de 80% du lait collecté est valorisé sur les circuits de transformations du secteur privé au nombre de 139 unités, conventionnées avec l'ONIL dont une dizaine exploitant intégralement du lait cru et bénéficiant de la prime d'intégration de 6 DA/l (ITLEV, 2013).

La production totale de lait en Algérie a atteint 2,92 milliard de litres en 2011 dont 73 % de lait de vache (figure 01). En 2009, la production a atteint 2,39 milliards de

## **Chapitre 01 : évaluation de production laitières chez la vache laitière**

---

litres dont 73 % de lait de vache, 16 % de lait de brebis, 9 % de lait de chèvre et 2 % de lait de chamelle. Selon les années, la production de lait de vaches participe à hauteur de 70 à 75 % dans la production nationale de lait. De plus l'essentiel du lait colleté est le lait de vache.

### **I.3. Collecte :**

La collecte de lait qui fait l'objet d'un intérêt particulier des autorités publiques connaît une tendance à la hausse. Nous signalerons avec prudence l'augmentation du taux de collecte en 2009, 2010 et 2011. Pour la période 2009-2011, le taux est respectivement de 13, 15 et 18 % (Brabez, 2011). La dynamique de la collecte de lait est enclenchée depuis 2009. Elle peut en partie s'expliquer par la revalorisation de la prime à la collecte. En effet, en 2009, la filière lait est marquée par l'augmentation des primes à destination des producteurs, collecteurs et éleveurs. La perception de ces primes étant liée à une convention dite de fourniture de lait cru. L'éleveur s'engage à fournir un lait :

- 1/Non mouillé ni écrémé ;
- 2/Non mélangé avec le colostrum, et non issu de vaches malades ou traitées aux antibiotiques ;
- 3/Réfrigéré à une température de 4° à 8°C ;
- 4/Ne doit pas être mélangé avec aucun autre type de laits (lait reconstitué, lait de chèvre...etc.);
- 5/Ne contenant pas d'impuretés physiques, ni être coloré, ni avoir de mauvaise odeur
- 6/De densité comprise entre 1028 et 1033 à 20° C;
- 7/Non acide au moment de l'enlèvement.

Le lait livré à la laiterie doit être de qualité standard et doit contenir 34 Gr de matière grasse par litre. Toutefois, pour encourager les éleveurs à livrer du lait de bonne qualité un système de prime de qualité (matière grasse) est instauré (une bonification de 0,50 DA, pour chaque gramme de matière grasse (MG) supérieur à 34 grammes de MG).

Les transformateurs déploient, aussi, des stratégies qui peuvent constituer des incitations non négligeables pour les éleveurs. En effet, à titre d'exemple, une entreprise comme SOUMMAM qui achète le lait à 46 DA le litre - lequel prix englobe le prix d'achat du lait, la prime, un supplément de près de 4 DA en assurant un paiement régulier. Ceci ne peut qu'inciter les éleveurs à lui livrer un maximum de son lait.

### **I.4. Transformation**

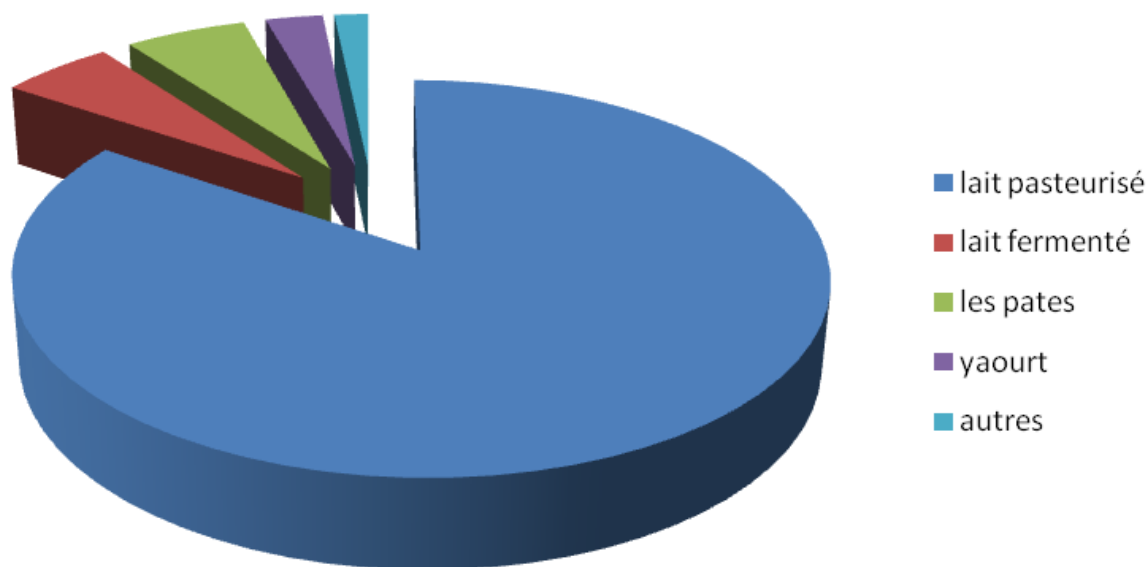
Il existe différents types d'unités de transformation en rapport avec les systèmes de production :

- 1/A la ferme
- 2/Artisanale au village
- 3/A l'usine.

Dans les deux premiers cas, le lait est utilisé immédiatement après la traite, comme il peut être apporté par les producteurs eux-mêmes dans le cas des unités



artisanales. Alors que les produits fabriqués sont destinés seulement à des marchés locaux. Pour le troisième cas, la transformation est beaucoup plus exigeante du fait qu'elle exige un système de stockage du lait refroidi et une collecte organisée. Ce type fabrique des produits adaptés au marché urbain en particulier (Fauconneau, 1989). De ce fait, et pour l'industrie laitière qui fonctionne essentiellement sur la base de matière première importée, la transformation du lait est destinée à la fabrication de lait pasteurisé qui représente la grande part des produits laitiers avec un taux de 81.90%, lait stérilisé à ultra haute température (UHT) et dérivés de lait d'où on trouve le lait fermenté (5.24%), les pâtes (5.64%), yaourt (2.67%) et autres (figure 01).



**Figure 01 : Répartition des capacités de transformation par type de produits.**

*Source* : Notre conception à partir des données de Cherfaoui, 2003.

Les activités de transformation sont le fait des industries laitières publiques et privés implantés sur l'ensemble du territoire, à proximité des grands centres de consommation (Hacini, 2007).

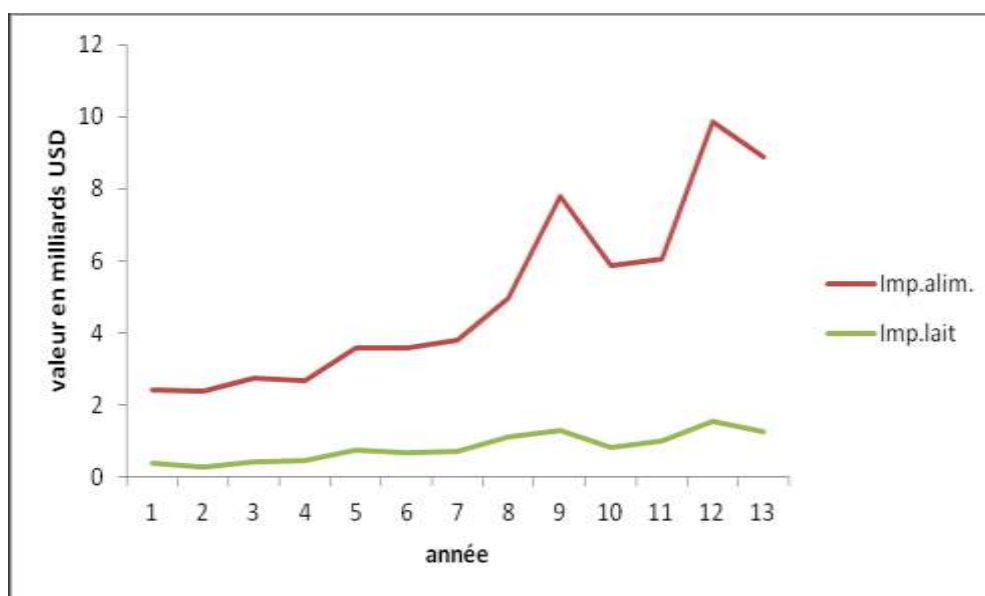
### **I.5. Importations :**

Acteur clé de l'industrie agroalimentaire, la filière Lait connaît une croissance annuelle de 8%. L'infrastructure industrielle a été conçue dans le but de répondre à une demande galopante pour le lait et les produits laitiers avec la perspective de développer la production laitière et d'en faire la principale source d'approvisionnement en matière première et de l'intégrer dans le processus de transformation. Mais avec un taux de collecte inférieur à 15%, cette filière reste, cependant, fortement dépendante de l'importation de poudre de lait (Mokdad, 2000 ; Hacini, 2007; SILAIT, 2008).

La flambée des prix de cette matière première sur le marché international a conduit les pouvoirs publics à mettre en œuvre un programme quinquennal (2009-2010) d'intensification des productions agricoles, à l'effet d'augmenter la production de lait de vache et de l'intégrer dans les circuits de la production (Bourbouze *et al.*, 1989 ; MADR, 2009 ).

En effet, selon l'Office National Interprofessionnel du lait en 2009, la production de lait cru a permis de par son intégration dans le processus de transformation au niveau des laiteries d'abaisser la facture d'importation de poudre de lait à environ 400 millions de dollars, contre 750 millions en 2008 (Bouziani, 2009).

**La figure 3** représente l'évolution des montants des importations alimentaires et laitières dépensés par l'Algérie pour la période (2000- 2012). Il est à remarquer que les importations laitières, représentent en moyenne 17% des importations des biens alimentaires durant la période étudiée, et suivent la même évolution des importations alimentaires globales. D'ailleurs l'Algérie est le deuxième importateur au monde de poudre de lait après la chine (Kacimi El Hassani, 2013).



**Figure 02 : Evolution des importations alimentaires et des importations laitières de l'Algérie (2000- 2012) Valeur en milliards USD.**

**Source:** Notre conception sur la base des données de Statistiques du Commerce Extérieur de L'Algérie (2000-2012), Ministère des finances, direction des douanes publié par Kacimi El Hassani, 2013.

## II. Bonnes pratiques d'élevage appliquées à la production bovine laitière :

Les performances des vaches laitières dépendent des pratiques d'élevage adoptives en matière de choix de races, de gestion de ressources, d'alimentation, de reproduction ainsi que l'hygiène ; ceux sont les principaux axes d'intervention dans toute stratégie d'appuis technique (Bari et Nati, 1993).

### II.1. Choix des races

Le choix d'une race de vache laitière correspond en générale à un but et a des objectifs escompté par l'éleveur. Elles sont sélectionnées notamment sur la production

de lait, en quantité et en qualité (Cauty et Perreau, 2003). La sélection exclusive sur le volume de production entraînerait une régression de certains constituants de lait ; taux butyreux et taux protéiques. Réciproquement, une sélection exclusive sur la qualité de lait diminuerait le volume de protéine. Il convient donc de disposer d'indices de sélection qui permettent de préserver une certaine progression de la productivité tout en améliorant la qualité (Roger, 1998).

La génétique explique une grande part des variations de taux butyreux, et l'on observe des écarts importants aussi bien à l'intérieur d'une race qu'entre les races. Ainsi, le lait des vaches de la race Normande est plus riche que le lait des Prim'Holstein ; alors que les races Jersey se distinguent par des laits très riches en matière grasse. Le lait de la race Montbéliarde possède la particularité d'avoir un taux protéique élevé et un faible taux butyreux, tandis que les laits produits par les vaches des races Holstein et Ayrshire sont relativement plus dilués (FAO, 1998).

