

Analyse génétique du comportement alimentaire et de sa relation avec des caractères économiques clés dans une lignée mâle de porcs

Carolina GARCIA-BACCINO (1), Belcy Karine ANGARITA-BARAJAS (2)(3), Aurélie LE DREAU (1),

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

(2) Instituto de Investigaciones en Producción Animal (INPA-CONICET-UBA), Buenos Aires, Argentine

(3) Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentine

c.garciabaccino@nucleus-sa.com

Genetic association between feeding behaviour and economic traits in a French pig line

Improving feed-use efficiency is a major goal in pig breeding, as feed represents the largest production cost. Feeding behaviour traits (FBT) can provide additional insights into animal responses to their environment and their correlations with economically important traits. This study aimed to estimate heritabilities of FBT and their genetic correlations with production traits (PT) using a large dataset and genomic information from a French Piétrain line. FBT were recorded in 4,788 males from 2021-2023, while PT included age at 100 kg (A100), feed conversion ratio (FCR, males only), backfat thickness (BFT), lean meat percentage (LMP), and loin muscle thickness (LMT), measured in both sexes. The pedigree comprised 84,714 animals, including 1,557 genotyped with the PorcineSNP60 chip. Heritabilities of FBT ranged from 0.22 to 0.42. A bivariate model was applied to estimate genetic correlations. A100 showed moderate to high negative correlations with feed intake traits (−0.63 to −0.96) and weaker ones with time-at-feeder traits (−0.27 to −0.36). DFI was highly correlated with FCR (0.90), moderately with BFT (0.43), and negatively with LMP (−0.33 to −0.39). These results demonstrate that feed-intake patterns are heritable and associated with PT, which highlights their potential as novel criteria for genetic selection in pig breeding programs.

INTRODUCTION

Dans la production porcine, l'amélioration de l'efficacité alimentaire est un facteur clé des programmes de sélection, car elle influence l'efficacité économique et environnementale, deux leviers majeurs de la durabilité. Traditionnellement, la sélection s'est concentrée sur l'amélioration de l'indice de consommation (IC), mais les caractères de comportement alimentaire (CCA) présentent également une variabilité génétique (Do *et al.*, 2013 ; Labroue *et al.*, 1997). Cette variabilité et les corrélations génétiques apportent des informations supplémentaires sur la manière dont les animaux interagissent avec leur environnement et utilisent les ressources alimentaires, ainsi que sur leurs relations avec des caractères d'importance économique. Des études antérieures les ont rapportées avec des jeux de données de petite à moyenne taille sur la base d'informations généalogique (Nuñez *et al.*, 2023 ; Santiago *et al.*, 2021 ; Do *et al.*, 2013 ; Labroue *et al.*, 1997). Cependant, ces résultats restaient variables et peu précis. L'accumulation des données permet aujourd'hui d'estimer de façon plus précise l'héritabilité des CCA et leurs corrélations génétiques avec des caractères de production (CP) dans une lignée mâle.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Animaux, phénotypes et génotypes

Les données proviennent de 74 727 Piétrain de 2017 à 2023. Parmi ces animaux, les CCA ont été enregistrés chez 4 788 mâles de 2021 à 2023. Les CCA incluent le nombre de visites par jour (NVJ) et de repas par jour (NRJ); le temps passé à s'alimenter par visite (TAV), par repas (TAR) et par jour (TAJ); l'ingestion par

visite (IAV), par repas (IAR); la consommation journalière d'aliment (CAJ) et la vitesse d'ingestion (VI).

Les CP étaient l'âge à 100 kg (A100), l'IC, le taux de muscle des pièces (TMP), les épaisseurs de lard dorsal (L100) et du muscle (X5) ajustées à 100 kg. Tous ces caractères, sauf l'IC (mesuré chez les mâles), concernent les deux sexes. La généalogie contenait 84 714 individus, dont 1 557 génotypés avec la puce Porcine SNP60 Illumina BeadChip. Un total de 43 182 marqueurs SNP ont été retenus après contrôle qualité.

1.2. Modèles statistiques

Un modèle univarié a servi à estimer les héritabilités et un modèle bivarié a été utilisé pour estimer les corrélations génétiques. Le premier caractère était un CCA et le second un caractère de production. Les effets fixes incluaient l'élevage, la bande, la case et le poids initial pour l'ensemble des caractères ; pour les CP le sexe (sauf IC) et le poids de contrôle (pour l'IC et le TMP) ont également été pris en compte. En notation matricielle, l'équation du modèle pour chaque caractère pris isolément s'écrit : $y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e_i$, où y_i est le vecteur des phénotypes pour chaque caractère, X_i est la matrice qui relie les observations y_i à le vecteur des effets fixes b_i . La matrice Z_i relie les enregistrements dans y_i aux vecteurs aléatoires des valeurs génétiques a_i , avec $a_i \sim N(0, H\sigma_a^2)$. Finalement, e_i est le vecteur des erreurs résiduelles avec $e_i \sim N(0, I\sigma_e^2)$. Formellement, pour un CCA et un caractère de production : $a = (a_1 | a_2)'$, a une espérance nulle et une covariance $G_0 \otimes H$, et pour l'erreur $e = (e_1 | e_2)'$ est le vecteur nul, et leur covariance est $R \otimes H$. Les σ_a^2 et σ_e^2 désignent la variance génétique additive et résiduelle, et H correspond à la matrice calculée selon la méthode de Legarra *et al.* (2009). Les composantes de variance ont été estimées par approche bayésienne via Gibbs1f90 (Misztal *et al.*, 2002),