



Estimation dans des populations porcines françaises de l'effet du génotype MC4R sur les performances de quelques caractères de croissance, de composition de la carcasse et de qualité de la viande



Depuis une dizaine d'années, de nombreuses études ont permis la mise en évidence, chez le porc comme dans les autres espèces d'élevage, des effets de certains polymorphismes de régions du génome sur le niveau de performances des animaux (BIDANEL et ROTHSCCHILD, 2002). Toutefois, l'utilisation de ces connaissances pour l'amélioration génétique des populations commerciales nécessite presque toujours une validation préalable. En effet, un même polymorphisme peut avoir un effet variable sur les caractères selon la population cible considérée, du fait de ses interactions avec le reste du génome. Par ailleurs, les associations rapportées ne démontrent pas toujours la relation de cause à effet entre le polymorphisme étudié et la variation observée sur les caractères. Enfin, ces études demandent parfois à être complétées pour connaître l'effet du polymorphisme proposé sur l'ensemble des caractères d'intérêt économique chez le porc.

Une association entre le génotype au gène du Récepteur aux Mélanocortines de type 4 (MC4R) et le niveau de performances pour la vitesse de croissance, l'adiposité de la carcasse (HERNANDEZ-SANCHEZ et al, 2003), la consommation moyenne journalière d'aliment en engraissement (KIM et al, 2000a) et plusieurs indicateurs de qualité technologique de la viande (brevet WO0175161, références en fin de document) a ainsi été observée dans plusieurs populations porcines.

Le gène MC4R se situe sur le chromosome 1 du génome porc (KIM et al, 2000b). Les deux allèles recensés diffèrent par une seule base (adénine ou guanine) au niveau du 298^{ème} codon du gène MC4R, ce qui se traduit par une variation d'un acide aminé dans la séquence protéique obtenue (respectivement, asparagine (ASN) ou acide aspartique (ASP)). Par commodité, on fera référence dans la suite de ce document à chacun des deux allèles

par le biais de son acide aminé distinctif (allèle ASN ou allèle ASP).

L'objet de la présente étude est de vérifier l'existence d'une association entre ce polymorphisme du gène MC4R et les performances de quelques caractères de croissance, de composition de la carcasse et de qualité de la viande dans un échantillon de populations porcines françaises, précaution nécessaire avant une éventuelle utilisation en sélection.

Matériels et méthodes

Animaux et mesures réalisées

L'étude a été réalisée sur un échantillon de 345 individus appartenant à 6 types génétiques (TG) différents (5 populations croisées et une population Large White). Les animaux (des femelles et des castrats) ont été élevés dans la station publique de contrôle des performances

Résumé

Cette étude a pour objet de vérifier l'existence d'une association entre le polymorphisme du gène MC4R et les performances de quelques caractères de croissance, de composition de la carcasse et de qualité de la viande dans un échantillon de populations porcines françaises. Les résultats mettent en évidence une association entre le génotype MC4R et la quantité de tissus gras, et donc la teneur en viande maigre de la carcasse. Une relation peu significative a également été observée entre le génotype MC4R et la vitesse de croissance des animaux. Aucune association entre ce génotype et le rendement de carcasse ou la qualité de viande n'a été mise en évidence. Compte tenu des différences d'effet du génotype MC4R entre les populations, il n'est pas possible d'affirmer que le génotype MC4R affecte la vitesse de croissance en engraissement ou la composition de la carcasse dans toutes les populations porcines.

Thierry TRIBOUT⁽¹⁾
Marie-José MERCAT⁽²⁾
Pascale LE ROY⁽¹⁾
Marcel BOUFFAUD⁽³⁾
Julien BARRET⁽⁴⁾



L'objectif de l'étude était d'estimer dans plusieurs populations françaises l'écart moyen de performances entre les individus des trois génotypes MC4R pour des caractères d'intérêt en production porcine.

du Rheu, dans deux bandes d'engraissement successives espacées de dix semaines.

Les individus ont été nourris *ad libitum* avec un aliment unique contenant 2270 Kcal d'énergie nette, 170 g/kg de matière azotée totale et 8 g/kg de lysine digestible, par case de 2 individus de même type génétique et de même sexe. L'enregistrement individuel de la consommation d'aliment n'a pas été possible, et aucune performance d'efficacité alimentaire n'était par conséquent disponible.

