Utilisation des informations génomiques des animaux croisés pour la sélection

Partenariats
BIOPORC (OSP ADN, CHOICE GENETICS FRANCE, GENE+ et NUCLEUS), INRA (GABI, GenPhySE, UETP, PEGASE). NOVOGEN. SYSAAF.

Contact
Marie-jose.mercat@ifip.asso.fr

CONTEXTE ET OBJECTIFS

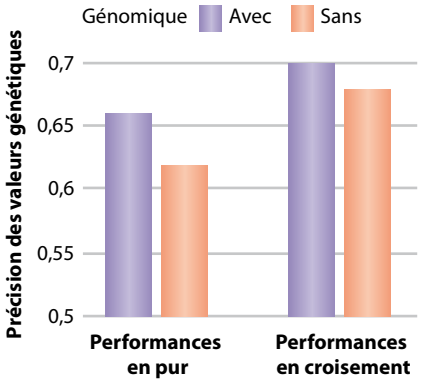
Dans les schémas de sélection porcin et avicole, des animaux de race pure sont sélectionnés dans un environnement de haut niveau sanitaire dans l'objectif de produire des terminaux croisés élevés dans un milieu de production moins favorable. Le projet UtOpIGe (2011-2015) avait pour objectif de fournir les informations nécessaires à la mise en œuvre d'une sélection génomique optimale dans ces deux espèces. Ce document se focalise sur les résultats obtenus sur le porc.

RÉSULTATS

Au début du projet, des travaux de simulation dans une population de type mâle montraient que des évaluations génomiques permettraient d'améliorer le progrès génétique annuel tout en réduisant l'augmentation de la consanguinité. Une optimisation des coûts de génotypage était possible. Durant le projet, une population de référence composée de 2 000 porcs mâles entiers issus de 3 variétés de Piétrain, pour moitié de race pure et pour autre moitié croisés avec des variétés de Large-White a été créée. Une population de validation composée d'un millier de porcs charcutiers a également été constituée. Elevés à l'INRA (UETP Le Rheu), tous les animaux ont fait l'objet d'un phénotypage fin incluant l'efficacité alimentaire, la qualité de la viande, le dosage des composés associés à l'odeur de verrat, un scan au tomographe mais également des mesures relatives au bien-être et à la santé des animaux etc.

Les paramètres génétiques ont été estimés pour analyser le déterminisme génétique de tous les caractères étudiés. En particulier, des corrélations génétiques modérées à élevées ont été montrées entre les mesures du développement sexuel, l'odeur de mâle et l'agressivité des porcs. Une méthode de prédiction génomique a été développée pour prendre en compte conjointement des performances d'animaux de race pure et croisés. Les corrélations génétiques estimées entre les performances mesurées dans les mêmes conditions d'élevage sur des animaux de race pure ou croisés sont dans l'ensemble élevées. Cela montre que la sélection basée sur des performances enregistrées sur des animaux de race pure est efficace pour améliorer les performances de production d'animaux croisés élevés dans les mêmes conditions. La prise en compte de l'information génomique obtenue sur des animaux apparentés de race pure et de type croisé améliore la précision des valeurs génétiques (figure).

Précision des valeurs génétiques des pères (GMQ) avec et sans information génomique



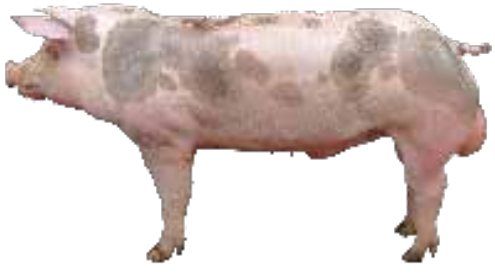
PESPECTIVES

Le projet a permis d'acquérir une expertise autour de la sélection génomique. Cette expérience a été mise à profit par la mise en œuvre pratique d'une démarche de sélection génomique sur une population porcine commerciale. L'exploitation du très riche jeu de données se poursuit par ailleurs.

VALORISATION

- *A ce jour, le projet a déjà donné lieu à une trentaine de publications et communications.*

Publications

- *Tusell, L. et al. (2016). Pedigree and genomic evaluation of pigs using a terminal-cross model. Genetics Selection Evolution, à paraître*
- *Parois, et al. (2015). Genetic relationships between measures of sexual development, boar taint, health and aggressiveness in pigs. Journal of Animal Science. DOI : 10.2527/jas2014-8290*
- *Larzul C. et al. (2016) Quelles sont les relations génétiques entre les caractères mesurés sur des animaux de race pure et sur des animaux croisés ? JRP.*

Lignée Piétrain