



HAL
open science

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, Nathalie N. Iannuccelli, Benjamin B. Basso, Jean Pierre Bidanel, Yvon Billon, Gilles Gandemer, Hélène Gilbert, Catherine Larzul, Christian Legault, Juliette Riquet, et al.

► To cite this version:

Marie-Pierre Sanchez, Nathalie N. Iannuccelli, Benjamin B. Basso, Jean Pierre Bidanel, Yvon Billon, et al.. Détection de QTL pour des caractères de qualité de la viande et de production dans une population f2 Duroc x large white. 40. Journées de la Recherche Porcine, Feb 2008, Paris, France. hal-02753904

HAL Id: hal-02753904

<https://hal.inrae.fr/hal-02753904v1>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

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 IANNUCELLI (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, 78350 Jouy-en-Josas
(2) INRA, UMR444 LGC, 31326 Castanet-Tolosan
(3) INRA, UE967 GEPA, 1700 Surgères
(4) INRA, UAR2 SDAR, 17700 Surgères
(5) INRA, Agrocampus UMR598 GA, 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 genomewise level) are detected for the fatty acid composition
- 19 QTL (1 at the genomewise level) are detected for other meat quality traits
- 33 QTL (10 at the genomewise level) are detected for production traits

Some of these QTL are very interesting because they are very significant ($P < 0.05$ at the genomewise 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.

INTRODUCTION

Depuis 1994, date à laquelle fut publiée la première étude de détection de QTL chez le porc (Andersson et al., 1994), 1673 QTL ont été mis en évidence pour 281 caractères dans des populations porcines (Hu et al., 2005). Seulement 13 % de ces QTL affectent la qualité de la viande. Pourtant, les critères de qualité de la viande sont parmi les meilleurs candidats pour une sélection assistée par marqueurs car ils sont souvent difficiles à mesurer sur l'animal vivant.

Les animaux de race Duroc ont des performances de production très satisfaisantes et sont aussi appréciés pour la bonne qualité de leur viande. Ils ont en particulier un taux de lipides intramusculaires plus élevé que celui des animaux de race Large White par exemple, ce qui confère à leur viande de meilleures qualités organoleptiques (Bout et al., 1990).

Dans le but de mettre en évidence des QTL pour des caractères de qualité de la viande et notamment pour le taux de lipides et la composition en acides gras des lipides de la longe, une population expérimentale F2 Duroc x Large White a été créée à l'INRA. Afin d'avoir une vue aussi complète que possible sur les effets des QTL détectés, les principaux caractères de croissance et de composition de la carcasse ont également été étudiés.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Population expérimentale

Huit mâles Duroc (Du) choisis pour leur très haut niveau de lipides intramusculaires et provenant du troupeau de sélection de SELPA S.A. ont été croisés avec 37 truies Large White (LW)

de l'unité expérimentale INRA GEPA au Magneraud (Surgères, Charente Maritime). Parmi les descendants F1, 10 verrats et 32 cochettes ont été croisés pour produire 775 animaux F2. La stratégie du choix des reproducteurs a précédemment été présentée (Sanchez et al., 2002).

1.2. Mesures

Les animaux Duroc, F1 et F2 ont fait l'objet d'une biopsie musculaire au niveau de la dernière côte à 70 kg de poids vif en vue de doser les lipides dans le muscle longissimus dorsi. Les lipides ont été extraits du muscle selon la méthode de Folch et al. (1957). La composition en acides gras de la fraction lipidique a été déterminée par chromatographie en phase gazeuse des esters méthyliques (Morrison et Smith, 1964). Les pourcentages d'acides gras saturés, monoinsaturés et polyinsaturés ont été calculés.

A la naissance, les animaux F2 ont été pesés et leurs tétines ont été comptées. Les animaux ont également été pesés en début et en fin de contrôle de croissance. A environ 105 kg de poids vif, les animaux ont été abattus dans un abattoir commercial. Le jour de l'abattage, ont été mesurés : la longueur de la carcasse, les épaisseurs de lard au niveau de l'épaule, du dos et du rein, ainsi que des épaisseurs de gras et de muscle pour estimer la teneur en viande maigre (TVM). Le lendemain de l'abattage, la découpe normalisée de la demi-carcasse droite a été réalisée et les morceaux ont été pesés. Des mesures de qualité de la viande ont également été enregistrées, à savoir le pH des muscles adducteur, long dorsal et fessier superficiel, le temps d'imbibition des muscles fessier superficiel et long vaste et les coordonnées trichromatiques (L*, a*, b*) du muscle long vaste.

