

Détection de QTL pour la consommation alimentaire dans un croisement de type back-cross Large White x Piétrain

Hélène GILBERT (1), Juliette RIQUET (2), Joseph GRUAND (3), Yvon BILLON (3), Nathalie IANNUCCELLI (2), Pierre SELLIER (1), Jean NOBLET (4), Jean-Pierre BIDANEL (1)

(1) INRA UR337 SGQA, F-78350 Jouy-en-Josas
(2) INRA UMR444 LGC, F-31326 Castanet-Tolosan
(3) INRA UE967 GEPA, F-17700 Surgères
(4) INRA UMR 1079 SENAH, F-35590 Saint-Gilles

helene.gilbert@jouy.inra.fr

QTL detection of feed intake in pigs, in a back-cross between Large White and Piétrain breeds.

A QTL detection for feed intake and carcass traits was conducted in a back-cross population. Large White x Piétrain boars were mated with Large White dams to produce 16 sires families and a total of 717 progeny. A genome scan was conducted with 114 microsatellite markers spread on the 18 porcine autosomes, using interval mapping techniques and approximate likelihood ratio tests. High significant QTL ($P < 0.01$ for the chromosome) were detected for traits related to carcass composition and meat quality on chromosomes SSC 6, SSC 8, SSC 15 and SSC 17. For feed intake and feed efficiency, QTL were on chromosomes SSC 6, SSC 8 and SSC 9, significant at 5% on the chromosome. QTL effects were all between 0.20 and 0.35 σ_p . The QTL on SSC6 corresponds at least partly to the Halothane gene. On SSC 8, the association between feed intake and carcass quality in the chromosomal region was not detected before. Most chromosomal regions pointed out were already identified in other populations based on the Piétrain breed, and are different from Meishan x Large White crosses.

INTRODUCTION

La variabilité importante des comportements alimentaires entre les races porcines suggère une base génétique pour les différences observées. Un croisement expérimental utilisant les races Piétrain et Large White a été réalisé à l'INRA pour détecter des QTL associés aux caractéristiques de consommation alimentaire. Les différences entre ces races concernent essentiellement la quantité d'aliment consommée (Labroue et al., 1999), l'efficacité alimentaire et la composition de la carcasse. Cette étude présente les résultats de la détection de QTL sur un backcross Large White x Piétrain, en insistant sur la consommation alimentaire, qui jusqu'à présent a fait l'objet de très peu d'études.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Population expérimentale

Seize familles issues de croisements entre 16 verrats de CIA Piétrain x Large White et 137 femelles Large White ont été produites sur les élevages expérimentaux porcins INRA de GEPA localisés à Rouillé et au Magneraud. Au sevrage, les 717 descendants, appelés backcross (BC), ont été élevés sur le site de Rouillé dans des loges équipées d'automates ACEMA 64 permettant l'enregistrement des consommations individuelles jusqu'à l'abattage. Les descendances paternelles, moitié mâles castrés et moitié femelles, sont composées de 4 à 12 portées par père, soit en moyenne 45 animaux (de 22 à 61).

1.2. Marqueurs génétiques

Tous les animaux du protocole, à l'exception de 4 pères F1 dont les prises de sang n'ont pu être réalisées, ont été génotypés pour un panel de 114 marqueurs microsatellites répartis sur les 18 autosomes porcins. Ce panel, choisi au Laboratoire de Génétique Cellulaire, couvre 1860 cM avec une densité moyenne d'un marqueur tous les 16,3 cM (de 15,2 à 25,3 cM suivant les chromosomes). Les ADN ont été extraits par le laboratoire de l'UE GEPA du Magneraud et les génotypages réalisés à LABOGENA.

1.3. Caractères mesurés

Les animaux ont été pesés à la naissance, à l'entrée en engraissement et à l'abattage. La consommation individuelle journalière et la consommation totale sur la période d'engraissement ont été enregistrées. Le gain moyen quotidien (GMQ) et l'indice de consommation entre 29 ± 7 kg et 108 ± 6 kg, ainsi que la consommation moyenne journalière résiduelle (CMJR), ont été calculés. La CMJR est obtenue comme la différence entre la consommation réelle et la consommation théorique tenant compte des besoins d'entretien (fonction du poids métabolique) et des besoins de production (fonction du GMQ et de la TVM). Les épaisseurs de lard dorsal ont été mesurées à 11 et 19 semaines d'âge sur la moitié des familles. La carcasse a été pesée et découpée, et des caractéristiques de qualité de la viande relevées.

1.4. Analyses

1.4.1 Correction des données

Toutes les données ont été corrigées pour les effets fixés du sexe (2 niveaux) et de la bande d'élevage (16 niveaux) pour les caractéristiques de croissance, du sexe et de la série d'abattage pour les caractéristiques de carcasse et de qualité de viande. Le poids à l'abattage a été utilisé en covariable pour les caractères de carcasse.

