

Lignes directrices secondaires

**pour le développement de plans de gestion des
ressources génétiques animales au niveau national**

Mesure de la diversité des
animaux domestiques (MoDAD):
Marqueurs microsatellites recommandés



Food
and
Agriculture
Organization
of
the
United
Nations

Organisation
des
Nations
Unies
pour
l'alimentation
et
l'agriculture

Organización
de las
Naciones
Unidas
para la
Agricultura
y la
Alimentación



**Initiative for
Domestic
Animal
Diversity**

**Initiative pour
la Diversité
des Animaux
Domestiques**

**Iniciativa para
la Diversidad
de los Animales
Domésticos**

1. Introduction	3
Groupe consultatif - Membres	4
2. Listes de Microsatellites	6
2.1. Bovin	6
2.2. Poule	13
2.3. Mouton	15
2.4. Porc	19

► 1. Introduction

Le Groupe consultatif avait pour tâche de constituer une liste des microsatellites pour la mesure des distances génétiques à l'intérieur de chaque espèce domestique animale, en s'appuyant sur les recommandations d'un Groupe de travail de la FAO (Rapport: "Un programme mondial intégré pour déterminer les relations entre les races de chaque espèce domestique animale" de la Division de la Production et de la Santé animales, FAO, 1993, ISBN No. 1 86389 0602). Le Groupe de travail recommanda d'utiliser vingt-cinq locus microsatellites, et définit les critères suivants pour le choix des microsatellites appropriés:

1. Les marqueurs microsatellites doivent être dans le domaine public.
2. Dans la mesure du possible, les locus microsatellites qui ont été identifiés au cours des études de cartographie devraient être utilisés, et il est recommandé de retenir de préférence ceux dont on sait qu'ils ne sont pas liés.
3. Les variants microsatellites doivent avoir une héritabilité mendélienne démontrée (des locus microsatellites fortement sujets à mutation pourraient s'éloigner de la ségrégation mendélienne, et ne pas convenir à des mesures de distances génétiques).
4. Chaque locus microsatellite doit avoir au moins quatre allèles.
5. L'information sur les microsatellites doit avoir été publiée.
6. Les locus microsatellites qui peuvent être utilisés sur plusieurs espèces voisines, comme par exemple bovins, chèvres et moutons sont préférables.

Les listes de microsatellites ci-après ont été constituées en accord avec ces recommandations dans la mesure du possible. Des nombres suffisants de marqueurs microsatellites sont d'ores et déjà disponibles pour bovins,

poules, moutons et porcs. Une liste des locus microsatellites pour chevaux et ânes suivra.

►• Groupe consultatif - Membres

Dr. D.G. Bradley
Department of Genetics
University of Dublin
Trinity College
Dublin 2 IRELAND
(dbradley@otto.tcd.ie)

Prof. R. Fries (Président)
Chair of Animal Breeding
Technical University of Munich
D-85350 Freising-Weihenstephan
GERMANY
(fries@pollux.edv.agrar.tu-muenchen.de)

Dr. N. Bumstead
Institute for Animal Health
Campton Laboratory
Campton, Nr. Newbury
Berkshire RG16 0NN
ENGLAND
(nat.bumstead@bbsrc.ac.uk)

Prof. F.W. Nicholas
Department of Animal Science
University of Sydney
New South Wales 2006
AUSTRALIA
(frankn@doolittle.vetsci.su.oz.au)

Dr. E.G. Cothran

Department of Veterinary Science
University of Kentucky
101 Animal Pathology Building
Lexington, Kentucky 40546-0075
USA
(gcothran@mik.uky.edu)

Dr. L. Ollivier
INRA, Station de Génétique
Quantitative et Appliquée
F-78352 Jouy-en-Josas
FRANCE
(ugenlol@dga1.jouy.inra.fr)

Dr. A.M. Crawford
Ag Research Molecular Biology Unit
Department of Biochemistry
University of Otago
PO Box 56
Dunedin
NEW ZEALAND
(crawforda@invermay.cri.nz)

► 2. Listes de Microsatellites

►• 2.1. Bovin

(rassemblée par D. Bradley)

Recommander un groupe de marqueur pour un usage généralisé chez les bovins pose un problème particulier qui ne se rencontre encore dans aucune autre espèce domestique. Les bovins sont d'ores et déjà l'objet de nombreuses activités de recherche et un important ensemble de données se rapportant à la variation génétique dans différentes races existe déjà ou est en préparation. Malheureusement, il y a peu de recouvrements dans le choix des marqueurs entre laboratoires, et une analyse comparée des résultats produits est difficile. Dans le cas présent, nous cherchons à établir une liste d'un ensemble de 30 marqueurs dont l'emploi pourrait être recommandé pour un tel travail, afin de permettre une analyse comparée des futures données, tout en incorporant le plus possible de travaux antérieurs.

Les critères suivants (complémentaires de ceux établis par le Groupe de travail) ont été utilisés, bien que pas systématiquement, pour choisir les marqueurs.

1. Existence de données de population antérieures
2. Lisibilité du marqueur
3. Nombre d'allèles
4. Aptitude à l'emploi dans un séquenceur automatique
5. Possibilité de multiplexage
6. Utilité inter-spécifique.