Tableau 1 - Statistiques élémentaires des caractères analysés

Caractère	n	Moyenne	Ecart -type	Min	Max
Poids à la naissance (kg)	489	1,55	0,32	0,64	2,51
Poids en début d'engraissement (kg)	487	31,3	5,4	14,0	44,0
Poids en fin d'engraissement (kg)	487	104,6	6,1	78,0	130,0
Epaisseur de lard à l'épaule (mm)	454	32,3	5,3	11,0	51,0
Epaisseur de lard moyenne (mm)	454	21,8	3,5	11,3	37,3
Taux de viande maigre (TVM, %)	454	59,2	3,3	45,0	65,0
Longueur de la carcasse (mm)	454	972	27	892	1050
Poids du hachage (kg)	453	6,14	0,48	3,52	7,64
Poids du jambon (kg)	453	10,67	0,73	7,98	13,16
L* long vaste	454	51,2	4,5	32,8	67,3
a* long vaste	454	8,8	3,5	-0,3	20,3
b* long vaste	454	6,0	3,1	-1,5	15,6
pH ultime adducteur	454	6,00	0,26	5,25	6,86
pH ultime fessier superficiel	454	5,71	0,21	5,41	7,79
pH ultime long dorsal	454	5,79	0,19	5,41	6,74
Temps d'imbibition fessier superficiel (10s)	454	4,1	5,4	0	20
Temps d'imbibition long vaste (10s)	454	5,3	6,6	0	20
Nombre de tétines	485	13,2	1,25	10	16
Taux de lipides intramusculaires (Taux de LIM, %)	500	2,11	0,83	0,80	10,1
% d'acides gras saturés	426	36,3	2,0	31,6	52,1
% d'acides gras monoinsaturés	430	42,6	3,5	32,6	62,8
% d'acides gras polyinsaturés	356	21,4	3,8	11,8	33,7

Les statistiques élémentaires des caractères analysés figurent dans le tableau 1.

1.3. Analyses moléculaires

Les 6 familles de verrats F1 ayant le plus grand nombre de descendants ont été sélectionnées pour des analyses moléculaires. Les pères F1 ont été génotypés pour 157 marqueurs microsatellites. Parmi ces marqueurs, un jeu de 91 marqueurs informatifs couvrant le génome a été sélectionné. Trente et un animaux F0, 27 animaux F1 (6 verrats et 21 truies) et 456 animaux F2 ont été génotypés pour ce jeu de marqueurs à partir de l'ADN extrait d'un échantillon de sang.

1.4. Analyses statistiques

Les données ont été pré-corrigées pour les effets de milieu à l'aide de la procédure GLM du logiciel SAS (SAS Institute, 1999). La bande de contemporains et le sexe ont été inclus dans le modèle pour tous les caractères. Une covariable a été ajoutée pour certains caractères : l'âge au moment de la mesure pour les poids en début et en fin d'engraissement, le taux de LIM et les pourcentages d'acides gras ; le poids au moment de la mesure pour les épaisseurs de lard, la TVM, les poids du hachage et du jambon et les pourcentages d'acides gras ; et enfin, la date de la mesure pour les caractères de qualité de la viande.

La détection de QTL a été réalisée sur les données corrigées à l'aide du logiciel QTLMAP (Le Roy et al., 1998). Tous les caractères ont dans un premier temps été analysés avec un modèle ne faisant aucune hypothèse sur la fréquence des allèles dans les populations parentales. Avec ce modèle, aucun QTL n'a été détecté pour le taux de LIM. Pour ce caractère, nous avons donc utilisé un autre modèle qui suppose que des allèles différents sont fixés dans les populations parentales. Les distributions de performances ont été modélisées intra-famille (variances hétérogènes) et une moyenne a été estimée pour chaque génotype Du/Du, Du/LW et LW/LW. Ce dernier modèle a également été retenu pour les trois variables concernant la composition en acides gras des lipides du muscle.

Les seuils de rejet de H0 ont été calculés par 5000 simulations des performances sous H0. Afin d'obtenir des seuils corrigés pour le nombre de tests effectués sur l'ensemble du génome, nous avons appliqué une correction de Bonferroni.

