



HAL
open science

Stratégies d'utilisation de l'efficacité digestive pour l'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire chez le porc

Vanille Déru, Marie-José Mercat, David Picard, Bruno Lignesche, Loïc Flatres-Grall, Florence Ytournel, Florian Herry, Joël Bidanel, Maxime Banville, Hélène Gilbert

► To cite this version:

Vanille Déru, Marie-José Mercat, David Picard, Bruno Lignesche, Loïc Flatres-Grall, et al.. Stratégies d'utilisation de l'efficacité digestive pour l'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire chez le porc. 56ièmes journées de la recherche porcine, INRAE - IFIP, Feb 2024, Saint-Malo (35400), France. pp.25-30, 10.15454/1.557241 . hal-04863118

HAL Id: hal-04863118

<https://hal.inrae.fr/hal-04863118v1>

Submitted on 3 Jan 2025

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License



Stratégies d'utilisation de l'efficacité digestive pour l'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire chez le porc

Vanille DÉRU (1,2), Marie-José MERCAT (3), David PICARD (3), Bruno LIGONESCHE (4), Loïc FLATRÈS-GRALL (5), Florence YTOURNEL (6), Florian HERRY (6), Joël BIDANEL (3), Maxime BANVILLE (3), Hélène GILBERT (2)

(1) Alliance R&D, 35651 Le Rheu, France

(2) INRAE, 31320 Auzeville-Tolosane, France

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

(4) Nucléus SAS, 35650 Le Rheu, France

(5) Axiom, 37310 Azay-sur-Indre, France

(6) Choice Genetics, 35170 Bruz, France

vanille.deru@purpan.fr

Stratégies d'utilisation de l'efficacité digestive pour l'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire chez le porc

La poursuite de l'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire (EA) est un enjeu crucial pour assurer la durabilité de la filière porcine. L'efficacité digestive (ED), estimée par les coefficients d'utilisation digestive (CUD) de l'azote, de la matière organique et de l'énergie a été proposée comme levier pour améliorer la composante digestive de l'EA. L'objectif de cette étude était de tester différentes options d'intégration des CUD dans les schémas de sélection de populations paternelles. Un schéma de sélection générique avec une population composée de 5000 mâles, dont 40 % avec des données d'EA et de 5000 femelles sans données d'EA a été simulé à l'aide des packages R AlphaSimR et blupADC. Les meilleurs mâles et femelles ont été sélectionnés sur huit générations. Différents scénarios ont été testés en faisant varier le nombre de porcs phénotypés pour l'EA et l'ED. Pour chaque scénario, les valeurs génétiques et le progrès génétique annuel (ΔG_a) ont été estimés puis comparés entre scénarios. Les paramètres génétiques et phénotypiques ont été initialisés d'après des données existantes. Lorsqu'un budget supplémentaire de 30 % était alloué au phénotypage des trois CUD ou à l'indice de consommation (IC), le ΔG_a pour l'EA était respectivement de +13 % ($P < 0,001$) ou +3 % ($P > 0,05$) par rapport au schéma générique. Le ΔG_a de l'IC n'était pas significativement augmenté si 3000 mâles au lieu de 1500 étaient phénotypés pour les CUD. Ainsi, si le coût par échantillon venait à diminuer il ne serait pas pertinent de phénotyper davantage d'individus pour ce caractère. Ces simulations contribueront ainsi à proposer de nouvelles stratégies pour augmenter le ΔG_a de l'EA dans les lignées paternelles porcines.

Strategies to use digestive efficiency to improve feed efficiency in pig

Genetic improvement in feed efficiency (FE) is crucial to the sustainability of the pig industry. Digestive efficiency (DE), estimated by the digestibility coefficient of nitrogen, organic matter and energy, has been proposed as a trait to improve the digestive component of FE. The aim of this study was to test different options for integrating DC into paternal population breeding schemes to improve FE. A baseline breeding scheme with an initial population of 5000 males, of which 40 % had FE data, and 5000 females without FE data, was simulated using the AlphaSimR and blupADC R packages. The best males and females were selected over eight generations. Various alternative scenarios were tested, varying the number of pigs phenotyped for FE and DE. For each scenario, yearly genetic progress (ΔG_y), genetic values and inbreeding coefficient were estimated and compared to those of the baseline scenario. Genetic and phenotypic parameters were initialised based on existing data and literature. When an additional budget of 30 % was allocated to phenotyping the three DCs or the feed conversion ratio (FCR), the ΔG_y for FE was +13 % or +3 %, respectively, compared to the baseline scenario. The ΔG_y for the FCR did not decrease significantly if 3000 instead of 1500 males were phenotyped for the DCs. Thus, if the cost of the sample were to decrease, it would not be relevant to phenotype more individuals for this trait. These simulations will contribute to the development of new strategies for increasing the ΔG_y of FE in pig sire lines.

