

RELATIONS ENTRE DES MARQUEURS GENETIQUES ET LES CARACTERES DE PRODUCTION CHEZ LE PORC.

Christine RENARD (1), J.P. BIDANEL (2), Agnès PALOVICS (4), M. VAIMAN (5), G. GUERIN (4), J.P. RUNAVOT (3)

(1) Institut National de la Recherche Agronomique-LRA 78350 Jouy-en-Josas

(2) Institut National de la Recherche Agronomique-Station de Génétique Quantitative et Appliquée- 78350 Jouy-en-josas.

(3) Institut Technique du Porc - Région Ouest - BP - 35650 LE RHEU

(4) Institut National de la Recherche Agronomique - Laboratoire de Génétique Biochimique - 78350 Jouy-en-Josas.

(5) Centre d'Études Atomiques IPSN-DPS-SPE-LRA 91191 Gif-sur-Yvette cedex

Avec la collaboration technique de Noelle BOURGEOUX (1), H. JOUET (2) et du personnel des stations de contrôle de descendance (LE RHEU, LE DESCHAUX, LE TRANSLOY, MAURON)

1. INTRODUCTION

Bien qu'étudiés depuis longtemps, les gènes marqueurs n'ont pas donné lieu à des applications en sélection porcine à de rares exceptions près. Cependant les possibilités d'utilisation de ces polymorphismes dans la pratique sont nombreuses, que ce soit pour le contrôle des filiations, comme points de repère dans le génôme ou encore, s'ils sont associés à des caractères d'intérêt économique, comme outil d'amélioration génétique. Ainsi, dans l'espèce porcine, l'utilisation de marqueurs sanguins gouvernés par des locus étroitement liés à celui de sensibilité à l'halothane (locus Phi et Pgd) contribue à augmenter l'efficacité de la sélection "contre" le gène Hal de sensibilité à l'halothane.

D'autres associations entre des gènes marqueurs et des caractères d'intérêt économiques ont été mises en évidence chez le porc ; outre les effets de marqueurs associés au groupe de liaison comprenant le gène Hal citons en particulier les relations entre le complexe majeur d'histocompatibilité (SLA) et la taille et la croissance du porcelet (ROTHSCHILD *et al.*, 1985) la croissance et l'adiposité des porcs en station de sélection (CAPY *et al.*, 1981) et la reproduction en troupeau expérimental (RENARD *et al.*, 1985).

Nous nous proposons dans ce travail d'étudier la fréquence de plusieurs marqueurs génétiques sanguins dans les races Large White et Landrace Français en 1986 et de tester l'existence de liaisons avec les caractères de croissance, de composition corporelle et de qualité de la viande. L'étude concerne des marqueurs associés au groupe de liaison Hal : Phosphohexose Isomerase (Phi) postalbumine 2 (Po2), 6-phosphogluconate deshydrogénase (Pgd) et le groupe sanguin H, mais également le SLA, la transférine (Tf), l'inhibiteur de Protéase (Pi1) et les groupes sanguins A et E.

2. MATERIEL ET METHODES

2.1. MATÉRIEL ANIMAL

L'étude porte sur un échantillon de 243 femelles de race Large White et Landrace Français entrées dans 4 stations de contrôle de la descendance entre le 13/12/85 et le 21/08/86. Les 141 animaux Large White sont issus de 96 pères et 138 mères, les 102 animaux Landrace Français de 53 pères et 71 mères différentes. Ils proviennent de plusieurs élevages de sélection et les parents sont pour la plupart non apparentés. Cette diversité d'origines permet de considérer les deux échantillons comme représentatifs des races concernées.

2.2. TYPAGES SANGUINS

Les typages ont été réalisés à partir de sang de porc hépariné transporté jusqu'au laboratoire dans les 24 heures après le prélèvement.

— Les groupes sanguins A et E ont été testés sur les lymphocytes par la technique de lymphocytotoxicité utilisée également pour identifier les caractères SLA de classe I (RENARD *et al.* 1982). En effet, ces glycoprotéines sont communes aux hématies et aux lymphocytes comme l'ont démontré SIMON et HRUBAN (1972) et HRUBAN *et al.* (1972). Les réactifs sont des immunosera produits par greffe de peau dans notre laboratoire et contrôlés par V. HRUBAN.