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

2.1. QTL pour la qualité de la viande

Trois QTL, significatifs au niveau du chromosome, sont détectés pour le taux de LIM sur les chromosomes porcins (SSC) 1, 13 et 15 (Tableau 2, Figure 1). L'allèle d'origine Duroc est responsable d'une diminution de la teneur en LIM pour le QTL localisé sur SSC1 et d'une augmentation de la teneur en LIM pour les QTL localisés sur SSC13 et SSC15. Pour les 3 QTL, l'allèle favorable (qui augmente le taux de LIM) est dominant sur l'allèle défavorable. La valeur de l'effet est proche pour les 3 QTL : l'écart entre les homozygotes varie de 0,44 à 0,53 point de pourcentage de LIM selon le QTL.

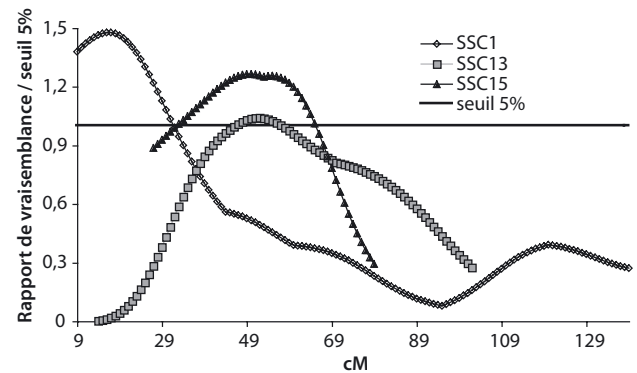


Figure 1 - Evolution du rapport de vraisemblance pour le taux de lipides du muscle long dorsal

Une analyse de ségrégation, réalisée sur la population F2, a montré l'existence d'un gène majeur pour le taux de LIM avec un allèle récessif Duroc favorable et un effet de 1,2 écart type phénotypique sur le caractère (Sanchez et al., 2002). Nous nous

Tableau 2 - QTL détectés pour le taux de lipides (LIM) et la composition en acides gras des lipides de la longe

SSC	Caractère	Maximum du rapport de vraisemblance ^(a)	Position en cM (IC) ^(b)	Moyennes des génotypes ^(c)		
				Du/Du	Du/LW	LW/LW
1	% acides gras monoinsaturés	13,0 +	122 (108-130)	-0,93	0,38	0,55
1	Taux de LIM	16,4 ++	16 (0-26)	-0,34	0,15	0,19
5	% acides gras monoinsaturés	11,0 +	118 (111-129)	-0,49	-0,27	0,76
10	% acides gras monoinsaturés	15,9 *	41 (29-50)	0,02	0,71	-0,73
11	% acides gras polyinsaturés	13,6 +	89 (76-100)	1,41	-0,62	-0,80
13	% acides gras monoinsaturés	14,6 +	45 (39-54)	0,96	-0,62	-0,34
13	Taux de LIM	10,6 +	52 (38-70)	0,27	-0,09	-0,18
14	% acides gras monoinsaturés	12,3 +	67 (60-72)	-1,02	0,36	0,65
14	% acides gras polyinsaturés	12,6 +	23 (17-30)	0,73	-1,19	0,46
14	% acides gras saturés	23,7 **	45 (35-56)	0,62	0,11	-0,73
15	Taux de LIM	11,9 +	50 (33-65)	0,29	-0,12	-0,17

^(a) Significatif au niveau du chromosome : + $P < 5\%$; ++ $P < 1\%$; significatif au niveau du génome : * $P < 5\%$, ** $P < 1\%$

^(b) IC : intervalle de confiance à 5 %

^(c) exprimées en écart à la moyenne des trois génotypes

attendions à positionner ce gène sur le génome à l'aide des marqueurs moléculaires. Or, nous mettons en évidence 3 QTL avec chacun un effet plus faible sur le taux de LIM : 0,49, 0,43 et 0,44 écart type phénotypique pour les QTL situés respectivement sur SSC1, SSC13 et SSC15. De plus, le QTL situé sur SSC1 a un allèle favorable dominant d'origine LW. Le génotype aux 3 QTL des 6 verrats F1 montre que seuls 3 verrats sont probablement hétérozygotes pour au moins un des QTL. Le verrat 1 est hétérozygote pour le QTL de SSC15, le verrat 4 pour les QTL de SSC1 et SSC15 et le verrat 5 pour le QTL de SSC15. Deux d'entre eux, les verrats 1 et 5, étaient retrouvés hétérozygotes par l'analyse de ségrégation. Le verrat 4 était considéré comme homozygote pour le gène majeur, sans doute parce qu'il est hétérozygote aux 2 locus ayant des effets opposés sur le taux de LIM. De façon similaire, Janss et al. (1997) qui ont mis en évidence, par une analyse de ségrégation, un gène majeur pour le taux de LIM dans une population sino-européenne, n'ont pas réussi à localiser ce gène à l'aide de marqueurs. En lieu et place, ils ont détecté plusieurs QTL ayant des effets beaucoup plus faibles que le gène majeur (De Koning et al., 1999).

