

L'évaluation génomique dans un schéma de croisement terminal

Llibertat TUSELL (1), Hélène GILBERT (1), Juliette RIQUET (1), Marie-José MERCAT (2), Andres LEGARRA (1), Catherine LARZUL (1)

(1) INRA, UMR1388 GenPhySE, 31320 Castanet-Tolosan, France

(2) IFIP, Domaine de la Motte au Vicomte, 35651 Le Rheu, France

catherine.larzul@toulouse.inra.fr

Genomic evaluation of pigs using a terminal-cross model

In crossbreeding schemes, within-line selection of purebred lines mainly aims at improving performance of crossbred progeny in field conditions. The genetic correlation between purebred and crossbred performance is an important parameter to be assessed to ascertain that purebred performance is a good predictor of crossbred performance. With the availability of high density markers, feasibility of using crossbred information for evaluating purebred candidates can be reevaluated. This study implements and applies to real data a single-step terminal-cross model to estimate genetic parameters of several production traits in Piétrain and Piétrain x Large White pigs.

Piglets were recorded for growth rate between 35 and 110 kg. Animals were genotyped using the 60K SNP chip. For each trait, purebred and crossbred performances were jointly analyzed. The purebred animals were evaluated through an animal model, whereas the additive genetic effect of a crossbred individual was decomposed into its purebred sire and dam allelic contribution effects. Piétrain genotypes were introduced in genetic evaluation in a single-step procedure. The same model but only accounting for pedigree information was compared to the genomic model in terms of breeding value accuracies obtained from the mixed model equations.

Genetic correlation between purebreds and sire allelic contribution to crossbred performance was high (0.84 and 0.79 for the genomic and the pedigree model, respectively). Breeding value accuracies of the genotyped animals obtained with the genomic model outperformed the pedigree model.

INTRODUCTION

L'intérêt d'utiliser le croisement est de bénéficier de la complémentarité entre les lignées parentales et des effets d'hétérosis au niveau des terminaux. Dans les schémas d'amélioration génétique, les individus des lignées parentales de race pure sont généralement sélectionnés sur des performances enregistrées sur des animaux de race pure, alors que la sélection vise à améliorer la performance des descendants croisés. Ainsi, l'amélioration génétique observée au niveau du noyau de sélection peut ne se retrouver que partiellement chez les descendants croisés élevés en conditions commerciales en raison de corrélations génétiques inférieures à 1 entre des phénotypes enregistrés sur les deux types d'animaux. Dans le contexte de la sélection génomique, il est opportun d'explorer les nouvelles possibilités offertes par le génotypage des animaux pour mieux prendre en compte les phénotypes d'animaux croisés pour sélectionner les animaux des lignées parentales. Dans cette étude, nous avons développé et testé un modèle en une seule étape (modèle SSt pour « single step ») (Aguilar *et al.*, 2010) pour l'estimation des paramètres génétiques et des valeurs génétiques dans une population constituée d'animaux purs et d'animaux croisés apparentés.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux

Un total de 654 porcelets mâles entiers Piétrain et 716 porcelets mâles entiers croisés Piétrain x Large White a été pris en compte dans les analyses. Ils ont été élevés dans la station de testage du Rheu et abattus à un poids fixe de 110 kg. Le caractère analysé est le gain moyen quotidien entre 35 kg et 110 kg (GMQ). Les généalogies des animaux purs et croisés ont été remontées jusqu'à cinq générations à partir des animaux phénotypés.

1.2. Génotypage

Les pères et les descendants de race pure ont été génotypés en utilisant la puce Illumina PorcineSNP60 BeadChip. Les SNP avec un taux de succès du génotypage < 0,90 et une fréquence de l'allèle minoritaire < 0,05 ont été retirés. Les génotypes manquants ont été imputés à l'aide d'une méthode basée sur les fréquences des allèles à chaque locus. Les animaux avec un taux de succès du génotypage < 0,90 ou incompatibles avec leurs parents n'ont pas été pris en compte dans l'analyse finale.

1.3. Analyses statistiques

Le modèle d'estimation des paramètres génétiques et des valeurs génomiques est une extension du modèle de Wei et Van der Werf (1994) qui inclut les génotypes des animaux de race pure. Dans ce modèle, les phénotypes des animaux purs et croisés sont considérés comme des caractères différents. Il y a d'une part l'effet génétique additif Piétrain pur et d'autre part l'effet génétique additif croisé. La valeur génétique additive des animaux croisés est elle-même décomposée en deux, une des composantes correspondant à la valeur génétique additive transmise par le père Piétrain, l'autre correspondant à la valeur génétique additive transmise par la mère Large White. Ce modèle permet d'estimer la variance génétique additive en Piétrain, et les variances génétiques additives des contributions alléliques des Piétrain et des Large White chez leurs descendants croisés. Il permet également d'estimer la covariance génétique entre les performances Piétrain et les performances des animaux croisés.