De nombreuses études ont montré que les facteurs génétiques ont aussi un effet significatif sur le taux protéique. Des comparaisons effectuées par Alais (1984) et Rémond et Chilliard (1991) ont montré que les races Jersey, Guernsey et Montbéliarde se distinguent par des laits très riches en protéines, par rapport aux laits produits par les races Holstein et Ayrshire qui sont plus dilués.

### II.2. Gestion de la reproduction

La conduite de la reproduction est l'ensemble d'actes ou des décisions zootechniques jugées indispensable à l'obtention d'une fertilité et d'une fécondité optimales (Badinant *et al*, 2000).

L'amélioration de la maîtrise de la reproduction, ou simplement son évaluation, dans un troupeau laitier, nécessite de disposer de moyens de description, d'évaluation et d'investigation s'appuyant sur des critères de mesure des performances.

L'intervalle vêlage- vêlage (IVV) représente le temps nécessaire pour féconder une vache et combine le temps de retour en cyclicité après le vêlage avec le nombre d'IA nécessaires pour obtenir une fécondation et la durée de gestation. L'allongement de cet intervalle diminue la productivité laitière (Adem, 2000).

En production laitière, une mise bas tout les ans est indispensable pour déclencher une nouvelle lactation ainsi que la connaissance de particularité du cycle sexuel, la bonne détection des chaleurs et le moment favorable de l'insémination naturelle ou artificielle sont des. Éléments de bases pour la conduite du troupeau (Charron, 1986).

Dans les systèmes laitiers l'éleveur devra détecter les chaleurs, périodes pendant lesquelles une vache peut être saillie par un taureau ou inséminée artificiellement. Les vaches observées en chaleur le matin sont inséminées le soir, et les vaches détectées en chaleur l'après-midi sont inséminées le lendemain matin (Bonnier *et al*, 2004 ; Wattiaux, 2005).

# ***CHAPITRE 11***

---

***CHAPITRE 11***

***LA SELECTION GENETIQUE***

### 1- Mieux comprendre la sélection génétique :

C'est quoi ? Pourquoi ? Comment ?

La sélection génétique est un **outil de suivi et d'amélioration du troupeau**, tout comme l'alimentation, le suivi sanitaire ou encore le logement des vaches. C'est en maîtrisant et en combinant tous ces outils que l'éleveur permettra à ses animaux d'exprimer au mieux leur potentiel.

Il ne faut pas négliger l'importance de la génétique pour expliquer les performances des animaux. Par exemple, l'**héritabilité** du lait est de 40%, ce qui signifie que 40% des différences que l'on peut observer entre les vaches wallonnes pour la production de lait sont dues à leur potentiel génétique. Cette héritabilité est variable en fonction du caractère étudié. Elle est plus faible pour la fertilité par exemple et plus élevée pour des caractères de morphologie comme la taille. Mais dans tous les cas, la sélection génétique est un important levier d'amélioration des performances chez les bovins. De plus, la sélection génétique crée une amélioration permanente et cumulative.

Si un changement d'alimentation va rapidement montrer ses effets sur les performances des animaux, les effets positifs de la sélection génétique se cumulent au rythme des générations et prennent donc du temps avant d'être visibles. En outre, utiliser de bons taureaux augmente les chances que les vaches héritent de bons gènes mais ce n'est pas une garantie absolue.

De plus, les performances qu'on observe chez un animal sont le résultat de sa génétique mais aussi d'une série d'autres facteurs liés à l'environnement au sens large. Il s'agit par exemple de la conduite du troupeau mais aussi de la saison, des aléas climatiques, de l'âge de l'animal ou encore du nombre de jours en lait. Il est donc impossible d'identifier clairement les animaux qui ont une meilleure génétique ou encore de les comparer équitablement sur base de leurs performances seules. C'est pourquoi la sélection génétique se base sur les « **valeurs d'élevage** » souvent appelées « **index** » ou encore « **valeurs génétiques** » (voir encart « La valeur d'élevage et sa fiabilité »). Les valeurs d'élevage permettent de comparer le potentiel génétique des animaux de manière objective, en retirant de la performance observée l'influence de l'environnement. (Voir Figure 1).

*Figure 1*

$$P = G + E$$

*La performance (P) observée est la somme de la composante génétique (G) et de la composante environnementale (E). Le rôle des évaluations génétiques est de retirer la part environnementale de la performance observée*

### **2 - Le progrès génétique, indissociable de la variabilité génétique :**

#### **2-1- La génétique quantitative classique et les évaluations polygéniques :**

L'essor de la génétique quantitative et du modèle polygénique ont offert la possibilité de prédire la valeur génétique des animaux pour chaque caractère, c'est-à-dire la partie héritable et transmissible à la descendance. L'objectif est généralement d'augmenter la valeur génétique de la population d'une génération à la suivante (sélection directionnelle). La sélection des animaux reproducteurs s'effectue alors sur la base de la valeur génétique estimée pour chaque caractère ou une combinaison de différents caractères, et non plus à partir des performances ou phénotypes bruts dont une part est due à l'environnement. Les évaluations génétiques utilisent les phénotypes, ou performances, ainsi que les pedigrees, pour prédire le plus précisément possible la valeur génétique des animaux.

Pour obtenir la valeur génétique d'un animal, il est nécessaire de corriger son phénotype par les effets fixes identifiables, comme l'âge ou l'élevage d'origine. La part de variance phénotypique expliquée par la composante génétique, appelée hérabilité, est propre à chaque caractère et à chaque population. La notion d'hérabilité résulte essentiellement des travaux menés par Fisher (1918), Wright (1921) et Malécot (1948). On note l'hérabilité au sens strict  $h^2$  et on la calcule comme suit :

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$$

Avec  $\sigma_p^2$  la variance phénotypique observée dans la population et  $\sigma_a^2$  la variance génétique additive, c'est-à-dire la part de variabilité phénotypique observée due aux gènes et transmissible génétiquement à la descendance. La variance génétique correspond à la variabilité génétique du caractère d'intérêt. Plus l'hérabilité d'un caractère est élevée, plus le caractère sera facile à sélectionner car une part importante des variations entre individus s'expliquera de manière significative par la génétique. L'efficacité de la sélection pour un caractère dépend donc de la variabilité génétique de ce caractère.

Pour sélectionner efficacement les animaux, il est nécessaire que l'estimation de leur valeur génétique soit la plus précise possible. On mesure la précision des évaluations génétiques grâce au coefficient de détermination (CD), compris entre 0 et 1, défini comme le rapport entre la variance des valeurs génétiques estimées et la variance des valeurs génétiques (Laloë, 1993). Plus le CD sera proche de 1 et plus les évaluations seront précises. La valeur du CD dépend du nombre de performances enregistrées pour chaque animal et ses apparentés, ainsi que de l'hérabilité du caractère : plus l'hérabilité est élevée, plus la précision des évaluations sera élevée. Or, plus la variabilité génétique d'un caractère est élevée, plus son hérabilité sera élevée. La précision des évaluations dépend donc fortement de la variabilité génétique du ou des caractères évalués.

En sélection animale, et surtout dans les filières où l'insémination est la plus développée comme chez les bovins laitiers, le progrès génétique est généralement diffusé par la voie mâle, principalement car les mâles peuvent avoir une descendance plus nombreuse que les femelles et qu'il est plus simple technologiquement et d'un point de vue sanitaire de manipuler et diffuser du sperme que des ovocytes. De fait, de nombreux caractères de production animale ne sont exprimés que chez les femelles (production laitière, ponte, etc.). Dans ce cas, on estimera la valeur génétique d'un mâle en utilisant la production des femelles qui lui sont apparentées, selon le principe que la valeur génétique de celles-ci est égale en espérance à la moitié de celle de leur père. La précision de l'évaluation dépend alors de l'héritabilité du caractère mais également du nombre de descendantes avec performance.

### **2-2 - Les évaluations génomiques :**

Progressivement, les méthodes d'estimation de la valeur génétique des animaux ont évolué en relation étroite avec les nouvelles connaissances sur le génome. Dès le début des années 2000, les approches génomiques font leur apparition et leurs applications en sélection animale se dessinent. Le génome des principales espèces d'élevage est séquencé. Ces séquençages révèlent une grande variabilité de la séquence d'ADN au sein d'une même espèce, due à des changements ponctuels de nucléotides dans la séquence. Ces millions de polymorphismes localisés sont appelés *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs). De nombreux animaux ont alors été génotypés grâce à des puces à ADN de densité variable allant de quelques centaines à plusieurs millions de SNPs.

Les technologies de génotypage devenant de plus en plus efficaces et abordables, ceci a conduit au développement d'une nouvelle méthodologie d'estimation de la valeur génétique : l'évaluation génomique (Meuwissen et al. 2001).

### **3 - Les conséquences de la sélection sur la variabilité génétique et le compromis progrès/variabilité :**

Pour sélectionner efficacement, il est nécessaire que la variabilité génétique dans la population soit suffisante. Or, la sélection est une force évolutive qui modifie les fréquences génotypiques d'une génération à la suivante. Lorsque que la sélection est directionnelle, comme c'est souvent le cas en sélection dans les espèces de rente, alors la sélection modifie les fréquences alléliques en augmentant la fréquence des allèles favorables pour le caractère sélectionné, qui vont se propager au sein de la population. La fréquence des allèles défavorables va baisser voire devenir nulle (fixation). Ainsi, la sélection va faire baisser la variabilité génétique du caractère sélectionné et la diversité allélique des gènes impliqués dans le caractère et des régions du génome en déséquilibre de liaison avec ces derniers, c'est le phénomène de balayage sélectif dû au mécanisme d'auto-stop génétique (Smith et Haigh, 1974). Plus l'intensité de sélection est forte, plus la perte de variabilité génétique est rapide (Bulmer, 1971). Cela affecte

l'héritabilité et la précision des évaluations, qui vont baisser également. Cela risque de provoquer à moyen et long terme une baisse du progrès génétique annuel attendu, bien qu'à court terme le procédé soit efficace pour augmenter le niveau génétique de la population. De bonnes combinaisons alléliques sont fixées rapidement lorsque l'intensité de sélection est très forte mais cela empêche en même temps de composer de nouvelles combinaisons qui pourraient être avantageuses. Le progrès génétique est alors ralenti. Comme la sélection est généralement effectuée sur un grand nombre de caractères, parfois antagonistes, la recherche de compromis dans la sélection de ces différents caractères atténue en partie l'effet du balayage sélectif en faisant baisser l'intensité de sélection sur le génome.

La sélection n'est pas la seule force évolutive appliquée aux populations d'animaux domestiques. En effet, la sélection d'animaux reproducteurs d'élite mène souvent à une contribution très déséquilibrée des reproducteurs d'une génération à la suivante, ce qui va réduire la taille efficace des populations (voir la partie dédiée à ce concept dans le chapitre annexe page 145) et donc accentuer l'effet de la dérive génétique (Masel, 2011). Prioriser le maintien de la variabilité génétique, en limitant le déséquilibre de contribution des reproducteurs, ne permet pas d'atteindre un progrès génétique annuel aussi élevé qu'en absence de contrainte sur la variabilité génétique.

