

Influence de la proportion d'animaux phénotypés sur le progrès génétique d'un caractère enregistré dans des élevages de production

Tomasi TUSINGWIIRE (1), Céline CARILLIER-JACQUIN (1), Arnaud BUCHET (2), Bruno LIGONESCHE (3), Pauline BRENAUT (4), Catherine LARZUL (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 31320, Castanet-Tolosan, France

(2) Cooperl, 7, rue de la Jeannaie - B.P. 60328, 22 403 Lamballe-Armor Cedex, France

(3) Nucleus, 7 Rue des Orchidées, 35650 Le Rheu, France

(4) IFIP-Institut du Porc, 35651 Le Rheu Cedex, France

celine.carillier-jacquin@inrae.fr

Effect of the proportion of phenotyped and genotyped animals on the genetic progress of a trait recorded on production farms

Pig health is a major concern for society in terms of animal welfare, reducing antibiotic use, as raising pigs without antibiotics can be challenging due to high disease incidences and compromised performance. The aim of this study was to simulate a breeding scheme to investigate whether it is possible to select for a health trait recorded only for crossbred animals. The simulated scenarios differed in the percentage of 1000 crossbred animals with known pedigrees that were genotyped and phenotyped (i.e. 10 %, 25 %, 50 %, 75 % and 100 %). Purebred animals were selected based on either (i) Genomic estimated breeding values (GEBV) for crossbred performance when considering trait 2 (health trait) only or (ii) an index that equalled the sum of the GEBV for crossbred performance for trait 1 (average daily gain) and trait 2. As expected, the cumulative genetic gain and accuracy of GEBV increased as the percentage of crossbred animals with phenotypes and genotypes included in genetic evaluations increased. When evaluating trait 2 only, the maximum genetic gain achieved in generation 10 ranged from 1.17 to 2.89. When trait 2 was evaluated with trait 1, the maximum genetic gain attained in generation 10 was 1.75 with 100% of crossbred animals considered. The next step will be to extend this study to a three-way crossbreeding scheme that will mimic a real-world swine-breeding program. If a trait, such as a health trait, is difficult or impossible to record for purebreds, crossbred phenotypes from commercial farms can be used to improve this trait in purebreds.

INTRODUCTION

La santé animale est une préoccupation majeure de la société, tant en termes de bien-être animal que de limitation de l'usage des antibiotiques. Depuis plus de 10 ans, la réduction de l'usage des antibiotiques en élevage porcin est un succès avéré. Cette réussite résulte de la mise en œuvre de nombreux leviers (Roguet et Hémonic, 2022) qui peut être complétée par une démarche d'amélioration génétique de la santé des porcs en élevage. Cependant, la collecte et la valorisation de performances en sélection est le plus souvent réalisée sur des animaux de races pures, élevés dans des élevages à haut statut sanitaire. Ce contexte limite les occurrences d'animaux malades. Une voie d'approche consiste à utiliser les mesures enregistrées sur des porcs croisés, collectées dans des fermes commerciales (Cheng *et al.*, 2022). Afin de valider cette approche pour la sélection porcine, nous avons simulé un programme de sélection incluant ce type de mesures c'est-à-dire un caractère enregistré uniquement sur des animaux croisés, caractérisé par une faible héritabilité.

1. MATERIEL ET METHODES

Architecture des populations sélectionnées

Une population historique de 2 000 individus a été simulée de manière stochastique à l'aide d'AlphaSimR (Gaynor *et al.*, 2021). Le génome simulé comportait 18 paires de chromosomes, chacun comportant 400 QTL (Quantitative Trait Locus) non chevauchants et 4 000 marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism) distribués de manière aléatoire. Deux caractères ont été simulés : l'un imitant le gain de poids moyen quotidien (caractère 1 – C1) avec une héritabilité (h^2) de 0,3 et l'autre imitant un caractère de santé comme le nombre de traitements antibiotiques par truie (caractère 2 – C2) avec une h^2 de 0,1. Pour simuler les deux populations récentes de race pure (races A et B), deux échantillons aléatoires de 100 femelles et 100 mâles ont été prélevés dans la population historique commune aux deux races et accouplés au hasard pendant 50 générations supplémentaires. Un programme de croisement a ensuite été simulé avec 10 générations de sélection. Pour les animaux croisés, la race A a servi de race paternelle et la race B de race maternelle afin de simuler un croisement de type Landrace X Large White.

1.1. Scénarios simulés

Afin de simuler un caractère de santé, nous avons considéré que les animaux purs n'étaient jamais phénotypés pour C2 en raison