Des pesées individuelles ont été réalisées au début et à la fin de la période de contrôle (vers 35 et 105 kg en moyenne), et le gain moyen quotidien sur cette période a été calculé pour chaque animal.

Les individus ont été abattus à un poids vif moyen de 107,5 kg, au cours de 8 séries d'abattage. Le lendemain de la tuerie, plusieurs mesures ont été réalisées sur les carcasses :

- a) le poids de la carcasse froide avec tête, qui rapporté au poids vif de l'individu permet de calculer le **rendement de la carcasse**.
- b) les **épaisseurs de lard dorsal** au niveau de la dernière vertèbre lombaire (rein) et de la dernière vertèbre dorsale (dos).
- c) les **poids des morceaux** (jambon, longe, bardière, épaule, poitrine) ont été enregistrés sur une demi-carcasse soumise à la nouvelle découpe normalisée décrite par METAYER et DAUMAS (1998). Ces poids des morceaux ont permis d'estimer la **teneur en viande maigre** selon l'équation : $TVM = 5,684 + 1,197 J + 1,076 L - 1,059 B$, où J, L et B sont respectivement les pourcentages de jambon, longe et bardière dans la demi-carcasse reconstituée avec demi tête et sans langue (METAYER et DAUMAS, 1998).

d) le **pH ultime du muscle Demi-membraneux**.

e) la **réflectance du muscle Fessier superficiel** mesurée à l'aide du chromamètre Minolta CR-300 (indice de clarté L*).

f) la **capacité de rétention d'eau du muscle Fessier superficiel** appréciée par le temps d'imbibition d'un morceau de papier pH appliqué sur la surface du muscle (observation limitée à 3 minutes).

Pour chaque animal, un échantillon de cartilage a été prélevé en fin d'engraissement et envoyé à la société SYGEN afin de déterminer le génotype de chaque individu au locus MC4R (ASN/ASN, ASN/ASP, ou ASP/ASP). Pour cela, après extraction de l'ADN, un fragment d'environ 760 pb contenant le gène MC4R a été amplifié par PCR puis digéré par une enzyme de restriction (Taq I). Après séparation par électrophorèse sur gel d'agarose, trois fragments de 466, 225 et 76 pb étaient visualisables en présence de l'allèle ASP et seulement deux fragments de 542 et 225 pb en présence de l'allèle ASN (KIM et al, 2000b). Le statut vis-à-vis du gène de sensibilité à l'halothane (HAL) des 6 populations considérées dans cette étude étant variable (fréquence de l'allèle n variant entre 0 et 50 % selon les populations), le génotype des individus à ce second locus a également été déterminé afin de permettre l'ajustement des performances pour les caractères sensibles à cet effet.

Analyse des données

L'objectif de l'étude était d'estimer dans plusieurs populations françaises l'écart moyen de performances entre les individus des trois génotypes MC4R pour des caractères d'intérêt en production porcine.

Trois groupes de caractères ont été considérés :

- **la vitesse de croissance** : gain moyen quotidien entre 35 et 105 kg ;
- **la composition corporelle** : rendement de la carcasse avec tête, teneur en viande maigre de la carcasse, épaisseurs de lard dorsal au niveau des reins et du dos, poids du jambon, poids de la bardière ;
- **la qualité de la viande** : pH ultime du muscle Demi-membraneux, réflectance et capacité de rétention d'eau du muscle Fessier superficiel.

Les estimations ont été réalisées par analyse de variance en utilisant un modèle linéaire à effets fixes et covariable, à l'aide de la procédure MIXED du logiciel SAS (SAS Institute 1996). Les caractères ont été considérés indépendamment les uns des autres.

Le modèle d'analyse de départ incluait pour tous les caractères les effets fixes du type génétique (TG - 6 niveaux), du sexe (2 niveaux), de la bande d'engraissement (2 niveaux), du génotype HAL (2 niveaux : Nn et NN), du génotype MC4R (3 niveaux : ASN/ASN, ASN/ASP et ASP/ASP) et des interactions MC4R*TG et MC4R*HAL, ainsi que le poids en début de période de contrôle (vitesse de croissance) ou en fin de période de contrôle (caractères de carcasse et de qualité de la viande) en tant que covariable. En outre, l'effet fixe de la série d'abattage (8 niveaux) a également été considéré pour les caractères de qualité de la viande.