— Le groupe sanguin H a été testé à partir des hématies, par la technique d'hémolyse en deux étapes indiquée par BRAUNER-NIELSEN (communication personnelle) qui nous a fourni les réactifs. Ce sont des anticorps résultant d'immunisation par des globules rouges et réagissant avec les pro-

duits des allèles Ha, Hb, et Hc. Ils permettent également d'identifier l'homozygotie par une lecture précoce en cours d'incubation.

— Les variants de la transférine (Tf) sont mis en évidence après migration électrophorétique unidimensionnelle des protéines plasmatiques, réalisée selon la technique de JUNEJA *et al.* (1978).

— Les variants de l'alpha 1 inhibiteur de protéase (Pi1) et de la postalbumine-2 (Po2), sont détectés dans le plasma soumis à une électrophorèse en deux dimensions. La première migration est réalisée dans les conditions techniques décrites par JUNEJA *et al.* (1979) et la deuxième migration, perpendiculaire à la première, est effectuée selon le protocole publié par JUNEJA et GAHNE (1980).

— L'analyse électrophorétique des enzymes contrôlés par les gènes Phi et Pgd a été réalisée à partir des lysats d'hématies selon la technique de GUERIN *et al.* (1978).

— Les produits des gènes SLA de classe I, sont identifiés par un test de lymphocytotoxicité dont le principe a été décrit antérieurement (RENARD *et al.* 1982). Un test de comparaison international a récemment permis d'unifier la nomenclature des antigènes SLA de classe I reconnus par ces réactifs (RENARD *et al.* 1987 sous presse).

2.3. CARACTÈRES ÉTUDIÉS

Les caractères étudiés sont ceux d'engraissement, de carcasse et de qualité de la viande classiquement mesurés dans les stations de contrôle de la descendance (MOLENAT *et al.*, 1974). Parmi eux figurent 3 variables "synthétiques" : les estimateurs de la teneur en muscle et en gras de la carcasse proposés par HAMELIN (1975) et l'indice de qualité de la viande établi par JACQUET *et al.*, (1984). Par souci de simplicité, seules figurent dans les tableaux de résultats les variables pour lesquelles une association significative avec un marqueur sanguin est mise en évidence.

2.4. ANALYSE STATISTIQUE

2.4.1. Système majeur d'histocompatibilité (SLA).

L'analyse est réalisée séparément pour chacune des deux races et seuls les haplotypes les plus fréquents (10 en Large White et 7 en Landrace Français) sont considérés. L'effet de chaque haplotype est étudié à partir du modèle linéaire mixte suivant :

$$y_{ijklm} = \mu + S_i + B_{ij} + H_k + a_{i(j)} + cov + e_{ijklm} \text{ (modèle 1)}$$

où

μ : est la moyenne générale

S_i : l'effet fixé de la station

B_{ij} : l'effet fixé de la bande intra-station ; pour les variables de qualité de la viande, un modèle avec l'effet de la date d'abattage est également utilisé

H_k : est l'effet fixé lié à la présence ou à l'absence de l'haplotype étudié

$a_{i(j)}$: l'effet aléatoire du père intra-station (en Large White) ou du couple père-mère intra-bande (en Landrace Français) d'espérance nulle et de variance connue

cov : la covariable poids initial (pour le gain moyen quotidien

et l'indice de consommation) ou poids d'abattage (pour les autres variables)

e_{ijklm} : la résiduelle.

2.4.2. Autres marqueurs

Une première analyse est réalisée sur l'ensemble des données à partir du modèle linéaire à effets fixés suivants :

$$y_{ijklmn} = \mu + S_i + B_{ij} + M_k + R_l + RM_{kl} + e_{ijklmn} \text{ (modèle 2)}$$

où

μ, S_i, B_{ij} , ont la même signification que dans le modèle 1

M_k : est l'effet des phénotypes ou génotypes du marqueur sanguin considéré

R_l : l'effet de la race

RM_{kl} : l'interaction race x marqueur

e_{ijklmn} : la résiduelle.