1.4.2 Détections de QTL

Les détections de QTL ont été réalisées par cartographie d'intervalle (logiciel QTLMAP), en testant la différence d'effet entre allèles Piétrain et Large White des verrats à l'aide de tests de maximum de rapport de vraisemblance. Des seuils de statistique de test empiriques ont été déterminés par simulation (Geldermann et al., 2003).

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Les QTL les plus significatifs ($P < 0,01$ au niveau du génome) ont été détectés sur les chromosomes SSC 6, 7, 8, 15 et 17. Sur le SSC 7, les caractères affectés sont le GMQ et l'IC. Les régions des chromosomes 6 et 8 affectent essentiellement la composition de la carcasse (poids de jambon, TVM, rendement) et les caractéristiques de qualité de viande (IQV, temps d'imbibition du fessier superficiel, pH ultime du long dorsal). Les QTL pour les SSC 15 et 17 affectent essentiellement les épaisseurs de lard, et l'IQV pour le SSC 15 (notamment le pH ultime), la longueur de carcasse et les paramètres de couleurs L*, a* et b* dans le fessier moyen pour le SSC 17 (Tableau 1).

Les QTL relatifs à la consommation alimentaire sont détectés sur les chromosomes 8, 9 (associé au GMQ) et 6, avec des niveaux de signification moins élevés (5% au niveau du chromosome). Leurs effets sont compris entre 0,22 à 0,35 écart type phénotypique des caractères (Tableau 2).

Les QTL détectés sur le SSC6, très significatifs, correspondent pour partie à l'effet du gène halothane en ségrégation dans la population expérimentale. En l'absence de génotypages du gène, il est difficile ici de valider l'effet d'autres gènes en ségrégation dans cette région. Sur le chromosome 8, des QTL affectant le poids de jambon avaient déjà été identifiés sur des croisements avec les races Meishan ou Piétrain, mais l'association avec la consommation moyenne journalière et l'indice de consommation semble nouvelle. Sur le SSC9, des QTL pour la croissance et la consommation ont été mis en évidence par ailleurs dans des croisements avec le Piétrain, ainsi que sur le SSC17 pour la longueur et la composition de carcasse.

CONCLUSION

Des régions chromosomiques nouvelles ont été détectées : elles affectent la consommation et l'efficacité alimentaire, la vitesse

Tableau 1 - QTL hautement significatifs ($P < 0,01$ au niveau du chromosome)

Caractère	SSC ¹	Position (cM)	Effet (σ_p) ²
GMQ	7***	85	0,27
IC	7***	90	0,22
Épaisseur de lard US (11 semaines)	17**	97	0,38
Épaisseur de lard US (19 semaines)	17**	98	0,37
	15***	45	0,26
Longueur de carcasse	6**	53	0,27
	16**	59	0,22
	17***	43	0,28
Taux de viande maigre	6***	78	0,36
	8***	31	0,31
Rendement de carcasse	6***	54	0,31
	8***	26	0,33
IQV	6***	75	0,29
	8***	23	0,27
pH ultime (long dorsal)	4**	7	0,23
L* (fessier superficiel)	11**	9	0,19
a* (fessier superficiel)	5**	115	0,32
Temps d'imbibition (fessier superficiel)	6***	74	0,32
	8***	23	0,33

¹ ** : $P < 0,01$ au niveau du chromosome ; *** : $P < 0,05$ au niveau du génome

² Moyenne des effets intra-famille, en valeur absolue

Tableau 2 - QTL affectant la consommation alimentaire

Caractère	SSC ¹	Position (cM)	Effet (σ_p) ²
Consommation moyenne journalière	6*	72	0,24
	8*	23	0,25
	9*	104	0,23
CMJR	9*	104	0,26
	16*	86	0,31

¹ * : $P < 0,05$ au niveau du chromosome

² Moyenne des effets intra-famille, en valeur absolue

de croissance, la composition de la carcasse et la qualité technologique de la viande. Le génotypage pour les gènes majeurs identifiés chez le porc (halothane, RN, MC4R, LEP) afin d'affiner l'analyse (correction des phénotypes), ainsi que l'utilisation de nouveaux marqueurs dans les régions les plus significatives, permettront de confirmer les régions identifiées.

REMERCIEMENTS

Nous remercions le programme européen SABRE (6^{ième} PCRD) ainsi que le Département de Génétique Animale qui ont permis de financer le génotypage des animaux.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Labroue F., Guéblez R., Meunier-Salaün M.C., Sellier P., 1999. Feed intake behaviour of group-housed Piétrain and Large White pigs. Ann. Zootech., 49, 247-261.
- Geldermann H., Muller E., Moser G., Reiner G., Bartenschlager H., Cepica S., Stratil A., Kuryl J., Moran C., Davoli R., Br C., 2003. Genome-wide linkage and QTL mapping in porcine F2 families, J. Anim. Breed. Genet., 120, 363-393.