

Prise en compte du génotype halothane dans l'évaluation génétique de la population Piétrain

Sandrine SCHWOB (1, 2), Thierry TRIBOUT (2), Christophe BAZIN (1), Isabelle DELAUNAY (1), Joël BIDANEL (1), Catherine LARZUL (2)

(1) IFIP – Institut du Porc, La Motte au Vicomte, BP 35104, F-35651 Le Rheu Cedex

(2) INRA, UMR1313, Génétique Animale et Biologie Intégrative, Domaine de Vilvert, F-78350 Jouy-en-Josas

sandrine.schwob@ifip.asso.fr

Genetic evaluation of French Pietrain pigs including the halothane genotype

The halothane sensitivity allele (n) is segregating in the French Pietrain breed. Currently, the halothane genotype is used for the choice of young candidates even if it is not included in the genetic evaluation. This study was conducted to determine if the addition of the halothane genotype in the genetic evaluation of the French Pietrain population could improve the accuracy of the estimates of breeding values. Records were available for 47,804 Pietrain pigs of known halothane genotype (6,211 NN, 8,151 Nn, 33,442 nn). Average daily gain, daily feed intake, feed conversion ratio, lean mean content, carcass dressing percentage and meat quality index were recorded on 2,147 females between 2002 and 2008 in the French test stations. Age, backfat thickness and loin depth at 100 kg were recorded on 45,657 pigs in French selection herds during the same period. Two statistical models were compared, one including the halothane genotype as fixed effect (M2) and the other not (M1). Variance components used for predicting breeding values were estimated for the nine traits. Heritability estimates varied from 0.33 to 0.57 for M1 and 0.34 to 0.59 for M2, and were therefore higher than those used in the current genetic evaluation. Breeding values were then estimated using the models M1 or M2. Correlations between M1 and M2 estimates of breeding values were very high for each trait except for carcass dressing percentage, whatever the halothane genotype. According to Kendall correlation coefficients, including the halothane genotype in the genetic evaluation has an impact on the ranking of animals, particularly for the heterozygous ones.

INTRODUCTION

Dans la population française Piétrain, les animaux sont sélectionnés, d'une part, selon leur génotype au locus Hal de la sensibilité à l'halothane (NN, Nn, ou nn) et, d'autre part, à l'aide d'un indice de sélection classique. Cette stratégie conduit à des résultats vraisemblablement sub-optimaux. L'objectif de cette étude, mise en place pour répondre aux attentes des sélectionneurs, est d'évaluer l'intérêt de la prise en compte du génotype halothane dans l'évaluation génétique de la population française Piétrain.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Données

L'étude porte sur neuf caractères mesurés sur des animaux de race Piétrain entre 2002 et 2008, lors du contrôle en ferme ou en station. D'une part, six caractères ont été mesurés sur les femelles contrôlées dans les stations publiques : le gain moyen quotidien (GMQ), la consommation moyenne journalière (CMJ) et l'indice de consommation (IC) au cours de la période d'engraissement (35-100 kg), le rendement de carcasse (RDT), le taux de muscle des pièces (TMP) et l'indice de qualité de la viande (IQV). D'autre part, trois caractères ont été mesurés en ferme sur des mâles entiers et des femelles : l'âge à 100 kg (AGE), l'épaisseur moyenne de lard dorsal (ELD) et l'épaisseur moyenne de noix de côtolette (X5) à 100 kg.

1.2. Reconstitution des génotypes

La connaissance du génotype halothane de tous les animaux considérés dans cette étude est nécessaire.

Or, les animaux Piétrain contrôlés en station ou en ferme ne sont pas tous génotypés. Le génotype nn a été appliqué aux animaux fondateurs non génotypés.

Un programme développé par Druet et al. (2008) a permis d'affecter un génotype aux animaux de génotype inconnu à partir des génotypes connus de leurs apparentés.

Il a également permis de vérifier les génotypages obtenus par analyse en laboratoire et d'identifier des incompatibilités. Les génotypes de 175 femelles contrôlées en station et de 28 698 animaux contrôlés en ferme ont ainsi pu être reconstitués et ajoutés aux génotypes déjà connus pour obtenir un total de 47 804 animaux Piétrain de génotype connu (6 211 NN, 8 151 Nn et 33 442 nn) : 2 147 femelles ayant des performances pour GMQ, CMJ, IC, TMP, RDT et IQV et 45 657 animaux ayant des performances pour AGE, ELD et X5.

1.3. Analyses statistiques

Les composantes de la variance et les valeurs génétiques des animaux ont été estimées à partir de deux modèles, l'un prenant en compte l'effet fixe du génotype halothane (M2), l'autre non (M1).

Dans le modèle M2, l'effet du génotype halothane est constitué de trois classes : NN, Nn, nn. Ces deux modèles

prennent en compte l'effet fixe de la combinaison année x station x bande de contrôle (pour les caractères mesurés en station) ou de la combinaison année x élevage x bande x sexe (pour les caractères mesurés en ferme), sauf pour les données IQV qui ont été pré-corrigées pour les effets de la série d'abattage et du site de contrôle. Les modèles prennent également en compte les effets aléatoires de la portée de naissance et de la valeur génétique additive individuelle, ainsi que la régression linéaire sur le poids en début de contrôle (pour GMQ, CMJ, IC) ou sur le poids vif à l'abattage (pour TMP, RDT, IQV).

