

# Analyse d'association tout génome de phénotypes liés à la croissance et à la qualité de viande dans une population Duroc en sélection

Emilie TOSSER (1) Audrey GANTEIL (1,2), Aurélie LE DREAU (1), Bruno LIGONESCHE (1)

(1) SAS NUCLEUS, 35650 Le Rheu

(2) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, F-31320 Castanet-Tolosan

audrey.ganteil@inrae.fr



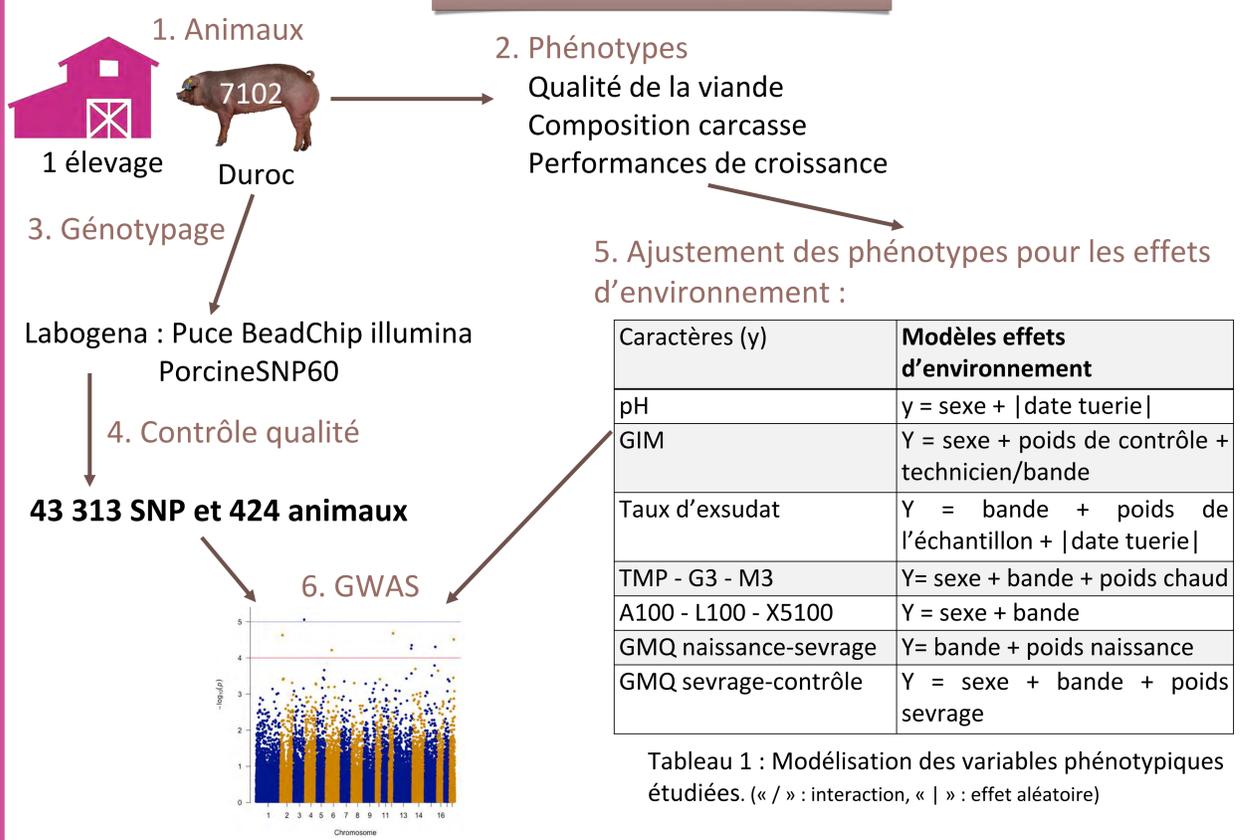
## Contexte

Plusieurs régions du génome ont été caractérisées pour leur association avec des traits économiquement intéressants vis-à-vis de la qualité de la viande, la composition de la carcasse et les performances de croissance (Soma et al., 2011; Sato et al., 2016; Bertolini et al., 2018). Cependant, la description de ces QTL n'a pas, ou que très peu, permis d'aboutir à la mise en place de programmes de sélection assistée par marqueurs ou par gènes chez le porc (Sanchez et al., 2012).

