



# Estimation des paramètres génétiques dans une nouvelle lignée par deux méthodes

Yoann LUCAS, Carolina GARCIA-BACCINO, Vincent COUSIN, Aurélie LE DREAU, Bruno LIGONESCHE

(1) NUCLEUS SAS, 7 Rue des Orchidées, 35650 LE RHEU, France

c.garciabaccino@nucleus-sa.com

## Estimation of genetic parameters in a new line using two methods

The creation of the Kador line began in 2017, and the fourth generation of animals is currently being born. This line aims to improve piglet vigor, in a context where increased prolificacy generates more heterogeneous litters associated to higher mortality risks. Before starting selection, one step is essential: estimation of genetic parameters. This study estimated these parameters for five traits measured in piglets, three growth traits, four conformation traits and five meat-quality traits using pedigree information (PBLUP) or genomic data (GBLUP). The ability to consider the dominance was also assessed (GBLUP-D). Genomic data improved the precision of the results, which were consistent with those reported in the literature and in the other Nucleus breeds. Most of the genetic correlations between traits were favourable to selection. The correlation between intramuscular fat (GIM) and back fat at 100 kg (L100) was unfavourable (0.57). The variance in dominance was significant for five traits. It represented 28% of the additive variance for age at 100 kg (A100). Including dominance improved model fit. These results will allow us to perform effective selection and find the optimal weight for each trait in the selection objective.

## INTRODUCTION

La création de la lignée synthétique Kador a débuté en 2017, la quatrième génération d'animaux est en cours de production. Cette lignée a pour objectif d'améliorer la vigueur du porcelet par la voie mâle, dans un contexte où l'augmentation de la prolificité génère des portées plus hétérogènes associées à des risques de mortalité plus importants. L'objectif principal de cette étude est d'estimer les paramètres génétiques de 17 caractères d'intérêt (5 mesurés chez le porcelet, 3 de croissance, 4 de conformation et 5 de qualité de viande) par deux méthodes utilisant un modèle additif: PBLUP (pedigree) et GBLUP (génomique). De plus, nous étudierons la pertinence de la prise en compte de la dominance dans les modèles.

## MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 1.1. Animaux, phénotypes et génotypes

Un total de 10590 animaux a été pris en compte. Ces animaux sont issus des trois générations les plus récentes de la lignée Kador (G1, G2 et G3) et proviennent de quatre élevages de sélection. Un total de 17 caractères a été analysé. Ces caractères peuvent être regroupés dans : caractères du porcelet (**PN** : Poids de Naissance ; **PS21** : Poids au Sevrage à 21 jours ; **PS28** : Poids au Sevrage à 28 jours ; **GMQ1\_21** : Gain Moyen Quotidien entre la naissance et le sevrage à 21 jours ; **GMQ1\_28** : Gain Moyen Quotidien entre la naissance et le sevrage à 28 jours), croissance (**A100** : Âge à 100 kg ; **GMQ2\_21** : Gain Moyen Quotidien entre le sevrage à 21 jours et le testage ; **GMQ2\_28** : Gain Moyen Quotidien entre le

sevrage à 28 jours et le testage), conformation (**L100** : épaisseur de Lard dorsal à 100 kg ; **X5100** : épaisseur de muscle dorsal à 100 kg ; **GIM** : taux de Gras IntraMusculaire ; **TMP** : Taux de Muscle des Pièces) et qualité de la viande (**pHiJ** : pH initial du Jambon ; **pHiL** : pH initial de la Longe ; **pHuJ** : pH ultime du Jambon ; **pHuL** : pH ultime de la Longe ; **Exsudat**). Tous les animaux ont au moins une mesure du PN et de croissance. Le pedigree a été extrait sur 10 générations et compte 22 467 individus.

Tous les animaux ont été génotypés avec la puce Choice Genetic 60K (Choice, Bruz, France). Seuls les SNP situés au niveau des autosomes ont été utilisés. Le contrôle de qualité a été effectué à l'aide de vérifications par défaut par preGSf90 (Aguilar *et al.*, 2014). Un total de 50873 SNP autosomiques sont conservés et ont été utilisés pour les analyses.