Il apparaît alors nécessaire de trouver un équilibre entre augmentation du progrès génétique et maintien de la variabilité génétique pour atteindre et maintenir sur le long terme une sélection efficace. Le compromis entre les deux dépend fortement du contexte et des enjeux de la population sélectionnée. Dans certaines races, les objectifs économiques de progrès génétique seront prioritaires dans un contexte de forte concurrence. Dans d'autres races, locales, de petit effectif ou à valeur patrimoniale forte, c'est la conservation qui primera et donc plus d'attention sera portée au maintien de la variabilité génétique au détriment du progrès génétique.

Quand l'intensité de sélection augmente, le progrès génétique augmente à court terme et la perte de variabilité génétique du caractère sélectionné et donc de la diversité allélique de la population s'accélère. La baisse de variabilité génétique va quant à elle faire baisser le progrès génétique annuel attendu à moyen et long terme. Cependant, réduire l'intensité de la sélection pour maintenir la variabilité génétique est délétère à court terme pour le progrès génétique. Ce paradoxe est à l'origine de la difficulté à trouver un compromis acceptable entre progrès génétique et diversité génétique dans les espèces animales sélectionnées. Il n'existe pas de réponse unique à ce problème car la priorisation de l'un ou de l'autre dépend de l'espèce, de la race et du contexte socio-économique.

### **4 - La diversité génétique : importance et lien avec la sélection**

Si la diversité génétique est indispensable au progrès, la perte de diversité peut avoir d'autres conséquences : l'apparition à court terme de dépression de consanguinité, et la perte de potentiel adaptatif à long terme.



### **4-1 - Diversité et dépression de consanguinité :**

La consanguinité est définie comme le résultat de la reproduction sexuée entre deux individus apparentés et deux individus sont apparentés s'ils ont un ou plusieurs ancêtres communs. La consanguinité fait augmenter la proportion de génome auto-zygote (ou IBD, *identical by descent*), c'est-à-dire la proportion de génome pour laquelle les deux allèles d'un même locus sont identiques chez un individu parce qu'ils proviennent d'un ancêtre commun à ses parents. La consanguinité est négativement corrélée à la survie et à la valeur sélective générale de la population (O'Grady et al., 2006; Reed et Frankham, 2003).

L'augmentation de la consanguinité peut avoir pour conséquence la diminution de la valeur des caractères d'intérêt liés à la production (production laitière, nombre d'oeufs pondus, etc.), à la reproduction (fertilité, fécondité, viabilité des juvéniles) ou à la survie (santé, résistance aux maladies) des animaux à l'échelle de la population. On appelle ce phénomène la dépression de consanguinité (Leroy, 2014 ; Pryce et al., 2014 ; Wright, 1968 ; Darwin, 1876, 1868).

Pour éviter l'apparition de dépression de consanguinité, il est donc nécessaire de maintenir la diversité génétique dans les populations animales sélectionnées et en particulier de maîtriser l'augmentation de la consanguinité.

### **4-2 - Diversité et potentiel adaptatif :**

La perte de diversité génétique a également des effets délétères sur les capacités d'adaptation des populations animales sélectionnées.

Maintenir les capacités d'adaptation d'une population animale sélectionnée est nécessaire en cas de modifications des objectifs de sélection qui ne manqueront pas de survenir à plus ou moins long terme, comme d'autres sont déjà survenues. En effet, si les objectifs de sélection à la sortie de la seconde guerre mondiale étaient orientés vers une productivité accrue, visant à l'autonomie alimentaire, ils ont ensuite évolué pour prendre en compte des critères de qualité des produits (composition du lait par exemple) et de santé des animaux.

Aujourd'hui, de nombreux travaux sont menés pour évaluer l'impact environnemental des différentes espèces animales sélectionnées et comment cet impact pourrait diminuer, en s'intéressant par exemple à l'efficacité alimentaire des animaux ou à leurs émissions de gaz à effet de serre (méthane chez les bovins par exemple), faisant ainsi apparaître de potentiels nouveaux objectifs de sélection (Ramayo-Caldas et al, 2020 ; Martin et al, 2019 ; Løvendahl et al, 2018 ; Renand et al, 2019 ; Herrero et al., 2013 ; Willems et al, 2013 ; Ferket et al., 2002).

Les modifications des objectifs de sélection ont le plus souvent des causes économiques. A l'avenir, les objectifs de sélection pourraient être amenés à changer en fonction :

## Chapitre 02 :La sélection génétique

---

- Des attentes sociétales : agriculture biologique, production locale, bien-être animal, qualités nutritionnelles des produits, etc. ;
- De l'environnement des animaux : conduite d'élevage, pâturage, alimentation disponible, pression parasitaire, virale et bactérienne, maladies émergentes, changements climatiques, etc.

Ces changements peuvent être imprévisibles ou soudains et nécessiter une adaptation rapide des espèces animales sélectionnées, à partir d'une diversité génétique préexistante. On retrouve ces notions dans les réflexions sur la transition agro-écologique et la création de programmes de sélection animale pour des systèmes d'élevage agro-écologiques. L'agro-écologie fait référence à une agriculture performante à la fois sur les plans économiques et environnementaux (Guillou et al., 2013), et repose sur cinq principes (Thomas et al., 2014 ; Dumont et al., 2013) :

- (1) Une gestion intégrée de la santé animale, prenant en compte le bien-être ;
- (2) La réduction de l'utilisation des intrants ;
- (3) La réduction de la pollution et l'amélioration de l'efficacité métabolique des systèmes ;
- (4) L'amélioration de la diversité pour améliorer la résilience des systèmes ;
- (5) La préservation de la diversité biologique.

### ***5-La sélection pour des vaches et une production laitière plus durables:***

Avec l'arrivée de la sélection génomique et l'évolution des attentes des éleveurs, des citoyens et des consommateurs, l'amélioration génétique des races bovines laitières est à un véritable tournant de son histoire. Quel rôle la génétique joue et jouera-t-elle pour la durabilité de la production laitière ?

entre la productivité laitière et les caractères fonctionnels – la fertilité, la résistance aux mammites et à d'autres maladies, la longévité, la robustesse générale des vaches laitières s'est dégradée dans le même temps (Jorjani et al 2007). Les caractères fonctionnels sont difficiles à sélectionner de manière classique à cause de leur héritabilité modérée à très faible (par exemple, l'héritabilité du taux de conception est comprise entre 1 et 3%), mais leur variabilité génétique est importante, ce qui les rend susceptibles d'être rapidement détériorés en réponse indirecte à une sélection fortement orientée vers la productivité, par exemple le taux de réussite à l'insémination a baissé de près d'1 point entre 1998 et 2001 du fait de la dégradation des aptitudes génétiques (Le Mézec et al 2010). En parallèle, la réduction des coûts et des interventions est devenue l'objectif principal de la conduite de troupeaux de taille croissante, avec moins de main d'œuvre. En Amérique du Nord (Rogers 2005) comme en Europe,

certaines éleveurs privilégient même le croisement ou un changement de race pour contourner rapidement les effets indésirables de cette dégradation de la robustesse des vaches. Depuis le début des années 2000, la majorité des programmes de sélection intègrent les caractères fonctionnels, suivant l'exemple pionnier des pays scandinaves. En France, grâce à un fort investissement méthodologique de l'INRA, les éleveurs des différentes races laitières ont pu disposer progressivement d'évaluations génétiques pour différents caractères de robustesse des vaches : en 1997, les cellules somatiques (Rupp et Boichard 1997) et la longévité fonctionnelle (Ducrocq 2005) ; en 1998, le taux de conception chez la vache (Boichard et al 1998) ; en 2010, les occurrences de mammites cliniques ainsi que d'autres caractères de fertilité (taux de conception pour les génisses et intervalle vêlage-1ère insémination). Notons également les évaluations génétiques sur les conditions de naissance et de vêlage disponibles depuis 2000 et la viabilité des veaux à la naissance depuis 2007.

### 5.1/Caractères de robustesse :

a) Fertilité des femelles Il s'agit en fait d'un ensemble de caractères (aptitude à concevoir, aptitude à la reprise de cyclicité) dont l'évaluation requiert un recueil national de l'ensemble des inséminations (facteur limitant dans de nombreux pays) mais aussi des vêlages et des états de présence et de lactation. En France, nous utilisons le taux de conception ou taux de réussite après chaque insémination pour les génisses et les vaches, ainsi que l'intervalle vêlage-1ère insémination, servant d'indicateur de la reprise de cyclicité.

b) Résistance aux mammites À l'exception notable des pays nordiques qui disposent depuis longtemps d'un système remarquable de recueil des données de santé, la résistance aux mammites a été et est encore très majoritairement abordée indirectement par la concentration en cellules somatiques dans le lait. Outre sa relative simplicité, cette mesure présente l'avantage de bien prendre en compte les mammites sub-cliniques persistantes. En revanche, elle n'explique que partiellement les mammites cliniques : la corrélation génétique entre comptages cellulaires et fréquence de mammites cliniques est comprise entre 0,55 et 0,73 (Rupp et Boichard 1999, Bonaïti et al 2005). Un système d'enregistrement des mammites cliniques a été mis en place (Douguet et al 2008) et permet à la France d'être parmi les rares pays à disposer d'une évaluation génétique de la résistance aux mammites cliniques.

c) La longévité fonctionnelle ou durée de vie productive (du 1<sup>er</sup> vêlage à la réforme) Il s'agit d'un caractère avec un statut particulier: il peut être vu comme un indicateur global de robustesse, résultant de défaillances sur d'autres caractères. On parle de longévité « fonctionnelle », c'est-à-dire l'aptitude à prévenir une réforme involontaire (fécondité, problème de santé, boiterie...), par opposition aux réformes volontaires (principalement dues à une production laitière jugée insuffisante).

d) Caractères morphologiques Depuis la création des races, une forte sélection sur certains caractères morphologiques des vaches (taille, apparence laitière...) a été mise en avant par bon nombre d'éleveurs et de vendeurs de reproducteurs ou de semences comme un moyen d'accroître la longévité des vaches (Larroque et Ducrocq 2001). De nombreux travaux ont ébranlé cette affirmation et au contraire certaines pratiques de sélection sur certains de ces caractères ont eu des répercussions fâcheuses sur la robustesse des animaux. Par exemple, la liaison entre la robustesse et la taille des vaches est controversée, voire s'est avérée clairement défavorable dans certains travaux (Pryce et al2009). De même, en race Holstein, la sélection sur l'apparence laitière («dairy form») a des conséquences néfastes sur la fertilité et la longévité (Lassen et al2003).

A l'opposé, on retrouve dans toutes les études un impact favorable de la sélection de caractères liés à la morphologie de la mamelle sur la résistance aux mammites, la vitesse de traite et la longévité, et sur la commodité du travail. La situation est moins claire en ce qui concerne les caractères liés à la morphologie des aplombs : peu héréditaires, ils sont finalement faiblement liés à l'incidence des boiteries (Ugglå 2008, Stoop et al2010).

### 6-Evaluations génétiques :

L'évaluation génétique de certains caractères fonctionnels nécessite un traitement statistique particulier, à cause de spécificités incompatibles avec les hypothèses classiques, comme par exemple la nature discontinue des données ou la variabilité de l'échelle de mesure subjective (ex.: conditions de naissance).

