

Validation d'un panel de marqueurs microsatellites pour le contrôle de parenté dans la lignée sino-européenne Tai Zumu et la lignée Duroc DRB

Michel SOURDIOUX (1), Arnaud LAMAMY (2), Damien BAHON (1), Thais PANTANO (2)

(1) GENE+, 12 rue du moulin, 62134 Erin

(2) LABOGENA, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas cedex

msourdioux@geneplus.com

Validation of a panel of DNA microsatellite markers for parentage control in the Tai Zumu Chinese-European line and in the DRB Duroc line

A panel of 17 microsatellite markers is evaluated for parentage control in two GENE+ synthetic lines. For each line, two samples of animals are used: an enlarged sample and a restricted one. Microsatellite markers are analysed by the standardised methods in use at LABOGENA. On both animal samples, the theoretical power of exclusion is quite high on the hypothesis of only one parent known, i.e. 0.9987 and 0.9855 for the enlarged sample of animals of TAI ZUMU and DRB lines, respectively. On the hypothesis of two parents known, exclusion probabilities are higher than 0.99 on both samples of both lines. These results confirm the efficiency of the panel of microsatellite markers for the parentage control in synthetic lines.

INTRODUCTION

La qualité de l'information généalogique est un élément majeur de la fiabilité des programmes de sélection. Depuis plusieurs années, l'utilisation de marqueurs moléculaires permet d'identifier un animal et de contrôler les filiations. En France, des panels de marqueurs microsatellites ont été mis en place et sont utilisés depuis 1999 sur les races porcines collectives (Amigues et al., 2000). Cependant, ces panels n'ont pas toujours été testés sur des lignées synthétiques porcines autonomes. L'objectif de cette communication est de valider l'utilisation d'un panel de marqueurs microsatellites pour le contrôle de filiation dans deux lignées GENE+, la lignée sino-européenne Tai Zumu et la lignée Duroc femelle DRB.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Les lignées

La lignée Tai Zumu est une lignée sino-européenne constituée en 1994 à partir de truies Meishan et Meishan x Jiaxing et de verrats Large White français hyperprolifères. Depuis cette date, elle n'a fait l'objet d'aucune introduction de gènes extérieurs. La base de sélection compte aujourd'hui environ 1000 truies en France.

La lignée DRB est une lignée à base de Duroc créée par absorption sur des variétés de Large White et de Landrace français en 1981. Depuis 2006, la lignée DRB fait l'objet d'une ouverture génétique par l'utilisation de verrats issus d'une variété de Duroc femelle. La base de sélection compte environ 600 truies.

1.2. Les marqueurs

Le panel de marqueurs est constitué de 17 microsatellites issus des marqueurs utilisés dans le projet européen PigBioDiv (Groenen et al., 2003 ; Ollivier et al., 2005). L'utilisation de ce panel a débuté pour les deux lignées en Mai 2006. Au 31 Août 2007, 422 animaux Tai Zumu et 174 DRB ont déjà fait l'objet d'une identification. Les analyses ont été réalisées à LABOGENA à partir d'ADN extrait de sang ou de bulbes pileux selon la technique classique d'extraction et de génotypage de microsatellites.

1.3. Les animaux

Dans les deux lignées, deux échantillons d'animaux ont été sélectionnés pour valider le contrôle de filiation. Un échantillon restreint, visant à atteindre une cinquantaine d'animaux entre lesquels la parenté est par construction limitée (en l'occurrence 57 animaux dans les deux lignées issus chacun de 57 pères et

57 mères différents) et un échantillon élargi visant à atteindre une centaine d'animaux (115 en Tai Zumu et 89 en DRB) mais comportant des demi-frères et demi-sœurs de père.

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Les résultats concernant le nombre d'allèles et le taux d'hétérozygotie par marqueur sont commentés sur l'échantillon restreint. Le nombre d'allèles observés pour les différents marqueurs varie de 5 à 9 en lignée Tai Zumu et 3 à 7 en lignée DRB. Le nombre moyen d'allèles par marqueur est de 6,5 et 5 respectivement en Tai Zumu et DRB. L'ensemble de ces résultats montre une plus grande variabilité de la lignée Tai Zumu. Ceci se confirme aussi par une plus haute valeur de probabilité d'exclusion dans l'hypothèse d'un seul parent connu comme l'indique le tableau 1.

