

Modélisation de stratégies pour améliorer la sélection de l'efficacité alimentaire en cas d'interactions GxE

Alban BOUQUET (1) et Hélène GILBERT (2)

(1) IFIP-Institut du Porc, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex, France

(2) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, 24 Chemin de Borde Rouge, 31320 Castanet Tolosan, France

helene.gilbert@inrae.fr

Modelling strategies to improve selection for feed efficiency in the presence of G x E interactions

Feed efficiency is selected from records of selection nuclei for a small proportion of candidates for selection. This is sub-optimal when G x E interactions exist between selection and production farms. The present study aimed at setting reference values for collecting new data in this context. Breeding schemes for a pig sire line were run with the ZPlan+ software, varying the proportions of phenotyped candidates, magnitude of G x E interactions and genetic parameters for a proxy of feed efficiency. When no records were available in the production environment, recording feed efficiency of 50% of the male candidates led to a genetic progress of $-0.25\sigma_g$ after one selection cycle. When G x E interactions occurred, the genetic gain was reduced to $-0.12\sigma_g$ when the genetic correlation between the environments was 0.50, and by $-0.20\sigma_g$ when it was 0.80. Recording a proxy with 0.40 heritability and 0.50 genetic correlation with feed efficiency in the selection environment led to a 5-30% gain in genetic progress compared to scenarios with no proxy, if less than 30% of the male candidates were phenotyped for feed efficiency in the selection herds. The gains in genetic progress were largest when females and males were measured for the proxy. However, the highest break-even cost was obtained when measuring proxies only from males with no records for feed efficiency, with maximum break-even costs of 25€ per animal, and ranges of 5-10€ for the most realistic scenarios. This study was performed within the ANR MicroFeed (ANR-16-CE20-0003) project.

INTRODUCTION

L'amélioration de l'efficacité alimentaire repose sur l'enregistrement de performances en élevages de sélection pour une fraction des candidats à la sélection. Ces animaux sont parents ou grands-parents des porcs croisés élevés dans les fermes de production. En présence d'interaction génétique x environnement (G x E) entre environnements de sélection et de production, cette stratégie est suboptimale : les meilleurs animaux en sélection ne sont alors pas toujours les meilleurs en production. Ces interactions sont typiquement quantifiées par l'estimation de corrélations génétiques entre caractères mesurés dans les deux environnements, une corrélation inférieure à 0,80 étant indicatrice d'interactions G x E pénalisant la réalisation des performances dans l'environnement non considéré pour la sélection (Mulder et Bijma, 2005). Ces corrélations génétiques pour l'efficacité alimentaire sont estimées entre 0,50 et 0,70 (Wientjes et Calus, 2017). Les causes de ces corrélations sont des effets environnementaux (alimentation, conditions d'ambiance, sanitaire...), et génétiques (races pures vs porcs croisés) différents entre sélection et production. Tusell *et al.* (2016) ont isolé la composante génétique en estimant ces corrélations entre des animaux de race pure et croisés élevés dans un même élevage, et ont trouvé des corrélations proches de 1 pour l'efficacité alimentaire, suggérant que l'essentiel des interactions rapportées par Wientjes et Calus (2017), pour ce caractère,

correspond à des différences environnementales. Notre étude a pour objectif d'identifier les conditions de collecte de données complémentaires qui consolideraient les gains génétiques pour l'efficacité alimentaire dans un contexte de G x E.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Schémas de sélection modélisés

