

Les allèles des gènes qui contribuent à la variabilité phénotypique « engraissement » doivent être co-transmis avec les niveaux d'expression de ce caractère. Afin d'étudier cette co-transmission, un dispositif familial F0-F1-F2 par croisement des lignées grasse et maigre a été généré. Ce dispositif a été élaboré en collaboration avec la station de recherches avicoles (INRA, Nouzilly) et la station de génétique quantitative et appliquée (INRA, Jouy en Josas). 557 animaux F2 ont été obtenus et permettent de réaliser les études de variabilité moléculaire au niveau de l'ADN au niveau :

- . de la liaison génétique entre les gènes candidats fonctionnels et le caractère d'engraissement,
- . d'une analyse de QTL (Quantitative Trait Locus).

### **Liaison génétique entre gènes candidats fonctionnels et caractère d'engraissement**

Les gènes présentant des différences d'expression entre animaux gras et maigres, dans les analyses de gènes individuellement ou dans l'analyse « differential display », ont été analysés par la technique de SSCP (Single Strand conformation Polymorphism). Ce travail a été effectué en collaboration avec le laboratoire de génétique cellulaire (INRA, Toulouse). Il s'est avéré que **les différents gènes « candidats fonctionnels » ne se pas génétiquement liés à l'état d'engraissement.**

L'existence de gènes régulateurs communs à ces gènes, plus en amont dans la cascade métabolique, a alors été supposée. Les facteurs de transcription SREBP-1 et -2 (Sterol response element binding protein-1 et -2), dont le premier est connu chez les mammifères pour réguler les gènes de la lipogénèse, ont été clonés chez le poulet. Cependant l'analyse de liaison de ces deux gènes avec le niveau d'engraissement a montré qu'**ils n'étaient pas directement responsables de la variabilité de ce caractère dans notre modèle.**

Une recherche plus générale des gènes impliqués dans la variabilité du caractère « engraissement » a donc été entreprise.

### **Analyse QTL**

En collaboration avec le laboratoire de génétique cellulaire (INRA, Toulouse), la station de génétique quantitative et appliquée (INRA, Jouy en Josas) et LABOGENA (GIE, Jouy en Josas), une recherche de QTL a été effectuée à l'aide du dispositif familial F0-F1-F2. Ce programme a été intégré dans un programme de recherche en collaboration INRA-Université du Delaware (programme IFAFS).

La première phase de recherche de QTL a été menée sur l'ensemble du génome pour deux caractères :

- . le poids de abdominal (mesure de l'état d'engraissement),
- . le poids de filet (autre composante de la qualité de la carcasse).

A partir d'un premier criblage partiel du génome, **une région de QTL significatif pour l'engraissement a été mise en évidence sur le chromosome 5.**

Un criblage complet du génome a ensuite été réalisé et a permis de repérer 6 régions QTL pour le poids de tissu adipeux abdominal dont les deux présentant les plus forts effets QTL se positionnent sur le chromosome 5. **Une région de QTL est également observée pour le poids de filet sur le chromosome 1.**