

Impact de l'information génomique sur les choix de reproducteurs préconisés par la méthode des contributions optimales appliquée à une population Landrace

Eva REUCHERON (1,2), Pauline BRENAUT (1), Laurent GUERY (3), Vincent COUSIN (3), Bruno LIGONESCHE (3), Alban BOUQUET (1)

(1) IFIP – Institut du Porc, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex, France

(2) Ecole Supérieure d'Agricultures, 55 Rue Rabelais, 49007 Angers, France

(3) Nucléus, 7 rue des orchidées, 35650 Le Rheu, France

Alban.bouquet@ifip.asso.fr

Impact of genomic information on choices of breeding animals when applying optimal contribution selection to a Landrace population

Optimal contribution selection (OCS) is a method that estimates the optimal number of matings for each breeding animal to maximize genetic gain while limiting the increase in inbreeding to a given level. The objective of this study was to assess the effect of including genomic data in the OCS method on usage recommendations for breeding animals in a Landrace population. The OCS method was applied considering 975 top breeding females and 102 breeding boars using at first only pedigree data to evaluate kinship among all breeding animals, and then genomic data. In both cases, the breeding values used in the optimization were those from routine genomic evaluations. The same limit in the increase in inbreeding was considered (0.1%/5 months). Including genomic data in the OCS changed the list of boars to be used only marginally: 38 in the pedigree OCS vs. 37 in the genomic OCS. The number of recommended matings was identical for 31 of the boars, which represented 83% of the matings. Three boars were used only in the genomic OCS, while 4 boars were used only in the pedigree OCS. Finally, only three boars had different contributions when genomic data were integrated in OCS. Both OCS scenarios led to the same expected genetic level of progeny. To conclude, the impact of including genomic data in the OCS is negligible in this Landrace population given the set of constraints considered. Further research is needed to assess if genomic OCS would be more relevant if higher levels of constraint are placed on preserving genetic diversity.

INTRODUCTION

La méthode de sélection selon les contributions génétiques optimales (OCS) développée par Meuwissen (1997) fait consensus dans la communauté scientifique pour préserver au mieux la diversité génétique dans les populations sélectionnées tout en maximisant le progrès génétique réalisé. Cette méthode, basée sur un algorithme d'optimisation, recommande un nombre d'accouplements à réaliser pour chaque reproducteur qui maximise le progrès génétique attendu dans la descendance en respectant une contrainte d'augmentation de la consanguinité. Aujourd'hui, tous les reproducteurs utilisés dans le schéma de sélection Landrace sont génotypés. Cette nouvelle information pourrait permettre d'affiner les choix de reproducteurs avec l'OCS et favoriser l'utilisation des individus contribuant le plus à la diversité génétique. Cette étude propose ainsi d'évaluer les conséquences d'intégrer l'information génomique pour estimer les contributions génétiques optimales (OCSGeno) des reproducteurs de la population Landrace de l'entreprise de sélection Nucléus par rapport à un scénario de référence dans lequel le pedigree est utilisé (OCSPed).

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Choix des reproducteurs et contraintes d'utilisation

Cette étude s'est focalisée sur l'optimisation de l'utilisation des verrats dans la population en sélection Landrace Nucléus. La détermination des contributions optimales a été réalisée sur un horizon de temps de cinq mois en considérant uniquement les femelles destinées à la sélection en race pure et qui ont été présélectionnées sur leur valeur génomique. In fine, sur les 1492 truies génotypées présentes dans les élevages de sélection Nucléus, 975 femelles ont été conservées pour optimiser le choix des 102 reproducteurs mâles comprenant 88 verrats en centre d'insémination artificielle (CIA) et 14 verrats de ferme. Le nombre maximal de portées autorisées par verrat de CIA a été fixé à 40 par cycle. En ce qui concerne les verrats de ferme, la diffusion est généralement peu variable et beaucoup plus faible que celle des verrats de CIA. Chaque verrat de ferme pouvait donc réaliser au minimum cinq portées et au maximum 10 portées au cours du cycle.

1.2. Logiciels et critères de comparaison des méthodes

La matrice de parenté généalogique entre les reproducteurs de l'OCS a été calculée avec le package R OptiSel (Wellmann, 2019). Tous les individus pris en compte dans ces analyses avaient une généalogie exhaustive sur six générations. La matrice de parenté génomique a été construite selon l'équation de Van Raden (2008) à l'aide du logiciel BLUPF90 (Aguilar *et al.*, 2014) en utilisant les 39 460 marqueurs génétiques considérés dans l'évaluation génomique de routine. Les contributions génétiques des verrats ont été estimées à l'aide du package R OptiSel (Wellmann, 2019). Le taux maximal d'augmentation de consanguinité autorisé pour la procréation de la nouvelle génération a été fixé à 0,1% par cycle ce qui correspond au taux moyen observé au cours des cinq dernières années dans cette population Landrace.