Ces critères avaient été retenus lors d'une réunion dans le cadre d'une action concertée du programme AIR de l'Union européenne "Analyse de la diversité génétique chez les bovins pour préserver les futures options de sélection", qui s'est tenue à Dublin en 1995. Les 11 premiers marqueurs ci-dessous firent aussi l'objet d'un accord durant cette réunion, et par conséquent, doivent être considérés comme les éléments les plus sûrs de la liste. Les marqueurs 12 à 16 furent recommandés par Barbara Harlizius, sur la base de leur utilité dans son étude des races bovines allemandes ; les marqueurs 17 à 24 figurent tous dans un ensemble de réactions multiplex qui ont été communiquées par Jan de Ruiter et les marqueurs 25 à 30 figurent dans un sous-ensemble de locus ILSTS retenu pour une étude des populations de races africaines par l'ILRI (communiqué par Olivier Hannotte). Il ne fut pas possible de satisfaire l'exigence d'utilité inter-spécifique, principalement parce que la préférence fut donnée aux microsatellites pour lesquels existaient déjà des données de population.

Bovin:

No.	Marqueur	Chr	Séquence des amorces (5' - 3')	Référence
1	ETH225 (D9S1)	9	GATCACCTTGCCACTATTTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	Steffen et al. (1993)
2	ETH152 (D5S1)	5	TACTCGTAGGGCAGGCTGCCTG GAGACCTCAGGGTTGGTGATCAG	Steffen et al. (1993)
3	HEL1 (D15S10)	15	CAACAGCTATTTAACAAGGA AGGCTACAGTCCATGGGATT	Kaukinen & Varvio (1993)
4	ILSTS005 (D10S25)	10	GGAAGCAATGAAATCTATAGCC TGTTCTGTGAGTTTGTAAGC	Brezinsky et al. (1993a)
5	HEL5 ¹ (D21S15)	21	GCAGGATCACTTGTTAGGGA AGACGTTAGTGACATTAAC	Kaukinen & Varvio (1993)
6	INRA005 ² (D12S4)	12	CAATCTGCATGAAGTATAAATAT CTTCAGGCATACCCTACACC	Vaiman et al. (1992)
7	INRA035 (D16S11)	16	ATCCTTTGCAGCCTCCACATTG TTGTGCTTTATGACACTATCCG	Vaiman et al. (1994)
8	INRA063 (D18S5)	18	ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC AAACCACAGAAATGCTTGGAAG	Vaiman et al. (1994)
9	MM8 (D2S29)	2	CCCAAGGACAGAAAAGACT CTCAAGATAAGACCACACC	Mommens et al. (1994)
10	MM12 (D9S20)	9	CAAGACAGGTGTTTCAATCT ATCGACTCTGGGGATGATGT	Mommens et al. (1994)
11	HEL9 (D8S4)	8	CCCATTGAGTCTTCAGAGGT CACATCCATGTTCTCACCAC	Kaukinen & Varvio (1993)
12	CSRM60 (D10S5)	10	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA AGGACCAGATCGTGAAAGGCATAG	Moore et al. (1994)
13	CSSM66 ³ (D14S31)	14	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG	Barendse et al. (1994)
14	ETH185 (D17S1)	17	TGCATGGACAGAGCAGCCTGGC GCACCCCAACGAAAGCTCCCAG	Steffen et al. (1993)
15	HAUT24 (D22S26)	22	CTCTCTGCCTTTGTCCCTGT AATACACTTTAGGAGAAAAATA	Harlizius (comm. pers.)
16	HAUT27 (D26S21)	26	TTTTATGTTCATTTTTTGACTGG AACTGCTGAAATCTCCATCTTA	Harlizius (comm. pers.)
17	ETH3 (D19S2)	19	GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	Solinas Toldo et al. (1993)

^{1,2,3,4,5} la distance génétique entre paires de marqueurs sur les mêmes chromosomes n'est pas connue.

Bovin: Suite

No.	Marqueurs	Chr	Séquence des amorces (5' - 3')	Références
18	ETH10 ⁴ (D5S3)	5	G TTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCCTTTCTCTTCTC	Solinas Toldo et al. (1993)
19	INRA032 ⁵ (D11S9)	11	AAACTGTATTCTCTAATAGCAC GCAAGACATATCTCCATTCTTT	Vaiman et al. (1994)
20	INRA023 (D3S10)	3	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC TAACTACAGGGTGTTAGATGAACTCA	Vaiman et al. (1994)
21	BM2113 (D2S26)	2	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTAGACAACAGGGGTTTGG	Bishop et al. (1994)
22	BM1818 (D23S21)	23	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGCTTTCAAGTCCATGC	Bishop et al. (1994)
23	BM1824 (D1S34)	1	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAAGTCTTCTTG	Bishop et al. (1994)
24	HEL13 ⁵ (D11S15)	11	TAAGGACTTGAGATAAGGAG CCATCTACCTCCATCTTAAC	Kaukinen & Varvio (1993)
25	ILSTS006 (D7S8)	7	TGTCTGTATTTCTGCTGTGG ACACGGAAGCGATCTAAACG	Brezinsky et al. (1993b)
26	ILSTS030 (D2S44)	2	CTGCAGTTCTGCATATGTGG CTTAGACAACAGGGGTTTGG	Kemp et al. (1995)
27	ILSTS034 ⁴ (D5S54)	5	AAGGGTCTAAGTCCACTGGC GACCTGGTTTAGCAGAGAGC	Kemp et al. (1995)
28	ILSTS033 ² (D12S31)	12	TATTAGAGTGGCTCAGTGCC ATGCAGACAGTTTTAGAGGG	Kemp et al. (1995)
29	ILSTS011 ³ (D14S16)	14	GCTTGCTACATGGAAAGTGC CTAAAATGCAGAGCCCTACC	Brezinsky et al. (1993c)
30	ILSTS054 ¹ (D21S44)	21	GAGGATCTTGATTTTGATGTCC AGGGCCACTATGGTACTTCC	Kemp et al. (1995)

