

VARIATION DE LA LONGUEUR RELATIVE DU CHROMOSOME Y CHEZ LES BOVINS

Variation in the relative length of the chromosome Y in cattle

Variación de la longitud relativa del cromosoma Y en el ganado vacuno

R. DARRE *
M. MUORWELL *
H. M. BERLAND *
G. QUEINNEC *

La conférence dite de Denver, en 1960, sur la nomenclature des chromosomes humains mit en lumière la grande variabilité de forme et de longueur du chromosome Y chez l'homme.

Depuis, le polymorphisme du chromosome Y a fait l'objet de nombreux travaux et il est admis aujourd'hui que ce chromosome est celui dont la longueur relative est la plus variable d'un individu à l'autre.

Dans divers cas, ce chromosome jugé anormal a été trouvé associé à des anomalies et troubles de la reproduction chez les individus porteurs (DEVICOR-VUILLET et coll., 1971). Mais plus généralement, un important polymorphisme du chromosome Y a été mis en évidence à l'échelle de populations d'individus normaux.

La constante relative des formes observées sur des sujets étroitement apparentés, père-fils, pleins frères ou demi-frères issus d'un même père, témoigne du caractère hautement héritable de la forme du chromosome Y.

Cette variabilité s'observe donc entre groupes distincts, familles, mais aussi ethnies.

De ce point de vue, certains auteurs considèrent la plus ou moins grande taille du chromosome Y comme un moyen éventuel d'investigation dans les recherches en paternité (NUZZO et coll., 1966), d'autres y voient un caractère ethnique distinctif appréciable à l'échelle statistique (COHEN et coll., 1966; BORGAONKAR et coll., 1959).

La variabilité entre espèces est encore plus importante (1,6 % du génome chez l'homme, 3 % chez le boeuf, 12 % chez le campagnol terrestre).

* Ecole Nationale Vétérinaire, Laboratoire de Cytogénétique, Chemin des Capelles, 31076, Toulouse, France.

Cette grande variabilité interspécifique du chromosome Y peut être opposée à une constance relative du chromosome X chez beaucoup d'espèces de mammifères: chez l'homme, la souris, le chien, le cheval et le boeuf, le chromosome X représente environ 5 % du génome, mais il peut représenter jusqu'à 20 % du génome chez certains rongeurs. Selon OHNO (1967), cette variabilité résulterait au moins pour une grande part, de la présence plus ou moins importante d'hétérochromatine inactive dans chacun de ces chromosomes.

L'importance relative de chaque autosome exprimée en pourcentage du génome peut aussi faire l'objet d'une variation appréciable au sein d'une même espèce. Mais compte tenu des résultats disponibles, il ne semble pas que la variation de l'un quelconque de ces autosomes égale ou dépasse celle enregistrée sur le chromosome Y.

En ce qui concerne l'espèce bovine, divers travaux (GUSTAVSSON, 1969; POPESCU, 1969), fournissent des résultats sur la longueur relative moyenne des différents chromosomes.

Plus récemment, ZHIVALEV et GOL'DMAN (1973) ont mentionné l'existence d'une variation significative de la longueur du chromosome Y au sein de différentes races bovines d'Union Soviétique.

Notre étude réalisée sur un échantillon de taureaux de la race Blonde d'Aquitaine a eu pour objet d'estimer la longueur relative de chaque chromosome et, à partir des résultats obtenus, de rechercher l'existence d'une variation d'origine génétique de la longueur du chromosome Y.

MATERIEL ET METHODES

L'étude a porté sur 5 géniteurs et sur 5 taurillons demi-frères, fils de chaque géniteur, soit 30 mâles au total. Les 5 géniteurs ne présentent entre-eux aucun lien de parenté connu, l'information disponible sur les liens de parenté allant jusqu'à la 3ème génération d'ascendants. Tous ces taureaux étaient phénotypiquement normaux.

Des cultures de sang ont été faites selon la méthode de MOORHEAD modifiée.

5 métaphases provenant de chaque taureau ont été photographiées sur une pellicule Kodak Microfile.

Les négatifs ont été projetés sur écran pour agrandissement et les axes de chaque bras de chromosome tracés sur la feuille de papier servant d'écran.

La longueur de chaque chromosome a été définie comme étant la longueur moyenne de ses chromatides.

L'agrandissement était tel que l'autosome le plus long (n.° 1), mesurait en moyenne 100 mm et le plus petit (n.° 29), 35 mm, les contours de chaque image restant dans tous les cas bien définis.

La longueur relative du chromosome Y a été estimée en millièmes de la longueur totale du complément haploïde femelle (longueur de 29 autosomes + 1 X).

Nous avons procédé à une analyse de variance selon un modèle hiérarchique à 2 niveaux afin de tester d'une part la signification des différences entre géniteurs et d'autre part la signification des différences entre fils d'un même géniteur.

