

APPORT DES INFORMATIONS SUR DES CROISEES DANS LE CADRE DE L'EVALUATION GENOMIQUE SUR LA QUALITE DES ŒUFS CHEZ LA POULE.

Picard Druet David¹, Varenne Amandine², Hérault Frédéric¹, Herry Florian^{1,2}, Allais Sophie¹, Burlot Thierry² et Le Roy Pascale¹

¹PEGASE, INRA, Agrocampus Ouest, 16 Le Clos 35590 Saint-Gilles, ²NOVOGEN, 5, rue des Compagnons, Secteur du Vau Ballier, 22960 PLEDNAN, France

david.picard-druet@inra.fr

RÉSUMÉ

Depuis quelques années, la sélection génomique commence à se mettre en place dans la filière avicole. Dans le but d'optimiser les schémas de sélection, et donc le progrès génétique des populations sélectionnées, il est important de connaître la précision de l'évaluation génomique, comparativement à l'évaluation génétique. Dans une étude précédente, il avait été observé que l'usage de la sélection génomique à la naissance était une stratégie très prometteuse pour la sélection des reproducteurs en race pure. Le croisement entre lignées pures étant utilisé à large échelle par les schémas de sélection avicoles, il s'est posé la question de l'utilisation des données des descendantes croisées sur l'évaluation des reproducteurs, et de leur influence sur la précision de l'évaluation.

Dans le cadre de cette étude, 2 objectifs ont été poursuivis. Tout d'abord, estimer la corrélation génétique, pour un même caractère de qualité d'œuf, entre la performance exprimée par des poules de lignée pure, et celle des poules croisées. Ensuite, estimer les différences de précision apportées par l'intégration des données des croisées à l'évaluation en lignée pure.

Les résultats ont montré que la corrélation génétique entre caractère pur et croisé est forte, mais ne permet pas de considérer qu'il s'agit du même caractère. L'ajout des performances de croisées aux évaluations a permis d'obtenir des résultats globalement meilleurs qu'en évaluations séparées.

ABSTRACT

Contribution of crossbred information for genomic evaluation of egg quality in layers.

Avian breeders are currently putting in place genomic selection in their selection schemes. One key parameter to optimize selection schemes, and so genetic gain of selected populations, is to correctly predict the accuracy of genomic evaluation. In a previous study, it has been shown that genomic selection at birth was a very promising strategy for breeders selection in purebred. As crossbred between pure lines is commonly used in avian selection schemes, raises the question about the use of crossbred offspring in breeders evaluation, and their impact on evaluation accuracy.

In this study, we had 2 goals. First, estimation of genetic correlation, for the same egg quality trait, between performance from pure line, and cross line layers. Then, estimation of the differences in evaluation accuracy, by adding crossbred information to pure line evaluation.

Results shown that genetic correlation between purebred and crossbred trait is strong, but did not allow to consider that it is the same trait. Adding crossbred performances into evaluations allowed to obtain better results, globally, than in separated evaluations.

INTRODUCTION

Depuis quelques années, la sélection génomique commence à se mettre en place dans la filière avicole en France. Dans le but d'optimiser les schémas de sélection, et donc le progrès génétique des populations sélectionnées, il est important de connaître la précision de l'évaluation génomique, comparativement à l'évaluation génétique. Dans de précédentes études (Wolc et al 2015, Wolc et al 2016, Picard Druet et al 2018), il avait été observé que l'usage de la sélection génomique à la naissance était une stratégie très prometteuse pour la sélection des reproducteurs en race pure, comparée à l'évaluation génétique sur collatéraux utilisée traditionnellement en sélection.

Dans ce contexte s'est posée la question de l'utilisation des données des descendantes croisées sur l'évaluation des reproducteurs. Le croisement entre lignées pures est utilisé à large échelle par les schémas de sélection avicoles, notamment afin d'obtenir des individus adaptés aux différents marchés. Les performances de ces individus ne sont pas exploitées lors des évaluations des reproducteurs, qui n'utilisent que les performances des apparentés de lignée pure.

Or, plusieurs études (Dekkers 2007, Caverio et al. 2010, Xiang et al. 2016 JAS) ont mis en avant l'intérêt d'utiliser les données d'animaux croisés pour évaluer les reproducteurs, que ce soit en évaluation génétique, ou en évaluation génomique. Il a également été montré une différence entre les caractères mesurés chez des individus de race pure, et les caractères mesurés chez leurs descendants croisés (Caverio et al. 2010, Xiang et al. 2016 GSE). Ces différences ont un impact sur l'optimisation des schémas de sélection.