Les schémas de sélection ont été simulés avec le logiciel ZPlan+ (Täubert *et al.*, 2010), selon une structure typique de lignée paternelle, avec 1000 truies, 100 verrats et 8000 candidats à la sélection par cycle (4000 mâles et 4000 femelles). Neuf caractères ont été simulés, avec des paramètres génétiques usuels de populations paternelles. Les âges à 100 kg (A100), épaisseur de lard dorsal (ELD) et épaisseur de muscle (X5) étaient mesurés sur tous les candidats et candidates à la sélection. Les taux de muscle des pièces (TMP), rendement de carcasse (RDT) et indice de qualité de la viande (IQV) étaient mesurés après abattage sur 50% des candidats non retenus au contrôle en ferme (collatéraux). L'indice de consommation (IC) dans l'environnement de sélection était mesuré sur une fraction « propmal » des mâles candidats. L'IC dans un environnement alternatif (ICalt), de même héritabilité que IC et avec une corrélation génétique (r_g) variant entre 0,3 et 1 avec IC, était mesuré sur une fraction des collatéraux. Un caractère fictif (FIC), mesuré sur tous les candidats, d'héritabilité 0,30 et non corrélé aux autres caractères, captait les pertes de charge d'un schéma de sélection pour obtenir des prédictions de progrès

génétique réalistes. Un objectif de sélection $H = 33\%*FIC + 67\%*(50\%*ICalt + 10\%*A100 + 15\%*TMP + 15\%*IQV + 10\%*RDT)$ a été simulé.

Les paramètres variables étaient : la proportion de candidats avec des mesures pour IC (0 à 100%), propmal, et la proportion de collatéraux mesurés pour ICalt (0 à 1200). Un proxy, mesuré sur tous les candidates et candidats à la sélection, ou uniquement sur les mâles non mesurés pour IC, a été simulé avec une héritabilité (h^2) de 0,20 ou 0,40 et une corrélation génétique r_{gp} variant de 0,30 à 0,70 avec IC.

1.2. Critères de comparaison des scénarios

Le gain de progrès génétique sur ICalt par cycle a été évalué par scénario, par rapport à des scénarios sans mesure d'ICalt ni du proxy. Le coût de la mesure additionnelle pour atteindre le seuil de rentabilité a été évalué, en supposant 50% du gain génétique transmis à la descendance (voie maternelle non considérée) et un écart type génétique de 0,10 pour ICalt, trois millions de porcs produits par cycle, 90 kg de gain de poids en croissance-finition, 250 € par tonne d'aliment, et 50 € par mesure de IC.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1.1. Mesures d'ICalt

Quand il n'y a pas de mesures ICalt (scénario actuel), augmenter propmal permet d'augmenter le progrès génétique sur ICalt grâce aux corrélations génétiques entre caractères, en particulier pour des valeurs faibles de propmal (< 50%). Le progrès génétique sur ICalt est doublé entre le scénario où aucun candidat n'est mesuré pour IC et celui où 40% des candidats le sont, passant de -0,13 (propmal = 0%) à -0,26 (propmal = 40%) écart type génétique pour $r_g = 1$, et de -0,07 à -0,13 pour $r_g = 0,50$. En valeur absolue, ce gain est donc d'autant plus grand que la corrélation entre IC et ICalt est élevée.

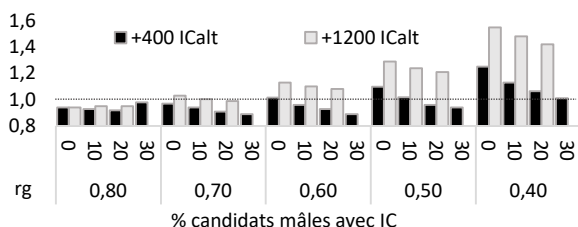


Figure 1 – Rapport entre progrès génétiques avec IC et quand ICalt remplace IC pour 400 ou 1200 candidats mâles

Quand $r_g < 0,6$ et propmal < 0,3, mesurer ICalt sur plus de 800 collatéraux augmente de 10 à près de 60% le progrès génétique par rapport à des mesures IC (Figure 1). Plus r_g et propmal sont faibles, plus le gain de progrès génétique est possible avec une faible proportion de collatéraux mesurés pour ICalt.

2.1.2. Mesure de proxy

La mesure d'un proxy permet d'autant plus d'augmenter le progrès génétique sur ICalt que r_{gp} est élevée et propmal est

faible (Figure 2). Le gain est plus important quand les mâles et les femelles sont mesurés, certainement car les femelles n'ont aucune mesure IC dans le scénario de base.

