



HAL
open science

Influence de la proportion d'animaux phénotypés sur le progrès génétique d'un caractère enregistré dans des élevages de production

Tomasi Tusingwiire, Céline Carillier-Jacquín, Arnaud Buchet, Bruno Ligonesche, Pauline Brenaut, Catherine Larzul

► To cite this version:

Tomasi Tusingwiire, Céline Carillier-Jacquín, Arnaud Buchet, Bruno Ligonesche, Pauline Brenaut, et al.. Influence de la proportion d'animaux phénotypés sur le progrès génétique d'un caractère enregistré dans des élevages de production. Journées de la recherche porcine, Feb 2024, Saint malo, France. hal-04608324

HAL Id: hal-04608324

<https://hal.inrae.fr/hal-04608324v1>

Submitted on 11 Jun 2024

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Influence de la proportion d'animaux phénotypés sur le progrès génétique d'un caractère enregistré dans des élevages de production

Tomasi TUSINGWIIRE (1), Céline CARILLIER-JACQUIN (1), Arnaud BUCHET (2), Bruno LIGONESCHE(3), Pauline BRENAUT (4), Catherine LARZUL (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 31320, Castanet-Tolosan, France

(2) Cooperl, 7, rue de la Jeannaie - B.P. 60328, 22 403 LAMBALLE-ARMOR CEDEX, France

(3) Nucleus, 7 Rue des Orchidées, 35650 Le Rheu, France

(4) IFIP-Institut du Porc, 35651 Le Rheu Cedex, France

celine.carillier-jacquin@inrae.fr

Effect of the proportion of phenotyped and genotyped animals on the genetic progress of a trait recorded on production farms

Pig health is a major concern for society in terms of animal welfare, reducing antibiotic use, as raising pigs without antibiotics can be challenging due to high disease incidences and compromised performance. The aim of this study was to simulate a breeding scheme to investigate whether it is possible to select for a health trait recorded only for crossbred animals. The simulated scenarios differed in the percentage of 1000 crossbred animals with known pedigrees that were genotyped and phenotyped (i.e. 10 %, 25 %, 50 %, 75 % and 100 %). Purebred animals were selected based on either (i) Genomic estimated breeding values (GEBV) for crossbred performance when considering trait 2 (health trait) only or (ii) an index that equalled the sum of the GEBV for crossbred performance for trait 1 (average daily gain) and trait 2. As expected, the cumulative genetic gain and accuracy of GEBV increased as the percentage of crossbred animals with phenotypes and genotypes included in genetic evaluations increased. When evaluating trait 2 only, the maximum genetic gain achieved in generation 10 ranged from 1.17 to 2.89. When trait 2 was evaluated with trait 1, the maximum genetic gain attained in generation 10 was 1.75 with 100% of crossbred animals considered. The next step will be to extend this study to a three-way crossbreeding scheme that will mimic a real-world swine-breeding program. If a trait, such as a health trait, is difficult or impossible to record for purebreds, crossbred phenotypes from commercial farms can be used to improve this trait in purebreds.

INTRODUCTION

La santé animale est une préoccupation majeure de la société, tant en termes de bien-être animal que de limitation de l'usage des antibiotiques. Depuis plus de 10 ans, la réduction de l'usage des antibiotiques en élevage porcin est un succès avéré. Cette réussite résulte de la mise en œuvre de nombreux leviers (Roguet et Hémonic, 2022) qui peut être complétée par une démarche d'amélioration génétique de la santé des porcs en élevage. Cependant, la collecte et la valorisation de performances en sélection est le plus souvent réalisée sur des animaux de races pures, élevés dans des élevages à haut statut sanitaire. Ce contexte limite les occurrences d'animaux malades. Une voie d'approche consiste à utiliser les mesures enregistrées sur des porcs croisés, collectées dans des fermes commerciales (Cheng *et al.*, 2022). Afin de valider cette approche pour la sélection porcine, nous avons simulé un programme de sélection incluant ce type de mesures c'est à dire un caractère enregistré uniquement sur des animaux croisés, caractérisé par une faible héritabilité.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Architecture des populations sélectionnées

