

# Paramètres génétiques de la réponse immunitaire et covariation des caractères de croissance et de carcasse chez le porc

Jean-Pierre BIDANEL (1,2), Dorothée DESSON (1,2), Yvon BILLON, (3), Isabelle OSWALD (4), Jordi ESTELLE (1,2),  
Claire ROGEL-GAILLARD (1,2)

(1) INRA, UMR 1313, GABI, F-78350 Jouy-en-Josas, France

(2) AgroParisTech, UMR 1313, GABI, F-75231 Paris Cedex 05, France

(3) INRA, UE 967 GEPA, F-17700 Surgères, France

(4) INRA, UMR 1331 ToxAlim, F-31027 Toulouse, France

Jean-pierre.bidanel@jouy.inra.fr

Avec la collaboration technique de Gaëtan LEMONNIER (1), Catherine DENIS (1), Jean-Jacques LEPLAT (1),  
Jean BAILLY (3), Philippe EPAGNEAU (3), Philippe PINTON (4), Anne-Marie COSSALTER (4)

## Paramètres génétiques de la réponse immunitaire chez le porc et covariation des caractères de croissance et de carcasse.

Les héritabilités de 29 caractères de réponse immunitaire (RI) innée et adaptative et leurs corrélations génétiques avec le gain moyen quotidien entre 10 et 22 semaines d'âge (GMQ) et l'épaisseur de lard dorsal à 22 semaines d'âge (ELD) ont été estimées sur 911 porcs de race Large White, à l'aide de la méthode du maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multi-caractère. La RI a été mesurée à 9 semaines d'âge après vaccination contre *Mycoplasma hyopneumoniae* et/ou l'ovalbumine. Les valeurs d'héritabilité varient de 0 à 0,68 selon le caractère de RI. Les caractères de numération cellulaire et les concentrations en immunoglobulines ont des héritabilités moyennes similaires (0,31) et supérieures aux valeurs moyennes obtenues pour les taux de cytokines après stimulation (0,17). Les proportions des différentes populations de leucocytes et les niveaux des cytokines et interleukines IL-1B, IL-2, IL-4, IL-8, IFNG et TNF présentent des corrélations génétiques faibles et non significatives avec le GMQ et l'ELD. En revanche, des corrélations génétiques significatives avec le GMQ et l'ELD ont été estimées pour le taux de globules rouges, le nombre de plaquettes (PLT), les concentrations en immunoglobulines A et M, et le dosage des interleukines IL-6 et IL-12 après stimulation. Les corrélations avec le GMQ sont positives, sauf pour le paramètre PLT et les niveaux d'IL-6 et d'IL-12. Les corrélations avec ELD sont négatives, sauf pour PLT et les caractéristiques des hématies. Ces résultats sont très encourageants, mais demandent à être confirmés à plus grande échelle.

## Genetic parameters of immune response in pigs and covariation with growth and carcass traits

The heritability of 29 innate and adaptive immune response (IR) traits and their genetic correlations with average daily gain between 10 and 22 weeks of age (ADG) and backfat thickness at 22 weeks of age (BFT) were estimated on 911 Large White pigs using the restricted maximum likelihood method applied to a multivariate animal model. IR traits were measured at 9 weeks of age after vaccination against *Mycoplasma hyopneumoniae* and/or ovalbumin. Heritability values ranged from 0 to 0.68 depending on the IR trait. Blood count traits and immunoglobulin concentrations had similar average heritability (0.31), higher than that estimated for the levels of cytokines after stimulation (0.17 on average). The relative proportions of the different leukocyte populations and production of the cytokines IL-1B, IL-2, IL-4, IL-8, IFNG, TNF had low and non-significant genetic correlations with ADG and BFT. Conversely, significant genetic correlations with ADG and BFT were estimated for red blood cell counts, platelets (PLT), immunoglobulin A and M concentrations, IL-6 and IL-12 interleukin levels after stimulation. Genetic correlations with ADG were positive, except for PLT and IL-6 and IL-12 levels. Genetic correlations with BFT were negative, except for PLT and red blood cell counts. These results are very encouraging, but need be confirmed on a larger scale.