INTRODUCTION

L'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire constitue un enjeu crucial pour assurer la durabilité des exploitations porcines en termes d'économie et d'environnement. Dans les systèmes modernes à forte intensité de capital, le coût de l'alimentation représente environ deux tiers du coût total de production pour les éleveurs de porcs (Patience *et al.*, 2015). De plus, une amélioration de l'efficacité alimentaire des porcs réduit la quantité de nutriments excrétés dans les fèces et les urines avec des effets positifs sur l'environnement. Ainsi, l'efficacité alimentaire est un caractère particulièrement pris en compte dans la plupart des programmes de sélection, avec une pondération de l'ordre de 30 à 40 % dans les objectifs de sélection des lignées paternelles (Verrier *et al.*, 2020). L'efficacité digestive, évaluée par les coefficients d'utilisation digestive (CUD) de l'azote (CUDN), de la matière organique (CUDMO) et de l'énergie (CUDE) a été identifiée comme un levier pour améliorer l'efficacité alimentaire. En effet, les CUD ont une héritabilité modérée à élevée (0,26-0,56) et des corrélations génétiques favorables avec l'efficacité alimentaire (< -0,23 avec l'indice de consommation (IC)) (Déru *et al.*, 2021). Ces résultats initiaux suggèrent que l'efficacité digestive peut être intéressante à intégrer dans les schémas de sélection pour affiner les décisions de sélection et améliorer le progrès génétique sur l'efficacité alimentaire. Jusqu'à présent, l'enregistrement individuel des CUD était complexe et coûteux notamment en raison du besoin de main d'œuvre. Cependant, grâce à des avancées méthodologiques récentes, il est désormais possible de prédire rapidement les CUD d'un animal à l'aide d'un spectromètre proche infrarouge portatif, directement dans l'élevage et de manière routinière (Projet Institut Carnot France Futur Elevage DigestOp). Ainsi, les données de phénotypage des CUD deviennent accessibles et pourraient être utilisées dans les schémas de sélection afin d'augmenter le progrès génétique sur l'efficacité alimentaire. Différents scénarios de sélection de lignées paternelles intégrant ou non des données de CUD ont été simulés pour quantifier leur potentiel pour l'amélioration de l'efficacité alimentaire. Cette étude s'est appuyée sur des simulations de schémas de sélection selon différents choix de paramètres concernant les mesures de CUD pour quantifier leur potentiel pour l'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Simulations des schémas de sélection

Des schémas de sélection stochastiques ont été simulés à l'aide du package R AlphaSimR (Gaynor *et al.*, 2021).

1.1.1. Schéma de sélection générique

Dans un premier temps, l'objectif était de simuler un schéma de sélection générique pour une population paternelle représentatif des schémas de sélection utilisés au sein des entreprises de sélection françaises. Un cycle de simulation représentait six mois de fonctionnement du schéma de sélection. Seize cycles successifs ont été générés, ce qui équivaut à huit générations de sélection, puisqu'une génération était représentée par deux cycles, et une génération était l'équivalent d'une année complète. Chaque scénario a fait l'objet de cinquante répétitions de simulations pour garantir la robustesse des résultats.

Une population de fondateurs sélectionnée phénotypiquement sur l'âge à 100 kg (A100), l'épaisseur de lard dorsal (ELD) et l'épaisseur de muscle (X5) sur cinq générations a été simulée pour initialiser la population et créer une pression de sélection au démarrage du schéma de sélection proprement dit.

La dernière génération de fondateurs, ainsi que toutes les suivantes, produisaient 5000 jeunes mâles et 5500 jeunes femelles. L'ensemble des mâles avaient des données d'A100, d'ELD et de X5, et 40 % étaient élevés dans des cases avec des distributeurs automatiques de concentrés (DAC), permettant l'enregistrement de l'IC. Pour les femelles, 5000 avaient des données pour l'A100, l'ELD et le X5, et 500 étaient élevées en station de phénotypage avec abattage, et avaient des données d'IC, de rendement de la carcasse (RDT), de pH mesuré 24h après abattage (pH24) et de taux d'exsudat (TEX). Parmi les jeunes verrats et les femelles élevés sans DAC, 900 individus (450 mâles et 450 femelles) avaient des mesures de pH24 et de TEX. Les 1 % meilleurs mâles élevés sans DAC (n=30), les 2 % meilleurs mâles élevés avec DAC (n=40) et les 13 % meilleures femelles (n=570) étaient conservés à la fin de chaque cycle, contribuant au pool de 1668 reproducteurs (168 mâles et 1500 femelles) de chaque cycle de simulation.

