

IDENTIFICATION DE QTL POUR L'ETAT D'ENGRAISSEMENT ET LE POIDS DE FILET CHEZ LE POULET DE CHAIR

Lagarrigue Sandrine¹, Pitel Frédérique², Carré Wilfrid³, Le Roy Pascale⁴, Neau André⁵, Amigues Yves⁶, Vignal Alain², Simon Jean⁷, Cogburn Larry³, Leclercq Bernard⁷, Douaire Madeleine¹

¹UMR INRA-ENSAR, Génétique animale, 35042 RENNES, ²INRA-Laboratoire de Génétique cellulaire, 31326 AUZEVILLE, ³Department of Animal and Food Sciences Université de Delaware Newark Delaware, 19717 1303 USA, ⁴SGQA INRA, 78352 JOUY EN JOSAS, ⁵DGA INRA, 78352 JOUY EN JOSAS, ⁶Labogena Domaine de Vilvert, 78352 JOUY EN JOSAS, ⁷INRA-Station de Recherches Avicoles, 37380 NOUZILLY.

Résumé

Dans le but d'identifier des QTL pour l'état d'engraissement et le poids de filet des poulets de chair, un dispositif familial F0-F1-F2 a été réalisé par croisement de lignées divergentes sélectionnées sur le poids de tissu adipeux abdominal. 585 descendants mâles F2 nés en 4 lots d'éclosion étaient issus de 5 familles de pères F1 accouplés à 7 à 8 femelles F1. Ces individus F2 ont été mesurés pour différents caractères dont le poids de tissu adipeux abdominal et le poids de filet après abattage à 8 semaines. 258 marqueurs de type microsatellites ont été testés pour leur informativité sur les mâles F1. En final 130 marqueurs bien répartis sur le génome et hétérozygotes pour la majorité des pères F1 ont été retenus pour génotyper 309 poulets F2 correspondant aux 40 individus extrêmes (20 individus de chaque extrême) pour chacun des 2 caractères d'intérêt, et ce dans chacune des 5 familles.

L'analyse QTL multipoint, effectuée à partir de l'ensemble de ces génotypes et des mesures phénotypiques corrigées pour le lot d'éclosion, la mère et le poids vif à 8 semaines, a permis de mettre en évidence différentes régions QTL dont les plus significatives ($P < 5\%$) se trouvent sur le chromosome 5 pour le poids de tissu adipeux abdominal corrigé pour le poids vif et sur le chromosome 1 pour le poids de filet.

Introduction

Dans la production de poulet de chair, l'état d'engraissement est l'un des caractères secondaires pour lesquels l'information moléculaire pourrait fournir des outils intéressants dans les programmes de sélection. Dans le but d'identifier des QTL (Quantitative Trait Loci) intervenant dans la variabilité de ce caractère chez le poulet de chair, deux lignées, grasse et maigre, sélectionnées de manière divergente sur le poids de tissu adipeux abdominal (Leclercq et al., 1980) ont été croisées, pour générer un dispositif F0-F1-F2. Une recherche de QTL a été effectuée sur ce dispositif par un criblage du génome à l'aide de marqueurs microsatellites : la carte génétique de la poule, élaborée grâce à une collaboration internationale (Groenen et al., 2000), permet en effet de disposer de près de 1000 marqueurs microsatellites, couvrant la quasi-totalité du génome aviaire.

L'objectif de cette étude était de déterminer les régions du génome comportant des QTL intervenant dans le poids de tissu adipeux et le poids de filet après abattage à 8 semaines, en ségrégation dans la population étudiée.

1. Matériels et méthodes

1.1. Animaux

Les grands-parents F0 sont issus de deux lignées divergentes sélectionnées par Leclercq et al. (1980) pour un poids de tissu adipeux abdominal faible (lignée Maigre) ou fort (lignée Grasse). Neuf mâles de la lignée Grasse ont été croisés avec 12 femelles de la lignée maigre pour engendrer la génération F1. Cinq mâles F1 ont été croisés avec 7 ou 8 femelles F1 chacun (38 au total) pour produire les 5 familles de pères de la génération F2 en 4 lots d'éclosion. La taille du dispositif et la divergence importante des lignées Grasse et Maigre pour le caractère d'engraissement doivent permettre de détecter avec une probabilité de 0,9 des QTL dont l'effet atteint environ 0,7 écart-type phénotypique (Lander et Botstein, 1989).

