

Analyse d'association tout génome de phénotypes liés à la croissance et à la qualité de viande dans une population Duroc en sélection

Émilie TOSSER (1), Audrey GANTEIL (1,2), Aurélie LE DREAU (1), Bruno LIGONESCHE (1)

(1) SAS Nucleus, 35650 Le Rheu

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

audrey.ganteil@inrae.fr

Genome-wide association analysis of phenotypes related to growth and meat quality in a selected Duroc population

Currently, pig breeding companies benefit from access to precision tools for genotyping and phenotyping their animals. These data contribute to animal genetic improvement programs, define new breeding goals and help respond to new consumer expectations, particularly for meat quality. To characterize more precisely the genetic determinism of growth, carcass composition and meat quality, and to highlight the genomic markers of the associated traits, we performed a genome-wide association study (GWAS) on a selected Duroc population, a breed recognized in particular for its meat quality. A total of 430 Duroc pigs were genotyped using the Porcine SNP60 Beadchip, and inspected for quality control of growth, carcass composition and meat quality. Of the 64,432 SNPs of the chip, 43,313 passed the quality control and were used for GWAS. A total of 56 regions with significant effects ($P < 10^{-4}$) were identified for SNPs distributed on all chromosomes except SSC7, SSSC8 and SSC17. Five of these regions had been previously described. Two had significant effects on growth, three on carcass composition and two on meat quality. The SH3GL2 gene in particular, located on SSC1, was highlighted for its effect on carcass composition. Many of the QTLs detected had not yet been reported by other studies. Our study highlighted some QTLs that could be of interest for a future genomic selection program for this Duroc population.

INTRODUCTION

Le génotypage SNP a favorisé le développement d'études d'association pangénomiques (GWAS) qui ont permis de révéler des loci de traits quantitatifs (QTL) pour un grand nombre de caractères chez le porc. En 2013, un total d'environ 8 300 QTL pour plus de 600 traits phénotypiques a été signalé (Sanchez *et al.*, 2014). Pour la race Duroc, plusieurs études GWAS ont été réalisées, notamment sur la qualité de la viande, la composition des carcasses, et les performances de production (Bertolini *et al.*, 2018; Sato *et al.*, 2016; Soma *et al.*, 2011)

L'objectif de cette étude est de mettre en évidence d'éventuelles associations entre des marqueurs SNP et des caractères d'intérêt en production dans une population Duroc en sélection.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux et phénotypes

Au total, 7102 animaux de race pure Duroc provenant d'un même élevage ont été testés. Ces animaux ont été pesés à leur naissance, puis à leur sevrage soit à 28 jours. Dans cette étude, nous avons étudié les performances de croissance suivantes : gain moyen quotidien (GMQ) naissance-sevrage, GMQ sevrage-contrôle de performances (soit d'environ 28 jours d'âge jusqu'à 145 jours d'âge) et l'âge à 100 kg (A100). Nous disposons de

cinq caractères informatifs sur la composition de la carcasse : le taux de muscle des pièces (TMP) et deux de ses composantes, l'épaisseur de gras G3 et de muscle M3, l'épaisseur de la noix de côtelette X5100 et l'épaisseur de lard dorsal L100. Enfin, nous avons six caractères pour la qualité de la viande, le taux d'exsudat, le gras intramusculaire (GIM) et les pH à 6h et 24h sur le jambon et la pointe de la longe, respectivement pH1, pH2, pH3 et pH4.

1.2. Génotypage et contrôle qualité

Pour cette étude, nous avons choisi 430 animaux issus de 96 pères différents, afin de maximiser la diversité génétique. Ils ont été génotypés par le laboratoire Labogena via la puce Illumina PorcineSNP60. Le contrôle qualité des données génomiques a été réalisé avec le logiciel PLINK. Seuls les marqueurs présents sur les autosomes ont été conservés pour l'analyse. Les animaux ayant moins de 90% de SNP génotypés ont été exclus. Les SNP génotypés chez moins de 95% des individus, avec une MAF (Minimum Allele Frequency) inférieure à 5% et ne respectant pas l'équilibre d'Hardy-Weinberg ont également été retirés. Finalement, 43 313 SNP et 424 animaux ont été conservés pour l'étude d'association.

1.3. Analyses d'association pangénomique

Chaque caractère a été ajusté pour des effets d'environnement par un modèle linéaire spécifique. Ces derniers ont été réalisés sur le logiciel R grâce à la fonction `lm`, ou `lmer` pour les modèles

mixtes. Les résidus des modèles ont ensuite été utilisés pour la GWAS. Les associations entre chaque SNP et les caractères d'intérêt ont été estimées avec des modèles linéaires mixtes univariés du logiciel GEMMA.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Dans le tableau 1, sont présentés les modèles utilisés pour la correction des effets d'environnement pour les caractères ainsi

que les moyennes et écart-type de ces derniers.

Pour la GWAS, nous avons choisi de considérer comme significatifs les effets des SNP sur les phénotypes uniquement si ces derniers possédaient une p-value inférieure à 10^{-4} , comme proposé par (Sanchez *et al.*, 2012). Nous avons ainsi obtenu 59 associations SNP-caractère significatives. Chaque caractère présente au moins deux SNP significatifs, se répartissant sur tous les chromosomes sauf le 7, 8 et 17 (Figure 1).

Tableau 1 – Description des modèles utilisés pour la correction des caractères pour les effets d'environnement.