RESULTATS

1. Longueurs relatives du chromosome Y chez les 5 g niteurs et leurs descendants.

Pour chaque sujet, nous avons calcul  la valeur moyenne de la longueur relative, l' cart-type individuel, et l'erreur-type. Le nombre de donn es est le m me pour chaque g niteur, soit 5 mesures.

$$\bar{X} = \text{moyenne (en milli mes)} \quad s = \text{ cart-type} \quad \frac{s}{\sqrt{n}} = \text{erreur-type} \quad n = 5 \text{ m taphases/}$$

| | X | s | $\frac{s}{\sqrt{n}}$ |
|-----------------------------|-------|------|----------------------|
| <i>G niteur n  1</i> | 30,13 | 1,73 | 0,77 |
| Descendants n  11 | 29,26 | 1,97 | 0,88 |
| 12 | 29,26 | 1,08 | 0,82 |
| 13 | 31,24 | 1,70 | 0,76 |
| 14 | 28,50 | 1,48 | 0,65 |
| 15 | 32,68 | 1,60 | 0,71 |
| <i>G niteur n  2</i> | 27,23 | 1,19 | 0,53 |
| Descendants n  21 | 28,88 | 0,46 | 0,21 |
| 22 | 28,26 | 1,55 | 0,69 |
| 23 | 27,98 | 0,98 | 0,43 |
| 24 | 27,71 | 1,34 | 0,60 |
| 25 | 28,20 | 1,54 | 0,68 |
| <i>G niteur n  3</i> | 32,72 | 0,83 | 0,37 |
| Descendants n  31 | 32,27 | 1,32 | 0,59 |
| 32 | 31,06 | 1,31 | 0,58 |
| 33 | 32,93 | 1,05 | 0,47 |
| 34 | 33,93 | 0,56 | 0,25 |
| 35 | 32,06 | 1,24 | 0,55 |
| <i>G niteur n  4</i> | 31,13 | 0,96 | 0,43 |
| Descendants n  41 | 30,11 | 1,32 | 0,59 |
| 42 | 30,33 | 1,56 | 0,69 |
| 43 | 30,75 | 1,95 | 0,87 |
| 44 | 29,70 | 1,36 | 0,60 |
| 45 | 27,13 | 2,89 | 1,07 |
| <i>G niteur n  5</i> | 34,17 | 1,73 | 0,77 |
| Descendants n  51 | 34,04 | 2,21 | 0,98 |
| 52 | 33,62 | 1,64 | 0,73 |
| 53 | 32,59 | 0,99 | 0,44 |
| 54 | 32,89 | 2,69 | 1,20 |
| 55 | 30,61 | 1,85 | 0,82 |

2. Analyse de la variation de la longueur du chromosome Y.

Les résultats globaux sont présentés sur le tableau d'analyse de variance suivant:

| Origine de la variation | Somme des carrés | Degrés de liberté | Variance |
|---|------------------|-------------------|----------|
| Entre les 5 géniteurs | 425,84 | 4 | 106,46 |
| Entre fils d'un même géniteur (intragéniteurs) | 167,18 | 20 | 8,36 |
| Résiduelle (intrataurillon) | 321,48 | 100 | 3,21 |
| TOTALE | 914,51 | 124 | 7,35 |

Les rapports F de variance sont les suivants:

$$F = \frac{\text{entre géniteurs}}{\text{entre fils même géniteur}} = \frac{106,46}{8,36} = 12,73 \quad \text{très significatif (***)}$$

$$F = \frac{\text{entre fils même géniteur}}{\text{résiduelle}} = \frac{8,36}{3,21} = 2,60 \quad \text{significatif (**).}$$

Il y a donc une variation très significative de la longueur du chromosome Y entre descendance de géniteurs différents, ce qui ne fait que souligner l'importance de l'origine paternelle dans l'expression du caractère. La différence significative entre fils d'un même père est originale à considérer car elle peut traduire l'existence de facteurs de variation autres que ceux d'origine paternelle. Une influence génétique d'origine maternelle serait possible.

Le calcul des différentes composantes de la variance totale nous a donné les résultats suivants:

Composante paternelle tirée de la variance entre géniteurs: $s_p^2 = 3,92$

Composante intra-paternelle tirée de la variance intra-géniteurs: $s_{ip}^2 = 1,03$

Composante résiduelle (intra-taurillon): sans modification: $s_R^2 = 3,21$

Théoriquement, nous devrions pouvoir calculer un coefficient d'héritabilité à partir de la composante paternelle

$$(h^2 = \frac{4 s_p^2}{s_T^2})$$

Cependant, le nombre de géniteurs est trop réduit pour autoriser un tel calcul, h^2 dépasserait 1.

Nous pouvons néanmoins retenir l'existence d'un coefficient d'héritabilité élevé pour la longueur du chromosome Y.

3. Liaison entre longueurs mesurées chez les pères et longueurs mesurées chez les fils.

L'équation de régression liant la longueur moyenne du chromosome Y des 5 fils à la longueur Y' estimée chez leur père a été trouvée égale à :

$$Y = 0,744 Y' + 7,40$$

Le coefficient de corrélation est :

$$r = 0,955 \quad \text{significatif (**)}$$

DISCUSSION

Le chromosome Y des bovins est un chromosome subméta-centrique relativement grand si on le compare au chromosome Y de l'homme ou à celui d'autres espèces de mammifères domestiques, qu'il s'agisse du bélier, du bouc, ou du cheval, du chien. Seul le vertrat paraît avoir un chromosome Y offrant une dimension relative analogue.