Une évaluation génétique a été réalisée avec BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2018) sous R grâce à l'interface blupADC (Mei *et al.*, 2021) à chaque cycle afin de sélectionner les individus avec les meilleurs index (cf paragraphe 2.2.2). L'index de sélection (H) a été construit sur la base des valeurs génétiques (VG) des porcs pour l'A100, l'ELD, le X5, l'IC, le RDT, le pH24 et le TEX :

$$H = -1,5 * VG_{A100} - 4 * VG_{ELD} + 5 * VG_{X5} - 225 * VG_{IC} + 8 * VG_{RDT} - 250 * VG_{pH24} - 4 * VG_{TEX}$$

1.1.2. Budget supplémentaire pour phénotyper l'efficacité digestive ou alimentaire

Le coût du phénotypage de l'ingéré, donc de l'IC d'un porc, a été estimé à 50 €, contre approximativement 25 € pour l'efficacité digestive. Ainsi, le coût du phénotypage de l'efficacité alimentaire du schéma générique (2000 mâles et 500 femelles au DAC) a été estimé à 125 000 € par génération. L'objectif était d'évaluer l'évolution du progrès génétique sur les caractères contenus dans l'objectif de sélection avec un budget de phénotypage supplémentaire de 30 % (+ 37 500 €), orienté vers l'efficacité digestive (les CUD) ou alimentaire (l'IC) en ciblant uniquement les mâles dans un premier temps. Le budget supplémentaire de 30 % a été arbitrairement fixé, car il semblait suffisamment élevé pour observer des progrès génétiques concernant l'efficacité alimentaire et digestive. Cinq scénarios alternatifs ont ainsi été construits. Les quatre premiers avaient pour objectif d'utiliser les mesures de CUD de manière distincte (scénarios +30%_CUDN, +30%_CUDMO ou +30%_CUDE), ou combinée (+30%_3CUD). Ainsi, 1500 mâles étaient phénotypés sur le ou les CUD, mais non phénotypés sur l'ingéré, en plus des 2000 mâles déjà phénotypés sur l'IC. Ces scénarios ont été comparés à un cinquième scénario dans lequel le budget supplémentaire était alloué au phénotypage de l'IC (+30%_IC), soit 750 mâles supplémentaires phénotypés sur ce caractère.

Les mêmes scénarios ont été testés avec deux coûts par échantillon différents : 15 €, correspondant à 2500 porcs mâles supplémentaires phénotypés pour le ou les CUD, et 12 €, pour 3000 mâles phénotypés sur le ou les CUD (i.e. tous les mâles candidats à la sélection).

1.1.3. Impact du sexe des individus phénotypés sur le progrès génétique annuel de l'indice de consommation

L'impact du sexe des animaux supplémentaires phénotypés sur le progrès génétique de l'IC a été étudié. Pour cela, le scénario +30%_CUDN a été comparé à un nouveau scénario dans lequel l'effort de phénotypage supplémentaire était appliqué à 1500 femelles (+30%_CUDN_F). De même, un scénario avec 750 femelles (+30%_IC_F) phénotypées de manière aléatoire sur l'IC a été évalué en complément du scénario +30%_IC.

1.1.4. Impact de l'apparentement entre individus sur le progrès génétique annuel de l'indice de consommation

L'impact de l'apparentement génétique entre les individus déjà phénotypés et ceux nouvellement phénotypés a été estimé dans le scénario +30%_CUDN. Pour cela, le scénario +30%_CUDN a été comparé à un scénario dans lequel les nouveaux individus phénotypés ont été choisis dans les familles de pères les moins phénotypés sur l'IC (+30%_CUDN_ELOIGNE).

1.1.5. Indicateurs estimés pour chacun des scénarios

Pour chaque scénario, le progrès génétique entre chaque génération (ΔG_n) a été estimé comme la différence entre la moyenne des valeurs génétiques des porcs de la génération n par rapport à celle de la génération n-1. Le progrès génétique annuel (ΔG_a) a été estimé comme la moyenne de ΔG_n .

Afin d'estimer l'efficacité de la sélection, le différentiel de sélection, *i.e.* la différence entre la valeur génétique moyenne des individus sélectionnés et celle de la population totale, a été calculé pour chaque génération.

1.1.6. Comparaison des scénarios

Le ΔG_a pour chacun des caractères a été comparé entre les différents scénarios grâce à un test de comparaison de moyennes deux à deux avec la fonction `pairwise.t.test()` et une correction de Bonferroni sous R (R Core Team, 2021).

1.2. Paramètres des simulations

1.2.1. Animaux

Les composantes de variance des caractères d'intérêt pour les simulations des schémas de sélection ont été obtenues à partir de données existantes. Elles s'appuyaient sur des porcs de race Large White élevés à la station de phénotypage INRAE – France Génétique Porc du Rheu (UEPR, INRA, 2018. Unité expérimentale Porcs Rennes, France, doi : 10.15454/1.557241481185847E12), mesurés pour les CUD à partir de 2017. Afin de disposer de données complémentaires, les données de leurs collatéraux et de leurs parents sur deux générations ont été également prises en compte pour les autres caractères.

1.2.2. Caractères de l'index de sélection

Les caractères d'intérêt intégrés dans les simulations des schémas de sélection étaient ceux utilisés en 2017 dans les index de sélection des lignées paternelles des trois entreprises de sélection françaises partenaires du projet (ES) (Axiom, Choice Genetics France et Nucléus) : l'IC, l'A100, l'ELD, le X5, le RDT, le pH24, ainsi que le TEX.

Les données d'A100, d'ELD et de X5 étaient disponibles pour les porcs Large White élevés en ferme, soit 77 955, 77 130 et 14 293 animaux, respectivement.

