 Publication sous Licence Creative Commons

Étude d'association génomique (GWAS) de caractères de croissance, carcasse et qualité de la viande dans une population Duroc française en sélection

Aurélie LE DREAU, Carolina GARCIA-BACCINO, Bruno LIGONESCHE

NUCLEUS SAS, 7 Rue des Orchidées, 35650 Le Rheu, France

a.ledreau@nucleus-sa.com

Genome-Wide Association Study (GWAS) of growth, carcass, and meat quality traits in a French Duroc population under selection

Some complex traits such as growth, carcass composition, and meat quality have a significant economic impact in the pig industry, which has generated interest in increasing understanding of the genetic determinism of these traits. The objective of this study was to investigate the genetic determinism of several economically important traits in a selected French Duroc population. A GWAS was conducted with 927 genotyped animals from 156 different sires to maximise genetic diversity. Sixteen traits were analysed, including three growth traits, seven carcass traits, and six meat quality traits. In total, 330 SNP-trait associations were identified, grouped into 112 regions across all traits. In several cases, multiple significant SNPs were found in the same region, and there were shared regions associated with multiple traits. Some of these regions had previously been reported for other populations. We also detected regions associated with the studied traits that had not been reported for Duroc before. The results of this study contribute to deeper understanding of the genetic determinism of growth, carcass composition, and meat quality traits in the studied population, which would later allow these traits to be included as selection criteria.

INTRODUCTION

Certains caractères de croissance, de composition de carcasse et de qualité de la viande ont un impact économique significatif dans la filière porcine. Cela suscite un intérêt important pour mieux comprendre le déterminisme génétique de ces caractères. Les études d'association génomiques (GWAS) ont permis de révéler des loci de caractères quantitatifs (QTL) pour divers caractères d'intérêt dans différentes populations des porcs (Sanchez *et al.*, 2014). L'objectif de ce travail est d'étudier le déterminisme génétique de caractères d'importance économique tels que la croissance, la carcasse et la qualité de la viande sur une population Duroc français en sélection. Ce travail est la suite d'une étude réalisée en 2021 avec un nombre limité d'animaux Duroc. Dans cette étude, nous avons cherché à doubler le nombre d'animaux avec génotypes et phénotypes dans le but d'augmenter la puissance de l'analyse et détecter un plus grand nombre d'associations potentielles.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux, phénotypes et génotypes

Nous disposions d'un total de 927 animaux issus de 156 pères différents, afin de maximiser la diversité génétique. Dans le cadre de cette étude, nous avons mesuré les performances des animaux pour un total de 16 caractères. Trois de ces caractères concernaient la croissance: gain moyen quotidien (GMQ) naissance-sevrage, GMQ sevrage-contrôle de performances (soit du sevrage jusqu'à 145 jours d'âge) et l'âge à 100 kg (A100). Sept des 16 caractères concernaient la composition de la carcasse : le taux de muscle des pièces (TMP) et ses quatre composantes, les épaisseurs de gras G3 et G4 et de muscle M3 et M4, l'épaisseur de la noix de côtelette (X5100) et l'épaisseur de lard (L100), tous deux standardisés pour un poids de 100 kg. Enfin, les six derniers caractères concernaient la qualité de la viande : le taux d'exsudat, le gras intramusculaire (GIM) et les pH mesurés à 6 h et 24 h sur le jambon et la longe (pH6J, pH6L, pH24J et pH24L). Les moyennes et écart-types pour les 16 caractères étudiés sont présentés dans le tableau 1. Les animaux ont été génotypés par le laboratoire Labogena via la puce Illumina PorcineSNP60. Le contrôle qualité et l'édition des données génomiques ont été réalisés avec le logiciel PLINK (Purcell *et al.*, 2007). Nous avons considéré uniquement les marqueurs présents sur les autosomes. Les SNP génotypés pour moins de 95% d'individus, avec une MAF (Minimum Allele frequency) < 5 % et ne respectant pas l'équilibre d'Hardy-Weinberg ont été exclus de l'analyse. Les animaux ayant moins de 90 % de SNP génotypés ont été éliminés. Ce sont donc 42 024 SNP et 921 animaux qui ont été conservés pour l'analyse.

1.2. Analyses d'association

Chaque caractère a été ajusté pour les effets d'environnement par un modèle linéaire spécifique (Tableau 1). Les résidus des modèles ont ensuite été utilisés pour l'analyse d'association. Les associations entre chaque SNP et les caractères d'intérêt ont été étudiés avec des modèles linéaires mixtes univariés à l'aide du logiciel GEMMA (Zhou et Stephens, 2012).