### 1.2. Modèles statistiques

Deux modèles linéaires ont été considérés pour chaque caractère: le premier inclut uniquement les effets génétiques additifs (MG) et le second inclut à la fois les effets génétiques additifs et de dominance (MGD). Les modèles MG et MGD sont égaux à :

$$\text{MG: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e} \text{ et } \text{MGD: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{df} + \mathbf{Zu} + \mathbf{Zv} + \mathbf{e}$$

$\mathbf{y}$  est un vecteur des phénotypes,  $\mathbf{b}$  est un vecteur d'effets fixes (sexe, élevage\_bande, nés totaux et vivants, âge de la truie comme une covariable, âge à la pesée comme une covariable pour les caractères du porcelet, sauf pour le PN ; élevage, bande de testage et poids au sevrage pour les caractères de croissance ; élevage, bande de testage, poids au testage, poids chaud et date d'abattage pour les caractères de

conformation ; élevage, bande de testage, poids chaud, date d'abattage pour les caractères de qualité de la viande),  $f$  est le vecteur de coefficients de consanguinité génomique calculé comme la proportion de loci homozygotes pour chaque animal (Silió *et al.*, 2013),  $d$  est le paramètre de dépression de consanguinité,  $X$  et  $Z$  sont des matrices d'incidence,  $u$  est un vecteur de valeurs génétiques. On a pris en compte deux scénarios: i) PBLUP: en utilisant le pedigree pour calculer la matrice de relations de parenté ( $A$ ). ii) GBLUP : en utilisant les informations génomiques pour calculer la matrice  $G$  selon la méthode 2 de VanRaden (2008). La matrice  $D$  de relations génomique de dominance a toujours été calculée grâce aux informations génomiques selon Vitezica *et al.* (2013).

### 1.3. Estimation des composantes de variance et comparaison de modèles

L'estimation des composantes de la variance a été réalisée avec le logiciel AIREMLF90 (Misztal *et al.*, 2014). La comparaison des modèles MG-GBLUP et MGD a été basée sur le test du rapport de vraisemblance.

## 2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Pour la lignée Kador, la variance de dominance est significative et le modèle MGD a une significativement meilleure vraisemblance que le modèle MG-GBLUP pour cinq caractères : A100, GMQ2\_21, GMQ2\_28, L100 et X5100. Elle représente de 7% à 28% de la variance additive, valeurs conformes à celles rapportées dans la littérature (González-Diéguez *et al.*, 2019).

Nous ne présenterons dans les tableaux 1 et 2 que les principales estimations des paramètres génétiques obtenus avec le modèle MG-GBLUP. Les estimations sont cohérentes entre les deux modèles (GBLUP et PBLUP). Les estimations sont plus précises (ES inférieures) avec GBLUP par rapport au modèle sur pedigree. Dans tous les cas, avec GBLUP, la vraisemblance des modèles est supérieure à celle avec PBLUP.

Les valeurs d'héritabilités sont faibles pour les caractères mesurés chez le porcelet et moyennes à fortes pour les autres caractères. Au niveau des corrélations génétiques : i) le GIM est légèrement et favorablement corrélé avec la croissance (A100) et le X5100 ; ii) il y a une corrélation génétique défavorable entre le GIM et le L100 ; iii) le X5100 est légèrement et défavorablement corrélé avec le L100. Ces valeurs devront toutes être prises en compte afin d'obtenir des objectifs de sélection optimaux pour la lignée.