La situation la plus extrême est la longévité fonctionnelle :

- 1) Les données sont dites censurées (les plus jeunes animaux- ceux qui nous intéressent en sélection ne sont pas encore réformés !);
- 2) les facteurs de milieu influençant les choix de réforme changent en même temps que ce que l'on mesure (la durée de vie);
- 3) le caractère est affecté par les réformes volontaires liées à une production laitière insuffisante (Ducrocq 2006). Au plan international, bien que la plupart des caractères fonctionnels soient intégrés dans les évaluations génétiques internationales réalisées par l'organisme Interbull ([www.interbull.org](http://www.interbull.org), Banos2010), l'amélioration de la robustesse par les échanges de reproducteurs et de semences entre pays n'est pas optimale. Tout d'abord, l'importance accordée aux caractères de morphologie lors du choix des reproducteurs reste généralement excessive (supérieure à l'importance accordée aux autres caractères fonctionnels). Ensuite, du fait d'une grande hétérogénéité de définition des caractères fonctionnels, des systèmes de collecte et des modèles d'évaluation génétique, les corrélations génétiques entre différentes mesures du même caractère dans différents pays sont

faibles et empêchent souvent les meilleurs taureaux étrangers d'apparaître dans les « top listes » nationales.

### 6-1/ Objectifs de sélection et index de synthèse

La mise en place d'évaluations génétiques sur la fertilité, la longévité ou les cellules somatiques n'a eu aucun impactant que ces caractères n'étaient pas inclus dans des index synthétiques correspondant aux objectifs globaux des sélections. Jusqu'à la fin des années 1990, les objectifs de sélection des pays laitiers combinaient essentiellement les caractères laitiers (production de matière protéique et de matière grasse, taux de matière protéique et de matière grasse du lait) et des caractères de morphologie. Avec l'urgence de stopper la dégradation des caractères fonctionnels, ces objectifs de sélection se sont considérablement élargis et équilibrés (Colleau et Regaldo 2001), avec un poids relatif décroissant des caractères laitiers. Depuis février 2012, l'objectif de sélection de la race Prim 'Holstein en France accorde un poids prépondérant aux caractères non liés directement à la production: 22% à la fertilité, 18% à la santé de la mamelle, 15% à la morphologie, 5% à la longévité, 5% à la vitesse de traite, contre 35% à la production qui devient minoritaire. L'index synthétique (ou ISU pour « Index Synthétique Upra ») combine les évaluations génétiques pour les différents caractères qui constituent l'objectif de sélection. Or, les valeurs génétiques sur les caractères fonctionnels sont souvent disponibles seulement pour les taureaux, avec initialement de faibles valeurs du Coefficient de Détermination (CD), qui est un indicateur de la précision de l'évaluation. Souvent, des pré-dicteurs précoces sont disponibles pour accroître cette précision (ex. : morphologie de la mamelle pour la résistance aux mammites). Contrairement à la plupart des pays qui utilisent de simples combinaisons linéaires d'index, la France a développé et mis en œuvre depuis 2001 une évaluation multi caractère approchée Du crocq et al 2001, Lassen et al 2007). Cette méthode permet de contourner les difficultés, en combinant de façon optimale toutes les informations disponibles en fonction des corrélations génétiques et des différences de précision d'un caractère à l'autre. Le virage pris par les programmes de sélection, particulièrement avec la réforme de l'ISU en 2001, se traduit, comme le montre l'examen des courbes de progrès génétique (figure 1) sur le taux de conception des vaches et les comptages de cellules somatiques, par un arrêt de la dégradation génétique voire une légère amélioration de ces caractères à partir des générations de femelles issues de taureaux disposant d'un ISU (Dezetteret Le Mézec 2011). Comme nous le verrons plus loin, la mise en œuvre de la sélection génomique devrait permettre une amélioration beaucoup plus nette.

### 6-2/ Les leviers génétiques renouvelés avec la sélection génomique :

#### 6-2.1/ Principe général des évaluations génomiques

Suite au séquençage du génome bovin, des outils de génotypage à grande échelle ont été développés. Ces outils sont désignés sous le terme de « puces », du fait de leur miniaturisation. La puce « Bovine-SNP50 » fournie par la firme « Illumina », utilisée en France depuis 2008, permet de suivre la transmission des régions chromosomiques au

cours des générations (Robert-Granié et al2011).Les évaluations ou indexations génomiques utilisent alors trois types d'informations : généalogies enregistrées, performances mesurées et génotypes observés. La méthode générale repose sur la constitution d'une population de référence suffisamment grande, constituée d'individus pour lesquels on dispose à la fois des phénotypes d'intérêt et des génotypes. Le génotype des individus est obtenu par la détermination des bases nucléotidiques (A, T, G ou C) d'une série de marqueurs répartis sur le génome. Cette population permet d'étudier les relations entre phénotypes et marqueurs et de construire un outil de prédiction de la valeur génétique. L'outil ainsi développé peut être utilisé pour prédire la valeur génétique d'un (jeune) animal sur la base de son seul génotype aux marqueurs, bien avant de connaître ses performances individuelles, ou sur descendance. La précision des index génomiques calculés dépend de la taille de la population de référence et de l'héritabilité du caractère (Hayes et al2009). En France, en janvier 2012, les populations de référence des races Prim 'Holstein, Montbéliarde et Normande sont constituées respectivement de 22000, 1800INRAProductions

### **6-3/Conséquences pour les programmes de sélection en bovins laitiers :**

L'utilisation des index génomiques dans les programmes de sélection est appelée sélection génomique. L'expression « révolution génomique » assume le fait que cet outil permet une évaluation génétique très précoce de la vie d'un reproducteur, voire au stade embryonnaire. Plusieurs scénarios s'appuyant sur la sélection génomique ont été testés par simulation sur une grande population de bovins laitiers, sélectionnée pendant 20 ans sur un index de synthèse mimant l'ISU (Colleau et al2009).D'après cette simulation (figure 2), les scénarios sans étape de testage sur descendance (AXMAX et AXMIX) conduisent tous deux à une augmentation de + 84 et + 88%du progrès génétique annuel par rapport au scénario REF(présélection sur index génomiques, puis testage des candidats sur descendance), en accord avec les premiers résultats de Schaeffer (2006). Ces deux scénarios diffèrent en matière de durabilité car AXMAX (les taureaux ne sont utilisés que durant une seule campagne d'insémination et chacun d'entre eux est père à taureau) est nettement plus favorable à la variabilité génétique qu'AXMIX(les meilleurs taureaux sont utilisés 2ans et surtout les meilleurs d'entre eux une fois l'information sur descendance obtenue, sont réutilisés et réalisent 50%des inséminations) : - 23% d'évolution annuelle de consanguinité pour AXMAX par rapport à REF, contre + 69% pour AXMIX. Ces résultats montrent qu'en sélection génomique chez les bovins laitiers, il est parfaitement possible de quasiment doubler le progrès génétique sans conséquence néfaste pour l'évolution annuelle de consanguinité, grâce à l'utilisation équilibrée d'un plus grand nombre de jeunes reproducteurs, diffusés sur la base de leurs index génomiques sans période de testage sur descendance. Compte tenu du niveau légèrement plus faible de précision des index génomiques des jeunes taureaux sans descendance, il est toutefois conseillé de raisonner par groupes de taureaux afin de limiter les risques et garantir ce progrès génétique élevé.

### 7- Opportunités offertes par la sélection génomique :

a) Un outil à disposition des éleveurs Afin de rendre la sélection génomique accessible aux éleveurs à un coût le plus faible possible, une nouvelle puce dite «Bovine LD» a été développée par Illumina en 2011, dans le cadre d'un consortium international (Boichard et al2012). Cette nouvelle puce ne compte que 6909 marqueurs SNP, en grande majorité aussi présents sur la puce BovineSNP50. Les marqueurs ont été choisis de façon à optimiser les travaux d'imputation. L'imputation consiste à prédire les typages manquants d'un animal et conduit à disposer de tous les SNP de la puce BovineSNP50 à partir des 6909 SNP réellement génotypés (Dassonneville et al2012). La qualité de l'imputation dépend des populations de référence réellement typées sur la puce BovineSNP50. Cet outil vise en particulier l'indexation génomique en élevage à très grande échelle des populations femelles.

b) La voie femelle, un nouveau levier pour les caractères fonctionnels La sélection génomique permet d'avoir des index aussi précis pour les jeunes femelles que pour les jeunes mâles et ce même pour les caractères faiblement héréditaires que sont les caractères fonctionnels (tableau 1). L'évaluation classique, faute de CD suffisant, ne permettait pas de disposer pour les femelles d'index relatifs aux caractères fonctionnels (en dehors des comptages cellulaires). L'indexation génomique en élevage devient un outil de gestion du troupeau femelle.

c) Enrichir les objectifs de sélection: vers plus d'équilibre Dans un second temps, la sélection génomique doit permettre d'intégrer de façon efficace de nouveaux caractères dans les objectifs de sélection.

### 8.Nouveaux caractères, opportunités pour la durabilité ?

Au cours du temps, les objectifs de sélection des bovins laitiers ont intégré un nombre croissant de caractères et sont devenus de plus en plus élaborés. Ce phénomène est général et a été observé dans la plupart des espèces d'élevage : la sélection vise tout d'abord à améliorer les caractères qui sont le plus limitant, puis elle prend progressivement en compte d'autres caractères, en fonction des besoins. Par ailleurs, au départ, elle doit être très efficace et peu coûteuse, ce qui est permis si on se limite à un objectif simple. La complexification nécessite davantage de mesures sur les animaux, donc une organisation plus coûteuse. Elle entraîne une « dilution » de l'effort de sélection au fur et à mesure que le nombre de caractères s'accroît et donc un progrès plus faible sur chacun d'eux. Elle n'est donc possible que lorsque le système est mature. Au cours des 50 dernières années, les objectifs de sélection ont progressivement pris en compte la productivité laitière, la richesse du lait, la morphologie, et les caractères fonctionnels, de plus en plus nombreux (Verrier et al2010). Bien que déjà très complet, l'objectif actuel ne couvre pas toutes les composantes souhaitables ou envisageables, principalement pour des raisons de difficulté de collecte de l'information phénotypique correspondante et, dans une moindre mesure, à cause de la faible hérédibilité, limitant l'efficacité de la sélection. On peut supposer qu'à l'avenir les objectifs de sélection continueront à évoluer vers plus de complexité, et ce pour plusieurs raisons: des possibilités d'accès à de nouveaux phénotypes grâce à une meilleure intégration de

## **Chapitre 02 :La sélection génétique**

---

l'information ou la disponibilité de nouvelles technologies de mesure; des besoins quantitatifs en phénotypes plus réduits pour la sélection génomique que pour la sélection classique; des besoins nouveaux, liés à des demandes des filières, des consommateurs ou de la société. Trois grands domaines peuvent être explorés: la robustesse et ses différentes composantes ; l'efficacité de la production et la limitation de l'impact environnemental; la qualité, en particulier nutritionnelle, des produits.



# ***CHAPITRE III***

---

# ***CHAPITRE III***

*L'épi-génétique*

### 1. Introduction :

L'épigénétique est définie comme l'étude de l'ensemble des modifications structurales de la chromatine ayant une influence sur l'expression des gènes sans modification directe de la séquence nucléotidique de l'ADN (Bird 2007). L'état épigénétique général d'une cellule ou d'un type cellulaire donné, à un temps t, est ce qu'on appelle son épigénome. Le concept de l'épigénome a été pour la première fois formulé par Conrad Waddington en 1942. Il postula alors qu'entre le génotype d'un individu et son phénotype, il devait exister une interface qu'il proposa de nommer « épigénotype ». Alors que toutes les cellules de l'organisme sont porteuses du même patrimoine génétique, chaque type cellulaire n'exploite qu'une fraction de l'ensemble de l'information contenue dans son génome. C'est l'ensemble des mécanismes épigénétiques qui permettent de maintenir l'identité cellulaire à travers un profil d'expression de gènes précis. Les mécanismes épigénétiques reposent principalement sur un ensemble de modifications chimiques covalentes apposées sur la chromatine ; ce qui leur confère un caractère héritable au cours des divisions cellulaires.