## INTRODUCTION

Au cours des dernières décennies, les schémas d'amélioration génétique du porc ont permis d'améliorer génétiquement l'efficacité de la croissance du tissu maigre, la composition de la carcasse et les caractères de reproduction femelle. La sélection s'est accompagnée d'une généralisation de l'insémination artificielle (IA) et de la mise en place d'une prophylaxie à la fois sanitaire, basée sur le respect de normes sanitaires drastiques, et médicale, basée sur la vaccination et l'antibiothérapie. Les risques liés à l'apparition de plus en plus fréquente d'antibiorésistances ont conduit à une remise en cause de cette stratégie au niveau européen, avec l'interdiction au début des années 2000 de l'utilisation des antibiotiques à des fins non thérapeutiques, en particulier comme facteurs de croissance, puis la mise en place en 2011 d'un plan national de réduction des risques d'antibiorésistance en médecine vétérinaire.

La réduction de l'utilisation des antibiotiques peut avoir des conséquences défavorables sur l'hygiène des troupeaux et les performances des animaux. Elle a rapidement suscité des interrogations quant aux effets de la sélection sur la sensibilité des animaux aux agents pathogènes et mis en évidence l'intérêt d'une sélection visant à réduire cette sensibilité, et plus globalement améliorer la robustesse des animaux.

L'amélioration des mécanismes de réponse immunitaire (RI) constitue une des voies d'approche les plus prometteuses pour atteindre cet objectif. C'est dans ce but que l'INRA développe depuis plusieurs années des programmes ambitieux visant à connaître de façon approfondie les bases génétiques et génomiques des mécanismes de la RI, et leurs relations avec la sensibilité des animaux aux agents pathogènes et les autres caractères d'intérêt.

Les premiers résultats ont montré l'existence d'une variabilité génétique significative de nombreuses composantes de la RI en race Large White (Floril *et al.*, 2011 ; Rogel-Gaillard *et al.*, 2011). L'objectif de l'étude présentée est, d'une part, de confirmer ces premiers résultats sur une population de plus grande taille et dans un environnement différent et, d'autre part, d'estimer les relations génétiques entre RI et caractères de croissance et de carcasse.

## 1. MATERIELS ET METHODES

### 1.1. Animaux

Les données analysées dans cette étude ont été mesurées sur 911 porcs de race Large White et de lignées femelles (LW) élevés dans l'unité expérimentale INRA de Génétique et Expérimentation en Production Animales (GEPA – 17700, Surgères) dans le cadre des projets ANR IMMOPIG et SUS FLORA. Les 455 porcs IMMOPIG (143 femelles, 229 mâles entiers et 83 mâles castrés) proviennent de 53 portées nées sur 5 bandes de mise bas en 2008-2009 et issues de 53 femelles et 29 verrats. Les 456 porcs SUS\_FLORA (230 mâles et 226 femelles) proviennent de 77 portées issues d'autant de truies et de verrats, nées sur 7 bandes de mise bas en 2011-2012.

Les porcelets ont été élevés dans les conditions standards de l'unité GEPA, sans toutefois recevoir de traitement vaccinal. Ils ont été sevrés à 4 semaines d'âge et placés dans, respectivement, 20 (IMMOPIG) et 15 (SUS\_FLORA) loges de post-sevrage.

A 5 semaines d'âge, l'ensemble des porcelets a été vacciné contre *Mycoplasma hyopneumoniae* (Stellamune, Pfizer). Les porcelets IMMOPIG ont de plus reçu une injection de vaccin anti-ovalbumine (vaccin modèle produit en laboratoire). Une semaine plus tard, les animaux IMMOPIG ont reçu une seconde injection de vaccin anti-ovalbumine, tandis que les animaux SUS\_FLORA recevaient une seconde injection de Stellamune. Trois semaines plus tard (à 61 jours d'âge en moyenne), l'ensemble des porcelets a fait l'objet de prélèvements sanguins au niveau de la veine jugulaire en vue de mesurer les différents paramètres de la RI.

A dix semaines d'âge, les animaux ont été transférés en bâtiment d'engraissement, où ils ont été élevés jusqu'à 22 semaines d'âge par loge de 10 à 12 porcs et nourris à volonté avec un aliment contenant 3200 kcal ED et 17% de MAT. Ils ont fait l'objet d'une pesée en début et en fin de période de contrôle (P10s et P22s, respectivement). Six mesures d'épaisseur de lard ont été réalisées au moment de la pesée de fin de contrôle à l'aide d'un appareil à ultrasons, à 4 cm de chaque côté de la colonne vertébrale au niveau des reins, du dos et de l'épaule.