**Tableau 1** – Héritabilités estimées (erreur standard)

Caractères	Héritabilités
Chez le porcelet	<b>PN</b> : 0,07 (0,01) ; <b>PS21</b> : 0,04 (0,02) ; <b>PS28</b> : 0,10 (0,03) ; <b>GMQ1_21</b> : 0,06 (0,02) ; <b>GMQ1_28</b> : 0,09 (0,03)
Croissance	<b>A100</b> : 0,34 (0,02) ; <b>GMQ2_21</b> : 0,40 (0,03) ; <b>GMQ2_28</b> : 0,41 (0,03)
Conformation	<b>L100</b> : 0,53 (0,02) ; <b>X5100</b> : 0,42 (0,02) ; <b>GIM</b> : 0,47 (0,02) ; <b>TMP</b> : 0,43 (0,03)
Qualité de la viande	<b>pHiJ</b> : 0,13 (0,03) ; <b>pHiL</b> : 0,22 (0,04) ; <b>pHuJ</b> : 0,26 (0,04) ; <b>pHuL</b> : 0,19 (0,04) ; <b>Exsudat</b> : 0,30 (0,04)

## CONCLUSION

Cette étude montre que pour la lignée Kador les valeurs d'héritabilités sont faibles pour les caractères mesurés chez le porcelet et moyennes à fortes pour les autres. Ces valeurs permettront une sélection efficace. Les corrélations génétiques entre caractères sont majoritairement favorables à la sélection. Les modèles utilisant l'information génomique permettent d'améliorer la précision d'estimation. La variance de dominance a été estimée et est significative pour cinq caractères. Les résultats obtenus sont cohérents avec ceux rapportés dans la littérature et dans d'autres populations porcines de Nucléus.

**Tableau 2** – Principales corrélations génétiques ( $\pm$  erreur standard) entre les caractères d'intérêt

Caractères	GMQ2_21	GMQ2_28	L100	GIM	X5100	TMP	pHiJ	pHuJ	Exsudat
A100	-0,98 $\pm$ 0,03	-0,97 $\pm$ 0,03	NS <sup>1</sup>	-0,30 $\pm$ 0,04	NS	0,15 $\pm$ 0,06	NS	NS	NS
GMQ2_21		0,82 $\pm$ 0,06	0,16 $\pm$ 0,05	0,29 $\pm$ 0,05	NS	-0,18 $\pm$ 0,07	NS	0,20 $\pm$ 0,09	NS
GMQ2_28			0,23 $\pm$ 0,06	0,33 $\pm$ 0,06	NS	-0,24 $\pm$ 0,08	NS	NS	NS
L100				0,57 $\pm$ 0,03	0,16 $\pm$ 0,04	-0,83 $\pm$ 0,02	NS	NS	-0,21 $\pm$ 0,07
GIM					0,24 $\pm$ 0,04	-0,49 $\pm$ 0,04	-0,29 $\pm$ 0,10	NS	NS
X5100						NS	NS	-0,19 $\pm$ 0,08	NS
TMP							NS	NS	NS
pHiJ								0,40 $\pm$ 0,14	-0,41 $\pm$ 0,13
pHuJ									-0,80 $\pm$ 0,06

<sup>1</sup>NS = n'est pas significativement différent de zéro

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aguilar I., Misztal I., Tsuruta S., Legarra A., Wang H. 2014. Computational Tools for the Implementation of Single-step Genomic Selection and Genome-wide Association with Ungenotyped Individuals in BLUPF90 Programs. <http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php>
- González-Diéguez D., Tusell L., Carillier-Jacquin C., Bouquet A., Vitezica Z.G. 2019. SNP-based mate allocation strategies to maximize total genetic value in pigs. *Genet. Sel. Evol.*, 51, 55.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z. 2014. Manual for BLUPF90 family of programs. UGA, Athens, GA. <http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php>
- Silió L., Rodríguez M. C., Fernández A., Barragán C., Benítez R., Óvilo C., Fernández A. I. 2013. Measuring inbreeding and inbreeding depression on pig growth from pedigree or SNP-derived metrics. *J. Anim Breed Genet.*, 130, 349–360.
- VanRaden P. M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci.* 91, 4414–4423.
- Vitezica Z.G., Varona L., Legarra A. 2013. On the additive and dominant variance and covariance of individuals within the genomic selection scope. *Genetics*, 195, 1223–1230.