Notre étude nous a permis de mettre en évidence une variation significative de la longueur de ce chromosome d'un sujet à l'autre, au sein d'un échantillon d'animaux de même race. Cette variation est associée à une liaison entre la longueur mesurée chez un géniteur et celles relevées chez ses fils.

L'origine de cette variation n'a pas été envisagée à ce stade de notre travail. Le changement peut se situer au niveau du bras court ou du bras long, et modifier ainsi le rapport centromérique, ou encore affecter les deux bras en même temps.

Selon UNNÉRUS et coll. (1967), la variation de longueur du chromosome Y de l'homme aurait une distribution normale. Mais le déterminisme de la plus grande variation entre sujets non apparentés est encore inconnu. Pour WAHLSTRÖM (1971), les variations de longueur résulteraient bien d'un changement réel de structure et non de différences de contraction du chromosome.

Il est vraisemblable, ainsi que l'expriment divers auteurs, que la variation de la longueur relative de ce chromosome soit étroitement liée à la teneur en hétérochromatine comme le montrent les observations réalisées en fluorescence en cytogénétique humaine.

Diverses études réalisées chez des hommes, offrant par ailleurs une fonction sexuelle modifiée, montrent que des délétions, des duplications, ou des translocations, pourraient être rendues responsables des variations extrêmes enregistrées (très grands et très petits chromosomes Y).

Ces variations de la morphologie de l'Y, associées à des variations du phénotype a même conduit à envisager une localisation factorielle des déterminants réglant l'orientation testiculaire, la sécrétion hormonale du testicule foetal, la spermatogénèse, et la morphogénèse somatique (DEVICTOR-VUILLET, 1971).

Cependant, si l'on tient compte de la teneur relativement élevée du chromosome Y en hétérochromatine supposée inactive, il est vraisemblable que certaines

variations telles qu'elles sont observées sur des sujets normaux n'entraînent pas de modifications apparentes du phénotype. Il n'en reste pas moins intéressant de rechercher, en élevage, dans quelle mesure des variations, même légères du phénotype sexuel mâle, pourraient être liées à des variations du chromosome Y.

RESUME

Une étude cytogénétique réalisée sur 5 taureaux géniteurs, de même race et non apparentés, et sur 25 fils, a mis en évidence une variation de la longueur relative du chromosome Y entre géniteurs et entre fils d'un même géniteur. Il y a une liaison significative entre la valeur mesurée chez le père et la valeur moyenne relevée chez ses fils.

SUMMARY

Variation in the length of the Y chromosome in a sample of 5 sire bulls and 25 sons from same breed was investigated. The normalized length of the Y chromosome was measured in 5 metaphases by animal. Statistical analysis of the data shows significant differences in mean length of the Y between progenies and between sons of a same bull. The Y mean value of the sons is correlated to the Y value of the sire.

RESUMEN

Un estudio citogénético realizado en 5 toros reproductores de la misma raza, no emparentados entre sí, y sobre 25 hijos, ha puesto en evidencia una variación en la longitud relativa del cromosoma Y entre varias descendencias y entre los hijos de un mismo reproductor. Existe una misma relación significativa entre el valor medido en el padre y el valor medio revelado en sus hijos.

BIBLIOGRAPHIE

- BORGAONKAR, D. S.; MAC KUSICK, U. A.; HERR, H. M.; DE LOS COBOS, L.; YODER, O. C. (1969): Constancy of the length of human Y chromosome. *Ann. Genet.*, 12 (4), 262-264.
- COHEN, M. M.; SHAW, M. W.; MAC CLUER, J. W. (1966): Racial differences in the length of the human Y chromosome. *Cytogenetics*, 5, 34-52.
- DEVICTOR-VUILLET, M.; LUCIANI, L. M.; CARLON, N.; STAHL, A. (1971): Anomalies de structure et rôle du chromosome Y chez l'homme. *Path. Biol.*, 19, 231-249.
- GUSTAVSSON, I. (1969): Cytogenetics, distribution and phenotypic effects of a translocation in swedish cattle. *Hereditas*, 63, 68-169.
- NUZZO, F.; CAVIEZEL, F.; DE CARLI, L. (1966): Y chromosome and exclusion of paternity. *The Lancet*, II, 260-262.
- POPESCU, C. P. (1969): Idiograms of yak, cattle and their hybrids. *Ann. Genet. Sel. Anim.*, 1, 207-217.
- UNNERUS, V.; FELLMAN, J.; DE LA CHAPELLE, A. (1967): The length of the human Y chromosome. *Cytogenetics*, 6, 213-227.
- WAHLSTRÖM, J. (1971): Are variations in length of Y chromosome due to structural changes? *Hereditas*, 69, 125-128.
- ZHIVALEV, I. K.; GOL'DMAN, I. L. (1973): *Polymorphisme du chromosome Y dans une population de bovins*. Dokl. Vsesojuz. Akad. Sel'skokhoz. Nauk V. I. Lenina, S.S.S.R., 2, 30-32.