Lorsque l'interaction race x marqueur est significative et dans tous les cas pour les marqueurs liés au gène Hal de sensibilité à l'halothane (Phi, Pgd, Po2 et groupe sanguin H), une analyse par race est également effectuée.

Les calculs ont été réalisés à l'aide des procédures GLM ("General Linear Model") et HARVEY du logiciel SAS (SAS Institute, 1983, 1985).

3. RÉSULTATS ET DISCUSSION

3.1. GROUPES SANGUINS ET SYSTÈMES PROTÉIQUES

3.1.1. Fréquence des gènes étudiés

Le tableau 1 présente les effectifs et les fréquences phénotypiques ou génotypiques des marqueurs dans les échantillons de chacune des 2 races. Le nombre d'animaux testés est plus faible pour les locus Po2, Pi1 et Tf, essentiellement pour des raisons techniques. Les fréquences alléliques, calculées soit directement à partir des effectifs des différents génotypes, soit à partir des fréquences phénotypiques en supposant les populations en panmixie, figurent dans le tableau 2.

3.1.1.1. Large White

Il n'existait jusqu'à présent aucune référence des fréquences de ces gènes chez le Large White français. Les résultats de tests réalisés dans d'autres pays entre 1969 et 1975 ont été rassemblés par FRANCESCHI et OLLIVIER (1981). La comparaison de ces données avec celles du tableau 2 fait apparaître une certaine similitude de fréquences dans les différentes populations Large White.

Il apparaît une bonne stabilité des fréquences de ces gènes notamment pour le système A, bien que les populations diffèrent dans le temps et géographiquement. On peut attribuer cette stabilité à l'absence d'effet de la sélection sur ces gènes dans cette race.

Pour le groupe de liaison Phi, H, Po2, Pgd, deux formes alléliques existent à chaque locus et les fréquences de ces deux allèles sont équivalentes (proches de 0,5) pour les deux pre-

TABEAU 1
FRÉQUENCES DES PHÉNOTYPES OU GÉNOTYPES DES
SYSTÈMES TESTÉS

SYSTEMES PHENOTYPES GENETIQUES	LARGE WHITE		LANDRACE		
	N	F	N	F	
A	A-	85	60,7%	64	64,0%
	A+ / +, A+ / -	54	35,6%	35	35,0%
	A faible	1	0,7%	1	1%
E	E-	45	32,1%	18	18,0%
	Ea/a, a/ -	21	15,0%	27	27,0%
	Eb/b, b/ -	45	32,1%	36	36,0%
	Ea/b	29	20,7%	19	19,0%
H	--	0		12	12,1%
	a-	11		19	13,1%
	aa	24	17,3%	7	7,1%
	ab	3	2,2%		22,0%
	ac	60	43,2%	19	19,2%
	b-	0		1	1,0%
	bc	2	1,4%	2	2,0%
	c-	3	2,2%	19	19,2%
	cc	36	25,9%	24	24,2%
Po2	FF	53	48,2%	23	62,2%
	FS	47	42,7%	12	32,4%
	SS	10	9,1%	2	5,4%
Tf	AA	7	6,3%		
	AB	40	35,7%	2	5,3%
	BB	65	58,0%	36	94,7%
Pi1	AA	24	30,0%	4	23,5%
	AB	37	46,3%	10	58,8%
	BB	19	23,8%	3	17,6%
Phi	AA	43	31,6%	6	6,1%
	AB	59	43,4%	42	42,4%
	BB	34	25,0%	51	51,5%
Pgd	AA	78	60,5%	37	37,4%
	AB	46	35,7%	44	44,4%
	BB	5	3,9%	18	18,2%

miers loci mais une forme allélique prédomine pour les deux derniers. Une relation semble exister cependant pour ce système entre proximité géographique et génétique des populations Large White ; les fréquences génétiques sont en effet identiques à celles de notre échantillon en Allemagne, proche au Danemark et plus éloignées au Japon (FRANCESCHI et OLLIVIER 1981) et surtout aux USA (RASMUSEN *et al.* 1983).

Le locus Pi1 représente un système indépendant du groupe de liaison ci-dessus avec deux formes alléliques dont les fréquences sont proches de 0,5.