Deux objectifs ont été poursuivis dans le cadre de cette étude. Tout d'abord, estimer la corrélation génétique entre la performance exprimée par des poules de lignée pure, et celle des poules croisées pour des caractères de qualité d'œuf. Ensuite, estimer les différences de précision apportées par l'intégration des données des croisées à l'évaluation en lignée pure, en évaluation génétique et en évaluation génomique.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Données

Les données phénotypiques (Tableau 1) portent sur les performances en qualité d'œuf de 19 220 poules de

lignée pure (réparties en 12 lots) et 44 436 descendantes croisées (réparties en 9 lots). Ces données proviennent des lignées Rhode Island, sélectionnées par la société Novogen. Trois caractères de qualité d'œuf ont été étudiés : Poids de l'œuf (PO), couleur de la coquille (LAB, caractère composé du ratio entre la part de rouge et de jaune dans la couleur, et la clarté de la coquille) et force nécessaire pour fracturer la coquille (FF).

À ces informations s'ajoutent les génotypes des reproducteurs de lignée pure (1 214 mâles et 1 148 femelles, également phénotypés), obtenus avec une puce 600k SNP Affymetrix® Axiom® HD. Après filtration, 302 102 SNPs ont été conservés dans les génotypes.

Les données ont été regroupées en 2 jeux, le premier avec les données récoltées sur les individus âgés d'environ 50 semaines, dont tous les individus sont en cages collectives (CC), le second sur ceux âgés de 70 semaines, avec les poules croisées en cages collectives, et les individus de race pure en cages individuelles (CI).

Pour chaque caractère, les mesures ont été ajustées pour les effets environnementaux via la procédure GLM de SAS®. Le modèle prend en compte la batterie, la position de la cage dans la batterie, le lot, l'âge de la poule, ainsi que le nombre de jours écoulés entre la ponte et la mesure. Les données dont les résidus avaient une valeur absolue supérieure à 5 fois l'écart type du caractère, ont ensuite été supprimées. Elles représentaient moins de 0,1% des mesures. Enfin, les performances ont été centrées et réduites.

Parmi cette population, une population candidate de 174 reproducteurs mâles, de lignée pure, ayant des descendants purs et croisés, a ensuite été constituée afin de pouvoir estimer leurs valeurs génétiques dans différents cas de figure.

1.2. Évaluations

Les différents logiciels utilisés pour les évaluations sont issus de la suite BLUPF90 (Miszta et al. 2002). Les matrices de variances-covariances ont été estimées via REML, en utilisant l'ensemble des données à notre disposition (phénotypiques et génotypiques). Chaque caractère a été évalué séparément, en bi-caractère : PB (caractères mesurés chez des individus de race pure) et CB (caractères mesurés chez leurs descendants croisés).

Les matrices obtenues ont permis d'estimer l'héritabilité de chaque caractère, ainsi que les corrélations génomiques entre caractère PB et caractère CB.

Ces matrices ont ensuite été utilisées pour réaliser les évaluations avec une méthodologie BLUP (évaluation génétique) ou Single Step GBLUP (ssGBLUP, évaluation génomique) (Aguilar et al. 2010).

L'objectif majeur était d'observer la précision de l'évaluation mixte (avec toutes les données phénotypiques), par rapport aux évaluations séparées (l'évaluation utilisant uniquement les performances des PB et celle utilisant uniquement les performances issus des individus CB).

Différents cas de figure ont été utilisés pour ces différentes évaluations :

- Utilisation des génotypes des reproducteurs mâles et femelles (évaluation génomique) ou non (évaluation génétique)
- Variation de la quantité d'information phénotypique à disposition : ascendance ; ascendance et collatéraux ; ascendance, collatéraux et descendance.
- Utilisation des données des individus jeunes (CC) ou en fin de carrière (CI).

1.3. Estimation des précisions des évaluations

Afin d'estimer la précision de nos évaluations mixtes, il a fallu fixer l'évaluation de référence, dont les valeurs génétiques estimées ont été considérées comme étant la Valeur Génétique Vraie.

Deux références ont été utilisées :

La première référence utilisée a été la meilleure évaluation possible (avec l'ensemble des données, génotypique et phénotypique) avec uniquement les mesures faites sur les individus de race pure, pour les caractères PB. L'objectif était de pouvoir comparer le comportement de l'évaluation mixte par rapport à l'évaluation sur les données de race pure, en utilisant une référence commune.

Dans un second temps, la référence utilisée a été la meilleure évaluation possible (avec l'ensemble des données, génotypique et phénotypique), mais cette fois-ci, en évaluation mixte.

La précision des évaluations pour chaque caractère a ensuite été estimée via une corrélation de Pearson entre les valeurs génétiques ou génomiques estimées pour la population candidate, et la valeur de référence, pour notre population candidate de 174 individus.