Pour chaque caractère, les effets statistiquement non significatifs (p value supérieure à 15%) ont été successivement retirés du modèle d'analyse, de manière à arriver à un modèle n'incluant plus que des



effets significatifs et l'effet du génotype MC4R dont la significativité a alors été testée. Enfin, les écarts de performances entre les génotypes MC4R ASN/ASP et ASN/ASN, ASP/ASP et ASN/ASN, et ASP/ASP et ASN/ASP ont été calculés à l'aide des estimations des moindres carrés obtenues avec le modèle retenu.

Résultats

Fréquences génotypiques dans les 6 populations de l'étude

Les 2 allèles du gène MC4R étaient présents dans les 6 types génétiques considérés dans l'étude. La répartition en pourcentage des 3 génotypes MC4R dans chacun des types génétiques est présentée dans le tableau 1.

Effet du génotype MC4R sur les caractères étudiés

Le tableau 2 présente pour chaque caractère le modèle final d'analyse de variance retenu, ainsi que la probabilité associée au test de

significativité de l'effet du génotype MC4R sur les performances.

Pour les caractères pour lesquels l'effet du génotype MC4R s'est révélé significatif au seuil de 5 % (TVM, épaisseurs de lard, poids de la bardière) ou pour lesquels un effet du génotype MC4R était suggéré (GMQ), l'écart moyen de performances entre les individus des 3 génotypes ASN/ASN, ASN/ASP et ASP/ASP a été calculé à l'aide des estimations des moindres carrés obtenues par analyse de variance. Ces écarts sont présentés dans le tableau 3.

Afin de vérifier si les mêmes tendances se retrouvent dans tous les types génétiques, les écarts de performances entre génotypes MC4R ont également été estimés intra type génétique, en ajoutant dans le modèle final d'analyse de variance décrit dans le tableau 2 l'effet d'interaction entre le génotype MC4R et le type génétique lorsque cet effet n'avait pas été conservé car non significatif (GMQ, épaisseur de lard au niveau des reins). Les écarts de perfor-

Tableau 1 : Fréquences génotypiques dans les 6 populations étudiées (%)

Génotype MC4R	ASN/ASN	ASN/ASP	ASP/ASP
TG1	22	61	17
TG2	14	67	18
TG3	16	57	27
TG4	18	51	31
TG5	27	41	33
TG6	14	45	41
Total	18,3	53,3	28,4

mances intra type génétique entre génotypes MC4R ASN/ASP et ASN/ASN, ASP/ASP et ASN/ASN, et ASP/ASP et ASN/ASP sont présentés sur les figures 1a à 1e.

Résultats pour la vitesse de croissance

Les résultats indiquent une tendance ($p=0,0959$) vers un effet récessif et favorable de l'allèle ASN du gène MC4R sur la vitesse de croissance en période d'engraissement (Tableau 2). Ainsi, les individus homozygotes ASN/ASN tendent à avoir une vitesse de croissance supérieure à celle des individus hétérozygotes et homozygotes ASP/ASP de 27 g/j, soit environ 1/3 d'écart-type résiduel

Les individus ASN/ASN tendent à avoir une vitesse de croissance supérieure, mais l'effet de l'allèle ASN semble variable selon la population.

Tableau 2 : Modèles d'analyse de variance utilisés et significativité de l'effet du génotype MC4R et de son interaction avec le type génétique pour chaque caractère analysé

Caractère ⁽¹⁾	Bande	Sexe	Série abattage	Type génétique	Génotype MC4R	Génotype HAL	MC4R* type génétique ⁽⁵⁾	MC4R * HAL ⁽⁶⁾	poids
GMQ	X ⁽²⁾	X		X	$p=0,0959$ ⁽⁴⁾		NS ⁽³⁾		X
Rendement de carcasse	X	X		X	$p=0,7213$	X	NS		X
TVM	X	X		X	$p<0,0001$	X	$p=0,1131$		X
EL rein	X	X		X	$p=0,0004$		NS		X
EL dos	X	X		X	$p=0,0033$		$p=0,0290$		X
Poids de Jambon		X		X	$p=0,2761$	X	NS		X
Poids de Bardière	X	X		X	$p=0,0073$	X	$p=0,0398$	X	X
pHu DM	X		X	X	$p=0,2547$	X	NS		X
L* FS	X	X		X	$p=0,5305$	X	NS		
Rétention eau FS			X	X	$p=0,2516$	X	NS		

(1) GMQ = gain moyen quotidien en période d'engraissement ; EL rein, EL dos = épaisseurs de lard dorsal au niveau des reins et du dos ; pHu DM = pH ultime du muscle Demi membraneux ; L* FS = réflectance du muscle Fessier superficiel ; Rétention eau FS = capacité de rétention d'eau du muscle Fessier superficiel.

