

# Polymorphismes candidats de la calcification de la coquille de l'œuf de poule

Hérault F.<sup>1</sup>, Philippe R.<sup>1</sup>, Gautron J.<sup>2</sup>, Moreau T.<sup>2</sup>, Burlot T.<sup>3</sup>, Diot C.<sup>1</sup>, Le Roy P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> UMR 1348 PEGASE, Physiology, Environment and Genetics for the Animal and livestock Systems, INRAE-Institut Agro Rennes Angers, Saint-Gilles, France

<sup>2</sup> UMR BOA, Biologie des Oiseaux et Aviculture, INRAE-Université de Tours, Nouzilly, France

<sup>3</sup> Novogen, France

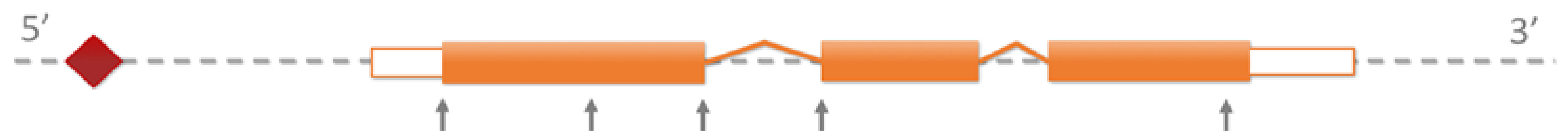
## Contexte

L'œuf de poule est un aliment de grande qualité nutritionnelle qui a l'avantage d'être produit avec son propre emballage : la coquille. C'est en grande partie sur cette barrière naturelle que repose la qualité sanitaire de l'œuf. Cependant, l'évolution des systèmes de production vers plus de respect du bien-être des poules, notamment avec un accès à des parcours extérieurs et un allongement des carrières, induit un risque plus important de dégradation de cette qualité. De nombreuses études se sont intéressées à l'intégrité de la coquille et ont permis de détecter un grand nombre de QTL et de gènes candidats affectant divers prédicteurs de celle-ci. Cependant, les mécanismes impliqués dans la construction de ces caractères complexes restent encore mal connus et l'identification de mutations causales demeure un défi.



## Résultats préliminaires

En nous basant sur les séquences du projet 1000 génomes *Gallus*, qui concerne des individus de types génétiques variés (sauvage, races locales, lignées commerciales chair ou ponte), ainsi que sur les positions des QTL et des gènes candidats que nous avons préalablement détectés, nous avons identifié 4849 polymorphismes dits « délétères » impactant 418 gènes impliqués dans la formation de la coquille. Par une approche de séquençage ciblé, 255 de ces polymorphismes localisés dans 46 gènes ont été génotypés sur 480 poules issues de 8 lignées de pondeuses (Rhode-Island et Leghorn). Une association avec la solidité de la coquille a été mise en évidence pour 64 de ces loci. Cependant, cette stratégie n'a pas permis de mettre en évidence de mutations causales dans les régions codantes de ces gènes candidats.



## Projet

Le reséquençage génome entier d'individus dans ces 8 lignées permettra d'identifier de nouveaux polymorphismes dans les régions codantes et non codantes de l'ensemble des gènes candidats ainsi que dans le reste du génome. L'implication de ces variants dans la solidité de la coquille sera à nouveau testée par analyse d'association. La validation de l'effet de variants « non-codants » impliquera une analyse du niveau d'expression des gènes.