Le locus Tf est également indépendant des systèmes précédents. Les proportions alléliques sont voisines de celles observées chez les LW anglais et tchèques mais différentes des LW allemands où Tf^A est moins fréquent (FRANCESCHI et OLLIVIER 1981).

3.1.1.2. Landrace Français

La fréquence de l'allèle A+ est inférieure à celle observée en Iowa (RASMUSEN, 1983) et chez le Landrace Belge (VAN ZEVEREN, 1983), mais identique à celle observée en Suisse par Vogeli (1982).

TABEAU 2
FRÉQUENCES ALLÉLIQUES DES SYSTÈMES GÉNÉTIQUES
TESTÉS

Systèmes génétiques et Allèles testés		Race Large White	Race Landrace Français
Groupes sanguins			
A	-	0,779	0,800
	+	0,221	0,200
E	-	0,526	0,417
	a/	0,184	0,260
	b	0,290	0,323
H	-	0,050	0,288
	a	0,439	0,242
	b	0,018	0,025
	c	0,493	0,444
Systèmes Enzymatiques			
Phi	A	0,533	0,273
	B	0,467	0,727
Pgd	A	0,783	0,596
	B	0,217	0,404
Po2	F	0,695	0,784
	S	0,305	0,216
Tf	A	0,241	0,026
	B	0,760	0,976
Pi-1	A	0,531	0,529
	B	0,469	0,471

Les fréquences des deux allèles de E sont voisines des fréquences observées pour les phénogroupes Eaeghln et Ebdgkmp dans les Landrace Belges (VAN ZEVEREN 1983). Ces deux races sont également très voisines pour les loci Tf et Pi1 mais diffèrent pour le groupe de liaison incluant Hal. Elles s'écartent également de façon sensible de celles présentées par FRANCESCHI et OLLIVIER (1981). La fréquence de l'allèle PhiB est très voisine de celle décrite par COURREAU *et al.*, (1985) pour des animaux LF testés en 1984 et proche des valeurs atteintes en 1983 chez les Landraces Suisses (VOGELI *et al.* 1985).

Les fréquences des allèles H^a et H^c sont inversées par rapport à celles antérieurement publiées pour certaines populations Landrace (FRANCESCHI et OLLIVIER 1981). Ce résultat est à rapprocher de la faible fréquence observée pour l'allèle S au locus Po2. H^a et Po2^S sont en effet associés au gène Hal^S dans plusieurs populations Landrace (HOJNY, 1987). Même si une certaine prudence s'impose du fait de la faible taille de l'échantillon, l'évolution de la fréquence de ces allèles mérite d'être mentionnée dans le contexte actuel de sélection contre Hal^S chez Le Landrace Français. Par contre, la fréquence de Pgd^B, également associé à Hal^S, mais de façon moins étroite, est comparable à celle rapportée par COURREAU *et al.* (1985).

3.1.2. RELATION AVEC LES CARACTÈRES DE PRODUCTION

Aucune relation significative n'apparaît entre le gain moyen quotidien ou l'indice de consommation et l'un des gènes décrits (groupes sanguins, protéines en race Large White comme en race Landrace). Au niveau composition corporelle,

la seule association observée concerne le système Phi-Pgd et des caractères d'adiposité chez le Large White avec des effets significatifs pour le poids de bardière, l'épaisseur de lard au dos et le rapport longe/bardière.

Les relations avec les variables de qualité de la viande sont plus nettes que les précédentes : en race LF on observe un effet du génotype Pgd^{AB} sur le pH et l'indice de qualité de viande (I.Q.V.). De même le génotype Pi1^{AA} est associé à un pH plus élevé ($0,19 \pm 0,08$; $p < 0,05$) et à une note subjective supérieure ($3,6 \pm 1,8$; $p < 0,10$) à l'autre l'homozygote ainsi qu'à un meilleur indice de qualité de la viande que les deux autres génotypes ($1,9 \pm 0,8$; $p < 0,05$). Par contre on ne retrouve pas dans cet échantillon les relations décrites par ailleurs entre le groupe de liaison Phi, H, Po2 et la qualité de la viande (MITCHELL ET HEFRON, 1982).