^{1, 2, 3, 4, 5} la distance génétique entre paires de marqueurs sur les mêmes chromosomes n'est pas connue.

Bovin: Informations complémentaires: quatre réactions multiplex qui incluent les marqueurs ci-dessus sont:

Marqueurs	Taille approximative
ETH10 (D5S3)	210-226 bp
ETH225 (D9S1)	140-156 bp
ETH3 (D19S2)	117-129 bp
INRA005 (D12S4)	119-123 bp
INRA023 (D3S10)	197-223 bp
INRA063 (D18S5)	176-186 bp
HEL13 (D11S5)	198 bp
HEL5 (D21S15)	161 bp
HEL1 (D15S10)	110 bp
BM1818 (D23S21)	270-258 bp
BM1824 (D1S34)	178-190 bp
BM2113 (D2S26)	125-143 bp

Les critères n'ont pas été tous satisfaits pour tous les marqueurs, en raison principalement d'un effort pour lier cette liste avec les efforts de screening en cours. Dans quelques cas, on a retenu plus d'un marqueur pour un même chromosome. Ceci ne devrait pas compliquer les études des populations, à moins qu'ils soient étroitement liés. Cependant, les positions relatives de certaines paires ne sont pas connues de l'auteur pour le moment.

Une information complémentaire et potentiellement importante à prendre en considération est le fait qu'un jeu de marqueurs est disponible commercialement auprès de la firme Applied Biosystems et que ceux-ci sont susceptibles de devenir importants si un grand nombre de laboratoires les utilisent. Plusieurs correspondants ont indiqué que ces marqueurs sont déjà utilisés. L'information qui suit a été fournie par Stephen Bates, Perkin Elmer, Applied Biosystems Division, qui indiquait également que, bien que ces marqueurs aient été brevetés, il ne devrait

pas y avoir de difficultés pour les chercheurs qui souhaiteraient préparer leurs propres amorces pour un usage non commercial.

Microsatellites qui sont optimisés pour le multiplexage fluorescent, deux quadruplex et un triplex.

Bovin:

Marqueurs	Fluorochrome	Taille	Chromosome
TGLA48(D7S26)	Tet (vert)	68 – 86	7
TGLA263 (D3S34)	Tet (vert)	110 – 130	3
TGLA53(D16S3)	Tet (vert)	144 – 178	16
MGTG7(D23S5)	Tet (vert)	273 – 300	23
TGLA57 (D1S8)	Fam (bleu)	70 – 100	1
TGLA73 (D9S3)	Fam (bleu)	102 – 128	9
MGTG4B (D4S5)	Fam (bleu)	129 – 164	4
AGLA293 (D5S13)	Fam (bleu)	196 – 260	5
TGLA227 (D18S1)	Hex (jaune)	80 – 100	18
TGLA126 (D20S1)	Hex (jaune)	108- 129	20
TGLA122 (D21S6)	Hex (jaune)	130 - 164	21

Ces amorces sont incluses dans deux cartes publiées (Bishop et al. 1994; Barendse et al 1994). La référence originale est : Georges, M. and Massey J. 1992. Polymorphic DNA markers in Bovidae (World Intellectual Property Org., Geneva) WO Publ. No. 92/ 13102.

Un développement récent susceptible d'affecter le choix des marqueurs est apporté par les résultats publiés par le Groupe de l'ISAG, présidé par Jerry Caldwell, sur les groupes sanguins bovins. Ce groupe est en train d'évaluer 30 marqueurs microsatellites afin de standardiser un ensemble qui pourrait être utilisé par les laboratoires de recherche de parenté dans le monde entier.