Tableau 1 - Modèles d'analyse, moyennes et écart-types des caractères étudiées

Caractères		Modèle	Moyenne (écart-type)
Qualité de la viande	**pH6L - pH6J - pH24L - pH24J**	y = sexe + |date tuerie|	6,33 (0,26); 6,09 (0,25); 5,79 (0,20); 5,74 (0,19)
	GIM, (%)	y = sexe + poids contrôle + technicien/bande	2,27 (0,86)
	Taux d'exsudat, (%)	y = bande + poids échantillon + |date tuerie|	0,03 (0,02)
Composition de carcasse	**TMP, (%) - G3 - M3 - G4 - M4, (mm)**	y = sexe + bande + poids chaud	59,85 (2,27); 15,06 (3,92); 74,32 (6,86); 24,59 (3,89); 57,49 (5,54)
	L100 - X5100, (mm)	y = sexe + bande	11,03 (1,73); 59,68 (8,45)
Croissance	**A100, (j)**	y = sexe + bande	140,60 (9,90)
	GMQ naissance-sevrage, (g/j)	y= bande + poids naissance	0,25 (0,06)
	GMQ sevrage-contrôle, (g/j)	y = sexe + bande + poids sevrage	0,81 (0,08)

Note : |…|, effet aléatoire

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Les SNPs avec une p-value inférieure à $5*10^{-4}$ ont été considérés significatifs, comme proposé par Sanchez *et al.*, (2014). Nous avons gagné en puissance par rapport à l'étude de Tosser *et al.* (2021) grâce à l'augmentation des effectifs, ce qui a permis de détecter 330 associations SNP-caractère. Dans plusieurs cas, divers SNPs appartiennent à la même région et il existe des régions partagées pour plusieurs caractères. C'est le cas, d'une région de 0,75 Mb sur SSC15 qui compte 26 SNP associés à l'exsudat, le pH24J et le pH24L.

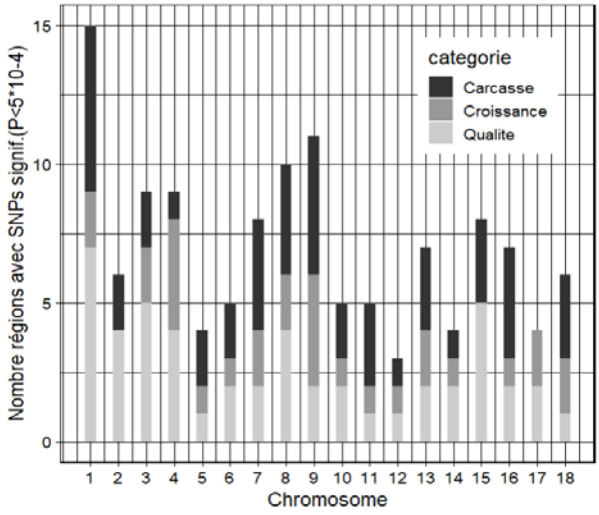

Figure 1 - Distribution des régions d'intérêt par chromosome

Nous avons ensuite défini des régions d'intérêt en considérant des segments de 1 Mb centrés autour de chaque SNP, comme proposé par Zhang *et al.* (2016). Nous avons obtenu 112 régions distribuées à travers tout le génome (Figure 1). Ces régions ont ensuite fait l'objet d'études plus approfondies. Les résultats ont été comparés avec les régions rapportées dans la littérature et des gènes dans ces régions ont été identifiés. Parmi les gènes identifiés, nous pouvons notamment citer le gène AACS sur le SSC14 dans une des régions liées à l'A100 et le gène SH3GL2 sur le SSC1 lié au TMP, qui sont potentiellement liés à l'obésité (Kogelman *et al.*, 2014). Plusieurs régions identifiées dans cette étude ont été également mises en évidence dans une population Large White française ; à savoir : sur le SSC1 pour l'exsudat et pH, sur le SSC3 pour le GMQ, sur le SSC7 et SCC16 pour le TMP et sur le SSC14 pour le L100 (Sanchez *et al.*, 2014). Dans la région du SSC15 liée à la qualité de la viande, Zhuang *et al.* (2022) ont signalé la présence du gène TNS1, liée au développement musculaire (Zhuang *et al.*, 2022).

CONCLUSION

Nous avons mis en évidence des régions génomiques associées à la croissance, la composition de carcasse et la qualité de la viande dans une population Duroc française en sélection. Certaines régions identifiées correspondent à des segments déjà rapportés dans d'autres populations et nous avons identifié d'autres régions jamais mises en évidence dans les populations Duroc.

Nos résultats contribuent à mieux comprendre le déterminisme génétique de ces caractères, et pourraient à l'avenir être pris en compte en sélection.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Kogelman L.J.A , Pant S.D., Fredholm M., Kadarmideen 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.
- Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M. A. R., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P. I. W., Daly M. J., PSham. C., 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. American journal of human genetics ,81, 559-575.
- Sanchez M.-P., Tribout T., Iannuccelli N. , Bouffaud M., Servin B., Tenghe A., Dehais P., Muller N., Pilar Del Schneider M., Mercat M-J., Rogel-Gaillard C., Milan D., Bidanel J-P., Gilbert H., 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
- Tosser É, Ganteil A., Le Dreau A., Ligonesche B., 2021. Analyse d'association tout génome de phénotypes liés à la croissance et à la qualité de viande dans une population Duroc en sélection. J. Rech. Porc., 53, 57-58.
- Zhang W., Yang B., Zhang J., Cui L., Ma J., Chen C., Ai H., Xiao H., Ren J., Huang L., 2016. Genome-wide association studies for fatty acid metabolic traits in five divergent pig populations. Sci. Rep., 6, 24718.
- Zhou X., Stephens, M., 2012. Genome-wide efficient mixed-model analysis for association studies. Nat. Genet., 44, 821–824.
- Zhuang Z., Wu J., Xu C., Ruan D., Qiu Y., Zhou S., Ding R., Quan J., Yang M., Zheng E., Wu Z., Yang J., 2022. The genetic architecture of meat quality traits in a crossbred commercial pig population. Foods, 11 (19), 3143.