Trois grands mécanismes épigénétiques sont généralement décrits :

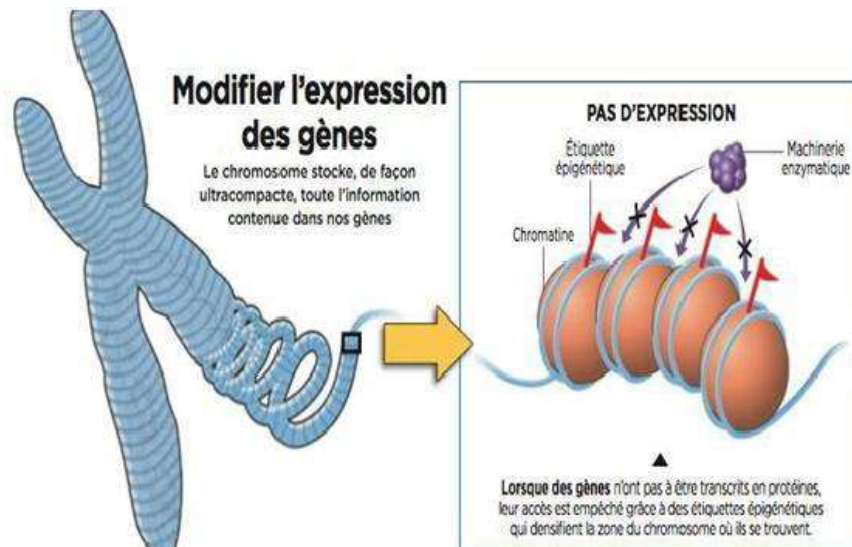
Les modifications post-traductionnelles (MPT) des histones, l'intervention des ARN non-codants et la méthylation de l'ADN. Ces mécanismes agissent sur l'expression génique en influençant notamment le degré de compaction de la chromatine. L'apposition de marques épi-génétiques dites répressives induit une compaction de la chromatine au niveau des régions régulatrices de la transcription, bloquant la fixation des facteurs de transcription (*Transcription Factors*, TF) et en conséquence empêchant la transcription des gènes associés. La chromatine compactée est alors appelée hétéro chromatine et se retrouve souvent dans les régions pauvres en gènes et les séquences répétées. Au contraire, l'apposition de marques épi-génétiques permissives conduit à un état de relâchement de la chromatine. La transcription des gènes associés est alors possible. Cette configuration chromatinienne de type ouvert caractérise l'euchromatine, principalement localisée dans des régions riches en gènes du génome.

### 2. Les différentes marques épi génétiques :

#### 2-1 Les modifications post-traductionnelles des histones :

**Dans les cellules, l'ADN contenu dans le noyau s'associe avec des protéines pour former la chromatine, dont l'unité structurale est le nucléosome. Chaque nucléosome est formé par un octamère de protéines histones, soit 4 dimères d'histones H2A, H2B, H3 et H4, autour duquel s'enroule une séquence d'ADN de 147 paires de bases. Les histones H1 ne participent pas à la formation du nucléosome mais en maintiennent la structure en s'associant avec l'ADN. Certains acides aminés particuliers des chaînes protéiques N- et C- terminales des histones (ou queues d'histones) sont modifiés chimiquement par des enzymes de remodelage de la chromatine. A ce jour, des dizaines de types de MPT d'histones**

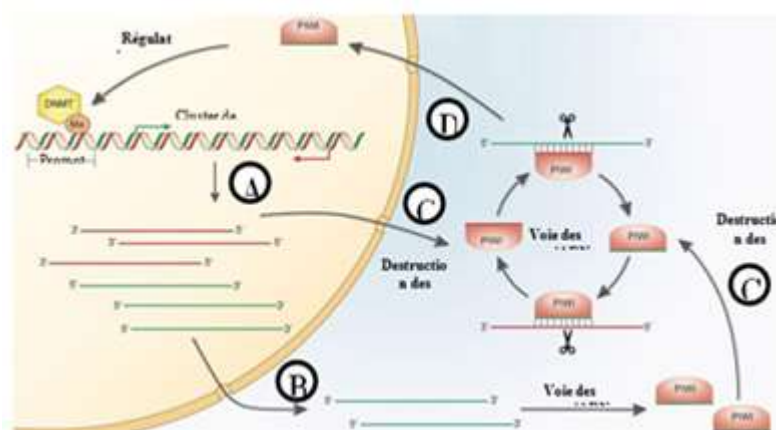
ont été décrites : la méthylation, l'acétylation, la phosphorylation, la carbonylation...les plus étudiées étant l'acétylation et la méthylation. L'état des connaissances à leur sujet est résumé dans les revues de Sadakierska-Chudy et Filip (Sadakierska-Chudy, Kostrzewa, et Filip 2014)(Sadakierska-Chudy et Filip 2015).



**Figure 1 :** Méthylation des histones (Betty Lafon / Sciences et Avenir)

### 2-2-Les ARN non-codants :

Une large part du génome autrefois qualifiée d'ADN poubelle a en fait une fonction biologique, voire est même transcrite en ARN. Ces ARN, regroupés sous le terme ARN non-codants, ne sont pas traduits en protéine mais ont un rôle structural dans l'architecture chromatinienne ou dans la régulation de l'expression génique. On distingue 2 sous-catégories d'ARN non-codants en fonction de leur taille. Les longs ARN non-codants (lncRNA, pour *long non-coding RNA*) sont d'une taille supérieure à 200 pb. Au contraire, les petits ARN non-codants sont d'une taille inférieure à 200 pb. Cette famille de petits ARN comprend des mi RNA (microRNA) ou encore des piARN (*PIWI-interacting RNA*) et des si-RNA (*small interfering RNA*).



**Figure2** : Mécanismes de régulation des transposons par les piARN

### 3- Méthylation de l'ADN :

La modification chimique des nucléotides fut observée dès 1925 par Johnson & Coghill, mais c'est en 1951 que Wyatt démontra par chromatographie que cette modification était une caractéristique commune à la plupart des animaux et que certaines modifications des nucléotides étaient présentes en quantité constante dans le génome. Néanmoins, il fallu attendre la fin des années 1960, où trois publications de groupes indépendants proposèrent un rôle fonctionnel à une modification bien particulière :

La méthylation des cytosines de l'ADN. Griffith, Halliday et Riggs proposent alors que la modification covalente des cytosines de l'ADN dans un contexte bien particulier est retrouvée sous forme de patrons, différents selon les types cellulaires et interfère avec la liaison de facteurs de transcription. Nous allons dans ce premier chapitre d'introduction constater que ces observations et leurs implications ne sont pas encore pleinement comprises et qu'elles ont encore beaucoup à livrer.

#### 3-1) Principe général

Tout comme la modification des histones, la méthylation de l'ADN ne modifie en rien la Séquence d'acides nucléiques d'un gène. Cette réaction est catalysée par une famille d'enzyme : les méthyltransférases de l'ADN (ou DNMTs). Chez les mammifères, cette réaction se fait majoritairement dans un environnement génomique particulier : lorsque la cytosine est directement suivie d'une guanosine formant alors un « dinucléotide CpG » (p pour phosphate). Il est important de noter que ce contexte n'est pas strictement exclusif : les cellules embryonnaires murines (cellules ES) présentent une méthylation des cytosines au niveau de dinucléotides CpA, CpT (mais en bien plus faible proportion).

Chez l'Homme, 70% à 80% des dinucléotides CpG du génome sont méthylés.

Un îlot CpG correspond à une région de plus de 500 pb dont le pourcentage de C+G est Supérieur à 55% et que le ratio CG observé / CG attendu est supérieur à 0.65. Wang et al.

Rapportent en 2004 que près de 60% des gènes ont un îlot CpG recouvrant leur site d'initiation de la transcription. Néanmoins le nombre de gènes réprimés par hyperméthylation de leur promoteur reste très modeste dans les cellules somatiques (inférieur à 10%) Ainsi, comment se fait-il que 80% des cytosines soient méthylés dans le génome si moins de 10% des promoteurs sont hyperméthylés ?

Cette observation s'explique par deux mécanismes :

Le premier est d'ordre statistique et fait appel à la répartition hétérogène des CpG dans le génome : les dinucléotides méthylés sont souvent retrouvés dans la région peu dense en CpG (ne répondant donc pas à la définition des îlots CpG) à savoir Principalement les séquences répétées du génome : les SINEs et les LINEs (Short/Long

Interspaced Nuclear Elements), les rétro-transposons et les régions Satellitaires péri-centromériques, représentant près de 40% du génome à eux seuls.

Le second est le fait que dans une région codante, le phénomène de méthylation des cytosines ne se cantonne pas aux îlots CpG situés aux promoteurs. Des dinucléotides CpG sont dispersés tout au long et autour de la séquence codante, dans le corps du gène et dans les séquences régulatrices environnantes.

Cette méthylation de l'ADN est un phénomène physiologique et donc régulé.

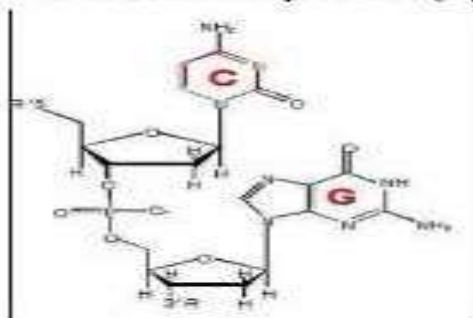
Nous allons maintenant définir les acteurs de sa mise en place et de son maintien à travers les divisions cellulaires. J'étendrai brièvement la discussion sur certains travaux récents, qui bien que s'éloignant du contexte du cancer, font un lien remarquable entre l'environnement et l'établissement des marques de méthylation pendant (et après) le développement d'un individu. Ce dernier point me semble crucial, afin de prendre conscience que l'épi-génétique peut expliquer comment, à l'échelle d'une vie, le comportement d'une cellule ou d'un organe peut être modifié durablement par des facteurs sociaux (stress, violence, activité sportive etc....).

### 3-2) Méthyltransférases de l'ADN :

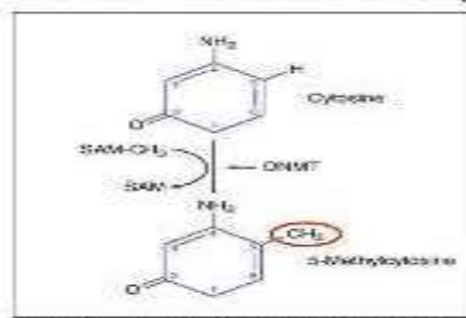
L'établissement et la maintenance des patrons de méthylation dans le génome n'est pas un phénomène spontané, mais résulte de l'action d'une famille d'enzymes : les méthyltransférases de l'ADN (DNMTs).