Références

- Barendse, W., Armitage, S.M.** 1994. A genetic linkage map of the bovine genome. *Nature Genetics* 6: 227-235.
- Bishop, M.D., Kappes, S.M.** 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136: 619-639.
- Brezinsky, L.S., Kemp, J., Teale, A.J.** 1993a. ILSTS005: a polymorphic bovine microsatellite. *Anim. Genet.* 24: 73.
- Brezinsky, L.S., Kemp, J., Teale, A.J.** 1993b. ILSTS006: a polymorphic bovine microsatellite. *Anim. Genet.* 24: 73.
- Brezinsky, L.S., Kemp, J., Teale, A.J.** 1993c. Five polymorphic bovine microsatellites (ILSTS010-014). *Anim. Genet.* 24: 75-76.
- Fries, R., Eggen, A., Womack, J.E.** 1993 The bovine genome map. *Mamm. Genome* 4: 405-428.
- Kaukinen, J., Varvio, S.L.** 1993. Eight polymorphic bovine microsatellites. *Anim. Genet.* 24: 148.
- Kemp, S.J., Hishida, O. et al.** 1995. A panel of polymorphic bovine, ovine and caprine microsatellite markers. *Anim. Genet.* 26:299-306.
- Mommens, G.W., Coppieters, A. et al.** 1994. Dinucleotide repeat polymorphism at the bovine MM12E6 and MM8D3 loci. *Anim. Genet.* 25: 368.
- Moore, S.S., Byrne, K.** 1994. Characterization of 65 bovine microsatellites. *Mamm. Genome* 5: 84-90.
- Solinas Toldo, S., Fries, R.** 1993. Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor loci on bovine chromosomes. *Mamm. Genome* 4:720-727.
- Steffen, P., Eggen, A.** 1993. Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Anim. Genet.* 24: 121-124.
- Vaiman, D., Osta, D.** 1992. Characterisation of five new bovine microsatellite repeats. *Anim. Genet.* 23: 537.
- Vaiman, D., Mercier, D.** 1994. A set of 99 cattle microsatellites: characterisation, synteny mapping, and polymorphism. *Mamm. Genome* 5:288-297.

► 2.2. Poule

Poule: (rassemblée par N. Bumstead)

Marqueur	Chr.	Séquences des amorces (5'-3')	T d'hybridation	Référence
MCW41	C3	CCCAATGTGCTTGAATAACTTGGG CCAGATTCTCAATAACAATGGCAG	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW43	E1	TGACTACTTTGATACGCATGGAGA CACCAAGTAGACGAAAACACATTT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW44	?	AGTCCGAGCTCTGCTCGCCTCATA ACAGTGGCTCAGTGGGAAGTGACC	50	Crooijmans et al. (1995)
MCW48	C4	CGTATAGGAGGGTTTCTGCAGGGA AAGGAGGAACGCACCGCACCTTCT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW49	C6E1	AGCGGCGTTGAGTGAGAGGAGCGA TCCCAACCCGCGGAGAGCGCTAT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW50	?	GGTGTCCGCACCCCGGAGCTTCTT GCAGCATCGCGCAGCACCGCGGAT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW51	C3E6	GGAACAAGCTCTTTCTTCTTCCCG TCATGGAGGTGCTGGTACAAAGAC	50	Crooijmans et al. (1995)
MCW59	C1E2	AAGTGCCTTTGCTATCCTGATTGG AACTCCTATTGTGCAGCAGCTTAT	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW71	?	TGGCGTTATTTCAAACGACCGTA GCGGTGTTTCGGTCTTATTTTAA	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW73	C33E46	TATTTACCCACGGGGACGAATAC AGGGTGCTGAGAGCTGCCAATGTC	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW75	E non lié C4E28	CGTCAAGCCAGATGCTGATGAGTG ATTCCAACCAGAAGTTTACTCGC	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW1	C4	ACTGTCACAGTGGGGTTCATGGACA ACACGTCCTGTGTACATGCCTGT	50	Crooijmans et al. (1995)
MCW2	E2	TCCAGAGACAGTTGCTCCACATTC GCAAGTTAGTTATTGTAGGGGCTC	50	Crooijmans et al. (1994)
MCW4	C11E5	GGATTACAGCACCTGAAGCCACTA AAACCAGCCATGGGTGCAGATTGG	55	Crooijmans et al. (1995)
MCW5		ACCTCCTGCTGGCAAATAAATTGC TCACTTTAGCTCCATCAGGATTCA	55	Crooijmans et al. (1994)

Poule: Suite

Marqueur	Chr.	Séquences des amorces (5'-3')	T d'hybridation	Référence
MCW14	E11	AAAATATTGGCTCTAGGAACTGTC ACCGGAAATGAAGGTAAGACTAGC	55	Crooijmans et al. (1994)
MCW16	E2	ATGGCGCAGAAGGCAAAGCGATAT TGGCTTCTGAAGCAGTTGCTATGG	50	Crooijmans et al. (1994)
ADL102	C30E29	TTCCACCTTTCTTTTTTATT GCTCCACTCCCTTCTAACCC	47	Cheng et al. (1995)
ADL136	E5C10	TGTCAAGCCCATCGTATCAC CCACCTCCTTCTCCTGTTCA	52	Cheng et al. (1995)
ADL158	C30E29	TGGCATGGTTGAGGAATACA TAGGTGCTGCACTGGAAATC	52	Cheng et al. (1995)
ADL171	E43	ACAGGATTCTTGAGATTTTT GGTCTTAGCAGTGTTTGTTT	46	Cheng et al. (1995)
ADL172	E42	CCCTACAACAAAGAGCAGTG CTATGGAATAAAATGGAAAT	49	Cheng et al. (1995)
ADL176	E6	TTGTGGATTCTGGTGGTAGC TTCTCCCGTAACACTCGTCA	52	Cheng et al. (1995)
ADL210	E30	ACAGGAGGATAGTCACACAT GCCAAAAAGATGAATGAGTA	46	Cheng et al. (1995)
ADL267	C3E6	AAACCTCGATCAGGAAGCAT GTTATTCAAAGCCCCACCAC	50	Cheng et al. (1995)

Références

Crooijmans, R.P.M.A., van Kampen, A.J.A. 1994. New microsatellite markers on the linkage map of the chicken genome. *J Hered* 85: 10-413.