Une population historique de 2 000 individus a été simulée de manière stochastique à l'aide d'AlphaSimR (Gaynor *et al.*, 2021). Le génome simulé comportait 18 paires de chromosomes, chacun comportant 400 QTL (quantitative trait locus) non chevauchants et 4 000 marqueurs SNP (single nucleotide polymorphism) distribués de manière aléatoire. Deux caractères ont été simulés : l'un imitant le gain de poids moyen quotidien (caractère 1) avec une héritabilité (h^2) de 0,3 et l'autre imitant un caractère de santé comme le nombre de traitements antibiotiques par truie (caractère 2) avec une h^2 de 0,1. Pour simuler les deux populations récentes de race pure (races A et B), deux échantillons aléatoires de 100 femelles et 100 mâles ont été prélevés dans la population historique commune aux deux races et accouplés au hasard pendant 50 générations supplémentaires. Un programme de croisement a ensuite été simulé avec 10 générations de sélection. Pour les animaux croisés, la race A a servi de race paternelle et la race B de race maternelle afin de simuler un croisement de type Landrace X Large White.

1.2. Scénarios simulés

Afin de simuler un caractère de santé, nous avons considérés que les animaux purs n'étaient pas phénotypés pour le

caractère 2 en raison de la faible occurrence des traitements antibiotiques dans ces populations. La corrélation entre les deux caractères (entre 0,41 et 0,59 selon le replicat et la population considérée) est obtenue par co-ségrégation des effets QTL. Pour simuler différents scénarios, nous avons fait varier la proportion d'animaux croisés génotypés et phénotypés. Pour chacun de ces scénarios, l'ensemble des animaux considérés dans les évaluations sont génotypés et phénotypés. En effet, en pratique les généalogies des animaux croisés ne sont pas toujours connues et le génotypage est nécessaire pour réaliser des évaluations génétiques sur ces animaux. A chaque génération, sur 1000 animaux croisés disponibles, nous avons considéré successivement 0, 10, 25, 50, 75 et 100 % des données à utiliser pour l'évaluation des races parentales. La sélection des animaux de race pure était basée soit sur les valeurs génomiques (GEBV) estimées à chaque génération pour les performances en croisés sur le caractère 2 seul, soit sur la somme des GEBV des caractères 1 et 2 pour simuler une sélection sur index combiné accordant la même importance à la croissance qu'à la santé. La comparaison des scénarios s'est basée sur les gains génétiques cumulés sur 10 générations de sélection.

1.3. Estimation des valeurs génomiques

Les analyses ont été effectuées à l'aide d'un modèle linéaire GBLUP single step, bicaractère (caractère 1 pour la performance en pure et caractère 1 pour la performance en croisement) ou tricaractères (modèles précédents en ajoutant le caractère 2 pour la performance en croisement). La corrélation génétique entre la performance en pur et en croisement pour le caractère 1 est considérée comme égale à 1, ce qui correspond au cas idéal avec la meilleure réponse possible à la sélection. Les estimations ont été réalisées grâce au logiciel blupf90+ (Misztal *et al.*, 2014).

2. RESULTATSET DISCUSSION

La figure 1 représente la moyenne des GEBV du caractère 2, ce qui correspond au gain génétique cumulé sur 10 générations, dans le cas des différents scénarios pour la race A. Les résultats de la race B sont très similaires à ceux obtenus pour la race A.

Comme attendu, le gain génétique cumulé (figure 1) croît avec l'augmentation de la proportion d'animaux croisés phénotypés et génotypés inclus dans les évaluations génétiques. La moyenne des GEBV est, par exemple, presque triplée lorsque le nombre d'individus croisés dans les évaluations passent de 10 à 100% (de 1,17 à 2,89 à la 10^{ème} génération) lorsque le caractère 2 (santé) est le seul à être sélectionné. Quand l'effort de sélection inclut également un caractère de type croissance (caractère 1), le gain génétique obtenu sur le caractère de santé est moins important (1,75 à la génération 10 pour 100% d'individus croisés, permettant de conclure qu'un minimum de 50% des individus croisés phénotypés et génotypés semblerait nécessaire pour atteindre un gain génétique acceptable sur ce caractère).