3.2. COMPLEXE MAJEUR D'HISTOCOMPATIBILITÉ SLA

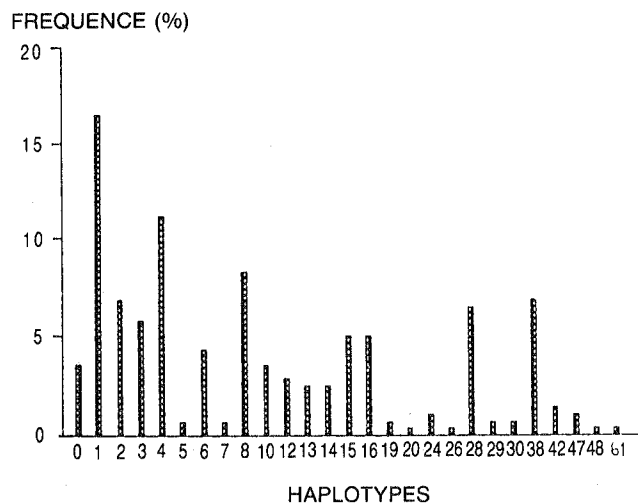
3.2.1. FRÉQUENCE DES HAPLOTYPES SLA

Les comparaisons des fréquences des haplotypes SLA entre populations ont été exposés précédemment (RENARD *et al.* 1986). Ce complexe comprend plusieurs loci étroitement liés et l'ensemble des gènes sont généralement transmis ensemble sauf dans le cas des rares recombinants. L'ensemble des allèles à ces différents loci présents sur un même chromosome est appelé haplotype. Chaque haplotype est désigné par H suivi d'un nombre. Depuis 1970, les porcs de race LW et LF ont été typés pour le complexe SLA dans les stations de contrôle individuel à 3 reprises (1972-1974 ; 1976-1978 ; 1979-1980). Des résultats d'études d'associations avec les performances de production ont été publiés (CAPY *et al.* 1980, RENARD *et al.* 1982). Dans ce travail nous présentons les résultats récents.

3.2.1.1. Race Large White

La fréquence des haplotypes SLA dans cette dernière population étudiée est représentée sur la figure 1 : en ordonnée la fréquence observée pour chaque haplotype SLA dont le nom est porté en abscisse sous forme de numéros.

FIGURE 1
FRÉQUENCE DES HAPLOTYPES SLA CHEZ LE LARGE WHITE

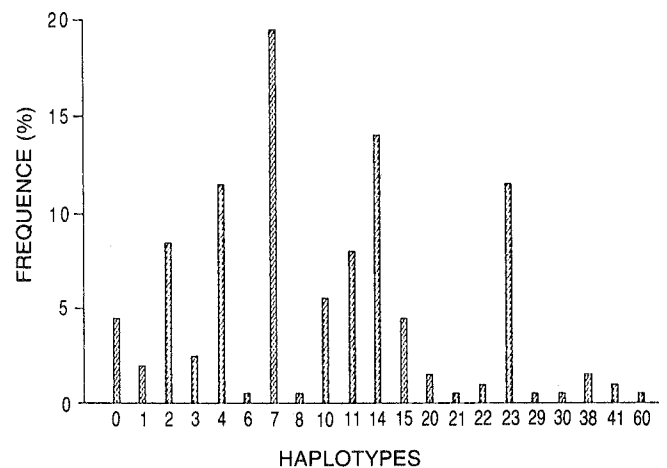


Les haplotypes H01 et H04 ont une fréquence supérieure à 0,100 et 7 haplotypes (H08, H02, H38, H28, H03, H15, H16) ont une fréquence supérieure à 0,050. Si l'on compare les résultats avec ceux obtenus précédemment, on note la stabilité de fréquence des haplotypes H01, H12 et H16. La fréquence des haplotypes H04 et H15 qui avait augmenté entre 1978 et 1980 s'est maintenu en 1986. En dehors de cette conservation des proportions relatives des principaux haplotypes entre 1980-1986 il faut noter les variations importantes des fréquences des haplotypes H28 et H38, le dernier n'ayant jamais été observé en race Large White précédemment.