(2) "X" indique que l'effet était significatif au seuil de rejet de 15 % et a été inclus dans le modèle final d'analyse.

(3) "NS" indique que l'effet d'interaction était non significatif au seuil de rejet de 15 % et non inclus dans le modèle final d'analyse. Pour les effets principaux, NS est remplacé par un « blanc ».

(4) p = probabilité associée à l'hypothèse nulle H_0 : « l'effet considéré n'est pas significativement différent de 0 »

(5) effet d'interaction entre le génotype MC4R et le type génétique de l'individu

(6) effet d'interaction entre le génotype MC4R et le génotype Halothane de l'individu



Tableau 3 : Écart moyen de performances (\pm erreur standard de l'écart) entre les individus des 3 génotypes MC4R

Caractère ⁽¹⁾	Moyenne brute	Ecart-type résiduel	ASN/ASP – ASN/ASN		ASP/ASP – ASN/ASN		ASP/ASP – ASN/ASP	
			écart \pm err. stand.	p-value	écart \pm err. stand.	p-value	écart \pm err. stand.	p-value ⁽²⁾
GMQ (g/j)	990	87	-27 \pm 13	0,0382	-27 \pm 14	0,0640	0 \pm 11	0,9766
TVM (kg/q)	56,4	2,40	1,3 \pm 0,4	0,0004	1,8 \pm 0,4	<0,0001	0,5 \pm 0,3	0,1256
ELD rein (mm)	14,7	3,0	-1,4 \pm 0,4	0,0014	-1,9 \pm 0,5	0,0001	-0,5 \pm 0,4	0,2097
ELD dos (mm)	17,1	2,7	-1,2 \pm 0,4	0,0039	-1,5 \pm 0,5	0,0012	-0,3 \pm 0,4	0,3806
Poids de bardière (g)	3150	459	-184 \pm 70	0,0098	-269 \pm 79	0,0008	-85 \pm 63	0,1725

(1) Voir tableau 2 pour la signification des abréviations des caractères

(2) p-value = probabilité associée à l'hypothèse nulle H0 : « les performances moyennes des individus des 2 génotypes sont identiques ».

Le gène MC4R semble influencer le développement des tissus gras de la carcasse, mais pas celui des tissus maigres.

du caractère (Tableau 3). Cette estimation est cohérente avec les résultats de HERNANDEZ-SANCHEZ et al (2003, reprenant et complétant les données de 4 des 5 populations de l'étude de KIM et al, 2000a) qui rapportent un avantage moyen de 32 g/j pour la vitesse de croissance en période d'engraissement des individus de génotype ASN/ASN par rapport aux individus de génotype ASP/ASP.

Cependant, et bien que l'effet d'interaction entre le génotype MC4R et le type génétique ne soit pas significatif ($p=0,2409$), les estimations intra-population suggèrent un effet variable du génotype MC4R sur la vitesse de croissance selon la population considérée (Figure 1a) :

- aucun effet significatif dans les populations TG1, TG2, TG3 et TG4 ;
- génotype ASN/ASN favorable par rapport aux génotypes ASN/ASP et ASP/ASP dans la population TG5 ;
- génotype ASP/ASP défavorable par rapport aux génotypes ASN/ASN et ASN/ASP dans la population TG6.

Les effectifs modestes (cinquante-sept individus par type génétique, en moyenne) sur lesquels a été réalisée la présente étude nous conduisent à considérer ces résultats intra population avec prudence. Cependant, l'hypothèse d'une variabilité de l'effet du génotype

MC4R selon la population considérée est étayée par HERNANDEZ-SANCHEZ et al (2003) qui n'ont observé aucun effet du génotype MC4R sur la vitesse de croissance sur un échantillon de 241 individus d'une population de type Large White (moins de 1 g/j d'écart entre les deux homozygotes, p -value = 0,819). De même, PARK et al (2002) concluent également à l'absence d'effet du génotype MC4R sur les caractères de croissance dans une population F2 issue d'un croisement Large White x sanglier.