Crooijmans, R.P.M.A., van der Poel, J.J., Groenen, M.A.M. 1995. Functional genes mapped on the chicken genome. *Anim. Genet.* 26: 73-78.

Cheng, H.H., Levin, I. 1995. Developing of a genetic map of the chicken with markers of high utility. *Poultry Science* 74: 1855-1874.

►• 2.3. Mouton

(rassemblée par A. Crawford)

Un marqueur devait satisfaire les critères suivants pour être inclus dans la liste:

1. Être amplifié par un programme PCR courant. Le programme "Touchdown" (réduction lente de la température d'hybridation) utilisé est le suivant:

3 cycles	95 C	45 secs
	60 C	1 min
3 cycles	95 C	45 secs
	57 C	1 min
3cycles	95 C	45 secs
	54 C	1 min
3 cycles	95 C	45 secs
	51 C	1 min
20 cycles	92 C	45secs
	48 C	1 min

Il n'y a pas d'étape d'extension. Le tampon est publié avec les rapports de marqueur (p.e., Ede et al., 1994b). Pour détecter le produit PCR un des primers est marqué avec P33 ou P32;

2. Avoir un minimum de cinq allèles et un PIC (valeur informative d'un polymorphisme) supérieur à 0,6;
3. Le plus important : avoir des produits PCR propres, faciles à lire et à reconnaître.

Mouton:

Marqueurs	Chr	Séquence des amorces (5' - 3')*	Référence
BM1314*	22	TTCCTCCTCTTCTCTCCAAAC ATCTCAAACGCCAGTGTGG	Bishop et al. (1994)
BM6506*	1	GCACGTGGTAAAGAGATGGC AGCAACTTGAGCATGGCAC	Bishop et al. (1994)
BM6526*	26	CATGCCAAACAATATCCAGC TGAAGGTAGAGAGCAAGCAGC	Bishop et al. (1994)
BM757*	9	TGGAAACAATGTAAACCTGGG TTGAGCCACCAAGGAACC	Bishop et al. (1994)
BM8125*	17	CTCTATCTGTGGAAAAGGTGGG GGGGTTAGACTTCAACATACG	Bishop et al. (1994)
BM827*	3	GGGCTGGTCGTATGCTGAG GTTGGACTTGCTGAAGTGACC	Bishop et al. (1994)
CSSM31*	23	CCAAGTTTAGTACTTGTAAAGTAGA GACTCTCTAGCACTTTATCTGTGT	Moore et al. (1994)
CSSM47*	2	TCTCTGTCTCTATCACTATATGGC CTGGGCACCTGAAACTATCATCAT	Moore et al. (1994)
HUJ616*	13	TTCAAACACTACACATTGACAGGG GGACCTTTGGCAATGGAAGG	Barendse et al. (1994)
ILSTS002*	14	TCTATACACATGTGCTGTGC CTTAGGGGTGAAGTGACACG	Kemp et al. (1992)
OarAE129	5	AATCCAGTGTGTGAAAGACTAATCCAG GTAGATCAAGATATAGAATATTTTTCAACACC	Penty et al. (1993)
OarCP20	21	GATCCCCTGGAGGAGGAAACGG GGCATTTCATGGCTTTAGCAGG	Ede et al. (1994a)
OarCP34	3	GCTGAACAATGTGATATGTTTCAGG GGGACAATACTGTCTTAGATGCTGC	Ede et al. (1994b)
OarCP38	10	CAACTTTGGTGCATATTCAAGGTTGC GCAGTCGCAGCAGGCTGAAGAGG	Ede et al. (1994b)
OarFCB128	2	CAGCTGAGCAACTAAGACATACATGCG ATTAAAGCATCTTCTCTTTATTTCTCGC	Buchanan & Crawford (1993)
OarFCB20	2	AAATGTGTTTAAGATTCCATACA GTG GGAAAACCCCATATATACCTATAC	Buchanan et al (1994)
OarFCB48	17	GAGTTAGTACAAGGATGACAAGAGGCAC GACTCTAGAGGATCGCAAAGAACCAG	Buchanan et al. (1994)