Les données d'IC, de RDT et de pH24 étaient disponibles pour les porcs Large White élevés à la station de phénotypage INRA-France Génétique Porc du Rheu (UEPR, INRA, 2018. Unité expérimentale Porcs Rennes, France, doi : 10.15454/1.557241481185847E12) pour 2 110, 2 154 et 3 440 porcs, respectivement. Aucune donnée n'était disponible pour le TEX car cette variable n'est pas mesurée dans cette population Large White.

1.2.3. Mesures de la digestibilité

Les CUD de l'énergie, la matière organique et l'azote ont été prédits pour chaque porc par spectrométrie dans le proche infrarouge (Labussière *et al.*, 2019). Les données utilisées ont été présentées dans Carillier-Jacquin *et al.* (2023). Après tri du jeu de données, 1 190 porcs Large White avaient des données de CUDN, CUDE et CUDMO.

1.2.4. Analyses phénotypiques et génétiques

Afin d'initialiser les simulations, la moyenne, l'héritabilité, la variance génétique et phénotypique de chacun des caractères, ainsi que les corrélations génétiques entre les caractères étaient nécessaires.

La moyenne de chacun des caractères a été estimée à partir des données présentées précédemment.

L'héritabilité et les variances génétique et phénotypique de chacun des caractères ont ensuite été estimées grâce à un modèle linéaire mixte unicaractère (AsReML, Gilmour *et al.*, 2009) : $\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + (\mathbf{W}\mathbf{p}) + \mathbf{e}$, avec \mathbf{y} étant le vecteur contenant les performances, $\mathbf{\beta}$ le vecteur contenant l'effet fixe de la bande pour l'IC, le RDT, le pH24 et les trois CUD, de la bande*sexe pour l'A100, l'ELD et le X5, du poids de début de contrôle pour l'IC, du poids et l'âge à l'abattage pour le RDT, du poids chaud pour le pH24. $\mathbf{u} \sim N(0, \mathbf{v}(\mathbf{u}) * \mathbf{A})$ est le vecteur des effets génétiques additifs pour le caractère considéré, avec \mathbf{A} la matrice d'apparentement pedigree. $\mathbf{p} \sim N(0, \mathbf{v}(\mathbf{p}) * \mathbf{I})$ l'effet de la portée de naissance pour l'A100, ELD et X5, avec $\mathbf{v}(\mathbf{p})$ la variance de l'effet portée et \mathbf{I} la matrice identité. \mathbf{X} , \mathbf{Z} et \mathbf{W} sont les matrices d'incidence des effets fixes, des effets génétiques et case intra bande. $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{v}(\mathbf{e}) * \mathbf{I})$ est le vecteur des effets résiduels, avec $\mathbf{v}(\mathbf{e})$ la variance résiduelle.

Des analyses bicaractères ont été réalisées avec les mêmes modèles afin d'estimer les corrélations génétiques entre les caractères. La matrice de corrélations génétiques obtenue entre les caractères n'étant pas définie positive, la plus proche matrice définie positive a été déterminée avec la fonction `nearPD()` du package `Matrix` sous R (R Core Team, 2021) qui utilise l'algorithme de Higham (2002), garantissant ainsi que les éléments diagonaux de la matrice étaient fixés à 1, tandis que les autres éléments de la matrice se situaient entre -1 et 1. En l'absence de données pour le TEX, les paramètres phénotypiques et génétiques estimés pour la population collective Piétrain en 2017 ont été retenus.

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

2.1. Paramètres génétiques et phénotypiques des caractères

Les valeurs d'héritabilité, de corrélations génétiques et phénotypiques estimées pour initialiser les simulations sont présentées dans le Tableau 1.

Tableau 1 – Héritabilités (diagonale), corrélations génétiques (au-dessus de la diagonale) et corrélations phénotypiques (en-dessous de la diagonale) estimées et utilisées pour initialiser les simulations dans les différents scénarios

	A100	IC	ELD	RDT	X5	pH24	TEX ¹	CUDE	CUDN	CUDMO
A100	0,61	0,21	0,41	0,07	0,33	-0,34	0,01	-0,03	0,09	-0,14
IC	-0,08	0,52	0,22	0,10	0,00	0,16	-0,23	-0,39	-0,48	-0,38
ELD	0,27	0,41	0,43	-0,13	0,13	0,17	-0,11	-0,36	-0,38	-0,34
RDT	-0,12	0,13	0,14	0,38	0,47	-0,37	0,01	-0,24	-0,22	0,20
X5	0,09	0,05	0,02	-0,17	0,43	-0,16	-0,01	-0,11	-0,02	-0,11
pH24	0,05	0,00	0,09	0,11	0,11	0,13	-0,49	-0,21	0,09	-0,24
TEX ¹	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,24	0,00	0,00	0,00
CUDE	0,16	-0,04	0,27	0,00	0,24	0,06	0,00	0,32	0,99	0,99
CUDN	0,15	0,05	0,27	-0,04	0,14	-0,02	0,00	0,76	0,32	0,98
CUDMO	0,21	-0,05	0,38	-0,01	0,24	0,08	0,00	0,98	0,75	0,35