### 1.2. Caractères

#### 1.2.1. Caractères de production

Deux caractères de production ont été considérés :

- le gain moyen quotidien (GMQ) entre 10 et 22 semaines d'âge, calculé comme le rapport  $(P22s - P10s) / (\text{âge à la mesure de P22s} - \text{âge à la mesure de P10s})$  ;
- l'épaisseur moyenne de lard dorsal (ELD), calculée comme la moyenne arithmétique des 6 mesures d'épaisseur de lard en fin de contrôle.

Pour ces deux caractères, les statistiques de distribution des valeurs et l'estimation des héritabilités figurent dans le tableau 1.

**Tableau 1** – Statistiques élémentaires et paramètres génétiques des 2 caractères de production

	GMQ (g/j)	ELD (mm)
Nombre d'observations	677	661
Moyenne	949	14,7
Ecart-type	124	2,31
Héritabilité ( $\pm$ erreur standard)	0,26 ( $\pm 0,07$ )	0,29 ( $\pm 0,08$ )

#### 1.2.2. Paramètres de la RI

Vingt-neuf paramètres de la RI ont été analysés dans cette étude :

- Douze paramètres sont issus d'une numération-formule sanguine réalisée par un laboratoire d'analyses médicales (VT-BIO, Secondigny, Deux-Sèvres) : le nombre total de leucocytes, les nombres de lymphocytes, de monocytes, de neutrophiles, d'éosinophiles, d'érythrocytes, de plaquettes et de globules rouges, le taux d'hémoglobine, l'hématocrite, le volume globulaire moyen, la concentration et la teneur corpusculaire moyenne en hémoglobine ;
- Les concentrations totales, mesurées par ELISA, en immunoglobulines (Ig) A, G et M, ainsi que les teneurs en IgG spécifiques contre *Mycoplasma hyopneumoniae* et contre l'ovalbumine ;

- La production de cytokines après stimulation *in vitro* du sang total par un mélange de Phorbol Myristate Acétate (PMA) et ionomycine pendant 48h (interleukines IL-2, IL-4, IL-10 et interféron gamma (IFNG)) ou par un mélange de PMA-ionomycine et lipopolysaccharide (LPS) pendant 24h (interleukines IL-1B, IL-6, IL-8, IL-12 et le facteur de nécrose tumorale TNF alpha) ;
- Les concentrations sériques en haptoglobine et protéine C réactive ;
- La capacité phagocytaire mesurée *in vitro*.

De plus amples détails sur les mesures de RI sont disponibles dans Flori *et al.* (2011). Ces 29 caractères ne représentent qu'une partie des mesures réalisées dans les 2 projets car l'ensemble des mesures du projet SUS\_FLORA n'était pas encore disponible au moment de l'étude, et nous avons privilégié les caractères pour lesquelles plus de 400 mesures individuelles étaient disponibles. Le nombre de données, les valeurs moyennes et les écarts-types des 29 caractères analysés sont présentés dans le tableau 2.

### 1.3. Analyses statistiques

Les analyses statistiques ont été réalisées après transformation logarithmique pour 19 des 29 caractères de RI (voir tableau 2). Les analyses préliminaires de construction du modèle utilisé pour l'estimation des paramètres génétiques ont été réalisées à l'aide des procédures GLM et MIXED du logiciel SAS. Le modèle retenu est un modèle animal multicaractère prenant en compte les effets fixes du sexe (3 niveaux), du groupe de contemporains (32 niveaux), de l'âge au prélèvement (pour les caractères de RI – 6 niveaux) et les effets aléatoires de la porte de naissance et de la valeur génétique additive de chaque animal. Le poids à la mesure a également été rajouté pour l'analyse d'ELD. Les paramètres génétiques des caractères de RI des animaux IMMOPIG et SUS-FLORA ont dans un premier temps été estimés séparément. Aucun des paramètres ne différait de façon significative entre groupes, les analyses finales ont porté sur l'ensemble des données. Seuls les résultats de ces analyses finales sont présentés.