Les paramètres génétiques ont été estimés par la méthode REML appliquée à un modèle animal (Patterson et Thompson, 1971). Puis, les valeurs génétiques des animaux ont été estimées pour chaque caractère, avec chacun des modèles M1 et M2, à l'aide du logiciel PEST (Groeneveld et Kovac, 1990). Pour les animaux d'ascendance non renseignée, des groupes de parents inconnus ont été définis selon leur date de naissance et leur origine géographique. Les corrélations de Pearson (corrélation linéaire) et de Kendall (corrélation de rang) ont été calculées, par classe de génotype, entre les valeurs génétiques obtenues avec M1 et M2.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les héritabilités estimées en utilisant les modèles M1 et M2 (tableau 1) sont proches pour la plupart des caractères analysés, excepté pour TMP (0,42 pour M1 contre 0,52 pour M2). Les héritabilités les plus élevées sont observées pour les caractères de croissance GMQ et CMJ dans les deux modèles. Le caractère le moins héritable est IQV (0,33 pour M1 et 0,34 pour M2). Ces héritabilités sont plus élevées que celles utilisées actuellement dans l'évaluation génétique collective de la population Piétrain, estimées en 2001, notamment pour GMQ (0,47), IC (0,23), RDT (0,28), IQV (0,23) et X5 (0,30). Le tableau 2 présente les corrélations entre les valeurs génétiques estimées à partir de M1 et M2.

Les corrélations linéaires sont très élevées, quel que soit le génotype considéré, y compris pour ELD et X5. Pour ces deux caractères, on pouvait s'attendre à des différences entre les modèles M1 et M2 car, selon Guéblez et *al.* (1995), le génotype halothane exerce un effet très significatif sur la composition corporelle. Seule la corrélation linéaire entre les valeurs génétiques estimées pour RDT est plus faible (entre 0,65 et 0,92 selon le génotype). Les corrélations de rang de Kendall sont moins élevées que les corrélations de Pearson. La prise en compte du génotype halothane dans l'évaluation semble avoir un impact sur le classement des animaux, particulièrement pour les animaux hétérozygotes Nn. Les animaux porteurs de l'allèle N sont plus fortement pénalisés dans le modèle M1.

CONCLUSION

Les paramètres génétiques utilisés actuellement dans l'évaluation génétique de la population Piétrain ont été estimés en 2001. L'actualisation des paramètres génétiques, en prenant en compte le génotype halothane comme effet fixe, devrait permettre d'améliorer la qualité de l'évaluation génétique des animaux Piétrain. Cette première étude montre qu'une telle évaluation génétique ne pose pas de problème majeur sur le plan calculatoire. En revanche, elle nécessite la remontée de l'information moléculaire dans la base d'indexation. Pour utiliser cette information en routine, il sera donc indispensable de développer un circuit de collecte et de stockage des données moléculaires fiable et rapide. Par ailleurs, une réflexion doit être menée sur la stratégie optimale concernant les génotypes manquants. Cette étude s'inscrit dans un projet plus large d'utilisation de données moléculaires dans les programmes d'amélioration génétique du porc, qui devrait aboutir à la mise en place d'une sélection assistée par gènes/marqueurs au sein des populations porcines sélectionnées.

Cette étude a été financée par le Ministère de l'Agriculture.

Tableau 1 – Héritabilités estimées¹ de neuf caractères de production en race Piétrain.

	GMQ	CMJ	IC	TMP	RDT	IQV	AGE	ELD	X5
M1	0,57	0,51	0,46	0,42	0,42	0,33	0,39	0,46	0,41
M2	0,59	0,57	0,44	0,52	0,42	0,34	0,39	0,45	0,41

¹Les erreurs standards des estimées sont comprises entre 0,02 et 0,07

Tableau 2 – Corrélations linéaires de Pearson et corrélations de rang de Kendall entre les valeurs génétiques obtenues à partir des modèles M1 et M2 selon le génotype halothane.

		GMQ	CMJ	IC	TMP	RDT	IQV	AGE	ELD	X5
NN	Pearson	0,98	0,97	0,98	0,96	0,85	0,93	1,00	0,98	1,00
	Kendall	0,89	0,84	0,88	0,82	0,67	0,76	0,97	0,90	0,96
Nn	Pearson	0,99	0,97	0,95	0,88	0,65	0,92	0,99	0,94	0,99
	Kendall	0,89	0,84	0,78	0,67	0,43	0,74	0,94	0,77	0,91
nn	Pearson	0,99	0,98	0,99	0,97	0,92	0,98	1,00	0,99	1,00
	Kendall	0,89	0,88	0,91	0,85	0,76	0,89	0,96	0,93	0,97

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Druet T., Fritz S., Boussaha M., Ben-Jemaa S., Guillaume F., Derbala D., Zelenika D., Lechner D., Charon C., Boichard D., Gut I.G., Eggen A., Gautier M., 2008. Fine mapping of quantitative trait loci affecting female fertility in dairy cattle on BTA03 using a dense single-nucleotide polymorphism map. *Genetics*, 178, 2227-2235.
- Groeneveld E., Kovac M., 1990. A generalized computing procedure for setting up and solving mixed linear models. *J. Dairy Sci.*, 73, 513-531.
- Guéblez R., Paboeuf F., Sellier P., Bouffaud M., Boulard J., Brault D., Le Tiran M.-H., Petit G., 1995. Effet du génotype halothane sur les performances d'engraissement, de carcasse et de qualité de la viande du porc charcutier. *Journées Rech. Porcine*, 27, 155-164.
- Patterson H.D., Thompson R., 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58, 545-554.