¹En l'absence de données pour le TEX, les paramètres phénotypiques et génétiques estimés pour la population collective Piétrain en 2017 ont été retenus, et les corrélations fixées à 0 lorsque l'information n'était pas disponible

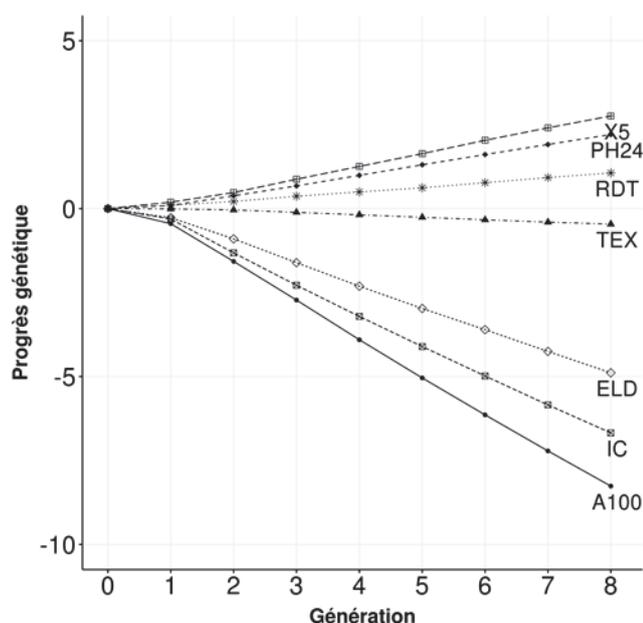
²A100 = âge à 100 kg ; IC = indice de consommation ; ELD = épaisseur de lard dorsal ; RDT = rendement de carcasse ; X5 = taux de muscle ; pH24 = pH 24h après l'abattage ; TEX = taux d'exsudat ; CUDE, CUDMO et CUDN = coefficient d'utilisation digestive de l'énergie, de la matière organique et de l'azote, respectivement

2.2. Évolutions génétiques dans le schéma générique

2.2.1. Progrès génétique des caractères contenus dans l'objectif de sélection

L'évolution du ΔG entre les générations zéro et huit des caractères contenus dans l'objectif de sélection est présentée dans la Figure 1. Les valeurs de ΔG_a de l'ensemble des caractères étudiés sont présentées dans le Tableau 2.

Figure 1 – Évolution du progrès génétique durant les huit générations de sélection dans le schéma générique, en valeur d'écart-types génétiques pour chaque caractère de l'index



A100 = âge à 100kg ; IC = indice de consommation ; ELD = épaisseur de lard dorsal ; TEX = taux d'exsudat ; RDT = rendement de carcasse ; pH24 = pH 24h après l'abattage ; X5 = taux de muscle

Sur huit générations, l'évolution du ΔG (et du ΔG_a) était favorable pour l'A100, l'IC et l'ELD, avec des cumuls respectifs de -8,26, ($\Delta G_a = -0,87$) -6,68 ($\Delta G_a = -0,71$) et -4,89 ($\Delta G_a = -0,51$) écarts-types génétiques à la 8^{ème} génération.

Cette évolution favorable était attendue en raison de la pondération élevée de ces caractères dans l'objectif de sélection, et des corrélations génétiques favorables entre ces trois variables ($r_g(A100,ELD) = 0,41$, $r_g(A100,IC) = 0,21$ et $r_g(ELD,IC) = 0,22$). Les caractères liés à la conformation de la carcasse (X5 et RDT) ont également un ΔG favorable entre les générations 0 et 8, avec +2,76 et +1,06 écarts-types génétiques à la 8^e génération, et un ΔG_a de +0,29 et +0,11 unité d'écart-type génétique, respectivement. Le ΔG du TEX est resté proche de zéro pendant huit générations ($\Delta G = -0,46$ à la 8^{ème} génération, et $\Delta G_a = -0,05$). Cette amplitude de ΔG pour le TEX était attendue sachant que le TEX est le caractère avec la plus faible pondération dans l'objectif de sélection et a des corrélations génétiques plutôt faibles ou défavorables avec les caractères qui ont le ΔG_a le plus favorable ($r_g(A100,TEX) = 0,01$, $r_g(ELD,TEX) = -0,11$, $r_g(IC,TEX) = -0,23$). Le ΔG du pH24 présentait une évolution légèrement défavorable sur huit générations, avec un ΔG de +2,24 à la 8^e génération et un ΔG_a de 0,24. Cette évolution était cohérente avec les corrélations génétiques observées entre les caractères, ainsi qu'avec des résultats antérieurs obtenus en interne dans les entreprises de sélection. Ainsi, pour les simulations du schéma générique le gain génétique est favorable au fil des générations pour les caractères de croissance, d'efficacité alimentaire et de conformation de carcasse (A100, IC, ELD, RDT, X5), et proche de 0 (TEX et pH24) pour les caractères de qualité de viande, conformément aux résultats antérieurs obtenus en populations paternelles.