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

2.1. Paramètres génétiques

L'héritabilité des différents caractères (Tableau 2), que ce soit en CC ou en CI, est proche de celles estimées lors des évaluations uniquement sur pures ou sur croisées (Picard Druet et al 2018).

Les corrélations génétiques entre caractères PB et CB (Tableau 3), comprises entre 0,75 et 0,8, montrent qu'il

y a un fort lien entre caractères PB et CB, mais qu'on ne peut pas considérer qu'il s'agisse du même caractère. Ces résultats sont cohérents avec ce qui avait été montré dans la littérature (Cavero et al. 2010, Xiang et al. 2016).

2.2. Précision des évaluations

Les résultats présentés ici sont ceux obtenus avec les données CI, comparés à la référence pure. Les autres résultats obtenus, avec les données CC, et avec les autres références sont très semblables.

L'évolution générale de la précision de l'évaluation en fonction de la quantité d'information à disposition (Figure 1) est très proche de celle observée en évaluation uniquement sur la lignée pure (Picard Druet et al 2018). L'ajout d'information phénotypique permet d'améliorer la précision de l'évaluation. Les évaluations génomiques sont également plus précises que les évaluations génétiques, à quantité d'information phénotypique équivalente, de par la prise en compte de l'information génotypique.

L'écart de précision estimé entre caractère PB et CB reflète ce qui était estimé en matière de corrélation génétique entre ces caractères. Ce ne sont pas les mêmes, ce qui se répercute dans l'estimation de la valeur génétique des reproducteurs sur les caractères PB et CB, et donc la corrélation avec la référence.

On peut également observer une différence entre les estimations de précision des caractères PO, LAB et FF. À quantité d'information égale, la corrélation des valeurs estimées pour ces caractères à la référence n'est pas la même. Un tel phénomène avait déjà été observé en évaluation avec les données pures. Cela peut s'expliquer par une architecture génétique différente de ces caractères, ce qui a un impact sur la qualité de l'évaluation (Romé et al. 2015).

Concernant l'évaluation génomique sur descendance (qui est la référence mixte), on n'observe pas de fortes différences en matière de précision d'évaluation, si l'on compare évaluation mixte par rapport aux évaluations pures et croisées séparément. La référence mixte semble donc assez proche des références pures et croisées, sans être strictement identique.

En comparant les estimations de précision des caractères PB en évaluation mixte avec celles obtenues en évaluation pure, par rapport à la référence pure

(Figure 2), on peut observer que l'évaluation mixte obtient des résultats aussi bien corrélés, sinon mieux, à la référence que ceux de l'évaluation pure. Ainsi, en évaluation génomique mixte sur ascendance, le caractère PO a une corrélation de 0,57 au lieu de 0,55, et 0,63 au lieu de 0,54 en évaluation génomique sur ascendance et collatéraux, ceci en prenant en compte que la référence utilisée désavantage l'évaluation mixte. En utilisant la référence mixte, la précision estimée de l'évaluation mixte augmente, en moyenne de 0,05 en CI.

Un résultat équivalent est observé quand on compare l'évaluation mixte avec l'évaluation croisée, par rapport à la référence croisée.

L'évaluation mixte semble donc permettre d'obtenir des résultats plus proches de la meilleure évaluation possible, en comparaison des évaluations séparées.

CONCLUSION

Nous avons pu observer que les caractères PB et CB, s'ils sont proches, ne peuvent être considérés comme identiques, et cela se répercute dans la précision de l'évaluation. Un reproducteur n'aura pas la même valeur génétique sur caractère PB et sur caractère CB.

Cela signifie qu'en fonction de l'objectif de sélection, sur caractère PB ou CB, les reproducteurs sélectionnés ne seront pas les mêmes.

L'évaluation commune utilisant les données pures et croisées permet d'obtenir globalement des précisions plus élevées qu'en évaluation séparée, que ce soit en évaluation pure ou croisée. Cet ajout de données permet en outre d'avoir les informations sur la valeur génétique des reproducteurs par rapport aux deux types de caractères, PB et CB. L'intégration des données des descendants croisés à l'évaluation des reproducteurs semble donc une stratégie prometteuse, dans le but d'optimiser la précision de l'évaluation.