**Tableau 2** - Statistiques élémentaires et valeurs d'héritabilité des caractères de RI

Caractère	Acronyme	Nombre animaux	Moyenne	Ecart-type	Transformation	Héritabilité (h <sup>2</sup> )	e.s. <sup>1</sup> (h <sup>2</sup> )
Hémogramme							
Nombre total de globules blancs (10 <sup>3</sup> /μl)	GB	911	17,7	4,2	Log	0,17	0,09
Nombre de lymphocytes (10 <sup>3</sup> /μl)	LYM	911	31,4	5,2		0,30	0,05
Nombre de monocytes (10 <sup>3</sup> /μl)	MON	911	7,5	1,1		0,60	0,07
Nombre de neutrophiles (10 <sup>3</sup> /μl)	NEU	911	61,1	5,8		0,33	0,05
Nombre d'éosinophiles (10 <sup>3</sup> /μl)	EOS	911	6,2	3,3	Log	0,42	0,14
Nombre de globules rouges (10 <sup>6</sup> /μl)	GR	911	7,0	1,1	Log	0,18	0,08
Taux d'hémoglobine (Hg - %)	HGB	911	11,0	1,7	Log	0,15	0,07
Hématocrite (%)	Ht	911	36,7	5,9	Log	0,15	0,07
Volume globulaire moyen (fL)	VGM	911	52,8	3,8		0,42	0,12
Concentration corpusculaire moyenne en Hg (g/100mL)	CCMH	911	15,8	1,0	Log	0,14	0,09
Teneur corpusculaire moyenne en Hg (pg)	TCMH	911	30,0	1,3	Log	0,41	0,12
Nombre de plaquettes (10 <sup>3</sup> /μl)	PLT	911	598	275		0,41	0,11
Concentrations en immunoglobulines (Ig)							
IgA totaux (ng/ml)	IgA	455	5,9	3,2	Log	0,68	0,17
IgG totaux (ng/ml)	IgG	454	13,2	5,1	Log	0,17	0,17
IgM totaux (ng/ml)	IgM	455	7,4	3,8	Log	0,36	0,13
IgG spécifiques contre <i>M. hyopneumoniae</i> <sup>2</sup>	IgG-Mh	455	32,4	61,5	Log	0,33	0,13
IgG spécifiques contre l'ovalbumine <sup>2</sup>	IgG-Ova	455	30153	18320	Log	0,00	0,00
Production de cytokines après stimulation sanguine avec PMA-Ionomycine							
Interleukine 2 (pg/ml) <sup>3</sup>	IL-2	454	1776	1144		0,20	0,06
Interleukine 4 (pg/ml) <sup>3</sup>	IL-4	455	360	264	Log	0,33	0,13
Interleukine 10 (pg/ml) <sup>3</sup>	IL-10	451	1306	510	Log	0,00	0,00
Interféron gamma (pg/ml) <sup>3</sup>	IFNG	441	2620	1056	Log	0,22	0,06
Production de cytokines après stimulation sanguine avec PMA-ionomycine et LPS							
Interleukine1B (pg/ml) <sup>4</sup>	IL-1B	454	1776	1144	Log	0,20	0,06
Interleukine 6 (pg/ml) <sup>4</sup>	IL-6	455	360	264	Log	0,33	0,13
Interleukine 8 (pg/ml) <sup>4</sup>	IL-8	451	1306	510		0,00	0,00
Interleukine 12 (pg/ml) <sup>4</sup>	IL-12	451	1306	510		0,00	0,00
Facteur de nécrose tumorale alpha (pg/ml) <sup>4</sup>	TNF	441	2620	1056		0,22	0,06
Autres caractères							
Phagocytose (%)	PHAG	431	31,9	8,5	Log	0,49	0,07
Niveau d'haptoglobine (mg/ml)	HAPT	430	35,6	152,4	Log	0,00	0,00
Niveau de protéine C-réactive (mg/ml)	CRP	419	113904	131688		0,22	0,20

<sup>1</sup>e.s. = erreur standard ; <sup>2</sup>unité arbitraire ; <sup>3</sup>Stimulation *in vitro* avec PMA-ionomycine pendant 48h ; <sup>4</sup>Stimulation *in vitro* avec PMA-ionomycine et LPS pendant 24h

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

### 2.1. Héritabilités

Les valeurs d'héritabilité obtenues pour GMQ et ELD sont modérées, légèrement inférieures aux moyennes de la littérature (respectivement, 0,32 et 0,45 (Ducos, 1994).

Les héritabilités des caractères de RI sont également en moyenne modérées (0,26 en moyenne pour l'ensemble des caractères) mais avec des variations importantes entre caractères (de 0 pour IgG-Ova, IL-8, IL-12 et HAPT jusqu'à 0,68 pour IgA). Les valeurs d'héritabilité sont en moyenne assez similaires pour les caractères de numération cellulaire et les concentrations en immunoglobulines (0,31 en moyenne pour les 2 groupes de caractères), les valeurs obtenues pour la production de cytokines étant globalement plus faibles (0,17 en moyenne).

