

Détection de QTL pour des caractères de qualité de la viande et de production dans une population F2 Duroc x Large White

*Marie-Pierre Sanchez (1), Nathalie Iannuccelli (2), Benjamin Basso (1), Jean-Pierre Bidanel (1),
Yvon Billon (3), Gilles Gandemer (4), Hélène Gilbert (1), Catherine Larzul (1),
Christian Legault (1), Juliette Riquet (2), Denis Milan (2), Pascale Le Roy (5)*

*(1) INRA UR337 SGQA, F-78350 Jouy-en-Josas
(2) INRA UMR444 LGC, F-31326 Castanet-Tolosan
(3) INRA UE967 GEPA, F-1700 Surgères
(4) INRA UAR2 SDAR, F-17700 Surgères
(5) INRA-Agrocampus UMR598 GA, F-35042 Rennes*

marie-pierre.sanchez@jouy.inra.fr

Détection de QTL pour des caractères de qualité de la viande et de production dans une population F2 Duroc x Large White

Une population F2 Duroc x Large White a été créée dans le but de mettre en évidence des QTL pour 12 critères de qualité de viande (dont le taux de lipides et la composition en acides gras de la longe) et 10 caractères de production. Les animaux des trois générations du dispositif expérimental (dont 456 animaux F2) ont été génotypés pour 91 marqueurs moléculaires répartis sur tout le génome.

Au total, 63 QTL ont été mis en évidence. Ils se répartissent sur tous les chromosomes, excepté le chromosome 4 :

- 3 QTL suggérés (ou significatifs à 5 % au niveau du chromosome) sur les chromosomes 1, 13 et 15 pour la teneur en lipides intramusculaires
 - 9 QTL (dont deux significatifs au niveau du génome) pour la composition en acides gras
 - 19 QTL (dont un significatif au niveau du génome) pour les autres critères de qualité de viande
 - 33 QTL (dont 10 significatifs au niveau du génome) pour les caractères de production.
- Certains de ces QTL sont particulièrement remarquables car ils sont très significatifs ($P < 5\%$ au niveau du génome) et n'ont pas été décrits auparavant :
- les 2 QTL des chromosomes 10 et 14 qui agissent sur la composition en acides gras de la longe
 - les 2 QTL du chromosome X qui ont respectivement un effet sur la couleur de la viande et le nombre de tétines
 - le QTL du chromosome 16 qui affecte le poids à la naissance
 - les 2 QTL des chromosomes 3 et 15 qui ont chacun un effet très important sur le poids en fin d'engraissement.

QTL for meat quality and production traits in an F2 Duroc x Large White population.

An F2 cross between Duroc and Large White pigs was performed in order to detect QTL for 12 meat quality traits (including fat content and fatty acid composition of longissimus dorsi muscle) and 10 production traits. Animals from the 3 generations of the experimental design (including 456 F2 pigs) were typed for 91 molecular markers covering the porcine chromosomes.

We have detected 63 QTL located on all porcine chromosomes (SSC), except SSC4:

- 3 suggestive QTL are detected on SSC1, SSC13 and SSC15 for intramuscular fat content
- 9 QTL (2 at the genomewide level) are detected for the fatty acid composition
- 19 QTL (1 at the genomewide level) are detected for other meat quality traits
- 33 QTL (10 at the genomewide level) are detected for production traits

Some of these QTL are very interesting because they are very significant ($P < 0.05$ at the genomewide level) and they have not been previously described:

- 2 QTL on SSC10 and SSC14 which affect fatty acid composition traits
- 2 QTL on SSCX which act on meat colour and teat number, respectively
- one QTL on SSC16 which has an effect on birth weight
- 2 QTL on SSC3 and SSC15 which have a large effect on the weight at the end of the fattening period.