L'estimation des paramètres utilise donc l'information pedigree des animaux de race pure, et pour les animaux croisés, l'information pedigree Piétrain de leur père et l'information pedigree Large White de leur mère. Cette information permet de construire les deux matrices de parenté utilisées dans le modèle.

Avec l'utilisation de l'information génomique, la matrice de parenté Piétrain est remplacée par une matrice combinant à la fois la matrice de parenté et la matrice d'apparentement génomique construite à partir de l'information marqueur.

Les autres effets pris en compte sont le poids en début d'engraissement en covariable, la bande en effet fixe et la case d'engraissement, intra bande, en effet aléatoire. L'estimation des paramètres génétiques et des valeurs génétiques (VGE) a été réalisée avec le logiciel *GIBBS1f90* (Misztal *et al.*, 2002). Les deux modèles ont été comparés sur la base de la précision des valeurs génétiques estimées calculée à partir de l'erreur de prédiction des valeurs génétiques et du coefficient de consanguinité.

2. RESULTATS - DISCUSSION

La corrélation génétique estimée entre les effets additifs Piétrain et les effets additifs Piétrain transmis au descendant croisé est élevée pour le GMQ en tenant compte de l'information génomique ($r_g=0,84$, avec un intervalle de confiance à 95% compris entre 0,45 et 1,00) ou en ne tenant compte que de l'information pedigree ($r_g=0,79$, avec un intervalle de confiance à 95% compris entre 0,37 et 1,00). Ces résultats signifient que la mesure des performances sur des animaux de race pure est efficace pour améliorer les performances en croisement, tout du moins lorsque ceux-ci sont élevés dans les mêmes conditions. Cela indique également que la variance

génétique est essentiellement due à l'additivité des effets génétiques et donc que les effets non additifs sont très limités.

Tableau 1 – Précision moyenne (et écart-type) des valeurs génétiques estimées en tenant compte de l'information génomique et écart avec la précision obtenue sans l'information génomique.

	Moyenne	Ecart
En pur		
Descendants	0,58 (0,03)	0,05 (0,02)
Pères	0,66 (0,04)	0,04 (0,02)
En croisés		
Descendants	0,51 (0,03)	0,04 (0,03)
Pères	0,70 (0,05)	0,02 (0,01)

Que ce soit pour les performances en pur ou en croisé, la précision des VGE est augmentée lorsque l'information génomique est intégrée dans le modèle (Tableau 1). Pour l'estimation des valeurs génétiques en pur ou en croisement, les VGE des pères ont une précision plus élevée que les descendants de race pure. Cette différence s'explique par le fait que les pères ont globalement plus d'information. Pour les performances croisées, la plus grande précision des pères s'explique par le fait que la valeur génétique est estimée directement via l'effet génétique transmis aux descendants croisés. Pour les descendants de race pure, cette valeur génétique est estimée sur ascendance.

CONCLUSION

Un modèle d'évaluation utilisant simultanément les informations phénotypiques et génomiques d'animaux de race pure et phénotypiques d'animaux croisés peut être mis en place de manière simple avec les logiciels existants. Compte tenu des corrélations génétiques élevées estimées les performances en pur et en croisement, la sélection en race pure est efficace pour améliorer les performances en croisement quand l'environnement d'élevage est identique. Néanmoins, la prise en compte de l'information phénotypique et génomique obtenue sur des animaux apparentés de race pure et de type croisé améliore la précision des valeurs génétiques dans les schémas de sélection basées sur le croisement.

REMERCIEMENTS

Cette étude a reçu le soutien financier de l'INRA (Métaprogramme SelGen Seldir). Les données sont issues du programme Utopige financé par l'ANR (ANR-10-GENOM_BTV-015 UtOplGe) et Bioporc (ADN, Choice Genetics France, Gene+, Nucleus).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aguilar I., Misztal .I, Johnson D.L., Legarra A., Tsuruta S., Lawlor T.J., 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J Dairy Sci.*, 93, 743-752.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc. Conference "7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production", Montpellier, France, Communication N° 28-07.
- Wei M., Van der Werf J.H.J., 1994. Maximizing genetic response in crossbreds using both purebred and crossbred information. *Anim. Sci.*, 59, 401-413.