Ces résultats, qui montrent clairement l'existence d'une variabilité génétique significative pour de nombreux paramètres de la RI, confirment ceux précédemment obtenus dans la même population Large White par Flori *et al.* (2011). Ils sont également globalement en accord avec les autres résultats disponibles dans la littérature (Edfors-Lilja *et al.*, 1994; Edfors-Lilja *et al.*, 1998; Mallard *et al.*, 1998; Henryon *et al.*, 2006a).

Il convient toutefois de noter que les valeurs obtenues dans cette étude sont souvent plus faibles que celles rapportées par Flori *et al.* (2011) obtenues sur la station de testage des porcs du Rheu (0,26 contre 0,44 en moyenne pour les 24 caractères communs aux 2 études). Dans le cas du paramètre haptoglobine, l'héritabilité est estimée nulle dans l'étude présente alors qu'elle avait été estimée à  $0,55 \pm 0,21$  précédemment. Même si ces différences sont vraisemblablement pour partie dues à la précision limitée des estimations, elles peuvent également résulter des différences dans le protocole de vaccination ou, de façon plus générale, d'une variabilité génétique dépendante du milieu. Une telle situation (existence d'interactions génotype x milieu) compliquerait singulièrement l'utilisation des paramètres de RI comme biomarqueurs de la sensibilité des animaux aux agents pathogènes.

Les résultats de Clapperton *et al.* (2008; 2009), qui ont comparé la variabilité génétique des paramètres de la RI dans des milieux de niveau sanitaire différent (SPF vs non SPF), tendent à montrer que certains paramètres, comme des sous-populations de leucocytes ou les protéines de la phase aiguë de l'inflammation, présentent une même variabilité génétique quel que soit le milieu. Parmi les caractères étudiés dans la présente étude, les concentrations en Immunoglobulines A et M, la phagocytose et le niveau de protéine C-réactive présentent des héritabilités élevées dans les 2 élevages et pourraient être des biomarqueurs potentiels de la sensibilité des animaux aux agents pathogènes. Les nombreux caractères restant à étudier dans le cadre du projet SUS\_FLORA restent également des biomarqueurs candidats qu'il convient d'examiner avant toute conclusion définitive.

### 2.2. Corrélations avec les caractères de production

Les corrélations génétiques entre les caractères de RI d'une part, le GMQ et l'ELD d'autre part, sont présentées dans le tableau 3. Certaines corrélations n'ont pu être estimées pour des raisons calculatoires (problème de convergence), de sorte

qu'aucune corrélation n'est présentée pour les 4 caractères IL-10, TNF, HAPT et PHAG. Les corrélations sont en général d'une faible précision, avec une erreur standard de 0,20 en moyenne.

Les corrélations génétiques entre les différentes populations lymphocytaires et les 2 caractères de production sont faibles et non significatives. La situation est différente pour les autres paramètres de numération cellulaire, plusieurs d'entre eux présentant des corrélations significatives avec les 2 caractères de production étudiés. GR, HGB et HTC présentent des corrélations négatives avec l'ELD et semblent peu liés au GMQ. VGM, TCMH et CCMH sont corrélés de façon significativement positive aux deux caractères de production.

**Tableau 3** - Corrélations génétiques entre caractères de numération cellulaire et caractères de production

Caractère <sup>1</sup>	GMQ <sup>(2)</sup>	ELD <sup>(2)</sup>
GB	0,00	-0,13
LYM	-0,01	0,13
MON	-0,14	-0,07
NEU	0,05	-0,09
EOS	0,25	0,17
GR	-0,22	-0,51 ***
HGB	0,24	-0,35 **
Ht	0,13	-0,41 **
VGM	0,38 ***	0,19
CCMH	0,43 ***	0,31 *
TCMH	0,57 ***	0,63 ***
PLT	-0,21 *	0,26 *
IgA	0,34 *	-0,55 ***
IgG	ne <sup>3</sup>	0,18
IgM	0,27	-0,55 **
IgG-Mh	0,02	0,12
IgG-Ova	0,07	-0,32
IL-2	-0,20	0,11
IL-4	-0,16	-0,33
IFNG	-0,22	-0,24
IL-1B	0,09	-0,14
IL-6	-0,56 **	Ne
IL-8	-0,22	0,02
IL-12	-0,68 **	Ne
CRP	ne	-0,06

<sup>1</sup>Voir le tableau 2 pour la définition des acronymes ; <sup>2</sup>\* = P<0,05 ; \*\* = P<0,01 ; \*\*\* = P<0,001 ; <sup>3</sup>ne = non estimé.

