

Détection de QTL pour la teneur en lipides intramusculaires et les activités enzymatiques lipogéniques dans un croisement entre porcs Meishan et Large White

Catherine LARZUL (1), Jean-Pierre BIDANEL (1), Nathalie IANNUCELLI (2), Joseph GRUAND (3), Jacques MOUROT (4), Denis MILAN (2)

(1) INRA UR337 SGQA, F78350 Jouy-en-Josas

(2) INRA UMR444 LGC, F31326 Castanet-Tolosan

(3) INRA UE967 GEPA F86480 Rouillé

(4) INRA, UMR SENAH, F35590 Saint Gilles

catherine.larzul@jouy.inra.fr

Détection de QTL pour la teneur en lipides intramusculaires et les activités enzymatiques lipogéniques dans un croisement entre porcs Meishan et Large White

Des analyses uni- et multivariées ont été réalisées pour localiser des locus à effet quantitatif (QTL) sur la teneur en lipides intramusculaires (LIM) dans le muscle Long dorsal (LD), sur le poids de panne et sur des activités enzymatiques mesurées dans le LD et le gras de bardière (B) : l'acétyl-CoA-carboxylase, l'enzyme malique et la glucose-6-phosphate déshydrogénase. L'analyse porte sur 245 porcs mâles F2 Meishan x Large White descendants de 4 verrats F1 accouplés à 15 truies F1 en utilisant 132 marqueurs. Les analyses unicaractères ont permis de localiser des QTL pour la LIM sur les chromosomes 4 et 7, et pour le poids de panne sur les chromosomes 3 et 7. Sur le chromosome 7, les allèles d'origine Meishan sont associés à des valeurs élevées de LIM et de l'activité de l'enzyme malique ainsi qu'à un faible poids de panne. Les QTL ayant un effet sur une activité enzymatique étaient peu nombreux, et localisés sur les chromosomes 4, 7 et 18. Les analyses multicaractères ont permis de détecter des QTL sur deux chromosomes supplémentaires (SSC15 et SSC16) ayant des effets sur la LIM et les activités enzymatiques. Sur le chromosome 7, deux QTL pléiotropiques distincts ont été localisés, le premier affectant la LIM et le poids de panne, le second affectant les activités de l'enzyme malique mesurée dans LD et de la glucose-6-phosphate déshydrogénase mesurée dans LD et B. Hormis pour le chromosome 7, les effets de substitution n'ont pas permis de déterminer des effet cohérents entre la LIM et les activités enzymatiques.

Detection of quantitative trait loci for intramuscular fat content and lipogenic enzyme activities in Meishan x Large White F2 pigs

A univariate and multivariate quantitative trait locus (QTL) analysis of Longissimus dorsi (LD) muscle fat content, leaf weight and acetyl-CoA-carboxylase, malic enzyme and glucose-6-phosphate deshydrogenase activities in LD and backfat (BF) was performed on 245 F2 Meishan x Large White male pigs issued from 4 F1 boars and 15 F1 sows. A whole genome scan was performed using 132 markers covering the entire porcine genome. Univariate analyses detected QTL on chromosome 4 and 7 for intramuscular fat content and on chromosome 3 and 7 for leaf fat weight. For chromosome 7, Meishan alleles were associated with higher intramuscular fat content and malic enzyme activity and lower leaf fat weight. Few QTL were detected for enzyme activities; they were located on chromosome 4, 7 and 18. Multivariate analyses allowed locating additional QTL affecting intramuscular fat content and enzyme activities on chromosome 15 and 16. On chromosome 7, two distinct pleiotropic QTL were detected. One affected intramuscular fat content and leaf fat weight and the other one affected enzyme malic and glucose-6-phosphate deshydrogenase activities in LD and glucose-6-phosphate deshydrogenase activity in BF. For all chromosomes but 7, substitution effects were highly variable between sire families and could not allow disclosing a clear pattern for Meishan vs Large White alleles or for joint effects on enzyme activities and intramuscular fat content.