

mixtes. Les résidus des modèles ont ensuite été utilisés pour la GWAS. Les associations entre chaque SNP et les caractères d'intérêt ont été estimées avec des modèles linéaires mixtes univariés du logiciel GEMMA.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Dans le tableau 1, sont présentés les modèles utilisés pour la correction des effets d'environnement pour les caractères ainsi

que les moyennes et écart-type de ces derniers.

Pour la GWAS, nous avons choisi de considérer comme significatifs les effets des SNP sur les phénotypes uniquement si ces derniers possédaient une p-value inférieure à 10^{-4} , comme proposé par (Sanchez *et al.*, 2012). Nous avons ainsi obtenu 59 associations SNP-caractère significatives. Chaque caractère présente au moins deux SNP significatifs, se répartissant sur tous les chromosomes sauf le 7, 8 et 17 (Figure 1).

Tableau 1 – Description des modèles utilisés pour la correction des caractères pour les effets d'environnement.

Caractères (y)	Modèles	Moyenne et écart-type des caractères
pH1 - pH2 - pH3 - pH4	$y = \text{sexe} + \text{date tuerie} $	$6,10 \pm 0,25 - 6,35 \pm 0,26 - 5,73 \pm 0,18 - 5,78 \pm 0,19$
GIM	$Y = \text{sexe} + \text{poids de contrôle} + \text{technicien/bande}$	$2,20 \pm 0,70$
Taux d'exsudat	$Y = \text{bande} + \text{poids de l'échantillon} + \text{date tuerie} $	$0,03 \pm 0,02$
TMP - G3 - M3	$Y = \text{sexe} + \text{bande} + \text{poids chaud}$	$60,03 \pm 2,23 - 14,57 \pm 3,95 - 73,33 \pm 6,98$
A100 - L100 - X5100	$Y = \text{sexe} + \text{bande}$	$139,86 \pm 9,88 - 10,93 \pm 1,77 - 57,31 \pm 6,94$
GMQ naissance-sevrage	$Y = \text{bande} + \text{poids naissance}$	$57,31 \pm 6,94$
GMQ sevrage-contrôle	$Y = \text{sexe} + \text{bande} + \text{poids sevrage}$	$698,26 \pm 95,63$

[...] : effet aléatoire ; / : interaction

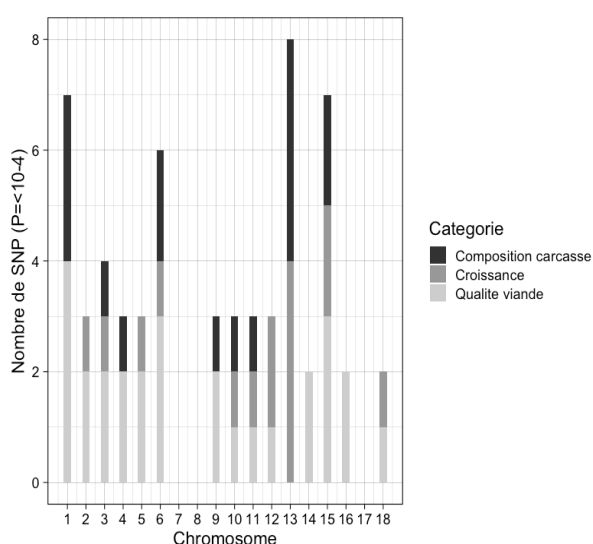


Figure 1 – Nombre de SNP avec un effet significatif selon les catégories par chromosome.

Afin de définir des régions d'intérêt autour des SNP significatifs, nous avons défini une zone de 1Mb centrée autour de chaque SNP (Zhang *et al.*, 2016). Nous avons ainsi obtenu 56 régions génomiques. Nous avons comparé nos résultats à ceux de précédentes études chez le Duroc. Nous mettons seulement en évidence une région sur SCC1 de 6,8 à 7,8 Mb associée au pH4

dans notre étude et précédemment identifiée comme associée à l'exsudat de la viande (Sato *et al.*, 2016).

Afin d'approfondir cette analyse sur les régions génomiques associées à différents caractères dans la population Duroc d'intérêt, nous avons choisi de réaliser une détection de gènes. Nous avons focalisé la détection de gènes sur les régions contenant au moins un SNP avec une p-value inférieure à 10^{-5} , soit ici cinq régions différentes réparties sur SSC1, SSC3, SSC6 et SSC15. Pour chaque gène détecté, une analyse de la littérature a été réalisée. Ainsi, nous avons retenu comme gène d'intérêt *SH3GL2*, identifié sur SSC1 dans une région affectant le TMP. Ce gène a été précédemment mis en évidence pour son influence sur l'obésité des porcs (Kogelman *et al.*, 2014).

CONCLUSION

Cette étude présente une détection de QTL via une analyse d'association pangénomique, dans une population de Duroc en sélection, pour des performances de croissance, de composition de carcasse et de qualité de la viande. Nous avons mis en évidence des régions génomiques associées à ces caractères qui n'avaient jamais été identifiées en Duroc à ce jour. Un dispositif avec plus d'animaux génotypés pourrait permettre la mise en évidence de SNP, associés à des phénotypes, de manière plus significative et ainsi d'envisager de les intégrer à un futur programme de sélection génomique de cette population Duroc.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bertolini F. et al, 2018. Genome-wide association studies for seven production traits highlight genomic regions useful to dissect dry-cured ham quality and production traits in Duroc heavy pigs. *Animal*, 12, 1777-1784.
- Kogelman L.J.A., Pant S.D., Fredholm M., Kadamideen H.N., 2014. Systems genetics of obesity in an F2 pig model by genome-wide association, genetic network, and pathway analyses. *Front. Genet.*, 5, 214.
- Sanchez M.-P. et al, 2014. A genome-wide association study of production traits in a commercial population of Large White pigs: evidence of haplotypes affecting meat quality. *Genet. Sel. Evol.*, 46, 12.
- Sanchez P. et al, 2012. Cartographie fine de régions QTL à l'aide de la puce Porcine SNP60 pour l'ingestion, la croissance, la composition de la carcasse et la qualité de la viande en race Large White. *Journ. Rech. Porc.*, 44, 7-12.
- Sato S. et al, 2016. SNP- and haplotype-based genome-wide association studies for growth, carcass, and meat quality traits in a Duroc multigenerational population. *BMC Genet.*, 17, 60.
- Soma Y. et al, 2011. Genome-wide mapping and identification of new quantitative trait loci affecting meat production, meat quality, and carcass traits within a Duroc purebred population. *J. Anim. Sci.*, 89, 8.