Deux optimisations ont été réalisées en considérant les mêmes contraintes et les mêmes animaux que décrits précédemment. Seule la matrice de parenté utilisée varie, elle est ainsi construite soit à l'aide du pedigree (OCSPed) soit à l'aide des données génomiques (OCSSGeno). Les méthodes ont été comparées en considérant le nombre de verrats préconisés, la corrélation entre la valeur génétique et la contribution génétique préconisée et la répartition du nombre d'accouplements entre reproducteurs. Les valeurs génétiques et la parenté attendues dans la descendance ont également été analysées et comparées entre les deux scénarii.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Dans cette étude, l'utilisation de données génomiques dans l'algorithme OCS modifie marginalement les préconisations d'utilisation des reproducteurs. En effet, 38 verrats ont été retenus dans le scénario OCSPed contre 37 dans le scénario OCSSGeno. Par ailleurs, 92 verrats se sont vus attribués la même contribution dans les deux scénarii : 31 avec une utilisation identique et 61 avec une utilisation nulle. Ainsi, il a été constaté que 810 des 975 accouplements (83%) sont assurés par les 31 mêmes verrats (Tableau 1). Contrairement à ce qui était attendu, peu de verrats ont vu leur contribution génétique évoluer à la suite de la prise en compte de données génomiques. Cela s'explique par une corrélation élevée (0,80) entre les deux estimateurs de parenté s'appuyant sur l'information génomique ou généalogique mais aussi en raison d'une contrainte modérée appliquée sur l'augmentation de la consanguinité. La corrélation entre la contribution des verrats et leur valeur génétique était en effet relativement élevée (de 0,66 à 0,69). En raison de la variabilité en termes de diversité et de valeur génétique des reproducteurs, l'algorithme a privilégié quelques verrats ayant les meilleures valeurs génomiques et

présentant un faible apparentement avec le reste des reproducteurs en leur octroyant une utilisation maximale (40 portées / cycle). En définissant des bornes d'utilisation plus contraignantes, il aurait été possible d'utiliser un panel de verrats plus diversifié.

Tableau 1 – Répartition des accouplements entre verrats selon leur utilisation dans les OCS incluant l'information du pedigree ou génomique

Utilisation des verrats	OCS pedigree		OCS génomique	
	Effectif de verrats	% des accouplements	Effectif de verrats	% des accouplements
Identique	31	83%	31	83%
Modulée	3	8%	3	9%
Spécifique	4	9%	3	8%

Le reste des accouplements est réalisé par trois verrats dont la contribution est modulée (8 à 9% des accouplements) ou par des verrats sélectionnés spécifiquement dans un des scénarii (8 à 9% des accouplements). La valeur génétique moyenne des verrats sélectionnés est identique avec l'OCSPed et l'OCSSGeno (169 ± 17). Puisque la diffusion des verrats est relativement similaire, la valeur génétique globale attendue dans la descendance est égale dans les deux scénarii (151 avec les OCSPed et OCSSGeno).

Malgré des résultats très proches dans ces deux scénarii, il a été observé que les verrats ayant une variation importante de contribution génétique sont ceux dont le coefficient de parenté moyen avec les autres reproducteurs varie le plus fortement (résultat non présenté). Il est possible qu'en imposant une contrainte plus sévère pour limiter l'augmentation de la consanguinité, plus de verrats soient sélectionnés dans les deux scénarii et des différences plus importantes soient constatées entre l'OCS conventionnelle et génomique autant en termes de contributions génétiques des verrats sélectionnés que de valeur génétique attendue dans la descendance.

CONCLUSION

A partir de cette étude de cas, il semble que l'impact de l'intégration de données génomiques dans la méthode de sélection selon les contributions optimales soit limité à la fois sur les choix de reproducteurs, leur diffusion et donc sur le progrès génétique attendu. Une analyse de sensibilité est nécessaire pour évaluer si les données génomiques ne permettraient pas un gain d'efficacité plus important lorsque la contrainte posée sur la préservation de la diversité génétique est plus forte.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aguilar I., Misztal I., Tsuruta S., Legarra A., Wang H., 2014. PREGSF90 – POSTGSF90: Computational tools for the implementation of single-step genomic selection and genome-wide association with ungenotyped Individuals in BLUPF90 programs. 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, Canada.
- Meuwissen T.H.E., 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding J. Anim. Sci. 75, 934–940.
- VanRaden P.M., 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. J. Dairy Sci. 91, 4414–4423.
- Wellmann R., 2019. Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: the R package optiSel. BMC Bioinformatics 20, 25–37.