Les niveaux d'immunoglobulines totaux (IgA et IgM) présentent également des corrélations significatives, positives avec le GMQ et négatives avec l'ELD. Les relations avec les niveaux d'immunoglobulines spécifiques apparaissent par contraste faibles et non significatives. De même, la plupart des caractères de production de cytokines présentent des corrélations non significatives avec le GMQ et l'ELD. Deux exceptions sont toutefois à souligner, à savoir les fortes corrélations négatives entre les niveaux d'IL-6-LPS ou d'IL-12-LPS et le GMQ.

Globalement, ces résultats tendent à indiquer l'absence d'antagonisme marqué entre les deux caractères de

production et les caractères de RI que nous avons analysés. Un raisonnement simple basé sur les corrélations estimées du tableau 3 amènerait à conclure qu'une sélection visant à accroître le GMQ et diminuer l'ELD affecterait peu les populations de leucocytes et le niveau de la plupart des cytokines après stimulation, tendrait à augmenter les concentrations totales en immunoglobulines et le taux d'hémoglobine, mais réduirait le nombre de plaquettes. Une telle conclusion est bien entendu approximative, dans la mesure où elle ne prend pas en compte les relations entre caractères de RI et sous-estime largement la complexité des mécanismes biologiques sous-jacents.

Cette complexité est vraisemblablement un facteur explicatif de la grande hétérogénéité des résultats de la littérature. En effet, certaines études, comme l'expérience de sélection divergente sur un index de RI réalisée dans les années 1990 au Canada, montrent une réponse corrélative positive sur le GMQ à une sélection pour une forte RI (Mallard *et al.*, 1998), d'autres résultats concluent à l'existence de relations génétiques défavorables entre RI, tout particulièrement les cellules « Natural Killer » ou NK et la vitesse de croissance (Clapperton *et al.*, 2005a, b; Galina-Pantoja *et al.*, 2006; Clapperton *et al.*, 2008). L'examen précis des différents types cellulaires impliqués dans la RI, actuellement en cours dans le programme SUS\_FLORA, devrait nous permettre d'avoir des éléments de comparaison plus précis avec les résultats anglais.

L'utilisation de caractères de RI comme biomarqueurs de la sensibilité aux agents pathogènes est également une question fortement débattue dans la littérature. Les résultats de l'expérience de sélection canadienne (Mallard *et al.*, 1998) semblaient extrêmement prometteurs, mais les lignées ont été éliminées avant de pouvoir faire l'objet d'études approfondies de sensibilité aux agents pathogènes. Les relations entre des paramètres simples de RI (populations de lymphocytes, expression des gènes du complexe majeur d'histocompatibilité, concentrations en immunoglobulines) et

la sensibilité à différentes maladies (maladies respiratoires, boiteries,...) ont été caractérisées dans une étude danoise (Henryon *et al.*, 2006b). Aucune relation précise n'a pu être mise en évidence. Comme le soulignent par exemple Clapperton *et al.* (2009), la recherche des biomarqueurs les plus pertinents n'en est encore qu'à ses débuts. Elle progressera par une meilleure connaissance des mécanismes biologiques sous-jacents et de leur variabilité.

L'étude de cette variabilité et son utilisation en sélection dans le cadre de programmes de sélection génomique (Tribout *et al.*, 2011) peut être grandement facilitée par l'utilisation de puces de marqueurs SNP à haute densité. Un des volets des projets IMMOPIG et SUS\_FLORA porte précisément sur l'étude de l'architecture génétique des paramètres de RI à l'aide de la puce Porcine SNP60. Les premiers résultats qui en sont issus sont tout à fait prometteurs (Desson, 2012).

## CONCLUSION

Cette étude confirme les résultats précédemment obtenus par Flori *et al.* (2011) et quelques autres études quant à l'existence d'une variabilité génétique significative de nombreux paramètres de la RI chez le porc. Elle met également en évidence l'absence d'antagonisme génétique marqué entre paramètres de la RI et caractères de croissance et d'adiposité de la carcasse. Au vu de ces résultats, on peut penser que la sélection actuellement pratiquée chez le porc n'affecte pas de façon défavorable la RI.

