

**Acronyme : BIOMARK**

**Titre du projet :**

Une évaluation minutieuse de plusieurs QTL en ségrégation dans les lignées commerciales françaises en vue de leur cartographie fine et de la mise en place d'une sélection assistée par marqueur

**Summary**

(socio-économique et scientifique contexts, objectives, workpackages) :

Le porc est la viande la plus largement consommée dans la plupart des pays européens et sa consommation continue de se développer. Cependant, la production de la viande porc souffre de plus en plus d'une compétition internationale et de la détérioration de son image auprès des consommateurs. Dans les années à venir, la sélection animale devrait être, comme par le passé, une composante importante de la compétitivité européenne du porc, grâce à une meilleure connaissance du génome de cette espèce et au développement de nouveaux outils de sélection (sélection assistée par marqueur, plateforme de génotypage) apportés par la génomique.

En effet, l'identification de gènes ou de régions du génome associés à des variations de performance pour des caractères économiquement importants permettra vraisemblablement d'améliorer les objectifs de sélection grâce à la sélection associée par marqueur (SAM) ou par génotype (SAG). Cet apport sera particulièrement important pour les caractères difficiles ou coûteux à mesurer tels que les caractères de qualité de la viande. De plus, il est probable que l'utilisation des informations moléculaires en sélection porcine se fasse principalement par SAG et SAM en déséquilibre de liaison (SAM-DL) plus que par SAM en équilibre de liaison (SAM-EL) dont le rapport gain/coût est trop limité. En outre, la plupart des QTL publiés explique des variations entre races phénotypiquement divergentes. Seul un projet (EU PiGQtec) a montré que certains QTL expliquant des variations entre races étaient aussi associés à des variations intra race.

En conséquence, l'utilisation d'informations moléculaires nécessite : 1) de vérifier les effets intra race des QTL détectés inter-races et/ou de trouver de nouveaux QTL dans les populations commerciales ; 2) de cartographier précisément les QTL de façon à les employer en SAM-DL ou en GAS. Ces deux points correspondent aux principaux objectifs du présent projet qui sont :

- L'étude de la variabilité génétique qui existe au sein des populations commerciales dans les régions dans lesquelles des QTL d'incidence économique élevée ont été cartographiés,
- La cartographie fine de ces régions QTL, et potentiellement l'identification des polymorphismes causaux.

Dix régions chromosomiques différentes seront étudiées : dans ces régions plusieurs QTL de croissance, d'efficacité alimentaire, de composition de la carcasse et de qualité de la viande ont été cartographiés dans différents protocoles. La variabilité haplotypique des populations porcines françaises sera minutieusement étudiée dans une étape préliminaire. Les effets des principaux haplotypes seront ensuite estimés dans 100 familles différentes de verrats issues d'une large proportion des populations porcines commercialisées en France. La caractérisation détaillée et la comparaison des haplotypes portés par ces verrats devraient permettre de trouver des allèles favorables en ségrégation et, voir d'identifier des régions identiques par descendance (cartographie IBD). Ces régions identiques par descendance permettront de cartographier très précisément et potentiellement même d'identifier les polymorphismes causaux.

En résumé, les tâches successives du projet seront donc :

- le développement de SNP supplémentaires afin de mieux caractériser les haplotypes,
- le testage sur descendance de 100 verrats et la caractérisation dense de leurs haplotypes (divisé en 5 sous-tâches),
- une caractérisation la plus précise possible des haplotypes en ségrégation dans les différentes populations françaises.

**Champ thématique** (*selon la classification de l'Appel à Projets*) :  
**VARIABILITE GENETIQUE PORCINE**

**Project :**      **finalisé**

**Responsable scientifique** (*nom prénom*) :                    **MILAN Denis / BIDANEL Jean-Pierre**

**Fonction et organisme** (*intitulé, sigle, Adresse*)     **Directeurs de Recherche, INRA**

**Laboratoire de Génétique Cellulaire**                    **Station de Génétique Quantitative et Appliquée**  
**BP27**   **78352 JOUY-EN-JOSAS**  
**31326 CASTANET-TOLOSAN**

*Tél. :* 05 61 28 53 86 / 01 34 65 22 84

*Fax :* 05 61 28 53 08 / 01 34 65 22 10

*Mel:* [milan@toulouse.inra.fr](mailto:milan@toulouse.inra.fr) / [bidanel@jouy.inra.fr](mailto:bidanel@jouy.inra.fr)

*Si le chef de projet n'est pas le responsable scientifique, compléter également la rubrique suivante*

**Chef de projet** (*nom prénom*)   **Marie José MERCAT**

**Entreprise** (*intitulé, sigle, Adresse*)                         **BIOPORC**  
**ITP - La Motte au Vicomte - BP 35104**  
**35651 LE RHEU CEDEX**

*Tél. :* 02 99 60 98 51

*Fax :* 02 99 60 93 55

*Mel:* [marie-jose.mercattp.asso.fr](mailto:marie-jose.mercattp.asso.fr)

**Liste des partenaires publics :**

| <b>Nom des laboratoires</b><br>( <i>intitulé, sigle, nom du Directeur, nom du responsable</i> )                                | <b>Affiliations :</b><br><b>EPST,</b><br><b>Université...</b> | <b>Ville</b>    |
|--|---|-----------------|
| <b>Laboratoire de Génétique Cellulaire, INRA LGC</b><br><b>Philippe Mulsant   Denis Milan</b>                                  | <b>INRA</b>   | <b>Toulouse</b> |
| <b>Station de Génétique Quantitative et Appliquée,</b><br><b>INRA SGQA</b><br><b>Jean-Pierre Bidanel   Jean-Pierre Bidanel</b> | <b>INRA</b>   | <b>Jouy</b>     |

**Liste des partenaires privés :**

| <b>Nom des Entreprises, nom du responsable</b> | <b>Ville</b>            |
|--|-------------------------|
| <b>ITP, Philippe LECOUCVEY</b>                 | <b>Paris</b>            |
| <b>ADN, L. KERNALEGUEN</b>                     | <b>Pleben</b>           |
| <b>France HYBRIDES, D. GOUPIL</b>              | <b>St Jean de Braye</b> |
| <b>GENE+, C. GASNIER</b>                       | <b>Anvin</b>            |
| <b>NUCLEUS, G. PETIT</b>                       | <b>Vouillé</b>          |
| <b>PEN AR LAN, J. NAVEAU</b>                   | <b>Maxent</b>           |
| <b>SCAPAAG, X. JAILLET</b>                     | <b>Dijon</b>            |
| <b>Regroupées dans</b>                         |                         |
| <b>BIOPORC, Jean NAVEAU</b>                    | <b>Paris</b>            |

**Durée du projet : 36 mois**