Plusieurs études impliquant des animaux de race Meishan ont mis en évidence des QTL sur SSC2, SSC4, SSC6, SSC7 et SSCX (Hu et al., 1997). Sur SSC13, 4 études ont détecté un QTL avec un allèle Duroc favorable (Sato et al., 2003 ; Stearns et al., 2005 ; Rohrer et al., 2005 ; Quintanilla et al., 2007). Sur SSC1, un allèle favorable Yorkshire a été détecté à 16 cM (Malek et al., 2001). Enfin, sur SSC15, 2 QTL avec un allèle LW favorable ont été détectés dans un croisement F2 sanglier x LW (Nii et al., 2005).

Les QTL les plus significatifs sont détectés pour la composition en acides gras des lipides du muscle long dorsal. Ces QTL se trouvent sur SSC1, SSC5, SSC10, SSC11, SSC13 et SSC14. Deux d'entre eux, situés sur SSC10 et SSC14, sont significatifs au niveau du génome et ont respectivement un effet sur les pourcentages

d'acides gras monoinsaturés et saturés. Des études antérieures ont mis en évidence des QTL pour la composition en acides gras de la bardière mais, à notre connaissance, notre étude est la première à rechercher des QTL pour la composition en acides gras de la fraction lipidique d'un muscle. Cette dernière est pourtant relativement importante à considérer puisqu'il est connu d'une part, qu'un fort pourcentage d'acides gras polyinsaturés peut augmenter l'oxydation de la viande et donc, affecter sa conservation et ses qualités organoleptiques et d'autre part, qu'un faible pourcentage d'acides gras saturés est recommandé pour diminuer les risques d'athérosclérose. Sur SSC1 et SSC13, des QTL augmentant à la fois le taux de LIM et le pourcentage d'acides gras monoinsaturés sont détectés. Des analyses complémentaires sont nécessaires pour voir si sur chaque chromosome, un ou deux QTL agissent sur les caractères : un QTL qui augmenterait à la fois le taux de LIM et le pourcentage d'acides gras monoinsaturés serait très intéressant d'un point de vue organoleptique et nutritionnel.

Pour la qualité de viande, 19 QTL sont détectés sur 9 chromosomes : SSC5, SSC6, SSC7, SSC9, SSC11, SSC14, SSC15, SSC17 et SSCX (Tableau 3). Le QTL situé sur SSCX a un effet significatif au niveau du génome sur la valeur L* du muscle long vaste. Toutefois, l'effet de ce QTL est relativement faible. Certains de ces QTL ont été décrits auparavant dans des populations F2 Berkshire x Yorkshire (Malek et al., 2001 ; Kim et al., 2005), Meishan x lignée commerciale (De Koning et al., 2001), dans des croisements avec les races Meishan, Piétrain et sanglier (Yue et al., 2003a ; 2003b) ou encore dans des familles backcross LW x Meishan (Sanchez et al., 2006). Sur SSC5, le QTL affectant la valeur a* du muscle long vaste est situé au même endroit qu'un QTL ayant un effet sur la couleur de la viande décrit par Malek et al. (2001). Ces auteurs détectent également des QTL de pH ultime sur SSC5 mais ils se situent à 50 cM de la position où nous détectons un QTL pour le pH ultime du muscle long dorsal. Sur

Tableau 3 - QTL détectés pour les caractères de qualité de la viande

SSC	Caractère	Maximum du rapport de vraisemblance ^(a)	Position en cM (IC) ^(b)	a ^(c)
5	a* long vaste	51,2 +	133 (130-133)	0,195
5	pH 24h long dorsal	50,8 +	57 (52-62)	-0,006
6	L* long vaste	55,7 +	134 (126-141)	0,390
6	a* long vaste	58,9 ++	62 (53-67)	-0,278
6	pH 24h adducteur	54,8 +	109 (99-113)	-0,004
6	pH 24h long dorsal	52,7 +	132 (120-140)	0,020
7	L* long vaste	53,9 +	0 (0-8)	-0,111
7	a* long vaste	64,4 ++	118 (111-137)	0,150
9	pH 24h adducteur	52 +	3 (0-14)	-0,020
11	a* long vaste	52,7 +	23 (12-34)	-0,142
11	Temps d'imbibition long vaste (10s)	51,6 +	27 (15-34)	0,065
14	Temps d'imbibition fessier superficiel(10s)	61,8 ++	108 (101-108)	-0,340
15	b* long vaste	49,7 +	79 (70-79)	0,239
15	pH 24h long dorsal	47,1 +	36 (27-43)	0,009
17	L* long vaste	50,4 +	37 (33-43)	0,146
17	a* long vaste	59 ++	25 (23-29)	0,219
17	b* long vaste	60,3 ++	27 (23-31)	0,126
17	pH 24h fessier superficiel	62,9 ++	75 (70-75)	0,012
XY	L* long vaste	42,51 *	57 (40-67)	-0,022