Caractères (y)	Modèles	Moyenne et écart-type des caractères
pH1 - pH2 - pH3 - pH4	$y = \text{sexe} + \text{date tuerie} $	$6,10 \pm 0,25 - 6,35 \pm 0,26 - 5,73 \pm 0,18 - 5,78 \pm 0,19$
GIM	$Y = \text{sexe} + \text{poids de contrôle} + \text{technicien/bande}$	$2,20 \pm 0,70$
Taux d'exsudat	$Y = \text{bande} + \text{poids de l'échantillon} + \text{date tuerie} $	$0,03 \pm 0,02$
TMP - G3 - M3	$Y = \text{sexe} + \text{bande} + \text{poids chaud}$	$60,03 \pm 2,23 - 14,57 \pm 3,95 - 73,33 \pm 6,98$
A100 - L100 - X5100	$Y = \text{sexe} + \text{bande}$	$139,86 \pm 9,88 - 10,93 \pm 1,77 - 57,31 \pm 6,94$
GMQ naissance-sevrage	$Y = \text{bande} + \text{poids naissance}$	$57,31 \pm 6,94$
GMQ sevrage-contrôle	$Y = \text{sexe} + \text{bande} + \text{poids sevrage}$	$698,26 \pm 95,63$

[...] : effet aléatoire ; / : interaction

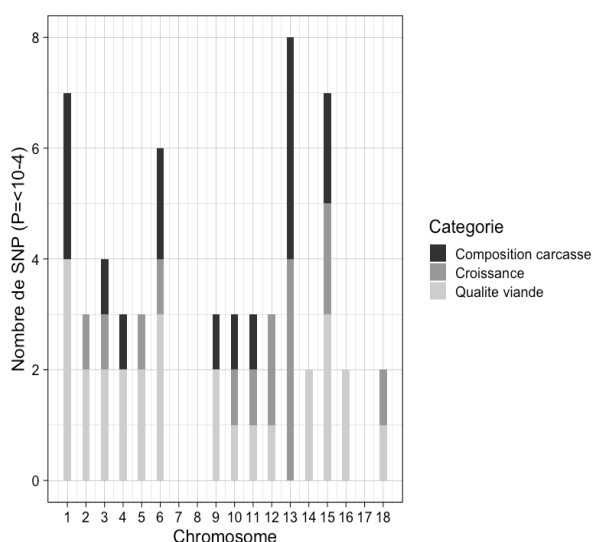


Figure 1 – Nombre de SNP avec un effet significatif selon les catégories par chromosome.

Afin de définir des régions d'intérêt autour des SNP significatifs, nous avons défini une zone de 1Mb centrée autour de chaque SNP (Zhang *et al.*, 2016). Nous avons ainsi obtenu 56 régions génomiques. Nous avons comparé nos résultats à ceux de précédentes études chez le Duroc. Nous mettons seulement en évidence une région sur SCC1 de 6,8 à 7,8 Mb associée au pH4

dans notre étude et précédemment identifiée comme associée à l'exsudat de la viande (Sato *et al.*, 2016).

Afin d'approfondir cette analyse sur les régions génomiques associées à différents caractères dans la population Duroc d'intérêt, nous avons choisi de réaliser une détection de gènes. Nous avons focalisé la détection de gènes sur les régions contenant au moins un SNP avec une p-value inférieure à 10^{-5} , soit ici cinq régions différentes réparties sur SSC1, SSC3, SSC6 et SSC15. Pour chaque gène détecté, une analyse de la littérature a été réalisée. Ainsi, nous avons retenu comme gène d'intérêt *SH3GL2*, identifié sur SSC1 dans une région affectant le TMP. Ce gène a été précédemment mis en évidence pour son influence sur l'obésité des porcs (Kogelman *et al.*, 2014).

CONCLUSION

Cette étude présente une détection de QTL via une analyse d'association pangénomique, dans une population de Duroc en sélection, pour des performances de croissance, de composition de carcasse et de qualité de la viande. Nous avons mis en évidence des régions génomiques associées à ces caractères qui n'avaient jamais été identifiées en Duroc à ce jour. Un dispositif avec plus d'animaux génotypés pourrait permettre la mise en évidence de SNP, associés à des phénotypes, de manière plus significative et ainsi d'envisager de les intégrer à un futur programme de sélection génomique de cette population Duroc.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bertolini F. et al, 2018. Genome-wide association studies for seven production traits highlight genomic regions useful to dissect dry-cured ham quality and production traits in Duroc heavy pigs. *Animal*, 12, 1777-1784.
- Kogelman L.J.A., Pant S.D., Fredholm M., Kadamideen H.N., 2014. Systems genetics of obesity in an F2 pig model by genome-wide association, genetic network, and pathway analyses. *Front. Genet.*, 5, 214.
- Sanchez M.-P. et al, 2014. A genome-wide association study of production traits in a commercial population of Large White pigs: evidence of haplotypes affecting meat quality. *Genet. Sel. Evol.*, 46, 12.
- Sanchez P. et al, 2012. Cartographie fine de régions QTL à l'aide de la puce Porcine SNP60 pour l'ingestion, la croissance, la composition de la carcasse et la qualité de la viande en race Large White. *Journ. Rech. Porc.*, 44, 7-12.
- Sato S. et al, 2016. SNP- and haplotype-based genome-wide association studies for growth, carcass, and meat quality traits in a Duroc multigenerational population. *BMC Genet.*, 17, 60.
- Soma Y. et al, 2011. Genome-wide mapping and identification of new quantitative trait loci affecting meat production, meat quality, and carcass traits within a Duroc purebred population. *J. Anim. Sci.*, 89, 8.