3.2.1.2 Landrace Français

En race Landrace on observe (tableau 2) 4 haplotypes dont la fréquence est supérieure à 0,100 (H07, H14, H23, H04) et 3 haplotypes seulement avec une fréquence comprise entre 0,050 et 0,100 (H02, H11, H10). Par rapport aux fréquences publiées précédemment (RENARD *et al.* 1986) on note la disparition de l'haplotype H01, la baisse de fréquence de l'haplotype H04 et l'augmentation de fréquence très importante de l'haplotype H23.

FIGURE 2
FRÉQUENCE DES HAPLOTYPES SLA CHEZ LE LANDRACE FRANÇAIS



3.2.2. ASSOCIATION ENTRE SLA ET LES CARACTÈRES DE PRODUCTION

3.2.2.1. Croissance et engraissement

TABLEAU 3
ASSOCIATIONS SIGNIFICATIVES ENTRE HAPLOTYPES SLA ET CARACTÈRES DE CROISSANCE ET D'ENGRASSEMENT

Race (effectif)	Large White (139)	Landrace (100)	
Haplotypes SLA (effectif des porteurs)	H03 (16)	H04 (23)	H11 (16)
Gain moyen quotidien (g/jour)	† -43 ± 25	*	*
Indice de consommation (kg aliment/kg gain)		+0,090 ± 0,047	-0,117 ± 0,053

Niveau de signification († $p < 0,10$ - * $p < 0,05$ - ** $p < 0,01$ - *** $p < 0,001$) et estimation \pm écart type de la différence entre porcs porteurs et non porteurs de l'haplotype SLA mentionné au dessus.

Les résultats significatifs figurent dans le tableau 3. On retrouve en race LW une tendance à un effet négatif de l'haplotype H03 sur le GMQ en engraissement ($p < 0,10$). Une baisse de fréquence importante de cet haplotype avait été observée entre 1974 et 1978 (RENARD *et al.* 1982). Des liaisons significatives sont observées pour l'indice de consommation en Landrace, avec un effet défavorable de H04 et favorable de H11. Aucune relation significative n'apparaît par contre en Large White.

3.2.2.2. Composition corporelle

Trois haplotypes SLA (1 en LW, 2 en LR) présentent des associations significatives avec les caractères de composition corporelle. Les niveaux de signification et les écarts entre animaux porteurs et non porteurs des haplotypes H04 et H23 figurent dans le tableau 4. Les porcs H04 en race LW et H23 en race LR ont une faible adiposité et leur pourcentage de muscle est supérieur de 2% de celui des animaux non porteurs. Par contre en race LF l'haplotype H04 est associé à une adiposité plus élevée.

Il est particulièrement intéressant de noter que la sélection pratiquée sur ces caractères modifie nettement les fréquences de ces haplotypes dans la direction attendue. Ainsi l'observation, faite par le passé, d'une association entre H01 et une forte adiposité en race LF (CAPY *et al.* 1981) se complète par une disparition de cet haplotype dans ce dernier groupe de porcs LF testés. De même les fréquences des haplotypes H04 et H23 ont fortement évoluées dans cette race ces dernières années : la fréquence de H04 est ainsi passée de 0,312 à 0,115 et celle de H23 de 0,047 à 0,115.

TABLEAU 4
ASSOCIATIONS SIGNIFICATIVES ENTRE HAPLOTYPES SLA ET CARACTÈRES DE COMPOSITION CORPORELLE

Race (effectif)	Large White (139)	Landrace (100)	
	H04 (31)	H04 (23)	H23 (23)
Haplotypes SLA (effectif des porteurs)			
Longueur (mm)		*	
		-12,79 ± 5,99	
Hachage (kg)	***	**	
	+0,180 ± 0,055	-0,184 ± 0,074	
Jambon (kg)			*
			+0,179 ± 0,090
Longe (kg)	+		*
	+0,301 ± 0,162		+0,250 ± 0,156
Poitrine (kg)			*
			-0,149 ± 0,081
Bardière (kg)	***	*	***
	-0,542 ± 0,158	+0,310 ± 0,143	-0,471 ± 0,145
Épaisseur de Lard Dorsal (mm) : au niveau du rein	***		
	-3,08 ± 0,94		
au niveau du dos	**		*
	-2,23 ± 0,76		-1,39 ± 0,71
au niveau du cou	***	*	***
	-3,47 ± 1,03	+2,18 ± 1,04	-3,31 ± 1,06
Pourcentage de Gras	**	*	***
	-2,49 ± 0,86	+1,36 ± 0,76	-2,47 ± 0,76
Pourcentage de Muscle	**	+	***
	+1,86 ± 0,72	-1,02 ± 0,64	+2,11 ± 0,64
Rapport Longe/Bardière	**	*	**
	+0,488 ± 0,183	-0,26 ± 0,13	+0,384 ± 0,136

