



HAL
open science

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

Marie-Pierre Sanchez, Thierry Tribout, Nathalie Iannuccelli, Marcel Bouffaud, Bertrand Servin, Patrice Dehais, Nelly Muller, Marie-josé Mercat, Jordi Estellé, Jean Pierre Bidanel, et al.

► To cite this version:

Marie-Pierre Sanchez, Thierry Tribout, Nathalie Iannuccelli, Marcel Bouffaud, Bertrand Servin, et al.. 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. 44. Journées de la Recherche Porcine, Feb 2012, Paris, France. IFIP - Institut du Porc ; INRA, Journées de la Recherche Porcine en France, 44, 2012, Journées de la Recherche Porcine en France. hal-01190241

HAL Id: hal-01190241

<https://hal.science/hal-01190241>

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.

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

Marie-Pierre SANCHEZ (1,2), Thierry TRIBOUT (1,2), Nathalie IANNUCELLI (3), Marcel BOUFFAUD (4), Bertrand SERVIN (3),
Patrice DEHAIS (3), Nelly MULLER (4), Marie-José MERCAT (5), Jordi ESTELLE (1,2), Jean-Pierre BIDANEL (1,2),
Claire ROGEL-GAILLARD (1,2), Denis MILAN (3), Hélène GILBERT (3)

(1) INRA, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, F-78350 Jouy-en-Josas

(2) AgroParisTech, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, F-78350 Jouy-en-Josas

(3) INRA, UMR444 Laboratoire de Génétique Cellulaire, F-31326 Castanet-Tolosan

(4) INRA, UE450 Testage Porcs, F-35651 Le Rheu

(5) IFIP, Pôle génétique, F-35651 Le Rheu

marie-pierre.sanchez@jouy.inra.fr

Avec le soutien financier de l'ANR et de BIOPORC (Projets DELISUS et IMMOPIG, programmes Genanimal 2007-2011)

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

Près de 500 porcs Large White (106 familles de pères) ont été génotypés pour la puce *PorcineSNP60* et contrôlés pour 21 caractères d'ingestion, de croissance, de composition de carcasse et de qualité de la viande. Sur les 64432 marqueurs SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) de la puce, 44412 ont passé le contrôle qualité et ont donc été utilisés pour des analyses d'association avec la méthode FASTA (estimation conjointe des effets individuels des SNP et de l'effet polygénique).

Au total, 45 régions avec des effets significatifs ($P < 10^{-4}$) ont été mises en évidence sur tous les chromosomes (SSC) sauf SSC5 et SSC12. Dans 18 de ces régions (de 7 à 1251kb), plusieurs SNP ont des effets significatifs sur des caractères de croissance et d'ingestion (3 régions), de composition corporelle (10 régions) et de qualité de la viande (5 régions). Huit de ces régions n'ont jamais été décrites auparavant. La région qui présentait le plus grand nombre d'effets significatifs (une région de 183kb sur SSC1 pour la qualité de la viande) a fait l'objet d'analyses haplotypiques. Trois haplotypes de 6 SNP avec des effets significatifs sur tous les caractères de qualité de viande analysés ont été identifiés dans la population Large White étudiée. Ces résultats montrent que les analyses d'association à l'aide de la puce *PorcineSNP60* permettent de localiser finement les QTL. Par conséquent, la sélection d'allèles (ou d'haplotypes) favorables ainsi que l'analyse de l'architecture génétique des caractères complexes peut maintenant être envisagée dans les populations commerciales porcines.

Fine mapping of QTL regions using the *PorcineSNP60* Beadchip for feed intake, growth, carcass composition and meat quality in Large White pigs

About 500 Large White pigs (106 sire families) were genotyped using the *PorcineSNP60* Beadchip and controlled for feed intake, growth, carcass composition and meat quality. Of the 64,432 SNP (Single Nucleotide Polymorphism) of the chip, 44,412 passed the quality control and were thus used for genome-wide association analyses (GWAS) with the FASTA method (individual effects of SNP and polygenic effect are estimated jointly).

A total of 45 regions with significant effects ($P < 10^{-4}$) have been identified for SNP distributed on all chromosomes (SSC) except on SSC5 and SSC12. In 18 of these regions (from 7 to 1,251kb), several SNP had significant effects on growth and feed intake (3 regions), on carcass composition traits (10 regions) and meat quality traits (5 regions). Eight of these regions had never been described before. The region which had the greatest number of significant effects (a region of 183kb on SSC1 for meat quality) was submitted to haplotype analyses. Three haplotypes of 6 SNP were found in the studied Large White population, they had significant effects on all meat quality traits included in the analyses. These results show that GWAS analyses with the *PorcineSNP60* Beadchip allow QTL to be mapped with a good accuracy. Therefore considering the selection of the favorable alleles (or haplotypes) and also analysing the genetic architecture of complex traits can now be envisaged in commercial pig populations.