Suite

Mouton: Suite

Marqueurs	Chr	Séquence des amorces (5' - 3')*	Référence
OarHH35	4	AATTGCATTCAGTATCTTTAACATCTGGC ATGAAAATATAAAGAGAATGAACCACACGG	Henry et al. (1993)
OarHH41	10	TCCACAGGCTTAAATCTATATAGCAACC CCAGCTAAAGATAAAAGATGATGTGGGAG	Henry et al. (1993)
OarHH47	18	TTTATTGACAAACTCTCTTCTAACTCCACC GTAGTTATTTAAAAAATATCATACTCTTAAGG	Henry et al. (1993)
OarHH64	4	CGTTCCTCACTATGGAAAGTTATATATGC CACTCTATTGTAAGAATTTGAATGAGAGC	Henry et al. (1993)
OarJMP29	24	GTATACACGTGGACACCGCTTTGTAC GAAGTGGCAAGATTCAGAGGGGAAG	Penty et al. (en prép.)
OarJMP8	6	CGGGATGATCTTCTGTCCAAATATGC CATTGCTTTGGCTTCAGAACCAGAG	Penty et al. (en prép.)
OarVH72	25	CTCTAGAGGATCTGGAATGCAAAGCTC GGCCTCTCAAGGGGCAAGAGCAGG	Pierson et al.(1993)
OMHC1	20	ATCTGGTGGGCTACAGTCCATG GCAATGCTTTCTAAATTCTGAGGAA	Groth & Wetherall (1994)
RM4*	15	CAGCAAATATCAGCAAACCT CCACCTGGGAAGGCCTTTA	Kossarek et al. (1993)
TGLA137*/**	5	GTTGACTTGTTAATCACTGACAGCC CCTTAGACACACGTGAAGTCCAC	Georges & Massey (1992)

* Microsatellite bovin

** Les séquences des amorces pour les marqueurs TGLA ont été reprises des séquences indiquées dans le brevet (Georges & Massey, 1992) ; de ce fait, elles peuvent être différentes des séquences des amorces bovines publiées pour les mêmes marqueurs.

Références

Barendse, W., Armitage, S.M. 1994. A genetic linkage map of the bovine genome. *Nat. Genet.* 6:227-235.

Bishop, M.D., Kappes, S.M. et al. 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136:619-639.

Buchanan, F.C. and Crawford, A.M. 1993. Ovine microsatellites at the OarFCB11, OarFCB128, OarFCB193, OarFCB266 and OarFCB304 loci. *Anim. Genet.* 24: 145.

Buchanan, F.C., Galloway, S.M. and Crawford, A.M. 1994. Ovine microsatellites at the OarFCB5, Oar FCB19, OarFCB20, OarFCB48, OarFCB129 and OarFCB226 loci. *Anim. Genet.* 25: 60.

Ede, A.J., Pierson, C.A. and Crawford, A.M. 1994a. Ovine microsatellites at the OarCP9, OarCP16, OarCP20, OarCP21, OarCP23 and OarCP26 loci. *Anim. Genet.* 26:129-130.

Ede, A.J., Pierson, C.A. and Crawford, A.M. 1994b. Ovine microsatellites at the OarCP34, OarCP38, OarCP43, OarCP49, OarCP73 and OarCP79 loci. *Anim. Genet.* 26: 130-131.

Georges, M. and Massey, J. 1992: Polymorphic DNA markers in Bovidae, (World Intellectual Property Org., Geneva) WO Publ. No. 92/13120.

Groth, D.M. and Weatherall, J.D. 1994. Dinucleotide repeat polymorphism within the ovine major histocompatibility complex class I region. *Anim. Genet.* 25:61.

Henry, H.M., Penty, J.M. et al. 1993. Ovine microsatellites at the OarHH35, OarHH41, OarHH44, OarHH47 and OarHH64 loci. *Anim. Genet.* 24: 223.

Kemp, S.J., Brezinsky, L and Teale, A.J. 1992. ILSTS002: a polymorphic bovine microsatellite. *Anim. Genet.* 23: 184.

Kossarek, L.M., Grosse, W.M. et al. 1993. Bovine dinucleotide repeat polymorphism RM004. *J. Anim. Sci.* 71: 3175.

Moore, S.S., Byrne, K. 1994. Characterisation of 65 bovine microsatellites. *Mamm. Genome* 5: 84-90.

Penty, J.M., Henry, H.M. 1993. Ovine microsatellites at the OarAE16, OarAE54, OarAE57, OarAE119 and OarAE129 loci. *Anim. Genet.* 24: 219.

Pierson, C.A., Hanrahan, V. et al. 1993. Ovine microsatellites at the OarVH34, OarVH41, OarVH58, OarVH61 and OarVH72 loci. *Anim. Genet.* 24: 224.

►• 2.4. Porc

(rassemblée par D. Milan, INRA, Laboratoire de Génétique Cellulaire, F-31326, Castanet Tolosan, FRANCE (milan@toulouse.inra.fr) avec l'aide de M. Groenen, Wageningen Agricultural University., Dept. Animal Breeding, NL-6701 BH Wageningen, Pays-Bas (Martien.Groenen@ALG.VF.wau.nl))