Résultats pour la composition corporelle

Aucun effet du génotype MC4R n'a été observé sur le rendement de la carcasse. En revanche, les résultats mettent en évidence un effet très significatif sur la composition gras/maigre de la carcasse. Ainsi, les individus de génotype ASN/ASN présentent globalement des teneurs en viande maigre significativement plus faibles que les individus des 2 autres génotypes (-1,3 \pm 0,4 à -1,8 \pm 0,4 points de TVM, soit $\frac{1}{2}$ à $\frac{3}{4}$ d'écart-type résiduel). Les résultats suggèrent également un léger avantage des homozygotes ASP/ASP par rapport aux hétérozygotes (+0,5 \pm 0,3 point de TVM), mais cet écart n'est pas significatif ($p=0,1256$).

Il apparaît en outre que les homozygotes ASN/ASN présentent en moyenne des épaisseurs de lard

dorsal supérieures et des poids de bardière plus élevés que les individus des 2 autres génotypes. En revanche, aucun écart n'a été observé pour le poids de jambon (Tableau 2). Ces résultats semblent indiquer que le gène MC4R pourrait jouer un rôle dans le développement des tissus gras de la carcasse, mais pas dans celui des tissus maigres.

Ces résultats sont cohérents avec ceux de HERNANDEZ-SANCHEZ et al (2003) qui rapportent que les individus homozygotes ASP/ASP présentent des épaisseurs de lard dorsal plus faibles que les individus hétérozygotes ou homozygotes ASN/ASN (écart de 1,3 mm entre les 2 génotypes homozygotes en moyenne sur 4 populations, p -value<0,0001).

L'effet d'interaction entre le génotype MC4R et le type génétique s'est révélé significatif pour tous les caractères de composition corporelle pour lesquels un effet du génotype MC4R a été observé, à part pour l'épaisseur de lard dorsal au niveau des reins (Tableau 2). On constate en effet sur les figures 1b, 1c, 1d et 1e que bien que l'effet du génotype MC4R sur ces caractères soit globalement significatif, les écarts entre génotypes sont faibles, voire nuls, dans les populations TG1, TG2 et TG3. Inversement, les populations TG4, TG5 et TG6 présentent des écarts de performances importants entre les individus de génotype

