



HAL
open science

Estimation, dans un dispositif familial issu des populations porcines françaises en sélection, de l'effet quantitatif de mutations dans des gènes majeurs et des gènes candidats

Marie-josé Mercat, Katia Feve, Nelly Muller, Sandrine Schwob, Pascale Le Roy, Jean Pierre Bidanel, Catherine Larzul, Juliette Riquet

► To cite this version:

Marie-josé Mercat, Katia Feve, Nelly Muller, Sandrine Schwob, Pascale Le Roy, et al.. Estimation, dans un dispositif familial issu des populations porcines françaises en sélection, de l'effet quantitatif de mutations dans des gènes majeurs et des gènes candidats. 44. Journées de la Recherche Porcine, Feb 2012, Paris, France. pp.1-6. hal-01190212

HAL Id: hal-01190212

<https://hal.science/hal-01190212v1>

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.

Estimation, dans un dispositif familial issu des populations porcines françaises en sélection, de l'effet quantitatif de mutations dans des gènes majeurs et des gènes candidats

Marie-José MERCAT (1), Katia FEVE (2), Nelly MULLER (3), Sandrine SCHWOB (1), Pascale LE ROY (5), Jean-Pierre BIDANEL (4), Catherine LARZUL (4), Juliette RIQUET (2)

(1) IFIP-Institut du porc, La Motte au Vicomte, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex, France

(2) INRA, UMR444, LGC, 31326 Castanet-Tolosan, France

(3) INRA, UETP, Domaine de la Motte au Vicomte, BP 35327, 35653 Le Rheu Cedex, France

(4) INRA, UMR1313, GABI, 78350 Jouy-en-Josas, France

(5) INRA-AGROCAMPUS-RENNES, 65 rue de Saint-Brieuc, 35042 Rennes Cedex, France

marie-jose.mercat@ifip.asso.fr

Avec la collaboration de BIOPORC, de Claire HASSENFRAZ (1) et du personnel de l'UETP du Rheu

Estimation, dans un dispositif familial issu des populations porcines françaises en sélection, de l'effet quantitatif de mutations dans des gènes majeurs et des gènes candidats

L'étude repose sur le contrôle de performances en station (croissance, composition corporelle et qualité de viande) de familles composées d'une cinquantaine de descendants (mâles castrés et femelles) d'un même père de race pure. Ce dispositif a vocation à estimer, dans les populations porcines françaises en sélection, l'effet de mutations publiées dans la bibliographie, certaines parfois exploitées commercialement. L'étude porte sur 55 familles de races européennes, lignées sino-européennes ou synthétiques et sur 17 polymorphismes présents dans les gènes HAL (1 SNP), IGF2 (1 SNP), MC4R (1 SNP), RN (8 SNP), H-FABP (3 SNP) et CBG (3 SNP).

Au total, 2569 animaux ont été génotypés. Les résultats de génotypage obtenus ont permis d'estimer les fréquences alléliques des mutations mentionnées ainsi que les effets associés à ces polymorphismes, dans les populations françaises en sélection et sur une quarantaine de caractères. Des effets significatifs ont été observés pour tous les SNP étudiés, les plus importants (en nombre et en significativité) étant pour les gènes HAL et IGF2. Ces résultats montrent que le dispositif est adapté à la mise en évidence d'effets forts. Les résultats sont moins significatifs pour les autres marqueurs testés traduisant d'une part, une puissance plus limitée du dispositif dans le cas d'effets plus modérés et, d'autre part, la non causalité probable d'une partie de ces polymorphismes. Cependant, les résultats observés pour les mutations MC4R et RN_V199I noté rn* vont globalement dans le même sens que ceux décrits dans la bibliographie.

Estimation of the quantitative effect of mutations in major genes or candidate genes in a family-based structured scheme from French purebred pig populations

The study was based on performance recording (for growth, carcass composition and meat quality traits) in progeny testing station of half-sib families composed of 50 offspring (castrates and females) from pure-bred sires. The aim of this scheme was to estimate, in French purebred pig populations, the effect of mutations described in the literature, some of which are commercially exploited.

The study focused on 55 families of European breeds and Chinese-European or synthetic lines and on 17 polymorphisms located in HAL (1 SNP), IGF2 (1 SNP), MC4R (1 SNP), RN (8 SNP), H-FABP (3 SNP) and CBG (3 SNP) genes.

In all, 2569 animals were genotyped. Allelic frequencies of the mentioned mutations were estimated such as the effects associated with these polymorphisms in French pure-bred populations on about forty traits.

Significant effects were observed for each SNP, the most important (regarding numbers and significance levels) being for HAL and IGF2 genes. These results show that the scheme is well suited to underscoring strong effects. Results are less significant for the other tested markers showing a limited power of the scheme such as the probable non-causality of part of these polymorphisms. However, results obtained with MC4R and RN_V199I noted rn* mutations are in agreement with those described in the literature.