^(a) Significatif au niveau du chromosome: + P<5 % ; ++ P<1 % ; significatif au niveau du génome : *P<5 %

^(b) IC : intervalle de confiance à 5 %

^(c) Effet de substitution allélique : allèle LW – allèle Duroc, en unité du caractère

SSC6, nous détectons des effets significatifs de QTL sur la couleur de la viande comme Yue et al. (2003a) et sur des mesures de pH comme Kim et al. (2005). Un QTL, situé autour de 100 cM sur SSC7, affectant la couleur de la viande et le pH ultime, a aussi été mis en évidence par Yue et al. (2003b) et Sanchez et al. (2006). Sur SSC15 et SSC17, nous retrouvons des QTL significatifs pour plusieurs critères dans les mêmes régions que celles mises en évidence par De Koning et al. (2001), Malek et al. (2001) et Kim et al. (2005). Par contre, aucun QTL lié à la qualité de la viande n'a, à notre connaissance, été détecté auparavant sur SSC9, SSC11 et SSCX. Toutefois, contrairement au QTL situé sur SSCX, les QTL sur SSC9 et SSC11 ne sont que suggérés, leur existence reste donc à confirmer.

2.2. QTL pour les caractères de croissance et de composition de la carcasse et pour le nombre de tétines

Pour les caractères de production, 33 QTL sont détectés (Tableau 4). Ces QTL sont répartis sur tout le génome, excepté

sur SSC4, SSC6, SSC9 et SSCX. Parmi eux, 9 QTL situés sur SSC2, SSC3, SSC8, SSC10, SSC13, SSC15, SSC16 et SSC17 sont significatifs au niveau du génome.

Deux QTL suggérés, situés sur SSC10 et SSC12, et un QTL très significatif au niveau du génome situé sur SSC16 sont détectés pour le poids à la naissance. Pour les deux premiers QTL, l'allèle Duroc est associé à une augmentation du poids alors que pour le QTL de SSC16, l'allèle LW est favorable. Si un QTL a été détecté par Knott et al. (1998) sur SSC12, ceux des chromosomes 10 et 16 sont pour la première fois décrits ici.

Des QTL pour les poids en début et en fin d'engraissement sont détectés sur SSC1, SSC2, SSC3, SSC5, SSC8, SSC14 et SSC15. Selon les régions, l'allèle LW ou l'allèle Duroc est favorable. Trois de ces QTL situés sur SSC3, SSC8 et SSC15 sont très significatifs au niveau du génome et ont des allèles LW responsables d'une augmentation du poids en fin d'engraissement de 1,083, 0,745 et 0,918 kg, respectivement. Les QTL des chromosomes 3 et 15 qui ont les effets les plus importants sur le caractère n'ont jamais été décrits auparavant.

Tableau 4 - QTL détectés pour les caractères de production et le nombre de tétines

