

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



Yoann LUCAS (1), Carolina GARCIA-BACCINO (1), Vincent COUSIN (1), Aurélie LE DREAU (1), Bruno LIGONESCHE (1)  
 (1) SAS NUCLEUS, 35650 Le Rheu  
 c.garciabaccino@nucléus-sa.com

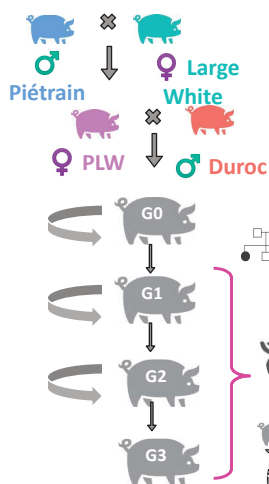
## Objectifs

- I. Estimer les paramètres génétiques des caractères d'intérêt par deux méthodes utilisant un modèle additif: PBLUP (pedigree) et GBLUP (génomique).
- II. Étudier la pertinence de la prise en compte de la dominance dans les modèles.

## Contexte

La création de la lignée synthétique Kador a débuté en 2017. 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.

## Matériel et Méthode



Deux **modèles linéaires** pour chaque caractère:

$$\underline{MG} : y = Xb + Zu + e$$

$$\underline{MGD} : y = Xb + df + Zu + Zv + e$$

- y** = phénotypes
- b** = effets fixes
- u** = valeurs additives
- v** = écarts de dominance
- f** = coefficients de consanguinité génomique
- d** = dépression de consanguinité
- X** et **Z** = matrices d'incidence
- e** = résidus

### Deux scénarios:

- i) **PBLUP** : matrice de relations de parenté (**A**) calculée avec le pedigree.
- ii) **GBLUP** : matrice de relations de parenté (**G**) calculée avec les génotypes (VanRaden, 2008).

Matrice **D** de relations génomiques de dominance calculée selon Vitezica *et al.* (2013).

**Estimation des composantes de la variance:** logiciel AIREMLF90 (Misztal *et al.*, 2014).

**PN** : poids naissance ; **PS21** : poids sevrage à 21 jours ; **PS28** : poids sevrage à 28 jours ; **A100** : âge à 100 kg ; **GMQ2\_21** et **GMQ2\_28** : gain Moyen Quotidien entre le sevrage à 21 ou 28 jours et le testage (à ~100 kg ou ~ 4,5 mois) ; **L100** : épaisseur de Lard dorsal à 100 kg ; **X5100** : épaisseur de muscle dorsal à 100 kg ; **GIM** : gras IntraMusculaire ; **TMP** : taux de Muscle des Pièces **pHiJ** : pH initial du Jambon ; **pHuJ** : pH ultime du Jambon ; **Exsudat**

## Résultats et Discussion

**Tableau 1** – Héritabilités estimées (erreur standard ~0,03 dans tous les cas)

Caractères	Héritabilités
Chez le porcelet	<b>PN</b> : 0,07 ; <b>PS21</b> : 0,04 ; <b>PS28</b> : 0,10
Croissance	<b>A100</b> : 0,34 ; <b>GMQ2_21</b> : 0,40 ; <b>GMQ2_28</b> : 0,41
Conformation	<b>L100</b> : 0,53 ; <b>X5100</b> : 0,42 ; <b>GIM</b> : 0,47 ; <b>TMP</b> : 0,43
Qualité de la viande	<b>pHiJ</b> : 0,13 ; <b>pHuJ</b> : 0,26 ; <b>Exsudat</b> : 0,30

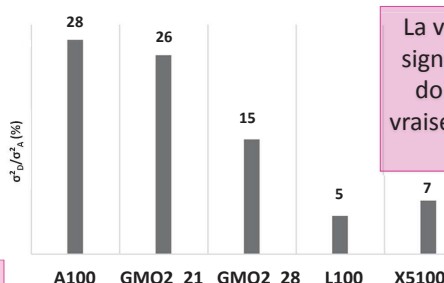
héritabilités faibles

héritabilités moyennes à fortes

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

Caractère	L100	GIM	X5100
<b>A100</b>	NS <sup>1</sup>	<b>-0,30 (0,04)</b>	NS <sup>1</sup>
<b>L100</b>		<b>0,57 (0,03)</b>	<b>0,16 (0,04)</b>
<b>GIM</b>			<b>0,24 (0,04)</b>

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



La variance de dominance est significative et le modèle avec dominance a une meilleure vraisemblance que MG pour ces 5 caractères

**Figure 1** - % de la variance additive représenté par la variance de dominance pour 5 caractères

- GIM favorablement corrélé avec la croissance et le X5100
- Corrélation génétique défavorable entre le GIM et le L100
- X5100 est défavorablement corrélé avec le L100

## Conclusion

- ✓ Les paramètres génétiques des caractères d'intérêt sont majoritairement favorables à la sélection.
- ✓ Les modèles utilisant l'information génomique permettent d'améliorer la précision d'estimation.
- ✓ La variance de dominance est significative pour cinq caractères (A100, GMQ2\_21, GMQ2\_28, L100 et X5100).

### Références bibliographiques

- 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>
- 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.