1. Vingt-sept marqueurs ***(haute qualité) ou ** (qualité moyenne) ont été retenus. Il y a deux marqueurs de plus que les 25 demandés, ce qui permettra de rejeter deux marqueurs si nécessaire. Préférence a été donnée aux marqueurs hautement polymorphiques.
2. Un marqueur a été retenu pour chaque chromosome (à part le chromosome 18) et, si possible, un marqueur sur chaque bras des chromosomes les plus longs. Il n'y a pas de marqueurs distants de moins de 35 cM.
3. Les marqueurs pour lesquels aucun allèle n'a été rapporté, et les marqueurs qui produisent des patterns qui ne peuvent pas être interprétés sans ambiguïté ont été évités.
4. Préférence a été donnée aux marqueurs qui peuvent être analysés sur les séquenceurs automatiques (testés sur séquenceur ABI dans au moins un laboratoire). Ceci signifie qu'aucune bande artéfact n'est amplifiée et que plusieurs marqueurs de même couleur peuvent être chargés simultanément dans la même piste (ceci devrait être possible aussi bien en utilisant le séquençage manuel ou automatique).
5. Tous les marqueurs ont été regroupés en 9 sous-ensembles analysables sur 3 gels dans les séquenceurs ABI (Applied Biosystem Inc.). La différence de taille entre deux marqueurs adjacents est d'au moins 30 pb (de façon à permettre l'identification de

nouveaux allèles en dehors de la variation de taille minimale-maximale du fragment).

6. De l'ADN témoin pour une estimation correcte de la taille des allèles peut être obtenu auprès de D. Milan.

Porc: Listes de marqueurs triés par sous-ensemble (set):

Marqueur	Set	Chr.	Proposé par		Qualité		Taille		Différence
			T	W	T	W	Min	Max	
CGA	1	1p		X		***	250	320	
S0101	1	7		X	***	***	197	216	34
S0215	1	13	X		***		135	169	28
S0355	2	15	X		***		243	277	
SW911	2	9	X	X	***	***	153	177	66
SW936	2	15	X		***		80	117	36
S0068	3	13		X		***	211	260	
SW632	3	7	X		***		159	180	31
SW24	3	17	X		***		96	121	38
S0227	4	4	X	X	**	**	231	256	
S0225	4	8	X	X	***	***	170	196	35
SW122	4	6		X		***	110	122	48
S0090	5	12	X	X	***	***	244	251	
S0226	5	2q	X		***		181	205	45
SW951	5	10	X		**		125	133	48
S0228	6	6	X		**		222	249	
S0218	6	X	X		***		164	184	38
S0178	6	8	X		***		110	124	
S0005	7	5	X	X	***	***	205	248	
S0386	7	11	X		**		156	174	31
SW72	7	3p		X	***	***	100	116	40
S0002	8	3q	X		***		190	216	
SW857	8	14	X	X	***	***	144	160	30
S0026	8	16		X		**	92	106	38
IGF1	9	5	X	X	***	***	197	209	35
S0155	9	1q	X		***		150	166	31
SW240	9	2p	X	X	***	***	96	115	35

T : Toulouse; W : Wageningen.

Différence : Différence en pb entre deux marqueurs adjacents appartenant au même sous-ensemble.

Porc: Liste de marqueurs triés par chromosome:

Marqueur	Chr.	Set	Proposé par		Qualité		Taille		Distance cM
			T	W	T	W	Min	Max	
CGA	1p	1		X		***	250	320	-
S0155	1q	9	X		***		150	166	50
SW240	2p	9	X	X	***	***	96	115	-
S0226	2q	5	X			***	181	205	50
SW72	3p	7		X	***	***	100	116	-
S0002	3q	8	X		***		190	216	105
S0227	4	4	X	X	**	**	231	256	-
IGF1	5	9	X	X	***	***	197	209	-
S0005	5	7	X	X	***	***	205	248	40
SW122	6	4		X		***	110	122	35
S0228	6	6	X		**		222	249	-
S0101	7	1		X	***	***	197	216	-
SW632	7	3	X		***		159	180	60
S0225	8	4	X	X	***	***	170	196	-
S0178	8	6	X		***		110	124	>50
SW911	9	2	X	X	***	***	153	177	-
Sw951	10	5	X		**		125	133	-
S0386	11	7	X		**		156	174	-
S0090	12	5	X	X	***	***	244	251	-
S0215	13	1	X		***		135	169	-
S0068	13	3		X		***	211	260	55
SW857	14	8	X	X	***	***	144	160	-
S0355	15	2	X		***		243	277	-
SW936	15	2	X		***		80	117	70
S0026	16	8		X		**	92	106	-
SW24	17	3	X		***		96	121	-
S0218	X	6	X		***		164	184	-

T: Toulouse W: Wageningen

Distance: distance entre marqueurs adjacents. Amorces utilisées pour amplifier les marqueurs sélectionnés :

Porc:

Marqueur	Sequences des amorces (5'-3')	Marquage Fluorochrome	T hybrid./ MgCl ₂ (mM)	Référence
CGA	ATAGACATTATGTCCGTTGCTGAT GAACTTTCACATCCCTAAGGTCGT	X	62 / 1.5	(1, 2)
IGF1	GCTTGGATGGACCATGTTG CATATTTTTCTGCATAACTTGAACCT	X	58 / 1.5	(3, 1, 2, 4)
S0002	GAAGCCCAAAGAGACAACCTGC GTTCTTTACCCACTGAGCCA	X	62 / 1.5	(5, 4, 2, 6)
S0005	TCCTTCCCTCCTGGTAACTA GCACTTCTGATTCTGGGTA	X	58 / 1.5	(5, 1, 4, 2)
S0026	AACCTTCCCTTCCCAATCAC CACAGACTGCTTTTTACTCC	X	55 / 1.5	(2, 7)
S0068	AGTGGTCTCTCTCCCTCTTGCT CCTTCAACCTTTGAGCAAGAAC	X	62 / 1.5	(5, 1, 4, 2)
S0090	CCAAGACTGCCTTGTAGGTGAATA GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG	X	58 / 1.5	(8, 4, 2)
S0101	GAATGCAAAGAGTTCAGTGTAGG GTCTCCCTCACACTTACCGCAG	X	60 / 1.5	(1)
S0155	TGTTCTCTGTTTCTCCTCTGTTTG AAAGTGGAAAGAGTCAATGGCTAT	X	55 / 1.5	(1, 2)
S0178	TAGCCTGGGAACCTCCACACGCTG GGCACCAGGAATCTGCAATCCAGT	X	58 / 1.5	(1)
S0215	TAGGCTCAGACCCTGCTGCAT TGGGAGGCTGAAGGATTGGGT	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0218	GTGTAGGCTGGCGGTTGT CCCTGAAACCTAAAGCAAAG	X	55 / 2.0	(9, 2)
S0225	GCTAATGCCAGAGAAATGCAGA CAGGTGGAAAGAATGGAATGAA	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0226	GCACTTTTAACTTTTCATGATACTCC GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0227	GATCCATTTATAATTTTAGCACAAAGT GCATGGTGTGATGCTATGTCAAGC	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0228	GGCATAGGCTGGCAGCAACA AGCCACCTCATCTTATCTACT	X	55 / 4.0	(9, 2)
S0355	TCTGGCTCCTACTCCTTCTTGATG TTGGGTGGGTGCTGAAAAATAGGA	X	55 / 4.0	(10)

Porc: Suite

Marqueur	Sequences des amorces (5'-3')	Marquage Fluorochrome	T hybrid./ MgCl2(mM)	Référence
S0386	TCCTGGGTCTTATTTTCTA TTTTTATCTCCAACAGTAT	X	48 / 3.0	(11)
SW24	CTTTGGGTGGAGTGTGTGC ATCCAAATGCTGCAAGCG	X	58 / 1.5	(4)
SW122	TTGTCTTTTTATTTTGCTTTTGG CAAAAAAGGCAAAAGATTGACA		58 / 1.5	(4)
SW857	AGAAATTAGTGCCTCAAATTGG AAACCATTAAGTCCCTAGCAAA	X	58 / 1.5	(4)
SW240	TGGGTTGAAAGATTTCCCAA GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA	X	58 / 1.5	(4)
SW632	ATCAGAACAGTGCGCCGT TTTGAAAATGGGGTGTTC	X	58 / 1.5	(4)
SW72	TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC GATCCTCCTCCAAATCCCAT	X	58 / 1.5	(4)
SW911	CTCAGTTCTTTGGGACTGAACC CATCTGTGGAAAAAAAAAAGCC	X	60 / 1.5	(4)
SW936	TCTGGAGCTAGCATAAGTGCC GTGCAAGTACACATGCAGGG	X	58 / 1.5	(4, 10)
SW951	TTTCACAACCTCTGGCACCAG GATCGTGCCCAAATGGAC	X	58 / 1.5	(4)

Références

- 1. Ellegren, H., Chowdhary, B. et al.** 1994. A primary linkage map of the porcine genome reveals a low rate of genetic recombination. *Genetics* 137: 1089-1100.
- 2. Archibald, A., Brown, J.** 1995. The PiGMaP consortium linkage map of the pig (*sus scrofa*). *Mamm. Genome* 6: 157-175.
- 3. Wintero, A., Fredholm, M., Andersson, L.** 1994. Assignment of the gene for porcine insulin like growth factor (IGF1) to chromosome 5 by linkage mapping. *Anim. Genet.* 25: 37-39.
- 4. Rohrer, G.A., Alexander, L.J.** 1994. A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics* 136: 231-245.

5. **Fredholm, M., Wintero, A.K.** 1993. Characterization of 24 porcine (dA-dC)_n-(dT-dG)_n microsatellites: genotyping of unrelated animals from four breeds and linkage studies. *Mamm. Genome* 4: 187-192.
6. **Yerle, M., Lahbib-Mansais, Y.** 1995. The PiGMap consortium cytogenetic map of the domestic pig (*Sus Scrofa*). *Mamm. Genome* 6: 176-186.
7. **Coppieters, W., v. d. Weghe, A.** 1993. Characterization of porcine polymorphic microsatellite loci. *Anim. Genet.* 24 : 163-170.
8. **Ellegren, H., Johansson, M.** 1993. Assignment of 20 microsatellite markers to the porcine linkage map. *Genomics* 16:431-439.
9. **Robic, A., Dalens, M.** 1994. Isolation of 28 new porcine microsatellites revealing polymorphism. *Mamm. Genome* 5: 580-583.
10. **Milan, D., Woloszyn, N.** 1996. Accurate Mapping of the acid meatRN gene on genetic and physical maps of pig chromosome 15. *Mamm. Genome* 7:
11. **Riquet, J., Milan, D.** 1995. A linkage map with microsatellites isolated from swine flow-sorted Chromosome 11. *Mamm. Genome* 6: 623-628.