SSC	Caractère	Maximum du rapport de vraisemblance ^(a)	Position en cM (IC) ^(b)	a ^(c)
1	Poids début engraissement (kg)	55,6 +	128 (121-136)	-0,266
1	Poids fin engraissement (kg)	54,2 +	139 (135-139)	0,031
1	Poids hachage (kg)	53,9 +	21 (9-33)	-0,083
2	Poids début engraissement (kg)	52,9 +	53 (40-62)	0,582
2	Épaisseur lard moyenne carcasse (mm)	51,4 +	114 (106-120)	0,220
2	TVM	66 *	3 (0-7)	-0,378
3	Poids début engraissement (kg)	56,6 ++	97 (95-100)	-0,156
3	Poids fin engraissement (kg)	78,8 ***	84 (76-98)	1,083
5	Poids début engraissement (kg)	51,7 +	51 (44-57)	-0,347
5	Longueur (mm)	59,7 ++	39 (39-49)	-0,651
7	Longueur (mm)	54,3 +	128 (118-138)	1,548
7	Poids hachage (kg)	58,7 +	156 (144-163)	0,010
8	Poids début engraissement (kg)	53,7 +	119 (115-124)	0,080
8	Poids fin engraissement (kg)	68 **	127 (122-127)	0,745
10	Poids naissance (kg)	50,6 +	78 (71-84)	-0,011
10	Épaisseur lard cou carcasse (mm)	63,6 *	37 (26-47)	-0,059
11	Poids jambon (kg)	52,7 +	34 (27-40)	0,034
12	Poids naissance (kg)	49,3 +	40 (40-48)	-0,008
12	Longueur (mm)	59,2 ++	105 (99-105)	-0,756
13	Épaisseur lard cou carcasse (mm)	65,7 *	102 (92-102)	-1,838
13	Longueur (mm)	52,5 +	90 (63-102)	1,513
13	Poids jambon (kg)	52,7 +	24 (14-31)	0,020
13	TVM (%)	49,8 +	18 (14-55)	0,236
14	Poids début engraissement (kg)	52,2 +	22 (18-27)	-0,187
15	Poids fin engraissement (kg)	65,6 **	27 (27-32)	0,918
15	TVM (%)	46,1 +	40 (27-50)	0,001
16	Poids naissance (kg)	65,5 **	17 (13-21)	0,017
17	Épaisseur lard cou carcasse (mm)	50,3 +	31 (27-33)	-0,994
17	Longueur (mm)	62,7 *	29 (24-43)	2,838
17	Poids hachage (kg)	59,6 *	32 (31-34)	-0,015
18	Épaisseur lard cou carcasse (mm)	48,5 +	13 (2-18)	0,015
18	Poids jambon (kg)	50,6 +	20 (9-26)	-0,020
XY	Nombre de tétines total	47,5 *	22 (19-25)	-0,078

^(a) Significatif au niveau du chromosome : + $P < 5\%$; ++ $P < 1\%$; significatif au niveau du génome : * $P < 5\%$, ** $P < 1\%$, *** $P < 0,1\%$

^(b) IC : intervalle de confiance à 5 %

^(c) Effet de substitution allélique : allèle LW - allèle Duroc, en unité du caractère.

Sur SSC8, un QTL a été détecté dans une population F2 LW x Meishan pour les poids à 13 et 22 semaines (Quintanilla et al., 2002) mais dans une autre région que celle mise en évidence ici.

Concernant la composition de la carcasse, 11 QTL sont mis en évidence sur SSC1, SSC2, SSC7, SSC10, SSC11, SSC13, SSC15, SSC17 et SSC18. Quatre de ces QTL ont un effet significatif au niveau du génome. Le premier, situé dans la région du gène IGF2 sur SSC2, affecte la TVM et a un allèle Duroc favorable. Ce QTL pourrait correspondre à la mutation décrite par Van Laere et al. (2003), qui a notamment un effet sur la croissance musculaire. Cela signifierait donc que l'allèle non muté, défavorable sur la composition de la carcasse, est encore présent à une fréquence non négligeable chez le LW. Deux autres QTL, situés sur SSC10 et SSC13 ont un effet significatif au niveau du génome sur l'épaisseur de lard mesurée à l'épaule. Enfin, la région autour de 30 cM sur SSC17 a un effet sur le poids du hachage (au niveau du génome) et sur l'épaisseur de lard mesurée à l'épaule (au niveau du chromosome). Plusieurs QTL affectant la composition de la carcasse ont été décrits sur SSC10, SSC13 et SSC17 dans des croisements F2 avec les races Meishan ou Duroc (Hu et al., 1997). Nos résultats suggèrent également l'existence de QTL sur SSC1, SSC2 (à 114 cM), SSC7, SSC13 (vers 20 cM), SSC15 et SSC18.

Enfin, 5 QTL sont détectés pour la longueur de la carcasse sur SSC5, SSC7, SSC12, SSC13 et SSC17. Le QTL du chromosome 17, significatif au niveau du génome, a un allèle LW qui augmente de 2,8 mm la longueur de la carcasse. Pour ce caractère, des QTL ont été mis en évidence sur SSC7 et SSC17 (Hu et al., 1997) mais pas sur SSC5, SSC12 et SSC13.

Un seul QTL est détecté pour le nombre de tétines sur SSCX. Ce QTL, significatif au niveau du génome, a un allèle Duroc favorable. Un QTL similaire, avec un allèle Meishan favorable, a été

mis en évidence dans la même région dans une population F2 Meishan x Piétrain (Cepica et al., 2003).