Le taux d'hétérozygotie observé (H_o) varie de 0,1607 à 0,4074 pour le marqueur le moins polymorphe (S0215). A l'inverse, le taux d'hétérozygotie observé varie de 0,7321 (SW24, SW240) à 0,8421 (SW951) pour le marqueur le plus polymorphe.

Pour d'autres populations, ce taux peut varier de manière très importante. Le marqueur SO225 par exemple, très peu polymorphe en race Large White ($H_o = 0,10$), est ici tout à fait intéressant dans les deux lignées étudiées ($H_o = 0,5$). Globalement, les taux d'hétérozygotie observés sont relativement élevés, ce qui est cohérent avec l'origine composite de ces deux lignées et témoigne d'un bon maintien de la variabilité génétique depuis leur fermeture.

Les taux d'hétérozygotie attendus sous l'hypothèse d'équilibre panmictique dans chaque population et pour chaque marqueur sont peu différents des taux d'hétérozygotie observés. L'écart le plus important est obtenu pour le marqueur S0090 (écart non significatif).

Le tableau 1 présente les probabilités d'exclusion avec un ou deux parents connus calculées sur les deux échantillons d'animaux restreint et élargi.

Tableau 1 - Probabilités d'exclusion estimées sur deux échantillons d'animaux dans les deux lignées Tai Zumu et DRB

Probabilité d'exclusion	Lignée Tai Zumu		Lignée DRB	
	Echantillon		Echantillon	
	restreint	élargi	restreint	élargi
1 parent connu	0,999	0,9987	0,9878	0,9855
2 parents connus	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999

Les probabilités d'exclusion, quels que soient la lignée et l'échantillon testé, sont très élevées et similaires ou supérieures à celles rencontrées dans d'autres populations de grande taille (Nechtelberger et al., 2001) ou utilisant d'autres types de marqueurs (SNP) (Rohrer et al., 2007). Le même panel permet sur les races collectives françaises (Piétrain, Large White et Landrace) d'atteindre des probabilités supérieures à 0,99 avec un seul parent connu, comme pour la lignée Tai Zumu ici testée, ce qui est un véritable progrès par rapport à des panels utilisant moins de 10 marqueurs.

CONCLUSION

Pour le contrôle de parenté, un nombre minimum de marqueurs microsatellites doit être utilisé pour couvrir l'espèce porcine, car l'intérêt de chaque marqueur peut être différent d'une population à l'autre, une hétérozygotie observée très basse dans une lignée rendant son utilisation inefficace, et le panel globalement moins pertinent.

Les probabilités d'exclusion très élevées obtenues grâce à ce panel de 17 microsatellites permettent d'assurer une qualité parfaite de l'information généalogique. Tous les verrats pères des deux lignées Tai Zumu et DRB sont ainsi contrôlés avant leur utilisation en sélection.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient Marie-Yvonne Boscher et Jean-Claude Mériaux (LABOGENA) pour leurs conseils.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Amigues Y., Mériaux J.C., Boscher M.Y., 2000. Utilisation de marqueurs génétiques en sélection : les activités de LABOGENA. INRA Prod. Anim., numéro hors série, 203-210.
- Groenen M. A. M., Joosten R., Boscher M.Y., Amigues Y., Rattink A. P., Harlizius B., Van der Poel J.J., Crooijmans R., 2003. The use of microsatellite genotyping for population studies in the pig with individual and pooled DNA samples, Arch. Zootec., 52, 145-155.
- Nechtelberger E., Kaltwasser C., Stur I., Meyer J.N., Brem G., Müller M., Müller S., 2001. DNA microsatellite analysis for parentage control in Austrian pigs. Anim. Biotechnol., 12, 141-144.
- Ollivier L., Andersson L., Gandini G. C., Foulley J.L., Haley C. S., Joosten R., Rattink A. P., Harlizius B., Groenen M. A. M., Amigues Y., Boscher M.Y. et al., 2005. An assessment of European pig diversity using molecular markers: Partitioning of diversity among breeds. Conservation Genetics, 6, 729-741.
- Rohrer G.A., Freking B.A., Nonneman D.J., 2007. Single nucleotide polymorphisms for pig identification and parentage exclusion. Anim. Genet., 38, 253-258.