

Mise en place d'un programme de sélection assistée par marqueurs dans la population sino-européenne Duochan

Sandrine SCHWOB (1), Juliette RIQUET (2), Thierry BELLEC (3), Louis KERNALEGUEN (3),
Thierry TRIBOUT (4), Jean-Pierre BIDANEL (4)

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

(2) INRA, UMR444 Laboratoire de Génétique Cellulaire, Chemin de Borde Rouge, BP 52627, F-31326 Castanet-Tolosan Cedex

(3) ADN, Rue Maurice de Trésiguidy, F-29190 Pleyben

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

sandrine.schwob@ifip.asso.fr

Implementation of a marker-assisted selection program in the Chinese-European Duochan pig population

A marker assisted selection (MAS) program has been set up since 2001 by the French pig breeding organisation ADN to select 25% Chinese Meishan (MS) / 75% European (EU) crossbred boars used to produce parental sows. Four quantitative trait loci (QTL) affecting growth and carcass composition located on SSC1, 2, 4 and 7 were considered. Boars were first selected for performance traits and then on marker-based information. Results from this study confirmed a significant effect of SSC7 QTL on backfat thickness. It is suggested that an increase in the number of genotyped boars would increase MAS efficiency. Moreover, a significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium was observed for genotype frequencies for QTL on SSC2 and 7, with a deficiency of MS/MS homozygotes and an excess of EU/EU (SSC7) or EU/MS (SSC2).

INTRODUCTION

Les aptitudes maternelles des truies européennes peuvent être améliorées en tirant avantage des truies chinoises hautement prolifiques, comme la Meishan (Bidanel et al., 1991). Malgré ses faibles performances de production, la race Meishan (MS) est utilisée dans des croisements discontinus ou des lignées composites sino-européennes. Dès 1998, l'organisation de sélection porcine (OSP) ADN a produit des truies parentales 1/8 MS à partir de verrats 1/4 MS issus tout d'abord de croisements discontinus, puis d'une lignée composite 1/4 MS, la Duochan. Depuis 2001, les verrats sont sélectionnés sur la base d'un indice phénotypique et de leur génotype pour 4 QTL ayant des effets importants sur les performances de croissance et de carcasse. Cet article présente les principaux éléments de ce dispositif et dresse un premier bilan après 5 années de fonctionnement du programme.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Les populations sino-européennes développées par ADN

L'OSP ADN a développé, depuis 1998, deux stratégies successives d'utilisation de la race MS. Dans un premier temps, des croisements en retour vers le Large White (LW) et le Landrace français (LF) ont permis d'obtenir les verrats Pailarshan (PLS : 1/4 MS, 3/4 LW) et Zhumeilan (ZML : 1/4 MS, 3/4 LF) utilisés pour la production de truies parentales 1/8 MS. A partir de 2004, les croisements discontinus ont été remplacés par une lignée composite 1/4 MS, la Duochan, obtenue en inséminant des truies LW par des verrats F1 (LF x MS) issus de 28 portées de truies MS. La lignée a ensuite été entretenue sans sélection pendant 3 générations. Les verrats Duochan (1/4 MS, 1/2 LW et 1/4 LF) destinés à la production de truies 1/8 MS, différents de ceux utilisés intra-population, ont fait

l'objet du programme de sélection assistée par marqueurs (SAM) décrit ci-dessous.

1.2. Le programme de sélection assistée par marqueurs (SAM)

La sélection des verrats est réalisée intra-bande en deux étapes. Les animaux sont tout d'abord classés sur la base d'un indice phénotypique (IP) combinant leurs performances, à savoir l'âge (AGE) et les épaisseurs de lard dorsal (ELD) et de noix de côtelette (X5) à 100 kg, et la qualité des aplombs. Les animaux classés dans le tiers supérieur sont ensuite génotypés pour un ensemble de marqueurs encadrant 4 QTL affectant la croissance et la composition corporelle, et localisés sur les chromosomes 1, 2, 4 et 7 (Bidanel et al., 2001). Les marqueurs utilisés ont évolué au cours du temps en fonction des avancées des programmes de cartographie fine. La sélection sur génotype se fait à partir d'un score moléculaire (SC), défini comme la somme des effets génotypiques de chaque QTL et calculé comme $SC = \sum a_k (p_{ij} * E_{QTLijk})$, où a_k est le poids économique du caractère k, p_{ij} est la probabilité du génotype j pour le QTL i et E_{QTLijk} l'effet du génotype j au QTL i pour le caractère k (Tableau 1). SC est ensuite standardisé sur une même échelle que IP de façon à pouvoir les additionner.