CONCLUSION

Nous mettons en évidence de nombreux QTL dans la population F2 Duroc x LW. Parmi ces QTL, certains, très convaincants car significatifs au niveau du génome, sont pour la première fois décrits ici :

- deux QTL sur les chromosomes 10 et 14 affectant la composition en acides gras du muscle long dorsal ;
- deux QTL sur le chromosome X affectant respectivement la couleur de la viande et le nombre de tétines ;
- un QTL sur le chromosome 16 affectant le poids à la naissance ;
- deux QTL sur les chromosomes 3 et 15 qui ont chacun un effet important sur le poids en fin d'engraissement ;

Pour le taux de LIM, les QTL détectés ne sont significatifs qu'au niveau du chromosome de sorte que leur existence doit être confirmée. Par ailleurs, sur le chromosome 13, nous trouvons des effets antagonistes sur le taux de LIM à 52 cM et sur l'épaisseur de lard dorsal à 102 cM. Il est donc important de voir si dans cette région, ces caractères sont sous l'influence d'un seul QTL ou de deux QTL distincts.

REMERCIEMENTS

Cette étude a été menée dans le cadre de l'AIP INRA « caractéristiques biologiques et qualités de la viande de porc ». Les typages ont en partie été financés par le Département de Génétique Animale de l'INRA. L'informativité des marqueurs a été déterminée sur la plateforme CRGS de la Génopole Toulousaine. Le typage des animaux F2 a été réalisé par Labogena (<http://www.labogena.fr>). Les auteurs remercient l'ensemble du personnel de l'unité expérimentale GEPA du Magneraud pour la réalisation des prélèvements, des mesures phénotypiques et des extractions d'ADN.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Andersson L., Haley C.S., Ellegren H., Knott S., Johansson M., Andersson K., Andersson-Eklund L., Edfors-Lilja I., Fredholm M., Hansson I., Hakansson J., Lundstrom K., 1994. Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. *Science*, 263, 1771-1774.
- Bout J., Girard J.P., Sellier P., Runavot J.P., 1990. Comparaison de porcs Duroc et Large White pour la composition chimique du gras de bardièrre et du muscle long dorsal. *J. Rech. Porcine en France*, 22, 29-34.
- Cepica S., Reiner G., Bartenschlager H., Moser G., Geldermann H., 2003. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome X. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120 (Suppl. 1), 144-151.
- De Koning D. J., Janss L.L.G., Rattink A. P., van Oers P.A.M., de Vries B.J., Groenen M.A.M., van der Poel J.J., de Groot P.N., Brascamp E.W., van Arendonk J.A.M., 1999. Detection of QTL for backfat thickness and intramuscular fat content in pigs (*Sus scrofa*). *Genetics* 152: 1679-1690.
- De Koning D.J., Rattink A.P., Harlizius B., Groenen M.A., Brascamp E.W., van Arendonk J.A.M., 2001. Detection and characterization of quantitative trait loci for growth and reproduction in pigs. *Livest. Prod. Sci.*, 72, 185-198.
- Folch J., Lees M., Sloane Stanley G.H., 1957. A simple method for the isolation and purification of total lipids from animal tissues. *J. Biol. Chem.*, 226, 497-509.
- Hu Z.L., Dracheva S., Jang W., Maglott D., Bastiaansen J., Rothschild M.F., Reecy J.M., 2005. A QTL resource and comparison tool for pigs: PigQTLDB. *Mamm. Genome*, 15, 792-800. (Base de données consultable à l'adresse suivante : <http://www.animalgenome.org/QTLdb/pig.html>, consultée le 28 septembre 2007).
- Janss L.L.G., van Arendonk J.A.M., Brascamp E.W., 1997. Bayesian statistical analyses for presence of single genes affecting meat quality traits in a crossed pig population. *Genetics*, 145, 395-408.
- Kim J. J., Zhao H.H., Thomsen H., Rothschild M. F., Dekkers J.C.M., 2005. Combined line-cross and half-sib QTL analysis of crosses between outbred lines. *Genet. Res.*, 85, 235-248.
- Knott S.A., Marklund L., Haley C. S., Andersson K., Davies W., Ellegren H., Fredholm M., Hansson I., Hoyhem B., Lundström K., Moller M., Andersson L., 1998. Multiple marker mapping of quantitative trait loci in a cross between outbred Wild Boar and Large White pigs. *Genetics*, 149, 1049-1080.