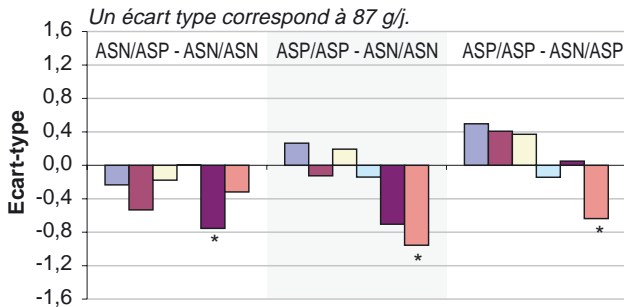


Fig. 1a : pour le GMQ entre 35 et 105 kg

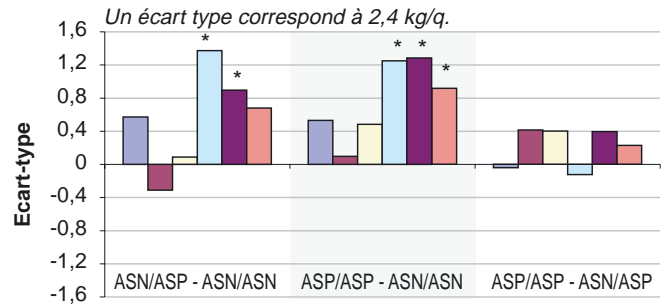


Fig. 1b : pour la TVM estimée à partir des poids de morceaux de découpe

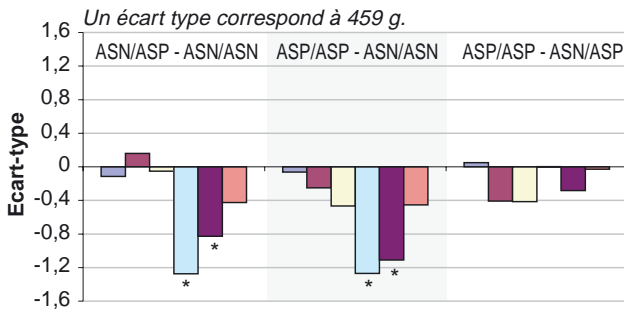


Fig. 1c : pour le poids de bardière

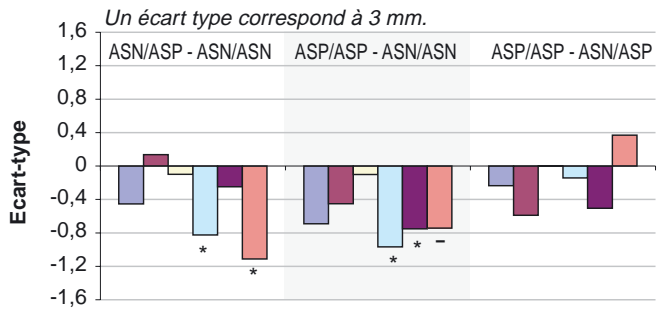


Fig. 1d : pour l'épaisseur de lard dorsal au niveau des reins

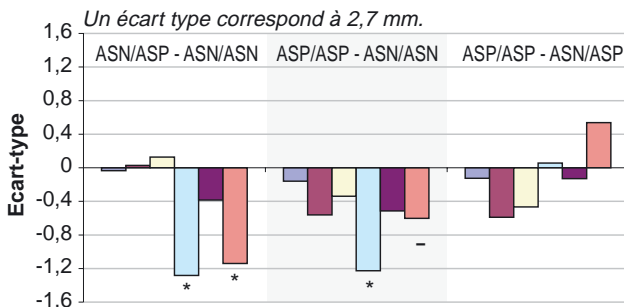


Fig. 1e : pour l'épaisseur de lard dorsal au niveau du dos

- TG1
 - TG2
 - TG3
 - TG4
 - TG5
 - TG6
- Les astérisques (*) et les tirets (-) représentent respectivement une différence estimée intra-population significative au seuil élémentaire de 5 % et 10 % entre les deux génotypes MC4R considérés.

Figure 1 : Écarts de performances entre individus porteurs des 3 génotypes MC4R, exprimés en unité d'écart type du caractère

ASN/ASN et les autres animaux (de l'ordre d'un écart-type résiduel). Il faut également noter que, même dans ces 3 dernières populations, l'effet du génotype au locus MC4R est variable. Ainsi, le génotype MC4R semble être lié au poids de la bardière mais pas aux épaisseurs de lard dorsal dans la population TG5, alors que le phénomène inverse est suggéré dans la population TG6.

Certaines combinaisons [population - génotype MC4R] de la présente étude comptent cependant moins de 10 individus, et les estimations intra populations doivent donc être considérées avec prudence. Néanmoins, on peut noter

que KIM et al (2000a) et PARK et al (2002) ont tous deux rapporté une tendance inverse mais non significative à celle observée dans la présente étude sur l'adiposité (individus de génotype ASP/ASP plus gras que les individus de génotype ASN/ASN), respectivement, dans une population synthétique issue d'un croisement Large White x Meishan (p-value = 0,17) et dans une population F2 issue d'un croisement Large White x sanglier (p-value = 0,42). Ces deux derniers résultats semblent donc confirmer l'hypothèse d'un effet du génotype MC4R sur l'adiposité variable selon la population considérée.

Résultats pour les indicateurs de qualité technologique de la viande

Les résultats de la présente étude ne mettent à l'inverse en évidence aucun effet du génotype MC4R sur le pH ultime du muscle Demi-membraneux, ni sur la réflectance ou la capacité de rétention d'eau du muscle Fessier superficiel (Tableau 2). Ils ne confirment donc pas l'effet significatif favorable de l'allèle ASN du gène MC4R sur plusieurs indicateurs de qualité de la viande (pH ultime du jambon et de la longe, réflectance du jambon, pertes en eau) rapporté dans le brevet WO0175161.

Les résultats ne suggèrent aucune relation entre le génotype MC4R et les performances de qualité de la viande.



Conclusions

Il serait essentiel de vérifier l'existence d'une association entre l'efficacité alimentaire, caractère économiquement important en élevage, et le génotype MC4R.