Ces dernières peuvent être classées en deux catégories selon leur substrat et leur mode d'action: les méthyltransférases de novo (comprenant les DNMT3a et 3b) et de maintenance (dont DNMT1 est l'unique représentante). La méthylation de novo correspond à l'établissement d'un patron de méthylation inédit, sur une région d'ADN vierge de toute marque de méthylation; à l'inverse de la méthylation de maintenance qui correspond à la copie d'un patron préexistant porté par un ADN hémiméthylé qui servira de modèle à DNMT1. Cette opération, prenant place lors de la réplication de l'ADN, a pour but le maintien de ces marques au fil des divisions cellulaires et garantie leur héritabilité. La réaction biochimique de méthylation des cytosines est commune aux deux classes de DNMTs et correspond au transfert de manière covalente d'un groupement méthyle depuis la S-adénosyl-L-méthionine (SAM) vers le carbone 5 d'une cytosine

La méthylation de l'ADN chez les mammifères ne s'effectue que sur des résidus Cytosine (C) précédant un résidu Guanine (G)



Dinucléotide CpG



DNMT = ADN méthyltransférase

SAM = S-Adénosyl Méthionine  
(donneur de groupements méthyle)

**Figure 3 :** Réaction de méthylation d'une cytosine par les méthyltransférases de l'ADN.

SAM: S-adénosyl-L-méthionine (helicase.pbworks.com).

Les DNMTs, bien que présentant des domaines protéiques très distincts, sont relativement conservées à travers les espèces et leurs structures présentent une certaine similarité dans leurs domaines protéiques : Le domaine C-terminal est le plus conservé entre les différentes DNMTs et porte l'activité méthyltransférase. Différents motifs (les motifs I, IV, VI, IX et X) sont retrouvés dans toutes les séquences des DNMTs.

#### **4- Effet De L'épigénétique Sur Les Paramètres Physico-chimique Du Lait :**

Brièvement, le centre catalytique est porté par le motif IV et le domaine de liaison à la denosyl- L-méthionine est porté par les motifs I et X. Le ciblage de l'ADN quant à lui se fait par le domaine situé entre les motifs VIII et IX.

Le domaine N-terminal présente une plus grande variabilité entre les différentes enzymes et contient les régions de régulation propre à chacune des DNMTs. Ces régions portent les sites d'interaction avec d'autres facteurs protéiques. Chen et li décrivent que c'est principalement cette variabilité dans le domaine N-terminal qui entraîne la formation de différents complexes protéiques et qu'elle est responsable des différences fonctionnelles entre les différentes DNMTs.

#### **5. Mécanismes épigénétique contrôlant la différenciation cellulaire**

La différenciation cellulaire est donc basée sur la sélection de l'information génétique à exprimer par la mise en place de marques épigénétique spécifiques. A travers quelques exemples, nous en soulignerons l'importance et l'implication dans la réalisation du phénotype.

##### **5.1. Glande mammaire**

Chez les animaux de rente, et en particulier chez la vache laitière, le développement et la mise en place de la fonctionnalité de la glande mammaire revêtent un intérêt majeur.

La glande mammaire se développe en effet sur une très longue période qui commence dès la vie foétale (in utero) et se poursuit au fil des divers cycles de gestation, de lactation et d'involution. Des marques épigénétiques se mettent alors en place et d'autres s'effacent, sur les gènes codants ou non codants qui sous-tendent l'expression des gènes dans les divers types cellulaires qui composent ce tissu (Rijnkels et al, 2010). Nos études rapportent une corrélation entre l'expression des gènes des protéines du lait et la méthylation de régions spécifiques au cours de la lactation uniquement dans le tissu mammaire (Montazer- Torbati et al. 2008).

De plus une région en amont du gène de la caséine alpha S1 est relativement hypométhylée au cours du développement de la glande mammaire et la lactation en

comparaison avec des tissus n'exprimant pas ce gène et se reméthyle au cours de l'involution ou à la suite d'une mammites (Singh et al. 2010).

### 5.2. Endomètre

Un autre exemple est donné par l'évolution des profils de méthylation en relation avec l'expression génique dans l'endomètre au cours du cycle œstrien et de la gestation chez la vache. Les changements fonctionnels de l'endomètre sont principalement contrôlés par les hormones ovariennes, l'œstradiol 17 et la progestérone via leurs récepteurs respectifs (Spencer et al., 2004) et des changements dans les profils d'expression des gènes ont été décrits utilisant des approches de transcriptomique (Bauersachs et al., 2007 ; Mansouri-Attia et al., 2009). Ponsuksili et collaborateurs mentionnent de subtils changements de l'expression des gènes codant pour les enzymes de méthylation et du taux de méthylation global en fonction de la mise en place de la gestation après transfert embryonnaire (Ponsuksili et al. 2012). Comparant des échantillons d'endomètres de vaches fertiles et sub-fertiles à 17 jours de gestation ou de cycle, Walker et collaborateurs soulignent que le taux de méthylation de l'ADN est corrélé à l'expression des gènes impliqués dans différentes voies contrôlant les processus précoces du début de la gestation. En particulier, le gène codant IRF9, un facteur de transcription stimulé en réponse à la sécrétion d'Interféron T par l'embryon, présente une forte expression et une diminution importante de la méthylation de sa région promotrice (Walker et al.2013). Ces travaux suggèrent que la susceptibilité endométriale dans la réussite de l'implantation suivie d'une gestation pourrait mettre en jeu des régulations épi-génétiques facilitant un état d'ouverture et de fermeture de domaines de la chromatine, en adéquation avec la réponse au stimulus de présence d'un embryon.

### 6. Environnement et production laitière :

La production laitière est grandement affectée par l'environnement de l'animal. De même, la mise en place des marques épigénétiques spécifiquement mammaires est modifiée par les techniques d'élevage. Ou l'inflammation lors des mammites (Vanselow et al, 2006 ; Singh et al, 2012) ont des effets à long terme sur le développement mammaire et la lactation, qui sont dus à des altérations des profils de méthylation de l'ADN autour de régions régulatrices de l'expression des gènes.

La nutrition, et en particulier la sous-alimentation des génisses impacte de façon notable la production laitière (Park et al 2005). Il est possible que des régulations épigénétiques soient également impliquées dans ce processus (Singh et al. 2012).

Chez les vaches laitières, les premières phases de développement embryonnaire coïncident avec la lactation, période avec une forte demande énergétique associée à une mobilisation des réserves. Les paramètres de la production laitière de la descendance ont été analysés en fonction

- i) de la concomitance du développement embryonnaire avec la lactation,
- ii) du niveau de production laitière maternelle
- iii) de la survenue de mammites (Gonzalez- Recio et al, 2012).

Les vaches conçues en absence de lactation maternelle produisent plus de lait que leurs sœurs conçues pendant la lactation maternelle. Il est raisonnable de penser que la production laitière via un bilan énergétique négatif puisse avoir des conséquences de type épi-génétique sur le développement embryonnaire conduisant à une prédisposition à diverses perturbations métaboliques révélées plus tardivement. Ainsi, l'environnement au cours du développement mammaire, de la vie fœtale à la gestation puis pendant lactation, peut influencer la production de lait chez des animaux hautement sélectionnés et altérer les performances attendues. Comprendre l'altération épi-génétique expliquant au niveau moléculaire, comment les facteurs environnementaux influencent la lactation, peut fournir les clés pour l'obtention des performances attendues en fonction du potentiel génétique sélectionné.

Aujourd'hui, un accent est donné à la nutriginomique qui devrait contribuer à la fois à une meilleure efficacité alimentaire et à la production de produits de qualité. Il est important de définir les fenêtres temporelles pendant lesquelles des apports nutritionnels donnés peuvent influencer la production de l'individu (laitière ou de muscle) mais aussi le développement du veau tant au cours de la vie fœtale qu'en post natal et la santé des mères et de leur descendance.



### 7. Conclusion

Tous les caractères d'intérêt zootechnique, que ce soit la fertilité, la production laitière ou encore le développement musculaire, dérivent de processus de développement et de différenciation qui font intervenir des mécanismes épi-génétique fortement influencés par l'environnement. On considère que les caractères d'intérêt économique ont une héritabilité maximale de 20 à 30%. L'épigénétique offre la possibilité de comprendre, de mesurer et donc de contrôler la part « environnement », qui participe à la construction du phénotype. La description fine de l'épigénome de tissus en lien avec ces caractères pourrait donc fournir des variables explicatives supplémentaires à incorporer aux modèles de prédiction du phénotype (Gonzalez-Recio et al. 2012).

Les travaux menés dans nos unités (Biologie du Développement et Reproduction (BDR) et de génomique de la Physiologie de la Lactation (GPL)) ont permis de développer des outils pertinents et performants chez le bovin visant d'une part l'analyse pan génomique et séquences spécifiques des marques épigénétiques comme la méthylation de l'ADN et d'autre part une description de l'architecture chromatinienne en relation avec l'état transcriptionnel des noyaux cellulaires chez l'embryon précoce. de phénotypage, de génotypage et d'épigénotypage sont donc maintenant accessibles (Kiefer et al. 2013).

L'objectif sera alors de déterminer les signatures épigénétiques liées à divers facteurs environnementaux et pouvant être prises en compte dans un schéma de sélection afin d'obtenir des animaux au phénotype le plus robuste en fonction du système d'élevage et exprimant pleinement leur potentiel génétique.

# ***CHAPITRE IV***

---

*Partie expérimentale*

### I. Présentation :

#### 1. Objectif :

L'objectif de notre projet consiste à :

1. étudier les principaux paramètres affectant les performances de la production chez la vache laitière.
2. compréhension de l'influence de l'épi-génétique sur les paramètres de la production.

L'étude a consisté une exploitation privée située dans l'Ouest Algérien (la wilaya de Relizane).

L'étude s'est déroulée pendant l'année universitaire 2021/2022 sur un effectif de 30 vaches laitières. Les vaches étudiées sont des races importées Montbéliarde et Holstein.

#### 2. présentation de la région:

ZEMMORA est une commune algérienne de la wilaya de RELIZANE, situé à 20 KM à l'est de RELIZANE, à 150 km à l'est d'Oran et à 280 KM à l'ouest d'ALGER. Le climat est continental, très chaud en été, doux en hiver.



**Figure01** : localisation de la région de la commune Zemmora \_Relizane

### **3. présentation de l'exploitation :**

La ferme SENOUCI ou j'ai réalisé mon travail est une ferme familiale située à Zamora au douar El AMAMRA distante de quelque 35Km à l'ouest de la wilaya de Relizane.



**Figure02 : délimitation géographique de la ferme.**



**Figure 03 : la ferme.**

### 4. Présentation du troupeau :

<u>Race</u>	<u>Catégories</u>	<u>Effectif</u>
<b>Montbéliard / HOLSTEIN (30)</b>	<b>-Vache laitières</b>	<b>16</b>
	<b>-Vache taries</b>	<b>8</b>
	<b>-Génisses pleines</b>	<b>6</b>
	<b>Veaux /Velles</b>	<b>10</b>

**Tableau 1:** effectif de troupeau par catégories.

#### **Les races disponibles dans la ferme :**

L'origine bovine élevée dans la ferme a été importées.

#### **Race HOLSTEIN :**

La Holstein est une race bovine internationale.

Elle porte une robe pie noire aux taches bien délimitées. Ponctuellement. Les cornes sont courtes en forme de croissant. Elle a façonné une race dévouée à la production de lait. La mamelle est très volumineuse, bien veinée et les trayons adaptés à la traite mécanique. C'est la race la plus spécialisée en production laitière

#### **Race Montbéliarde:**

C'est une race mixte à dominante laitière La montbéliarde port une robe pie rouge.la tête est blanche ainsi que le ventre, les membres et la queue. La pie rouge montre une adaptation à tous types d'élevage. Elle est productive en système intensif avec stabulation permanente et se nourrit à base (1000 kg) de lait par an. Elle s'adapte à la taille du grand troupeau.



**Figure 04:** les vaches laitières (Montbéliarde ; Holstein)



**Figure 05:** veaux de race Montbéliarde



## 5. L'alimentation :

L'utilisation des surfaces fourragères

Les vaches sont alimentées selon le stade physiologique et le niveau de production, elles reçoivent une ration complète à une fréquence de deux fois par jour après chaque traite.