Le gain génétique observé sur le caractère 1 (résultats non montrés) est plus élevé que ce soit pour la performance en

pure ou en croisement, du fait de la plus forte héritabilité. L'augmentation de gain génétique avec l'ajout de phénotypes de croisés reste marginale pour la performance en pure. Cela s'explique par le fait que tous les animaux purs sont déjà phénotypés pour ce caractère.

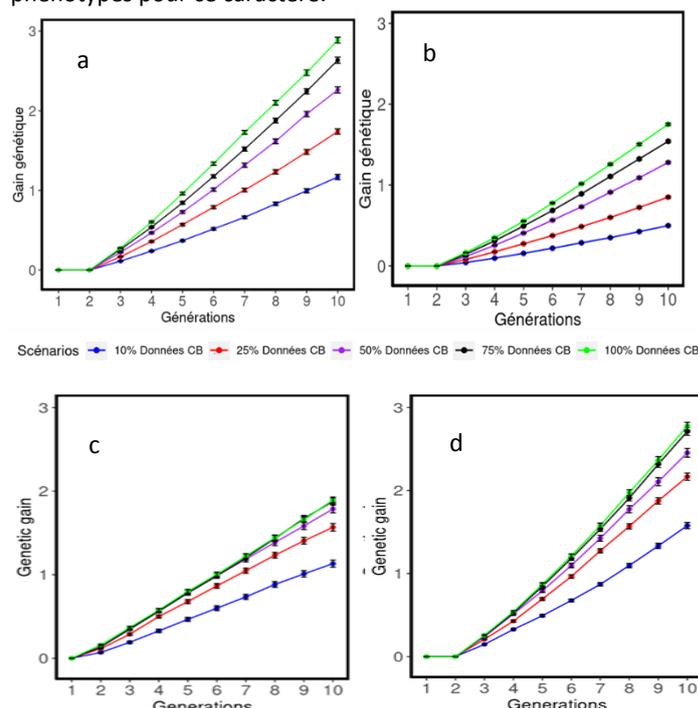


Figure 1—Gain génétique obtenu pour le caractère 2 par génération pour différents scénarios incluant de 10 à 100% d'animaux croisés (CB) dans les évaluations (a) lorsque seul le caractère 2 est sélectionné, (b) lorsque les caractères 1 et 2 sont sélectionnés simultanément, et pour le caractère 1 cas des valeurs génétiques estimées pour la performance en pur (c) et cas des valeurs génétiques estimées pour la performance en croisement (d)

CONCLUSION

Les résultats de simulation ont montré qu'un gain génétique pour des caractères de santé est possible notamment si un effort de phénotypage et génotypage des animaux croisés était réalisé. Si un caractère tel que la santé ne peut pas ou est difficile à enregistrer ou encore est rarement observé en races pures, des phénotypes mesurés sur des animaux croisés peuvent être utilisés pour sélectionner ce caractère dans les races parentales et ainsi améliorer les performances des animaux croisés. Ce travail de simulation bien qu'optimiste (corrélation pur-croisés égale à 1, ensemble des animaux génotypés) a permis de mettre en place un outil permettant de simuler des populations croisées avec une grande flexibilité sur les modèles d'évaluations génétiques possibles. La poursuite de ce travail inclue donc la complexification des scénarios afin de se rapprocher de la réalité de la sélection porcine. De plus, une collecte de données est en cours pour explorer ce type de sélection pour un caractère de santé.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Cheng J., Lim K.S., Putz A. M., Wolc A., Harding J. C. S., Dyck M. K., Fortin F., Plastow G. S., Dekkers J. C. M., 2022. Genetic analysis of disease resilience of wean-to-finish pigs under a natural disease challenge model using reaction norms. *Genet. Sel. Evol.*, 54, 1–21.
- Gaynor C. R., Gorjanc G., Hickey J. M., 2021. AlphaSimR: An R package for breeding program simulations. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 11(2).
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D.A.L., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z., 2014. Manual for BLUPF90 family of programs.

http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf

- R Core Team, 2022. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. <https://www.R-project.org>
- Roguet C., Hémonic A., 2022. Les filières « porcs élevés sans antibiotiques » en France : caractéristiques, atouts, limites et perspectives. Projet européen ROADMAP. Journées. Rech. Porcine, 54, 321-3262.