2.2.2. Progrès génétique annuel des coefficients d'utilisation digestive

Le ΔG_a pour les trois CUD était positif et élevé, avec des valeurs proches pour les trois CUD (0,30-0,35). Du fait de corrélations génétiques fortes entre les CUD ($r_g > 0,98$), un ΔG_a similaire entre les trois CUD était attendu. Ce résultat confirme ainsi l'existence d'une sélection indirecte sur l'efficacité digestive dans le schéma générique, en grande partie attribuable à la corrélation génétique favorable entre l'IC et les trois CUD ($r_g < -0,23$) ; comme déjà suggéré dans la littérature (Déru *et al.*, 2021).

2.3. Scénarios avec du phénotypage supplémentaire sur l'efficacité digestive ou alimentaire

Tableau 2 – Progrès génétique annuel de différents scénarios, en unités d'écart-types génétiques, pour les caractères contenus dans l'objectif de sélection et les trois coefficients d'utilisation digestive

	Schéma générique	+30%_CUDN	+30%_CUDE	+30%_CUDMO	+30%_3CUD	+30%_IC
A100	-0,87 ^a	-0,91 ^b	-0,94 ^c	-0,91 ^b	-0,80 ^d	-0,87 ^a
IC	-0,71 ^a	-0,67 ^b	-0,57 ^c	-0,68 ^b	-0,80 ^d	-0,73 ^a
ELD	-0,51 ^a	-0,49 ^b	-0,52 ^a	-0,44 ^c	-0,46 ^c	-0,52 ^a
RDT	0,11 ^a	0,13 ^b	0,18 ^c	0,17 ^c	0,12 ^{a,b}	0,12 ^a
X5	0,29 ^a	0,17 ^b	0,22 ^c	0,18 ^b	0,19 ^b	0,18 ^b
pH24	0,23 ^a	0,19 ^b	0,21 ^{a,b}	0,20 ^b	0,09 ^c	0,15 ^d
TEX	-0,05 ^a	-0,02 ^b	-0,03 ^b	-0,01 ^b	0,05 ^c	0,02 ^d
CUDE	0,30 ^a	0,33 ^b	0,25 ^c	0,23 ^c	0,31 ^b	0,33 ^b
CUDN	0,30 ^a	0,32 ^b	0,24 ^c	0,23 ^c	0,32 ^b	0,33 ^b
CUDMO	0,35 ^a	0,38 ^b	0,31 ^c	0,29 ^c	0,35 ^a	0,38 ^b

¹Toutes les erreurs standards étaient de 0,01, non présentées

²Des lettres différentes sur une même ligne correspondent à une différence significative entre les scénarios selon un test t de comparaison de moyenne ($P < 0,05$)

³+30%_CUDN, +30%_CUDE, +30%_CUDMO, +30%_3CUD, +30%_IC = budget supplémentaire de 30 % alloué au phénotypage du CUD de l'azote, de l'énergie et de la matière organique séparément, ensemble, ou pour l'IC, respectivement.

⁴A100 = âge à 100kg ; IC = indice de consommation ; ELD = épaisseur de lard dorsal ; RDT = rendement de carcasse ; X5 = taux de muscle ; pH24 = pH 24h après l'abattage ; TEX = taux d'exsudat ; CUDE, CUDMO et CUDN = coefficient d'utilisation digestive de l'énergie, de la matière organique et de l'azote, respectivement

Le progrès génétique annuel de chacun des caractères d'intérêt est présenté dans le Tableau 2 pour différents scénarios testés.

2.3.1. Comparaison du progrès génétique annuel des caractères de l'objectif de sélection selon les scénarios

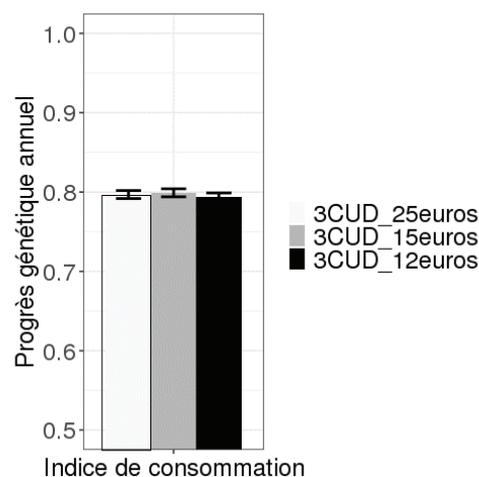
En comparaison au schéma générique, le ΔG_a de l'IC diminuait de 5 %, 19 % et 6 % dans les scénarios +30%_CUDN, +30%_CUDMO et +30%_CUDE, respectivement ($P < 0,01$). Ainsi, ajouter l'information phénotypique d'un seul CUD ne permet pas d'améliorer le ΔG_a sur l'IC. En revanche, dans ces trois scénarios, le ΔG_a était soit plus favorable soit identique au schéma générique pour l'A100 et le RDT. D'autres caractères avaient des ΔG_a défavorables en comparaison au schéma générique, comme le X5 dans les trois scénarios, ainsi que l'ELD, le pH24 et le TEX dans les scénarios +30%_CUDN et +30%_CUDMO.