Cette ration est essentiellement à base la paille, de foin, de luzerne et d'aliments concentrés.

### 5.1 Utilisation de sous-produits agro-alimentaire :

La ferme utilise des sous-produits tel que :

HUILE SOJA : et une huile végétale extraite de soja, utilisée dans l'alimentation composée d'acide palmitique, acide oléique, acide linoléique et vitamine E et vitamine K.

La mélasse : est une mixture résultant du raffinage du sucre extrait de la betterave sucrière ou de la canne à sucre.

### 5.2 Stockage des aliments :

Est effectuée pour tout l'année de production du l'été jusqu' à la nouvelle récolte Il est stocké d'un bâtiment construit pour le stockage des aliments.

La ration des vaches laitières :

Les aliments qui constituent la ration de base (orge fourragère, foin de vesce et d'avoine et l'ensilage d'orge) et les quantités distribuées figurent au tableau N02.

### 5.3 Rationnement de la vache laitière :

	la vache laitière	
	Mâtine	soir
Fourrage d'orge kg	—	7-18
Ensilage	A volonté	
Le foin de vesce (kg)	9-11	—
Le foin d'avoine (kg)	7	9-11
Concentré (kg)	3	4

Tableau 02 : rationnement de la vache laitière

## 6. Conduite de la reproduction :

La reproduction est l'action par laquelle les êtres vivants, perpétuent leur espèces, chez les vaches laitières, cette reproduction a pour but non seulement l'agrandissement du troupeau, mais encore le déclenchement de la sécrétion lactée.

### 6.1. La détection de chaleur :

Dans la ferme l'éleveur surveille toujours ses vaches et donc essaye de détecter les chaleurs des vaches présents des signes évidents comme : le saut de taureau. accepte de chevauchement et la saillie.

### 6.2. Saillie naturel :

La ferme possède 05 taureau dont ils sont introduire dans la saillie, Il est des races déférents (Salers, Charolais, Montbéliard).

## 7. Méthodologie de travail:

L'étude est basé sur une enquête, Les informations utilisées proviennent des employeurs, et porté sur tout sur l'analyse des aspects:

1. Identification de l'exploitation.
2. Identification de troupeau et les aspects zootechniques.
3. Hygiène prophylaxie.

### 7.1- Matériels et méthodes :

#### 7.1.1- Personnels de l'exploitation :

- 1- Gérant.
- 2- technicien spécialiste.
- 3-un vétérinaire à l'extérieure.
- 4- adjoint qualifié.
- 5- ouvriers.

#### 7.1. 2. Equipements bâtiments :

- Bureau administratif (gestion des affaires de l'exploitation).
- 2 étables avec Stabulation libre et cornades.
- la salle de traite : en épi / 10 postes.
- La laiterie : contient un bac un de 5000L et un autre de 500L.
- Boxes de vêlage : il y a 3 boxes le lieu où la vache vèle avec une aire l'exercice.
- Boxes des veaux : 10 cellules individuelles pour les veaux et les vèles de moins de 20 jours et 4 autres collectives de capacité 60 individus.
- Magasin : c'est un lieu de conservation des aliments concentrés.
- Silo : c'est un lieu où on conserve le concentré et l'orge de l'hydroponique.

#### 7.1.3-Construction des Bâtiments d'élevage:

Les murs de ces bâtiments sont construits en brique, le sol est facile à nettoyer. Ils sont constitués d'un air d'exercice et d'autre de repos.

Les étables sont ouvertes suffisamment pour permettre un bon éclairage et une bonne aération des locaux.

(Stabulation libre de type logette/aire bétonnée)

Dans ces lots existe :

- Des abreuvoirs automatiques.
- Des mangeoires.
- Et des abreuvoirs en métallique.





Figure 05: salle de traite.

### 8. Hygiène et prophylaxie :

➤ **Hygiène de l'étable :**

Le sol est nettoyé mécaniquement une fois par jour pour les vaches laitières et une fois tous les 15 jours pour les autres catégories; les fèces sont vendues à des privés.

➤ **Hygiène de la vache :**

Les éleveurs s'intéressent vraiment à l'hygiène de leurs vaches, chaque jour avant la traite l'ouvrier nettoie les mamelles de vache avec de l'eau javellisée.

➤ **Hygiène de la traite :**

Après la traite Chaque jour les ouvriers font un nettoyage des chariots trayeurs et de tout le matériel de traite pour éviter toutes les contaminations pouvant nuire à la traite et assurer une bonne hygiène du lait.

➤ **Prophylaxie :**

Chaque mois la vétérinaire effectue des vaccins nécessaires pour les vaches et les taureaux, et des vaccins annuels obligatoires comme :le vaccin anti tuberculeux , la rage, la fièvre aphteuse et la rhino trachéite infectieuse bovine,

Généralement les vaccins sont assure après le sevrage (des veaux 3mois pour les jeunes bovins) avec un rappel selon le protocole de chaque vaccin. Avant toute introduction les vaches à l'exploitation passent par des analyses au niveau de

## Chapitre 04: partie expérimentale

---

laboratoire privé , les éleveurs préfèrent de réaliser des analyse dans des laboratoires privés (800 da pour un analyse) ceux de l'état.

## II. Résultats et Discussions

### Méthodes :

Pour cette étude on a choisi des animaux ont été effectué sur la base des critères suivants :

- Les vaches sont de même race Montbéliarde.
- Les vaches sont au même âge.
- Même lactation
- De poids vifs rapprochés.

### 1- Résultat

#### 1.1 Résultats concernant la production laitière

L'évolution de la production laitière des contrôles laitiers est donnée dans les tableaux 5 et 6 .

##### 1.1.1 Le premier contrôle laitier

La production de lait de premier groupe (vache saine) est plus élevée que celle du deuxième groupe (les vaches mammites) en ce qui concerne les moyennes quotidiennes de production laitière des vaches. **(Tableau 03)**

**Tableau 03: la production laitière des vache (premier contrôle laitier)**

Etat sanitaire	Vache laitière	Moyenne de la production par jour (L/j)
BONNE ETAT SANITARE (BONCONDITION D'ELEVAGE)	VACHE 1	14
	VACHE 2	16
	VACHE 3	16
	VACHE 4	17,5
	VACHE 5	15,5
	VACHE 6	18
	VACHE 7	22
Problème de mammite	VACHE 8	12
	VACHE 9	13,5
	VACHE 10	10

### Deuxième contrôle laitier

On remarque une différence de la moyenne de production laitière entre groupe 1 (une bonne alimentation) et groupe 2 (sous-alimentation)

Les déférents résultats de la moyenne de la production laitière des vaches figurées dans le tableau 04.

## Chapitre 04: partie expérimentale

---

**Tableau 04:** La production laitière des vaches (deuxième contrôle laitier)

Etat sanitaire	Vache laitière	Moyenne de la production
UNE BONNE ALIMENTATION	Vache 1	14
	Vache 2	16
	Vache 3	16
	Vache 4	17,5
	Vache 5	18,5
	Vache 6	18
	Vache 7	20
SOUS ALIMENTATION	Vache 8	9
	Vache 9	11
	Vache 10	8

### Traitement et analyse des données :

Nous avons montriez l'effet d'épi-génétique sur la variation de la production laitière selon état Sanitaire et l'alimentation Une comparaison des moyennes a été faite d'une part entre la déférente variation des deux contrôles des moyens.

**Tableau 05 :** les résultats de comparaison de production laitière moyenne entre les vaches à Bonne état sanitaire (elle à une bonne condition d'élevage) et les vaches mammites.

	MOYENNE	ECART TYPE	T CALCULE	T THEORIQUE
LES VACHES A Bonne Etat sanitaire	17	6,21	8,6	Pour un risque d'erreur de  0,001  T= 5.04
LES VACHES MAMMITES	11,83	1,9		

**Tableau 06: les résultats de comparaison de production laitière moyenne entre les vaches saines et les vaches sous-alimentées**

	MOYENNE	ECART TYPE	T CALCULE	T THEORIQUE
LES VACHES A BONNE ETAT SANITAIRE	17	6,21	12,7	Pour un risque d'erreur de 0,001  T= 5.04
SOUS ALIMENTATION	9,33	1,9		

## 2. Discussion:

### 2.1 Production moyenne des vaches mammites :

On remarque La production laitière moyenne des vaches mammites est inférieure de 5.17/jour à Celle des vache que dans un bon état sanitaire. Une mammite est une des maladies les plus courantes chez les vaches laitières qui est responsable du faible rendement en lait et de la mauvaise qualité du lait. Cependant, les stratégies génétiques conventionnelles basées sur la sélection phénotypique sont inefficaces en raison de leur faible héritabilité. En effet, il est maintenant prouvé que cette baisse de production laitière est, le plus souvent, le résultat de l'apposition de marques épi génétiques qui réduisent l'expression de certains gènes. De plus, la production laitière qui fait suite à une mammite est aussi affectée, car les phénomènes épigénétiques restent malheureusement en mémoire dans les chromosomes. Cette maladie induit donc des pertes économiques importantes.

### 2.2 Production moyenne des vaches sous-alimentations :

On remarque La moyenne de La production laitière des vaches sous-alimentations est inférieure De 7.67 1/jour à celle des vaches que dan bon état sanitaire (une alimentation complète et équilibrée.)

Il existe aussi un lien certaines gènes par les marque épigénétiques parce que l'alimentation joue un rôle prépondérant dans la entre l'alimentation et la production laitière pouvant influencer l'expression de lactation, il faut souligner aussi importation apportées entre autres par les fourrage vert, dont le métabolisme génère une source de groupements méthyle nécessaires à de nombreuses réactions biologiques comme la synthèse d'ADN et la méthylation de l'ADN et des histones.

# ***CONCLUSION***

---

CONCLUSION

### CONCLUSION :

Il est actuellement proposé que l'épigénétique représente une fonction adaptative du génome face à l'environnement d'un individu et que cette information soit en partie héritable en affectant l'expression des gènes sans modifier la séquence des gènes. Ceci représente une interaction génétique-environnement que nous commençons tout juste à mesurer et à comprendre. Les études épigénétiques ont le potentiel de discriminer la partie génétique de celle due à l'environnement lorsqu'on mesure une performance. Le défi majeur réside en l'intégration des informations, c'est-à-dire comment il sera possible d'incorporer les données épigénétiques dans le schéma de sélection animale afin de la rendre plus efficace et flexible face aux changements environnementaux.

Ultimement, la découverte de l'environnement optimale pour l'expression des performances d'intérêt permettra à l'animal d'exprimer son génome à son plein potentiel. L'épigénétique fait partie de l'équation de la performance des animaux au même titre que la génétique et la régie. L'épigénétique représente en fait le lien manquant entre l'impact de l'environnement et son influence à long terme sur l'expression de la génétique. Nous croyons qu'en mesurant l'impact de l'épigénétique sur les performances et en connaissant les conditions qui l'affectent, nous serons en position d'améliorer les performances des vaches laitières. La capacité de mesurer cette programmation génétique permet d'envisager l'inclusion de ces données dans les évaluations génétiques actuelles. De plus, la connaissance des facteurs de régie qui influencent la programmation nous donnera de nouvelles avenues de gestion pouvant améliorer les performances futures des animaux.