D'autre part, certains paramètres semblent présenter une héritabilité élevée dans différents milieux. S'ils s'avèrent être des biomarqueurs pertinents de la sensibilité des animaux aux agents pathogènes rencontrés en élevage, une sélection visant à réduire cette sensibilité pourrait être envisagée.

De nombreux travaux restent toutefois nécessaires avant de parvenir à un tel objectif.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Clapperton M., Bishop S.C., Cameron N.D., Glass E.J., 2005a. Associations of acute phase protein levels with growth performance and with selection for growth performance in Large White pigs. *Anim. Sci.*, 81, 213-220.
- Clapperton M., Bishop S.C., Cameron N.D., Glass E.J., 2005b. Associations of weight gain and food intake with leukocyte sub-sets in Large White pigs. *Livest. Prod. Sci.*, 96, 249-260.
- Clapperton M., Diack A.B., Matika O., Glass E.J., Gladney C.D., Mellencamp M.A., Hoste A., Bishop S.C., 2009. Traits associated with innate and adaptive immunity in pigs: heritability and associations with performance under different health status conditions. *Genet. Sel. Evol.*, 41, 54.
- Clapperton M., Glass E.J., Bishop S.C., 2008. Pig peripheral blood mononuclear leucocyte subsets are heritable and genetically correlated with performance. *Animal*, 2, 1575-1584.
- Desson D., 2012. Investigating the genetic architecture of immune response parameters in pigs and their relationships with other economically important traits. European Master in Animal Breeding and Genetics. AgroParisTech, Paris, 26 p.
- Ducos A., 1994. Paramètres génétiques des caractères de production chez le porc. Mise au point bibliographique. *Techni-Porc*, 17, 35-67.
- Edfors-Lilja I., Wattring E., Magnusson U., Fossum C., 1994. Genetic variation in parameters reflecting immune competence of swine. *Vet. Immun. and Immunopath.*, 40, 1-16.
- Edfors-Lilja I., Wattring E., Marklund L., Moller M., Andersson-Eklund L., Andersson L., Fossum C., 1998. Mapping quantitative trait loci for immune capacity in the pig. *J. Immun.*, 161, 829-835.
- Flori L., Gao Y., Laloë D., Lemonnier G., Leplat J.J., Teillaud A., Cossalter A.M., Laffitte J., Pinton P., de Vaureix C., Bouffaud M., Mercat M.J., Lefèvre F., Oswald I.P., Bidanel J.P., Rogel-Gaillard C., 2011. Immunity Traits in Pigs: Substantial Genetic Variation and Limited Covariation. *Plos One*, 6, 7.
- Galina-Pantoja L., Mellencamp M.A., Bastiaansen J., Cabrera R., Solano-Aguilar G., Lunney J.K., 2006. Relationship between immune cell phenotypes and pig growth in a commercial farm. *Anim. Biotech.*, 17, 81-98.
- Henryon M., Heegaard P.M.H., Nielsen J., Berg P., Juul-Madsen H.R., 2006a. Immunological traits have the potential to improve selection of pigs for resistance to clinical and subclinical disease. *Anim. Sci.*, 82, 597-606.
- Henryon M., Sorensen P., Heegaard P.M.H., Nielsen J., Berg P., Juul-Madsen H.R., 2006b. Limited evidence that baseline levels of immunological traits provide useful selection criteria for resistance to clinical and sub-clinical disease in pigs. *Proc. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006.*
- Mallard B.A., Wilkie B.N., Kennedy B.W., Gibson J., Quinton M., 1998. Immune responsiveness in swine: eight generations of selection for high and low immune response in Yorkshire pigs. *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia. Vol. 27, pp. 257-264.*
- Rogel-Gaillard C., Flori L., Gao Y., Oswald I., Lefèvre F., Bouffaud M., Mercat M.J., Bidanel J.P., 2011. Décryptage du contrôle génétique des réponses immunitaires innées et adaptatives chez le porc Large White: une étude combinant des approches génétiques et fonctionnelles. *Journées Rech. Porcine*, 43, 27-31.
- Tribout T., Bidanel J.P., Phocas F., Schwob S., Guillaume F., Larzul C., 2011. La sélection génomique: principe et perspectives d'utilisation pour l'amélioration des populations porcines. *Journées Rech. Porcine*, 43, 13-25.