

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

Aurélien 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 de 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 disposons 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 étudiées avec des modèles linéaires mixtes univariés à l'aide du logiciel GEMMA (Zhou et Stephens, 2012).