Les descendants F2 ont été abattus à 8 semaines, et l'état d'engraissement a été estimé par le poids de tissu adipeux abdominal. Le poids de filet à l'abattage a également été mesuré pour chaque individu. Dans chacune des 5 familles, ont été sélectionnés pour le génotypage les 40 individus les plus extrêmes (20 pour chaque extrême) de chaque distribution des 2 caractères d'intérêt précorrégés comme indiqué ci-dessous.

Les performances ont été corrigées pour les effets mère et lot d'éclosion par une analyse de variance à 2

facteurs, dans laquelle le poids vif à 8 semaines a été introduit comme covariable (procédure GLM de l'ensemble de logiciels statistiques SAS, 1989).

1.2. Marqueurs et génotypage

L'ADN a été extrait à partir de 100 µl de sang de chaque animal, selon la méthode classique d'extraction au phénol/chloroforme et précipitation à l'éthanol avec quelques modifications afin de l'adapter à une grande série d'échantillons.

258 marqueurs de type microsatellite ont été testés pour leur informativité sur les 5 mâles F1. 130 marqueurs bien répartis sur le génome (Tableau 1) et hétérozygotes pour la majorité des pères F1 ont été retenus pour le génotypage des animaux du dispositif.

TABLEAU 1 : Nombre de marqueurs de type microsatellites par chromosomes ou groupes de liaison, utilisés pour le criblage complet du génome du croisement F0-F1-F2 lignées Grasse et Maigre

Les chromosomes 12, 16, 17, 23 et 24 ainsi que 4 groupes de liaison ont été analysés au travers d'un seul marqueur et ne font pas l'objet de la présente étude ; de même pour 3 marqueurs isolés.

chromosome	Nombre de marqueurs utilisés	Distance couverte en Morgan (M)
1	17	5,23
2	17	4,36
3	13	3,25
4	7	2,94
5	11	1,55
6	3	0,68
7	7	1,34
8	5	0,97
9	4	0,60
10	3	0,46
11	2	0,39
13	4	0,34
14	4	0,79
15	2	0,27
18	2	0,14
19	2	0,28
20	4	0,12
26	3	0,47
27	2	0,34
28	2	0,43
z	4	1,01

Les amplifications PCR ont été effectuées dans 15 µl de mélange contenant 25 ng d'ADN génomique, 0,2 µM de chaque amorce, 0,5 U de Taq polymérase, 20 mM de Tris-HCl pH 8,4, 50 mM de KCl, 2 mM de MgCl₂, 0,2 mM de dNTP. Après un cycle de dénaturation à 94°C pendant 5 minutes, 30 cycles d'amplification ont été effectués (dénaturation : 94°C, 30 s ; hybridation : 55°C ou 58°C en fonction des marqueurs, 30 s ; élongation : 72°C, 30 s).

Les échantillons ont été analysés sur un séquenceur ABI 3100 (Perkin-Elmer) à l'aide des logiciels GeneScan 3.7 et Genotyper 3.6 (PE Biosystems).

1.2. Analyse statistique

Pour les groupes de liaison comprenant plusieurs marqueurs, la détection de QTL a été effectuée par une analyse multipoint réalisée avec le programme QTLmap (Le Roy et al., 1998), modifié pour permettre l'analyse d'une population complexe (mélange de familles pleins frères et demi-frères). La significativité des régions mises en évidence a été testée par 1000 simulations successives.

Pour les marqueurs non liés, une analyse de variance (procédure GLM de SAS) a été effectuée (résultats non présentés ici).

2. Résultats et discussion

Une moyenne de 58% des marqueurs par père ont révélé du polymorphisme. Ce niveau d'informativité est relativement élevé, sachant que l'étude porte sur des lignées divergentes provenant d'une même origine ; on peut l'expliquer par la grande variabilité existant au sein de la population dont elles sont issues (6 lignées de poulet de chair différentes).