Voir tableau 3

TABLEAU 5
ASSOCIATIONS SIGNIFICATIVES ENTRE HAPLOTYPES SLA ET CARACTÈRES DE QUALITÉ DE VIANDE

Race (effectif)	Large White (139)						Landrace (100)	
	H02 (19)	H03 (16)	H16 (14)	H08 (23)	H04 (31)	H15 (14)	H07 (39)	H15 (9)
Note	*					+		
	+1,49 ± 0,66					-1,51 ± 0,76		
Rétention d'eau	*							
	+2,67 ± 1,29							
Réfectance			**	*	*			+
			-69,7 ± 25,3	-44,3 ± 21,6	+44,1 ± 18,7			+61,6 ± 30,9
pH		+					+	
		+0,15 ± 0,08					-0,086 ± 0,046	
Indice de qualité de viande	+	+				+		
	+1,22 ± 0,64	+1,19 ± 0,71				-1,36 ± 0,73		

Voir tableau 3

3.2.2.3. Qualité de viande

Un certain nombre de relations semblent exister entre SLA et les caractères de qualité technologique de la viande. Des tendances sont à noter pour un nombre important d'haplotypes (Tableau 5) à la fois chez le LW et le LR. Mais seule la race LW présente des associations significatives entre les haplotypes H04, H08 et H16 et la réfectance d'une part, entre l'haplotype H02 et la note subjective et la rétention d'eau d'autre part.

CONCLUSION

Les associations observées entre SLA et un certain nombre

de caractères de production tendent à confirmer l'implication de cette région dans un certain nombre de processus physiologiques essentiels pour l'expression de ces caractères. Au vu des différences importantes observées, un certain nombre de dispositifs expérimentaux pourrait être mis en place pour contrôler ces résultats et les appliquer en sélection de façon à éliminer plus rapidement les animaux de type franchement défavorables pour les principaux critères de sélection.

Cependant, il faut considérer que l'effet de la présence d'haplotype SLA précis peut s'inverser en fonction du critère de sélection choisi. Ainsi en était-il également pour le groupe de liaison comprenant Hal^s associé à la fois au caractère culard et mauvais rendement technologique de la viande.

L'intérêt en sélection, du groupe de gènes Phi, H, Po2, Pgd n'est plus à démontrer. De nombreuses équipes ont utilisé ces gènes marqueurs avec succès. Cependant leurs études comme la notre montrent qu'on peut perdre la trace de ce type d'association "gène marqueur-caractères à sélectionner" d'un groupe d'animaux à l'autre si la liaison est lâche et que des recombinaisons surviennent. Il est donc essentiel de rechercher les gènes marqueurs les plus proches si ce ne sont les gènes eux mêmes qui contrôlent les métabolismes impliqués dans ces caractères de production.

Il est encore trop tôt pour proposer un modèle expliquant les associations observées entre SLA et les caractères de production. A côté des gènes SLA impliqués dans la réponse immune (classe I et II) la région dite de classe III comporte, à côté des gènes codant pour les constituants C2, Bf et C4 du complément, le gène codant pour la 21-hydroxylase. Or cet enzyme intervient dans le métabolisme des hormones stéroïdes au niveau des glandes cortico-surrénales. Une modification de fonctionnement de cet enzyme pourrait modifier le taux de cortisol, d'aldostérone et éventuellement intervenir sur les hormones androgènes et donc entraîner des variations de performances des animaux.

L'influence d'autres gènes notamment le gène codant pour le TNF, qui régule la fonction de la lipoprotéine lipase devrait être considérée dans l'avenir si ce gène était associé au SLA comme c'est le cas chez l'homme.