Pour le scénario +30%_3CUD, le ΔG_a de l'IC augmentait de +13 % par rapport au schéma générique, ce qui était significativement supérieur à l'augmentation de seulement +3 % observée dans le scénario +30%_IC. En revanche, les ΔG_a d'autres caractères comme l'A100, l'ELD, le X5 et le TEX étaient dégradés par rapport au schéma générique. Dans le scénario +30%_IC, les ΔG_a de l'IC, l'A100, l'ELD et le RDT n'étaient pas significativement améliorés en comparaison au schéma générique et une dégradation significative du ΔG_a du X5 et du pH24 était observée.

En conclusion, l'obtention d'une information précise en phénotypant des individus supplémentaires pour les trois CUD (scénario +30%_3CUD), caractères hautement corrélés entre eux d'un point de vue génétique, fournit une information répétée sur l'efficacité digestive et permet une amélioration significative du ΔG_a pour l'IC, contrairement au phénotypage d'un seul des CUD ou de l'IC. Le scénario +30 %_3CUD semble donc prometteur pour améliorer le ΔG sur l'efficacité alimentaire. Toutefois, il convient de noter qu'avec les pondérations actuelles ce scénario peut avoir des conséquences défavorables sur d'autres caractères en raison des jeux de corrélations entre les variables.

2.3.2. Progrès génétique annuel des caractères de l'objectif de sélection dans le scénario +30%_3CUD en fonction du prix par échantillon

Figure 2 – Impact du coût de la mesure pour la digestibilité (25 €, 15 €, 12 €) sur le progrès génétique annuel de l'indice de consommation, représenté en valeur absolue de l'unité d'écart-type génétique.



3CUD_25euros = scénario avec 1500 porcs mâles phénotypés sur les trois CUD ; 3CUD_15euros = scénario avec 2000 porcs mâles phénotypés sur les trois CUD ; 3CUD_12euros = scénario avec 2500 porcs mâles phénotypés sur les trois CUD

La figure 2 présente le ΔG_a de l'IC en fonction du prix de l'échantillon pour la mesure de digestibilité (12, 15 ou 25 €), pour le scénario +30%_3CUD. La baisse de 25 € à 12 € du coût de la mesure et l'augmentation associée du nombre d'individus phénotypés (à coût total constant) n'avait pas un effet significatif sur le ΔG_a de l'IC et des autres caractères ($P > 0,05$). La cause de cette absence d'amélioration peut être liée au fait qu'avec 1500 mâles phénotypés pour l'IC et 1500 mâles phénotypés pour les trois CUD, un phénotypage supplémentaire n'apporte pas d'information, qui plus est lorsque l'ensemble des familles est déjà bien représenté. Une modélisation d'un schéma de sélection paternel avait été réalisée au sein du projet ANR MicroFeed (Bouquet et Gilbert, 2022), et celle-ci avait mis en évidence qu'il était rentable de mesurer un proxy de l'efficacité alimentaire si le coût par échantillon était compris entre 5 et 15 €. Ainsi, si le coût par échantillon de digestibilité venait à baisser, il ne semblerait pas

nécessaire de phénotyper plus d'individus pour avoir un ΔG_a sur l'IC. En revanche, cela aurait pour impact une diminution du budget de phénotypage pour ce caractère.

2.3.3. Impact du sexe des porcs phénotypés sur le progrès génétique de l'indice de consommation

Aucune différence significative du ΔG_a et différentiel de sélection pour l'IC n'a été observée entre les scénarios +30%pheno_CUDN et +30%pheno_CUDN_F ($P < 0,001$). En revanche, le ΔG_a de l'IC et le différentiel de sélection était significativement supérieur dans le scénario +30%pheno_IC ($\Delta G_a = -0,73$ et SelDiff = $-0,063 \pm 0,009$) en comparaison au scénario +30%pheno_IC_F ($\Delta G_a = -0,70$ et SelDiff = $-0,061 \pm 0,009$) ($P < 0,001$). Ces résultats confirment que l'écart entre les valeurs génétiques pour l'IC des individus sélectionnés et de la population globale pour chaque génération était plus important dans le scénario +30%pheno_IC que +30%pheno_IC_F. Cela suggère également que l'efficacité de la sélection sur l'IC est plus importante quand des mâles supplémentaires sont phénotypés sur l'IC plutôt que des femelles.

2.3.4. Impact de l'apparentement entre individus sur le progrès génétique annuel de l'indice de consommation

Le ΔG_a de l'IC n'était pas significativement différent entre les scénarios +30%_CUDN et +30%_CUDN_ELOIGNE ($P < 0,001$). Les familles des pères étant déjà bien représentées avec 70 % des mâles phénotypés sur l'IC ou le CUDN, l'intérêt de choisir des nouveaux individus à phénotyper parmi les familles des pères les moins phénotypés sur l'IC semble limité. Ainsi, choisir de manière aléatoire les individus phénotypés pour l'efficacité digestive est la manière la plus simple de sélectionner les animaux et en plus cela n'impacte pas le ΔG_a de l'IC, quand une proportion significative de la population est déjà mesurée pour l'IC.