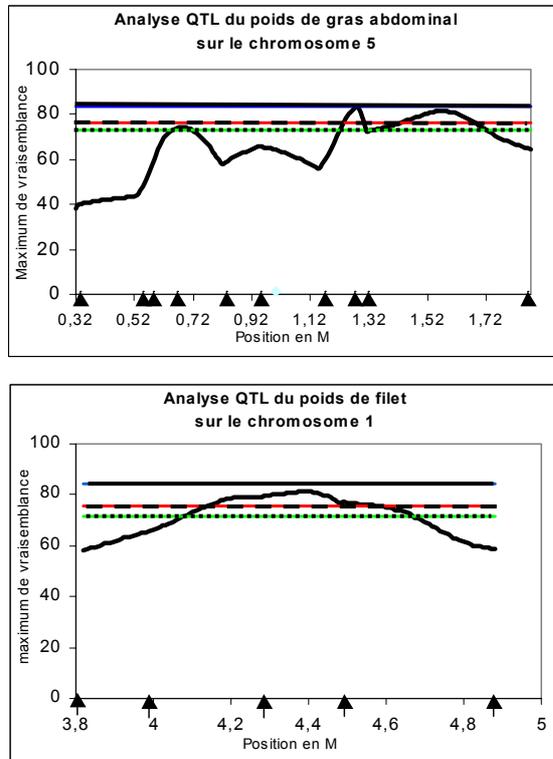
L'analyse des données issues de 309 animaux F0, F1 et F2 a permis de mettre en évidence 7 régions QTL qui sont susceptibles d'intervenir dans la variabilité du poids de tissu adipeux abdominal ajusté pour le poids corporel. Les régions QTL ayant le seuil de signification le plus élevé ($P < 5\%$) se trouvent sur le chromosome 5 autour des positions 1,35M et 1,64M (Figure 1). Compte tenu de la distance entre les marqueurs utilisés dans ces régions, il est possible que ces 2 régions QTL n'en représentent en fait qu'une. Une autre région QTL autour de la position 0,60M est également observée sur ce chromosome mais avec un seuil de signification moindre. Quatre autres régions porteuses d'un QTL en ségrégation dans notre population sont également soupçonnées sur les chromosomes 1, 3, 7 et 13 respectivement aux positions 4,49M, 0,84M, 0,32M et 0,22M.

L'existence d'un QTL pour le poids de filet à 8 semaines est également observée ($P < 5\%$) sur le chromosome 1 à la position 4,39M (Figure 1).

Des analyses complémentaires sont en cours pour étudier la nature additive ou dominante des effets de ces différents QTL. Par ailleurs, ce projet se poursuit par l'étude de la ou des région(s) QTL pour le poids de gras abdominal mise(s) en évidence sur le chromosome 5, et ce grâce à la mise en place de croisements de type Backcross.

FIGURE 1 : QTL observés pour le poids de gras abdominal et le poids de filet respectivement sur les chromosomes 5 et 1

Courbe : résultats du test statistique de l'analyse QTL multipoint.
 Seuils de signification : P =10% (ligne en pointillé), P=5% (ligne discontinue), P=1% (ligne pleine). Les flèches indiquent la position des marqueurs utilisés.



Références bibliographiques

- Groenen M. A. M., Cheng H. H., Bumstead N., Benkel B. F., Briles W. E., Burke T., Burt D. W., Crittenden L.B., Dodgson J., Hillel J., Lamont S., Ponce de Leon F.A., Soller M., Takahashi H., and Vignal A., 2000. A consensus linkage map of the chicken genome. *Genome Res.* 10:137-147.
- Lander E.S. and Botstein D., 1989. *Genetics* 121 :185-199.
- Le Roy P., Elsen J.M., Boichard D., Mangin B., Bidanel J.P., and Goffinet B., 1998. *Proc. 6th WCGALP*, 26 : 257-260.
- Leclercq B., Blum J.C., Boyer J.P., 1980. *Poult. Sci.* 21, 107-113.
- SAS Institute. SAS/STAT® User's Guide, Version 6. SAS Institute Inc., Cary, NC, 1989.