Les résultats de cette étude mettent en évidence une association entre le génotype au locus MC4R et la quantité de tissus gras, et donc la teneur en viande maigre, de la carcasse. L'allèle ASP serait l'allèle favorable et semble être dominant. L'écart moyen estimé entre les homozygotes ASP/ASP et ASN/ASN est de l'ordre d'un demi à trois quarts d'écart-type de caractère. Cependant, cet écart varie de 0 à 1,2 écart-type phénotypique dans les différentes populations étudiées.

Une relation peu significative a également été observée entre le génotype au gène MC4R et la vitesse de croissance des animaux. Selon cette tendance, l'allèle ASP serait défavorable et dominant, mais comme pour les caractères de composition de la carcasse, des

différences d'effets entre populations semblent exister.

Enfin, aucune association entre le génotype des individus et le rendement de la carcasse ou les trois critères de qualité de la viande considérés n'a pu être mise en évidence.

Compte tenu des différences d'effet du génotype MC4R observées entre les populations étudiées ici, il n'est pas possible d'affirmer que le génotype MC4R affecte la vitesse de croissance en engraissement ou la composition de la carcasse dans toutes les populations porcines. L'absence d'effet du polymorphisme considéré (ASN vs ASP) sur certains caractères dans plusieurs types génétiques pourrait être due, soit aux interactions entre le gène MC4R et le reste du génome, soit à l'existence d'un autre polymorphisme en déséquilibre d'associa-

tion avec les allèles étudiés ici. La présente étude ne permet pas de répondre à cette question. Ces résultats demandent donc à être confirmés et précisés sur un dispositif expérimental adapté, de plus grande taille, mieux équilibré et donc statistiquement plus puissant.

Il est en outre regrettable de ne pas avoir disposé dans cette étude de données d'efficacité alimentaire, caractère économiquement important en élevage porcine et pour lequel une association avec le génotype au gène MC4R a été rapportée (Gènes Diffusion, communication commerciale sur la semence « IC » de la gamme VALORIS®). Dans l'éventualité de la mise en place d'une nouvelle expérimentation destinée à confirmer les effets du génotype MC4R dans les populations françaises, il serait essentiel de vérifier l'existence d'une telle association. ■

Les auteurs remercient le Ministère de l'Agriculture, de l'Alimentation, de la Pêche et des Affaires Rurales pour sa contribution financière au fonctionnement de la station publique dans laquelle les individus de cette étude ont été contrôlés.

Ils remercient également la société SYGEN qui a pris en charge les coûts de génotypage pour le gène MC4R.

Contacts :

marie-jose.mercat@itp.asso.fr
asp@asp.asso.fr

Références bibliographiques

- BIDANEL J.P., ROTHSCCHILD M.F., 2002. Current status of quantitative trait locus mapping in pigs. Pig News & Information, 23, 39N-53N.
- Brevet WO0175161 : disponible sur Internet à l'adresse : <http://l2.espacenet.com/espacenet/viewer?PN=WO0175161&CY=fr&LG=fr&DB=EPD>
- HERNANDEZ-SANCHEZ J., VISSCHER P., PLASTOW G., HALEY C., 2003. Candidate gene analysis for quantitative trait using the transmission disequilibrium test: the example of the Melanocortin 4-receptor in pigs. Genetics, 164, 637-644.
- KIM K.S., LARSEN N., SHORT T., PLASTOW G., ROTHSCCHILD M.F., 2000a. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. Mammalian Genome, 11, 131-135.
- KIM K.S., LARSEN N.J., ROTHSCCHILD M.F., 2000b. Rapid communication: Linkage and physical mapping of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene. Animal Science, 78, 791-792.
- METAYER A., DAUMAS G., 1998. Estimation, par découpe, de la teneur en viande maigre des carcasses de porc. Journées Rech. Porcine en France, 30, 7-11.
- PARK H.B., CARLBORG Ö., MARKLUND S., ANDERSSON L., 2002. Melanocortin-4 receptor (MC4R) genotypes have no major effect on fatness in a Large White x Wild Boar intercross. Animal Genetics, 33, 155-157.
- SAS Institute Inc., 1996. SAS System for Mixed models, CARY, NC 27513, USA.

(1) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas

(2) ITP, Pôle Génétique et Qualité des produits 35651 Le Rheu

(3) INRA U.E de Testage-Porc 35653 Le Rheu

(4) Agence de la Sélection Porcine, 75595 Paris