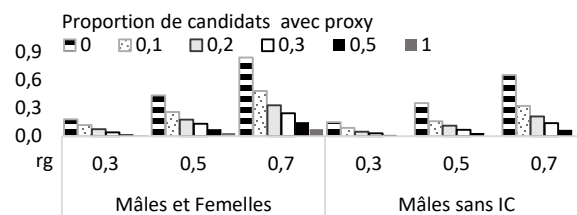


Figure 2 – Progrès génétique relatif par cycle sur ICalt avec mesure d'un proxy ($h^2=0,40$) sur tout ou partie des candidats

2.1.3. Seuil de rentabilité

Les gains de progrès génétique ne sont rentables que s'ils compensent au moins le coût des mesures associées. Pour $r_g > 0,80$, il est toujours rentable d'augmenter la capacité de mesure de IC (seuils > 50 €). Si $0,50 < r_g < 0,80$, le seuil de rentabilité se situe entre 50 et 100% de candidats phénotypés. Le coût d'équilibre d'une mesure de proxy augmente quand r_{gp} augmente et propmal diminue (Figure 3). De plus, ce coût est plus faible si tous les candidats à la sélection sont mesurés que si seuls les mâles sans IC sont mesurés, en lien avec le nombre réduit d'animaux à mesurer dans ce dernier cas. Avec des r_{gp} de 0,30 à 0,40, le coût maximum de la mesure doit être compris entre 5 et 10€ pour être rentable.

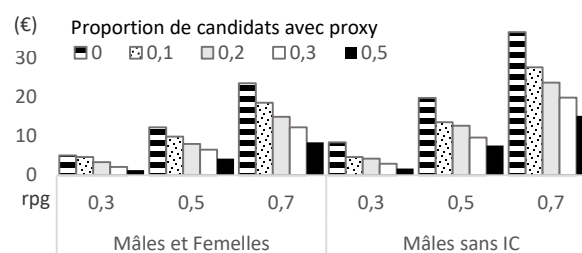


Figure 3 – Coût d'équilibre du proxy, avec $h^2 = 0,4$ et $r_g = 0,50$

CONCLUSION

Les directions des changements de progrès génétiques en fonction des paramètres simulés étaient attendues. Néanmoins, ces résultats apportent des repères techniques quant aux évolutions possibles des schémas de sélection en fonction des caractéristiques génétiques des caractères et des coûts des leviers disponibles. En particulier, nous mettons en évidence qu'en présence de G x E des mesures d'ICalt ou de proxys pourraient efficacement compléter les mesures réalisées sur les candidats à la sélection, si leur coût ne dépasse pas 5 à 10€. Ce type de coût semble à terme réaliste pour des mesures sur des fèces, telles que celles discutées dans Aliakbari *et al.* (2022). Leur sensibilité, en particulier aux hypothèses faites sur les coûts alimentaires et à la mesure d'autres cohortes (femelles sélectionnées), devra être évaluée.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aliakbari A., Déru V., Carillier-Jacquin C., Zemb O., Bouquet A., Gilbert H., 2022. Utilisation de l'information du microbiote intestinal pour expliquer et prédire la variabilité de l'efficacité alimentaire. Journées Rech. Porcine, 54, 19-24.
- Mulder H.A., Bijma P., 2005. Effects of Genotype x Environment Interaction on Genetic Gain in Breeding Programs, J. Anim. Sci., 83, 49-61.
- Täubert H., F Reinhardt F., Simianer H., 2010. A New Software to Evaluate and Optimize Animal Breeding Programs, WCGALP Leipzig.
- Tusell L., Gilbert H., Riquet J., Mercat M.J., Legarra A., Larzul C., 2016. Pedigree and Genomic Evaluation of Pigs Using a Terminal-Cross Model. Gen. Sel. Evol., 48, 32.
- Wientjes Y.C.J., Calus M.P.L., 2017. BOARD INVITED REVIEW: The Purebred-Crossbred Correlation in Pigs: A Review of Theory, Estimates, and Implications. J. Anim. Sci., 95, 3467-3478.