HAL open science

Recherche de QTL d'expresssion de transcrits (eQTL) et de protéines (pQTL) sur du foie de canard mulard

Yoannah François

▶ **To cite this version:**

Yoannah François. Recherche de QTL d'expresssion de transcrits (eQTL) et de protéines (pQTL) sur du foie de canard mulard. 15. Séminaire des Thésards du Département de Génétique Animale, Mar 2012, Ile d'Oléron, France. pp.1-2. hal-02807104

HAL Id: hal-02807104

https://hal.inrae.fr/hal-02807104v1

Submitted on 6 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.

Identification of eQTL and pQTL on the fatty liver of mule ducks

Yoannah François[1,2,3,4], Carolina Molette[5,2], Christel Marie-Etancelin[1], Alain Vignal[2], Stéphane Duvail[4]
[1] INRA-LGC-SAGA, Castanet Tolosan
[2] GMPA-INRA-ENVT-ENSAT-INRA-GENOTOX, Castanet Tolosan
[3] UMR 444, INRA-GL, Castanet Tolosan
[4] UMR 5556 LEPS, LEM, Marcy-l'Etoile

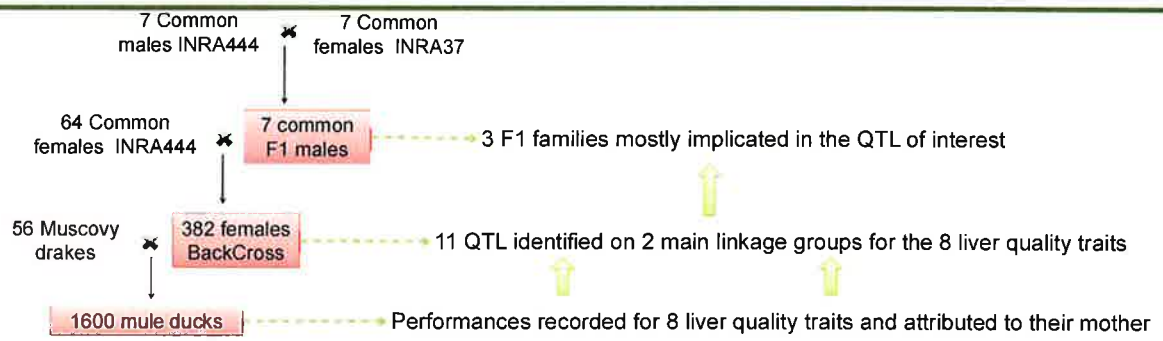
CONTEXT

In France, 95 % of the fatty liver production comes from the mule duck. It is a sterile hybrid stemming from a cross between a common female duck (*Anas Platyrhynchos*) and a muscovy drake (*Cairina Moschata*). Consequently, genetic improvment of the fatty liver quality has to be done through the genetic selection of the parents. The knowledge of the gene expression mechanisms on mule ducks could help in the adjustment of the genetic selection.

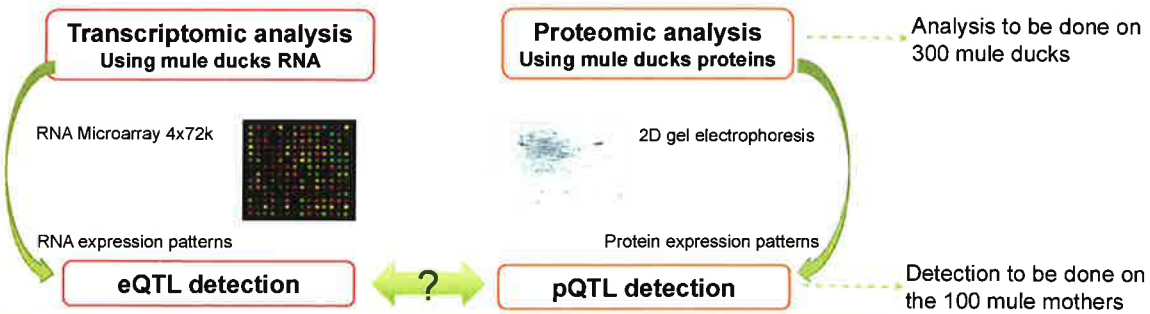
AIM : To understand the influence of mule duck gene expression on the quality traits of the fatty liver

STRATEGY

Experimental design / Data to be studied



Methodology



Identification of relations between QTL, eQTL, pQTL and traits

Briefly

■**Funding** : Conseil Général des Landes

■**Cursus** : Master of Cellular and Molecular sciences of the living, University of Rennes I
Licence of Cellular Biology, Genetic, Microbiology and physiology, University of Rennes I

Fiche de thèse (maximum 2 pages)

FRANCOIS Yoannah
Laboratoire : TANDEM / LGC / SAGA
Adresse : SAGA : Auzeville, B.P. 52627, 31326 CASTANET TOLOSAN CEDEX
Téléphone : 05.61.28.51.92
Mail : yoannah.francois@toulouse.inra.fr

TITRE DE LA THESE : Recherche de QTL d'expression de transcrits (eQTL) et de protéines (pQTL) sur du foie gras de canard mulard.
Dates de Début – Fin de thèse : 01/10/2011-30/09/2014
Dernier diplôme : Master (2011)
Université d'affiliation : Université de Pau
Encadrant(s) : Stéphane Davail (IPREM/Université de Pau), Caroline Molette (TANDEM/LGC), Christel Marie-Etancelin (SAGA), Alain Vignal (LGC).
Comité de thèse : Sandrine Lagarrigue (Pégase), Christian Diot (Pégase), Jean-Michel Elsen (SAGA), Xavier Fernandez (TANDEM).
Financement : Conseil Général des Landes

Résumé
Le canard mulard, à l'origine de 95 % de la production française de foie gras, est un hybride stérile issu du croisement d'une cane commune (*Anas platyrhynchos*) et d'un canard de barbarie (*Cairina moschata*). L'objectif de ce projet de thèse est de connaître l'influence de l'expression du génome du canard mulard sur les caractères de production de la filière « canards gras », à différents niveaux (transcrits, protéines). Le projet repose sur un dispositif animal de canes communes backcross pour lequel 17 QTL (Quantitative Trait Loci) liés à 8 caractères de qualité du foie gras ont été mis en évidence. Il s'agira d'étudier les régions génomiques portant ces QTL par deux approches complémentaires : une analyse protéomique avec une détection de QTL d'expression de protéines (pQTL) et une analyse transcriptomique avec une détection de QTL d'expression de transcrits (eQTL). Le but de ces analyses est d'identifier les relations existant entre d'une part, protéome et transcriptome, et d'autre part, les régions génomiques affectant les caractères de qualité du foie gras, ainsi que les voies métaboliques.