Enfin, à génétique égale, la connaissance du statut épigénétique permettra de donner une valeur supplémentaire à certains taureaux. En d'autres mots, face à un choix de deux taureaux ayant des valeurs génétiques comparables, le choix pourrait se préciser si un de ces taureaux lègue une programmation qui permet de mieux exprimer ce potentiel que l'autre. L'attention que les producteurs laitiers du Québec et du Canada attribuent à leurs animaux permet de prendre des mesures de l'impact environnemental de grande qualité. Cette gestion pourrait permettre aux producteurs laitiers du Québec et du Canada de tirer leur épingle du jeu face à la course génomique planétaire actuellement en cours.

## Quelque définition

---

### Quelque définition :

**ADN** : acide désoxyribonucléique, molécule qui renferme des informations nécessaires au développement et au fonctionnement d'un organisme.

**ARN** : acide ribonucléique, molécule qui peut être produite par transcription à partir de l'ADN.

**Chromatine** : association de l'ADN avec des protéines notamment de type histone dans le noyau des cellules.

**Gène** : portion d'ADN, support de l'information génétique d'un organisme

**Histone** : protéines que l'on trouve dans le noyau des cellules, et que sont étroitement associées à l'ADN dont elles permettent la compaction.

**Méthylation de l'ADN** : addition d'un groupement méthyle- $\text{CH}_3$  sur l'ADN.

**Allèle** : Une des formes que peut prendre un gène à un endroit (locus) du génome.

**Génome** : Ensemble du matériel génétique (ADN) d'un individu.

## Reference bibliographies:

---

### Reference bibliographies:

1. **Archer GS**, Dindot S, Friend TH, Walker S Zaunbrecher G, Law horn B, Piedrahita JA. Hierarchical phenotypic and epigenetic variation in cloned swine. *Biol Reprod* 2003; 69:430-436.
2. **Bradbury J**. Human epigenome project--up and running. *PLoS Biol* 2003; 1:E82.
3. **Byron LO**, Kaati G, Edvinsson S. Longevity determined by paternal ancestors' nutrition during their slow growth period. *Acta Biotheor* 2001; 49:53-59.
4. **Bernstein 1996**, p. 127/Dodge 2010, p. 506/Saporta 2006, p. 279-280/↑ Saporta 2006, p. 121/↑ (en) David R. Anderson, Dennis J. Sweeney et Thomas A. Williams, « statistics », *Encyclopaedia Britannica Ultimate Reference Suite*, 2010, statistics
5. **Cooney CA**, Dave AA, Wolff GL. Maternal methyl supplements in mice affect epigenetic variation and DNA methylation of offspring. *J Nutr* 2002; 132:2393S-2400S.
6. **Dias BG**, Ressler KJ. Parental olfactory experience influences behavior and neural structure in subsequent generations. *Nat Neurosci* 2014; 17:89-96.
7. **Dupuis J**, Langenberg C, Prokopenko I, Saxena R, Soranzo N, Jackson AU, Wheeler E, Glazer NL, Bouatia-Naji N, Gloyn AL, Lindgren CM, Magi R, et al. New genetic loci implicated in fasting glucose homeostasis and their impact on type 2 diabetes risk. *Nat Genet* 2010; 42:105-116.
8. **De Montera B**, El Zehery D, Muller S, Jammes H, Brem G, Reichenbach H-d, Scheipl F, Chavatte-palmer P, Zakhartchenko V, Schmitz O.J., Wolf E, Renard J-P, Hiendler S. 2012. Quantification of Leukocyte genomic 5-Methylcytosine levels reveals Epigenetic Plasticity in Healthy Adult Cloned cattle. *Cellular Reprogramming*, 12(2), 2010 :175-18.
9. **Gonzalez-Recio O**, Ugarte E, Bach A. Trans-generational effect of maternal lactation during pregnancy: a Holstein cow model. *PLoS One* 2012; 7:e51816.
10. [https://www.google.com/search?q=relizane+carte+algérie&tbn=isch&hl=fr&client=samsung&prmd=imnv&hl=fr&sa=X&ved=2ahUKEwi8nLO7j\\_PrAhXF8IUKHc7SCnsQrNwCKAB6BQgBEKgb&biw=412&bih=718#imgrc=Wqrq0SYTuAMvaM](https://www.google.com/search?q=relizane+carte+algérie&tbn=isch&hl=fr&client=samsung&prmd=imnv&hl=fr&sa=X&ved=2ahUKEwi8nLO7j_PrAhXF8IUKHc7SCnsQrNwCKAB6BQgBEKgb&biw=412&bih=718#imgrc=Wqrq0SYTuAMvaM).
11. <http://www.aniref.dz/index.php/24-observatoire-du-foncier-industriel/monographie/58-monographie>
12. Harold Hotelling (1930, p. 189) dans un article de *British statistics* cité par S. L. Zabell dans *On Student's 1908 paper "The probable error of the mean"*, *Journal of the American Statistical Association* 103(2008), p. 17 DOI:10.1198/016214508000000030 JSTOR:2764007
13. **Jammes H.**, Kieffer H., Devinoy E., Beaujean N., Chavatte-palmer P. 2013.
- 14- **Functions** of DNA methylation: islands, start sites, gene bodies and beyond. *Nat. Rev.* 484-492 (2012),
- 15- **La monotraite induit** la méthylation d'une région régulatrice distale en amont du gène de la caséine- S I, 20<sup>ème</sup>cs Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. Institut de l'Élevage INRA Paris, France, 4-5 décembre 2013



## Reference bibliographies:

---

- 16- LQ Bourhis IJ.** Beau!ean N ,, Ruffini S., Vignon X- Gall Lm 2010 Cell Reprogram., 12(6):729-738 Li S ,, 35-Hursting S.D., Davis B,J., McLachlan J.A., Barrett J.C. 2003 Ann N Y Acad Sci, 983:161-169.
- 17- Li, E.,** Bestor, T. H. & Jaenisch, R. Targeted mutation of the DNA methyltransferase gene results in embryonic lethality. Cell 69, 915—926 (1992).
- 18- Lomniczi A.,** Loche A., Castellano J.M., Ronnekleiv O.K., Bosch M., Kaidar G., Knoll J.G., wright M., Pfeifer ojeda S R. 2013 Nat Neurosci.16(3) :281-289
- 19- Mansouri-Attia N.,** Aubert J., Reinaud P., Oiraud-Delville C., Taghouti O., Oalio L., Everts R F., Degrelle S., Richard C., Hue 1., Yang X., Tian X.C., Lewin H.A., Renard J.P., Sandra O. 2009 Physiol Genomics. 39(1): 14-27
- 20- Marques C.J.,** Costa P., Vaz B., Carvalho F., Fernandes S., Baros A., Sousa M. 2008 Mol Hum Reprod,,14(2) :67-74
- 21- monotraite** induit la méthylation d'une région régulatrice distale en amont du gène de la caséine aS1, Rencontres Recherche Ruminants, 20, 79-81
- 22- Monteiro F.M.,** Oliveira C.S., Oliveira L.Z., Saraiva N.Z., Mercadante M.E., Lopes F.L., Arnold D.R., Garcia LM. 2010 Vet Med Int., 694817
- 23- MossaF.,**'èciègR.xgU'deLgB.U.xgFittogm.î.xgBancLgJ.U.xgAèid'tqgP.0.xgMnd qi4brandt T.B., Lonergan P., Ireland J.J., Evans A.C. 2013 Biol Reprod., 88(4):92.
- 24- MOUFFOK C.,** MADAM T., 2006. Effet de la saison de vèlage sur la production laitière de la race Montbéliarde sous conditions semi arides algériennes. Renc. Reche, Ruminants, 2006/ 13.

## Reference bibliographies:

### ANNEXE :

Q	0,9	0,8	0,7	0,6	0,5	0,4	0,3	0,2	0,1	0,001
n										
1	0,158	0,325	0,51	0,727	1	1,376	1,963	3,078	6,314	636,6
2	0,142	0,289	0,445	0,617	0,816	1,061	1,386	1,886	2,92	31,6
3	0,137	0,277	0,424	0,584	0,765	0,978	1,25	1,638	2,353	12,92
4	0,134	0,271	0,414	0,569	0,741	0,941	1,19	1,533	2,132	8,61
5	0,132	0,267	0,408	0,559	0,727	0,92	1,156	1,476	2,015	6,869
6	0,131	0,265	0,404	0,553	0,718	0,906	1,134	1,44	1,943	5,959
7	0,13	0,263	0,402	0,549	0,711	0,896	1,119	1,415	1,895	5,408
8	0,13	0,262	0,399	0,546	0,706	0,889	1,108	1,397	1,86	5,041
9	0,129	0,261	0,398	0,543	0,703	0,883	1,1	1,383	1,833	4,781
10	0,129	0,26	0,397	0,542	0,7	0,879	1,093	1,372	1,812	4,587
11	0,129	0,26	0,396	0,54	0,697	0,876	1,088	1,363	1,796	4,437
12	0,128	0,259	0,395	0,539	0,695	0,873	1,083	1,356	1,782	4,318
13	0,128	0,259	0,394	0,538	0,694	0,87	1,079	1,35	1,771	4,221
14	0,128	0,258	0,393	0,537	0,692	0,868	1,076	1,345	1,761	4,14
15	0,128	0,258	0,393	0,536	0,691	0,866	1,074	1,341	1,753	4,073
16	0,128	0,258	0,392	0,535	0,69	0,865	1,071	1,337	1,746	4,015
17	0,128	0,257	0,392	0,534	0,689	0,863	1,069	1,333	1,74	3,965
18	0,127	0,257	0,392	0,534	0,688	0,862	1,067	1,33	1,734	3,922
19	0,127	0,257	0,391	0,533	0,688	0,861	1,066	1,328	1,729	3,883
20	0,127	0,257	0,391	0,533	0,687	0,86	1,064	1,325	1,725	3,85
21	0,127	0,257	0,391	0,532	0,686	0,859	1,063	1,323	1,721	3,819
22	0,127	0,256	0,39	0,532	0,686	0,858	1,061	1,321	1,717	3,792
23	0,127	0,256	0,39	0,532	0,685	0,858	1,06	1,319	1,714	3,768
24	0,127	0,256	0,39	0,531	0,685	0,857	1,059	1,318	1,711	3,745
25	0,127	0,256	0,39	0,531	0,684	0,856	1,058	1,316	1,708	3,725
26	0,127	0,256	0,39	0,531	0,684	0,856	1,058	1,315	1,706	3,707
27	0,127	0,256	0,389	0,531	0,684	0,855	1,057	1,314	1,703	3,69
28	0,127	0,256	0,389	0,53	0,683	0,855	1,056	1,313	1,701	3,674
29	0,127	0,256	0,389	0,53	0,683	0,854	1,055	1,311	1,699	3,659
30	0,127	0,256	0,389	0,53	0,683	0,854	1,055	1,31	1,697	3,646
35	0,127	0,255	0,388	0,529	0,682	0,852	1,052	1,306	1,69	3,591
40	0,126	0,255	0,388	0,529	0,681	0,851	1,05	1,303	1,684	3,551
45	0,126	0,255	0,388	0,528	0,68	0,85	1,049	1,301	1,679	3,52
50	0,126	0,255	0,388	0,528	0,679	0,849	1,047	1,299	1,676	3,496
55	0,126	0,255	0,387	0,527	0,679	0,848	1,046	1,297	1,673	3,476
60	0,126	0,254	0,387	0,527	0,679	0,848	1,045	1,296	1,671	3,46

TABLE DE STUDENT

Reference bibliographies:

---

$$\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}$$

CALCULE DE L'ECART TYPE

$$t = \frac{m_1 - m_2}{\sqrt{\frac{s^2}{N_1} + \frac{s^2}{N_2}}}$$