

Estimation des effets de six QTL affectant les caractères de production dans des populations porcines commerciales françaises: premiers résultats du projet BIOMARK

Denis MILAN (1), Marie-José MERCAT (2), Nicolas DECHAMP (3), Nathalie IANNUCELLI (1), Hélène GILBERT (3), Yvon BILLON (4), Marcel BOUFFAUD (5), Sandrine SCHWOB (2), Marie-Pierre SANCHEZ (3), Juliette RIQUET (1), Jean-Pierre BIDANEL (3)

(1) INRA UMR444 LGC, F-31326 Castanet-Tolosan

(2) IFIP Pôle génétique, F-35651 Le Rheu

(3) INRA UR337 SGQA, F-78350 Jouy-en-Josas

(4) INRA UE967 GEPA F-1700 Surgères

(5) INRA UE450 Testage - porcs, F-35653 Le Rheu

denis.milan@toulouse.inra.fr ; jean-pierre.bidanel@jouy.inra.fr

Estimation of the effects of six QTL on production traits in French commercial pig populations: first results of the BIOMARK project.

The effects of six QTL regions located on pig chromosomes 1 (two regions), 2, 4, 6 and 7 on 30 growth, carcass composition and meat quality traits were investigated in a set of 16 large (50 to 150 offspring) sire families issued from different French commercial populations. Sires and their progeny were genotyped for 2 or 3 microsatellite markers per QTL region (16 markers in total). The data were analysed using a linear model including the fixed effects of contemporary group, sex and within sire-family haplotype or marker effect. A total of 890 haplotype/marker effects were significant at a 5% nominal level, which exceeded the expected number of false positive results. Significant effects of the 6 regions investigated were found on growth, carcass composition and meat quality traits, with effects ranging from 0.1 to almost 1.4 standard deviation of the trait. Significant effects for a given marker x trait combination concerned 1 to 5 families. The results open possibilities for marker assisted selection of French commercial pig populations.

INTRODUCTION

La connaissance des principales régions du génome responsables de la variabilité génétique des caractères d'intérêt peut permettre d'accroître l'efficacité des schémas d'amélioration à travers la mise en place de programmes de sélection assistée par marqueurs (SAM). Le programme de SAM mis en place chez les bovins laitiers en France depuis 2000 permet ainsi d'accroître de 5 à 19% la précision de l'évaluation génétique des candidats à la sélection (Fritz et al., 2007). Chez le porc, les applications de la SAM ont jusqu'à présent été très limitées, car la majeure partie des QTL ont été détectés dans le cadre de croisements expérimentaux entre populations extrêmes (Bidanel et Rothschild, 2002), avec des résultats qui ne sont pas directement transposables dans les populations commerciales.

Un des objectifs du projet BIOMARK est précisément de tester dans des populations commerciales et pour un nombre important de caractères d'intérêt les effets de six régions chromosomiques pour lesquelles des QTL avaient été mis en évidence. Cette communication présente les résultats obtenus sur un premier échantillon d'animaux issus de populations variées.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Populations étudiées

L'objectif du programme BIOMARK est de disposer d'animaux de génotype connu pour les différents QTL étudiés dans un ensemble de populations porcines commerciales aussi diverses que possible. Des familles de demi - germains paternels de taille suffisante (effectif moyen de 70 avec une valeur minimale de 50 descendants par père) pour inférer avec une probabilité proche de 1 les génotypes des verrats pères aux QTL étudiés ont été recherchées ou produites. Cette première étude a porté sur 16 familles de populations commerciales produites par les organisations de sélection porcine membres de l'association BIOPORC et contrôlées dans l'UE INRA Testage-porcs (35651 Le Rheu) dans le cadre du protocole d'analyse des liaisons génétiques (n=16) ; ces 16 familles, d'une taille moyenne de 50 individus, ont été complétées par des portées produites dans l'UE INRA GEPA (17700 Surgères) de façon à obtenir des familles de 100 descendants en moyenne. Les types génétiques concernés, ainsi que les effectifs de chaque famille, sont présentés dans le tableau 1.

Tableau 1 - Principales caractéristiques des 16 familles étudiées

Type génétique		Nombre pères	Nombre descendants
Père	Mère		
Large White (LW)	LW	6	73 à 122
Piétrain (PI)	PI et LW	2	111, 150
Duroc (DU)	DU et LW	1	72 et 115
Landrace Français (LR)	LR et LW	4	101 à 144
P76	P76 et LW	1	114
Redone (RD)	RD et LW	1	110
DRB	DRB et LW	1	74

1.2. Régions chromosomiques étudiées et génotypage

Six régions situées sur les chromosomes porcins (SSC) n°s 1 (2 régions), 2, 4, 6 et 7 ont été analysées. Un total de 65 marqueurs microsatellites couvrant les 6 régions a été analysé sur 14 des 16 pères étudiés. Les 16 marqueurs microsatellites les plus informatifs ont été sélectionnés, à savoir SW216, SW1020, SWR982, MCS455C8A, SW1301 et MCS840B11A sur SSC1 (positions : 82, 84, 86, 139, 140 et 146 cM), SW2623 et SW445 sur SSC2 (positions : 10 et 30,3 cM), SW969, MCSVATPASE et SW286 sur SSC4 (positions : 44, 71 et 78 cM), SW492, SW71 et S0121 sur SSC6 (positions : 69, 99 et 116 cM), MCS25E7T7 et MCS10F15FP6 sur SSC7 (positions : 67,1 et 68,0 cM). L'ADN des animaux a été extrait par le laboratoire de l'UE GEPA du Magneraud (INRA, 17700 Surgères) ou par LABOGENA (78350 Jouy-en-Josas). Le génotypage de l'ensemble des animaux (28396 génotypes) a ensuite été réalisé à LABOGENA.