CONCLUSION

Les résultats déjà présentés dans la littérature suggéraient que la digestibilité pouvait être un caractère intéressant à intégrer dans les schémas de sélection pour améliorer l'efficacité

alimentaire car présentant une héritabilité modérée à élevée et favorablement corrélé avec l'IC.

Compte tenu de nos premiers résultats par simulation sur l'intégration de l'efficacité digestive dans les schémas de sélection des lignées paternelles, accorder un budget supplémentaire de 30 % pour phénotyper les porcs sur les trois CUD est prometteur car cela permet d'augmenter le ΔG_a de l'IC de +13 % en comparaison au schéma générique. En revanche, un impact défavorable sur le ΔG_a d'autres caractères contenus dans l'objectif de sélection comme l'A100, l'ELD, le X5 et le TEX a été constaté. Le prix de l'échantillon de digestibilité est actuellement de 20-25 €. Avec les améliorations de phénotypage de ce caractère qui sont en cours grâce au Projet Institut Carnot France Futur Elevage DigestOp, le coût de celui-ci pourrait diminuer et il sera encore plus économique de phénotyper des individus pour les trois CUD. L'intérêt de phénotyper plus de 1500 individus pour les trois CUD, ainsi que des individus moins apparentés à ceux déjà phénotypés sur l'IC semble limité car aucune amélioration du progrès génétique annuel de l'IC n'a été observée dans ces deux conditions. De la même manière, ces premiers résultats montrent que phénotyper des femelles sur les CUD ne semble pas être plus prometteur que de phénotyper des mâles.

Par la suite, des simulations supplémentaires au sein du scénario +30%_3CUD seront effectuées en jouant sur les pondérations associées à chaque caractère de l'index. L'objectif serait de trouver les pondérations idéales pour ne pas dégrader le progrès génétique annuel des caractères constituant l'objectif de sélection tout en améliorant le progrès génétique annuel sur l'IC. Des analyses de sensibilité seront également réalisées au sein du schéma générique afin d'évaluer la robustesse des simulations aux évolutions des paramètres génétiques des caractères liés à l'ED ou à l'EA.

REMERCIEMENTS

Ce projet bénéficie d'un soutien d'Alliance R&D, association regroupant les entreprises de sélection Axiom, Nucléus, Choice Genetics France et l'IFIP-Institut du Porc

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Carillier-Jacquín C., Ganier P., Bidanel J., Bouquet A., Hassenfratz C., Blanchet B., Déru V., Labussière E., Gilbert H., 2023. Influence de l'âge sur les paramètres génétiques des coefficients d'utilisation digestive. Journées Rech. Porcine, 55, 345-346.
- Déru V., Bouquet A., Labussière E., Ganier P., Blanchet B., Carillier-Jacquín C., Gilbert H., 2021. Genetics of digestive efficiency in growing pigs fed a conventional or a high-fibre diet. J. Anim. Breed. Genet., 138, 246-258.
- Gaynor R. C., Gorjanc G., Hickey J.M., 2021. AlphaSimR: an R package for breeding program simulations. G3, 11, jkaa017.
- Gilbert H., 2015. Sélection pour l'efficacité alimentaire chez le porc en croissance : opportunités et challenges. Journées Rech. Porcine, 47, 19-30.
- Gilbert H., Bouquet A., 2022. Modélisation de stratégies pour améliorer la sélection de l'efficacité alimentaire en cas d'interactions GxE. Journées Rech. Porcine, 54, 33-34.
- Gilmour A.R., Jøgel B.J., Cullis B.R., Thompson R., 2009. ASReml User Guide.
- Higham N., 2002. Computing the nearest correlation matrix – a problem for finance. IMA J. Num. Anal., 22, 329-343.
- Labussière E., Ganier P., Condé A., Janvier E., Van Milgen J., 2019. Development of a NIRS method to assess the digestive ability in growing pigs. 70th annual meeting of the european federation of animal science, Ghent, Belgium, p. 604.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D.A.L., Masuda Y., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z., 2018. Manual for BLUPF90 family programs. University of Georgia.
- Mei Q., Fu C., Li J., Zhao S., Xiang T., 2021. blupADC: An R package and shiny toolkit for comprehensive genetic data analysis in animal and plant breeding. bioRxiv.
- Patience J.F., Rossoni-Serão M.C., Gutiérrez N.A., 2015. A review of feed efficiency in swine: biology and application. J. Anim. Sci. Biotechnol., 6.
- R Core Team, 2021. R: A language and environment for statistical computing. R foundation for statistical computing, Vienna, Austria
- Phocas F., 2020. Chapitre 4 – La définition des objectifs de sélection. In : Verrier E., Milan D., Rogel-Gaillard C., Génétique des animaux d'élevage – diversité et adaptation dans un monde changeant, 55-69, Editions Quae.