- Le Roy P, Elsen J.M., Boichard D., Mangin B., Bidanel J.P., Goffinet B., 1998. An algorithm for QTL detection in mixture of full and half sib families. In Proceeding of the Sixth World Congress on Genetic Applied to Livestock: 11-16 July 1998, Armidale. Edited by University of New England, 26, 257-260.
- Malek M., Dekkers J.C.M., Lee H.K., Baas T.J., Prusa K., Huff-Lonergan E., Rothschild M.F., 2001. A molecular genome scan analysis to identify chromosomal regions influencing economic traits in the pig. II. Meat and muscle composition. *Mamm. Genome*, 12, 637-645.
- Morrison W.R., Smith L.M., 1964. Preparation of fatty acid methyl esters and dimethylacetals from lipids with boron fluoride-methanol. *J. Lip. Res.*, 5, 600-608.
- Nii M., Hayashi T., Mikawa S., Tani F., Niki A., Mori N., Uchida Y., Fujishima-Kanaya N., Komatsu M., Awata T., 2005. Quantitative trait loci mapping for meat quality and muscle fiber traits in a Japanese wild boar x Large White intercross. *J. Anim. Sci.*, 83, 308-315.
- Quintanilla R., Milan D., Bidanel J.P., 2002. A further look at quantitative trait loci affecting growth and fatness in a cross between Meishan and Large White pig populations. *Genet. Sel. Evol.*, 34, 193-210.
- Quintanilla R., Diaz I., Gallardo D., Reixach J., Noguera J.L., Ramirez O., Varona L., Pena R., Amills M., 2007. QTL detection for muscle cholesterol content and fatty acid composition in a Duroc population. EAAP – 58th Annual Meeting, Dublin 2007, p77.
- Rohrer G.A., Thallman R.M., Shackelford S., Wheeler T., Koohmaraie M., 2005. A genome scan for loci affecting pork quality in a Duroc x Landrace F2 population. *Anim. Genet.*, 37, 17-27.
- Sanchez M.P., Le Roy P., Griffon H., Caritez J.C., Fernandez X., Legault C., Gandemer G., 2002. Déterminisme génétique de la teneur en lipides intramusculaires dans une population F2 Duroc x Large White. *Journées Rech. Porcine*, 34, 39-43.
- Sanchez M.P., Riquet J., Iannuccelli N., Gogué J., Demeure O., Billon Y., Caritez J.C., Burgaud G., Fève K., Bonnet M., Péry C., Lagant H., Le Roy P., Bidanel J.P., Milan D., 2006. Effects of QTL on chromosomes 1, 2, 4 and 7 for growth, carcass and meat quality traits in backcross Meishan x Large White pigs. *J. Anim. Sci.*, 84, 526-537.
- SAS Institute, 1999. SAS OnlineDoc® Version 8, Cary, Sas Institute Inc.
- Sato S., Oyamada Y., Atsuji K., Nade T., Sato S.I., Kobayashi E., Mitsuhashi T., Nirasawa K., Komatsuda A., Saito Y., Terai S., Hayashi T., Sugimoto Y., 2003. Quantitative trait loci analysis for growth and carcass traits in a Meishan x Duroc F2 resource population. *J. Anim. Sci.*, 81, 2938-2949.
- Stearns T.M., Beever J.E., Southey B.R., Ellis M., McKeith F.K., Rodriguez-Zas S.L., 2005. Evaluation of approaches to detect quantitative trait loci for growth, carcass and meat quality on swine chromosomes 2, 6, 13 and 18. I. Univariate outbred F2 and sib-pair analyses. *J. Anim. Sci.*, 83, 1481-1493.
- Van Laere A. S., Nguyen M., Braunschweig M., Nezer C., Collette C., Moreau L., Archibald A. L., Haley C.S., Buys N., Tally N., Andersson G., Georges M., Andersson L., 2003. A regulatory mutation in IGF2 causes a major QTL effect on muscle growth in the pig. *Nature*, 425, 832-836.
- Yue G., Stratil A., Kopecny M., Schroffelova D., Schroffel J., Jr., Hojny J., Cepica S., Davoli R., Zambonelli P., Brunsch C., Sternstein I., Moser G., Bartenschlager H., Reiner G., Geldermann H., 2003a. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 6. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120 (Suppl. 1), 45-55.
- Yue G., Stratil A., Cepica S., Schroffel J.Jr., Schroffelova D., Fontanesi L., Cagnazzo M., Moser G., Bartenschlager H., Reiner G., Geldermann H., 2003b. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 7. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120 (Suppl. 1), 56-65.