## Objectif

Mettre en évidence d'éventuelles associations statistiques entre des marqueurs SNP et des caractères d'intérêt en production dans une population Duroc en sélection.

## Matériel et Méthode



## Résultats

Suite à l'étude d'association, les 56 régions significatives sont :

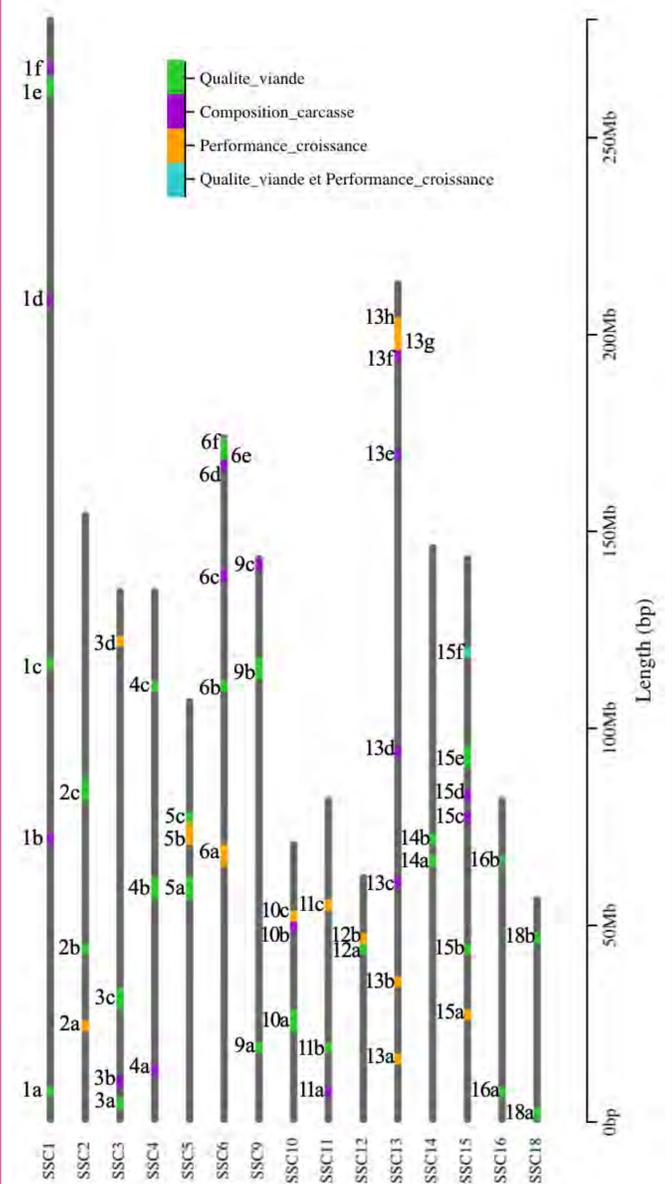


Figure 1 : Répartition des 56 régions de 1Mb significatives ( $p\text{-value} < 10^{-4}$ ) le long des chromosomes

## Résultats et Discussion

Parmi ces 56 régions, 5 ont déjà été rapportées auparavant :

- Région **1a** : affecte la qualité de la viande via le **PH4** : Sato et al. (2016) et Sanchez et al. (2014) ont mis en évidence cette zone pour l'exsudat de la viande.
- Région **6c** : effets sur le **TMP** : Sanchez et al. (2014) ont mis en évidence la même région pour le gras dorsal, la teneur en viande maigre et le poids du jambon.
- Régions **13h** sur **SSC13** et **15f** sur **SSC15** effets sur l'**A100** : Liu et al. (2007) ont décrit des QTL impactant la croissance pour ces mêmes régions.
- Région **1d** : affecte le **TMP** : Kogelman et al. (2014) : ont mis en avant le gène **SH3GL2** pour son impact sur l'obésité.

## Conclusion

- Effet de plusieurs QTL sur **SSC 1, 6, 13 et 15** sur les performances de croissance, la composition de la carcasse et la qualité de la viande.
- Certains QTL détectés n'avaient pas encore été rapportés par d'autres études.
- Un dispositif avec plus d'animaux génotypés permettrait de mettre en évidence des marqueurs génomiques plus significativement associés à des phénotypes et ainsi d'envisager de les intégrer à **un futur programme de sélection génomique de cette population Duroc**.