Il reste encore à juger de la pertinence de l'évaluation mixte, en fonction des objectifs de sélection. En effet, l'usage des données de croisées en sélection suppose d'avoir, en plus des mesures de performances, une traçabilité entre les descendantes croisées et leurs géniteurs en race pure. Le surcoût engendré n'est pas forcément optimal dans le cadre d'un choix de sélection sur caractère PB, par exemple.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D.L., Legarra, A., Tsuruta, S. & Lawlor, T. J. (2010). A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science* 93, 743–752.
- Cavero D., Schmutz M. and Preisinger R., 2010. *Lohmann Information*, vol. 45 (2), page 19
- Deckers J.C.M., 2007. *J. Anim. Breed. Genet.* 124, 331–341
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D., 2002. *Proceedings Of the 7th WCGALP*, vol.28, p.743
- Misztal I., Legarra A., Aguilar I. 2009, *J. Dairy Sci.*, 92(9):4648–4655
- Picard Druet D., Herry F., Varenne A., Hérault F., Allais S., Burlot T., Le Roy P., 2018. Accuracy of genomic evaluation in pure line layers. 11. *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)*, Feb 2018, Auckland, New Zealand
- Romé H., Varenne A., Hérault F., Chapuis H., Alleno C., Dehais P., Vignal A., Burlot T., Le Roy P., 2015. *Genet Sel Evol*, 48:22
- Wolc A., Zhao H. H., Arango J., Settar P., Fulton J.E., O'Sullivan N.P., Preisinger R., Stricker C., Habier D., Fernando R.L., Garrick D.J., Lamont S.J., Dekkers J.C.M., 2015. *Genetics Selection Evolution*, 47:59
- Wolc A., Kranis A., Arango J., Settar P., Fulton J.E., O'Sullivan N.P., Avendano A., Watson K.A., Hickey J.M., Campos G.d.l., Fernando R.L., Garrick D.J., Dekkers J.C.M., 2016. *ResearchGate*, 6(1):23
- Xiang T., Nielsen B., Su G., Legarra A., Christensen O.F., 2016. *J. Anim. Sci.*, 94:936–948
- Xiang T., Christensen O.F., Vitezica Z.G., Legarra A., 2016. *Genet Sel Evol*, 48:92

Tableau 1. Nombre d'individus dans les populations PB et CB

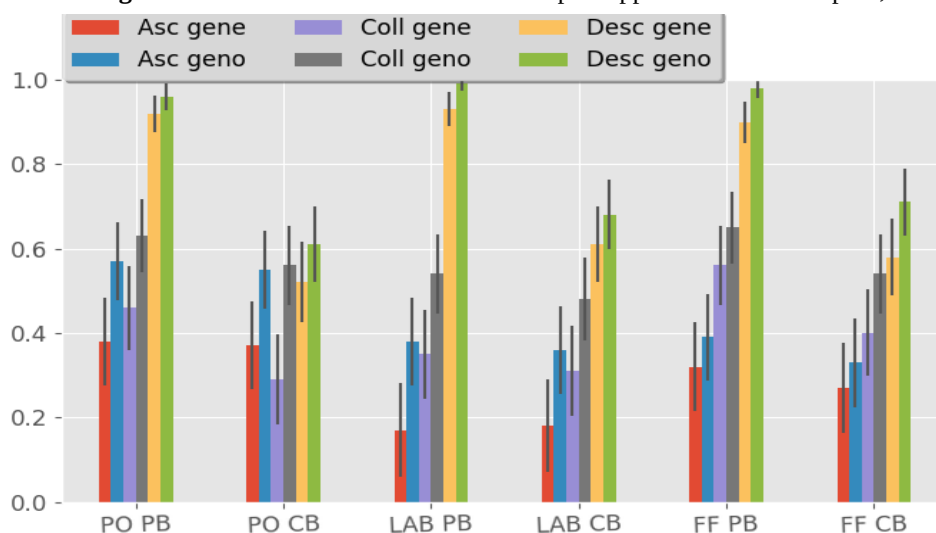
	PB	CB
Phénotypés	19 220	44 436
Génotypés	2 362	0
Généalogie	20 434	46 798

Tableau 2. Héritabilités des caractères en évaluation mixte (entre parenthèse, l'erreur standard)

	PO PB	PO CB	LAB PB	LAB CB	FF PB	FF CB
CC	0.65 (0.02)	0.80 (0.02)	0.62 (0.02)	0.55 (0.02)	0.28 (0.02)	0.27 (0.02)
CI	0.77 (0.00)	0.83 (0.00)	0.64 (0.01)	0.51 (0.01)	0.44 (0.03)	0.30 (0.03)

Tableau 3. Corrélations génétiques entre caractères PB et CB en évaluation mixte (entre parenthèse, l'erreur standard)

	PO	LAB	FF
CC	0.71 (0.02)	0.81 (0.02)	0.75 (0.02)

Figure 1. Précision des évaluations mixtes par rapport à la référence pure, en CI**Figure 2.** Comparaison de la précision des évaluations mixtes, par rapport à la référence pure, en CI. À gauche, évaluations génétiques, à droite, évaluations génomiques.