Tableau 1 - Effets des QTL utilisés pour le calcul du score moléculaire (en % de la variance phénotypique)

	SSC1	SSC2	SSC4	SSC7
Croissance	5	5	3	10
Composition corporelle	5	10	8	15

1.3. Analyses statistiques

L'efficacité de la SAM dépend pour beaucoup de la fiabilité des estimations des E_{QTL} . Faute de disposer des informations permettant de valider ces effets chez les femelles 1/8 MS, une estimation a posteriori des effets des QTL a été réalisée sur un sous-ensemble de 129 verrats pour lesquels des performances et des génotypes étaient disponibles. Les génotypes pour chacun des 16 marqueurs encadrant les QTL ont permis de déterminer sans ambiguïté l'origine raciale (MS ou européen = EU) de chaque haplotype. Les données phénotypiques disponibles, à savoir AGE, ELD et X5, ont été analysées à l'aide d'un modèle linéaire mixte en utilisant la procédure MIXED du logiciel SAS. Le modèle prenant en compte les effets fixes de la bande de contrôle (un seul sexe par bande), de la génération et du géno-

type de l'animal pour chacun des 4 QTL (EU/EU ou EU/MS, les animaux MS/MS, très peu nombreux, n'étant pas considérés), et l'effet aléatoire de la portée de naissance.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les fréquences génotypiques (Tableau 2) s'écartent de celles attendues sous l'hypothèse de Hardy-Weinberg pour les QTL des chromosomes 7 ($P < 0,001$) et 2 ($P < 0,08$), avec, dans les deux cas, un déficit de MS/MS et un excès d'EU/EU (SSC7) ou d'EU/MS (SSC2). Parmi les 4 QTL considérés, seul celui localisé sur le SSC7 présente un effet significatif ($P < 0,05$) sur ELD, avec un effet favorable du génotype EU/MS par rapport au génotype EU/EU. Les autres QTL ne présentent pas d'effet significatif sur les caractères analysés. L'effet estimé sur le SSC7 est conforme aux résultats obtenus pour ce QTL dans d'autres populations (Bidanel et al., 2001). Le déficit de MS/MS observé pour SSC7 pourrait s'expliquer par un effet défavorable de l'haplotype MS du SSC7 sur la qualité des aplombs, qui conduirait à un taux de réforme accru des porteurs de cet haplotype. L'absence d'effet significatif pour les autres QTL est probablement liée en partie à un manque de puissance du dispositif. Pour le QTL de SSC1, l'absence d'effet peut également s'expliquer par la dominance de EU sur MS (Bidanel et al., 2001). Il apparaît donc souhaitable de mettre en place un dispositif permettant de valider de façon plus précise les effets des différents génotypes aux QTL considérés avant de poursuivre et d'étendre le programme à un nombre plus important d'animaux. De la même façon, il conviendra de prendre en compte un QTL situé sur le chromosome X et expliquant près de 30 % de la variabilité de l'ELD (Bidanel et al., 2001). Il est également envisagé de mettre en place une SAM intra-population pour la sélection des futurs reproducteurs Duochan. Ce projet sera plus complexe dans la mesure où il devra considérer les effets à court et à long terme de la SAM.

Tableau 2 - Distribution des génotypes pour chaque QTL

	SSC1	SSC2	SSC4	SSC7
EU/EU	70	68	73	93
EU/MS	51	54	43	32
MS/MS	8	3	11	1
Total	129	125	127	126

Ce travail a été réalisé dans le cadre du financement de l'encadrement génétique du Ministère de l'Agriculture.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bidanel J.P., Caritez J.C., Legault C., 1991. Ten years of experiments with Chinese pigs in France. 2. Utilisation in crossbreeding. Pig News & Information, 12, 239-243.
- Bidanel J.P., Milan D., Iannuccelli N., Amigues Y., Boscher M.Y., Bourgeois F., Caritez J.C., Gruand J., Le Roy P., Lagant H., Quintanilla R., Renard C., Gellin J., Ollivier L., Chevalet C., 2001. Detection of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. Genet. Sel. Evol., 33, 289-309.