Avec le développement accéléré des techniques de biologie moléculaire et ses futures applications en zootechnie, la connaissance de gènes marqueurs a regagné de l'intérêt en tant que points de repères dans le génome. Ils sont d'autant plus importants à étudier que des associations entre ces gènes marqueurs et des caractères de production ou de reproduction ont été mis en évidence.

BIBLIOGRAPHIE

- CAPY P., RENARD C., SELLIER P., VAIMAN M., 1981. Ann. Genet. Sél. Anim., **13**, 441-446.
- COURREAU J.F., SELLIER P., BOULARD J., BRETON T., GOUIL-LIEUX P., GUERIN G., 1985. Journées Rech. Porcine en France, **17**, 95-104.
- FRANCESCHI P.F., et OLLIVIER L., 1981. Z. Tierzucht. Zucht-biol. **98**, 176-186.
- GUERIN G., OLLIVIER L., SELLIER R., 1978. Ann. Genet. Sél. Anim. **10**, 125-129.
- HAMELIN, 1975. Document interne ITP, non publié.
- HOJNY J., CWIK S., SCHMID D.O. & BLENDL M.H. 1987. Anim. Genet. **18**, 106-107.
- HRUBAN V., SIMON M., and HRADECKY J. 1972. Anim. Blood Grps. Biochem. Genet. **3**, 157-161
- JACQUET B., SELLIER P., RUNAVOT J.P., BRAULT D., HOUIX Y., PERROCHEAU C., GOGUE J., GOULARD J. 1984. Journées de la Rech. Porcine en France **16**, 49-58.
- JUNEJA R.K., GAHNE B., SANDBERG K. 1978. Anim. Blood Grps. Biochem. Genet., **9**, 29-36.
- JUNEJA R.K., GAHNE B., SANDBERG K. 1979. Anim. Blood Grps. Biochem. Genet., **10**, 235-251.
- JUNEJA R.K. and GAHNE B. 1980. Anim. Blood Grps. Biochem. Genet. **11**, 215-228.
- MITCHELL G. & HEFFRON J.J.A. 1982. Advances in Food Research, **28**, 167-230.
- MOLENAT M., HOUIX Y., POULENC J. 1974. Bull. Tech. du dep. de Genet. Anim. INRA **18**, 1-104.
- RASMUSEN B.A. 1983. Isozymes : Current Topics in Biological and Medical Research. **11**, Medical and other Applications 249-268. Ed : Alan R. LISS, Inc, 150 Fifth Avenue, New York, NY 10011.
- RENARD C., VAIMAN M., CAPY P., SELLIER P. 1982. 2nd World Congress on Genetics applied to Livestock Production, **8**, 570-583. Editorial Garsi, Madrid.
- RENARD C., CHARDON P. & VAIMAN M. 1982. Anim. Blood Grps. Biochem. Genet. **13**, 161-177.
- RENARD C., BOLET G., DANDO P., VAIMAN M. 1985. Journées Rech. Porcine en France, **17**, 105-112.
- RENARD C., LUQUET M., GOUILLEUX P., VAIMAN M. 1986. Journées Rech. Porcine en France. **18**, 285-298.
- ROTHCHILD M.F., RENARD Ch., LEGAULT C. & VAIMAN M. 1986. Anim. Genet. **17**, 267-272.
- SAS Institute INC. 1983. SUGI supplemental Library, user's guid. Edition CARY N.C : SAS Institute INC, 402p.
- SAS Institute INC. 1985. SAS user's guid : statistics version 5. Edition CARY N.C. : SAS Institute INC, 956p.
- SIMON M. and HRUBAN V. 1972. Vo Sang. **23**, 208-211.
- VAN ZEVEREN A., BOUQUET Y., HOJNY J., VAN de WEGHE A., and VAREWYCK H. 1983. Livestock Production Science, **10**, 373-386.
- VOGELI P., GERWIG C., SCHNEEBELI H. 1982. Schweiz Landw Monatshefte **60**, 234-240.
- VOGELI P., SCHWORER D., KUHNE R. and WYSSHAAR M. 1985. Anim. Blood Grps. and Biochem. Genet, **16**, 285-296.