1.3. Caractères mesurés

L'ensemble des animaux a fait l'objet de mesures de croissance (gain moyen quotidien en allaitement, en post-sevrage et pendant la période de contrôle 35-105 kg), d'épaisseur de lard dorsal, du nombre de tétines, de pesées et de mesures linéaires classi-

ques en abattoir (épaisseurs de lard et de muscle, mesures CGM, longueur de carcasse), ainsi que d'une découpe de la carcasse en vue de la mesure des poids de morceaux et de la qualité de la viande (pH ultime, couleur (mesures L * a* b*), temps d'imbibition, potentiel glycolytique, % matière sèche des muscles demi-membraneux et long dorsal, exsudat d'un échantillon de longe).

1.4. Analyses statistiques

Les 30 caractères considérés ont été analysés à partir d'un modèle linéaire prenant en compte les effets du sexe, de la bande de contrôle ou de la série d'abattage, de l'allèle au marqueur ou de l'haplotype reçu du père et, lorsque nécessaire, du poids le plus approprié en covariable. Les effets apparents des marqueurs ou des haplotypes ont été estimés et testés intra-famille de père.

2. RÉSULTATS - DISCUSSION

Un total de 890 résultats significatifs au seuil nominal de 5% a été obtenu. Cette valeur est supérieure au nombre de faux positifs attendus compte tenu du grand nombre de tests réalisés. En effet, si l'on admet que les 16 pères analysés sont non apparentés, que les caractères analysés équivalent à 20 variables indépendantes et que les 6 régions analysées sont elles aussi indépendantes, 186 faux positifs sont attendus pour un seuil de signification de 5%. Nos résultats montrent donc que des régions chromosomiques expliquant des différences entre races extrêmes peuvent également affecter de façon significative la variabilité génétique intra - population commerciale. Les résultats les plus marquants sont présentés dans le tableau 2.

Les 6 régions étudiées présentent des effets significatifs sur la vitesse de croissance et la composition de la carcasse, ainsi que sur la qualité de la viande. Les effets estimés sont modérés à forts (0,1 à près de 1,4 écart-type phénotypique). Une à 5 familles présentent un effet significatif pour chaque combinaison caractère x région du génome significative.

Tableau 2 - Principaux résultats significatifs pour un seuil nominal de 5 %

Caractère	ET ¹	SSC1-R1 ²		SSC1-R2 ²		SSC2		SSC4		SSC6		SSC7	
		N ³	α^4	N	α	N	α	N	α	N	α	N	α
Nombre de tétines	1,29	4	0,40* à 0,72**	1	0,41*	2	0,46** à 0,72**	2	0,40* à 0,65*	1	0,46**	4	0,46* à 0,56***
Épaisseur moyenne de lard dorsal (mm)	4,34	3	0,25* à 0,52**	2	0,30** à 0,39**	1	0,78***			3	0,27* à 0,66**	3	0,30* à 0,39**
Gain moyen quotidien 35-105 kg (g/j)	116	2	0,27* à 0,37**	1	0,32*			3	0,26* à 0,43*	2	0,33* à 0,78**	3	0,33* à 0,94***
Teneur en viande maigre (%)	3,41	2	0,21* à 0,36*	2	0,41** à 0,50***	4	0,26* à 1,21***	1	0,40*	2	0,39* à 0,64***		
pH 24h du long dorsal	0,27			1	0,44*	1	0,57*	1	0,37*			1	0,31*
Poids de longe (kg)	1,28	4	0,13* à 0,27*	1	0,31**	2	0,21* à 0,48***	1	0,23*			2	0,21* à 0,28*
Poids de jambon (kg)	0,95	2	0,22* à 0,30**	3	0,20* à 0,41**	2	0,26** à 0,31**	1	0,33**	2	0,18* à 0,40***	1	0,42***
Poids de bardière (kg)	0,95	5	0,16* à 0,49***	2	0,21* à 0,27**	4	0,23* à 0,64***	2	0,26* à 0,26*	3	0,24* à 0,53***	1	0,28*

¹Écart type phénotypique; ²Régions du chromosome 1 : R1 = région du gène MC4R, R2 = région télomérique; ³Nombre de familles avec un effet significatif de la région étudiée; ⁴Effet de substitution allélique (en unité d'ET) : * P<0,05, ** P<0,01, *** P<0,001.

CONCLUSION

Les premiers résultats obtenus dans cette étude montrent que des QTL sont en ségrégation dans des populations commerciales pour les 6 régions chromosomiques étudiées, renforçant ainsi l'intérêt d'une analyse fine de ces régions.

REMERCIEMENTS

Le programme BIOMARK est financé conjointement par l'ANR et BIOPORC (ADN, GENE+, NUCLEUS, PEN AR LAN et les CIA associés) dans le cadre de l'appel d'offre GENANIMAL. Le programme « liaisons génétiques » est financé par le Ministère chargé de l'Agriculture.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Fritz S., Druet T., Guillaume F., Malafosse A., Boscher M.Y., Eggen A., Gautier M., Colleau J.J., Boichard D., 2007. Bilan du programme de Sélection Assistée par Marqueurs dans les trois principales races bovines laitières françaises et perspectives d'évolution. 14^{èmes} Rencontres Recherches Ruminants, 5-6 décembre 2007, Paris, 129-132.
- Bidanel J.P., Rothschild M.F., 2002. Current status of quantitative trait locus mapping in pigs. Pig News and Information 23 (2), 39N-53N.