

EVALUATION GENOMIQUE DU POIDS D'ŒUF CHEZ DES POULES PONDEUSES SOUMISES A DIFFERENTS REGIMES ALIMENTAIRES

**H. Chapuis¹, F. Hérault^{2,3}, A. Varenne⁴, H. Romé^{2,3}, T. Ruer^{2,3,4}, C. Alleno⁵, P. Dehais⁶,
A. Vignal⁶, T. Burlot⁴, P. Le Roy^{2,3}**

¹*SYSAAF INRA UR83 Recherches Avicoles 37380 Nouzilly,*

²*INRA UMR1348 PEGASE Domaine de la Prise 35590 Saint-Gilles,*

³*Agrocampus Ouest UMR1348 PEGASE 65 rue de Saint Briec 35042 Rennes,*

⁴*Novogen Mauguérand 22800 Le Foeil,*

⁵*Zootests Parc technologique du zoopôle 5 Rue Gabriel Calloet Kerbrat 22440 Ploufragan,*

⁶*INRA UMR1388 GenPhySe Auzeville BP52627 31326 Castanet-Tolosan*

pascale.leroy@rennes.inra.fr

RÉSUMÉ

Le programme ANR UtOpIGe vise à évaluer l'intérêt de la sélection génomique dans des filières pyramidales, où la sélection est menée sur un noyau de taille restreinte, avant une large diffusion du progrès génétique via les étapes successives de multiplication et production. Nous présentons ici les résultats préliminaires dans un schéma de sélection de poules pondeuses, où nous analysons également d'éventuelles interactions Génotype x Environnement (GxE), au travers de deux régimes alimentaires différenciés sur le niveau d'énergie apporté (régime Basse Energie, BE, à 2455 kcal vs. régime Haute Energie, HE, à 2881 kcal). La population de référence est constituée par 453 coqs d'une lignée pure commerciale, génotypés avec une puce haute densité (la puce Affymetrix® Axiom® HD 600k SNP). Les phénotypes associés sont ceux de 31381 filles de ces coqs, obtenues par croisement avec une autre lignée, élevées en cages multiples et soumises pour moitié à l'un ou l'autre des deux régimes alimentaires. La validation consiste à évaluer puis sélectionner parmi 551 coqs candidats, fils des précédents. Les coqs candidats sont simplement génotypés au moment du choix et les performances de leurs sœurs ne sont pas encore disponibles. Un index génomique est estimé, selon la procédure « Single Step ». La présente analyse porte sur le poids des œufs à 65 semaines. Alors que les paramètres génétiques obtenus avec l'information des marqueurs sont assez semblables à ceux obtenus en lignée pure avec l'évaluation classique, les indices génomiques calculés sont nettement plus précis que des indices sur ascendance, avec un CD deux fois plus élevé pour les candidats connus uniquement sur génotype. Par ailleurs, pour le poids d'œuf on ne constate pas d'interaction GxE notable (corrélation génétique estimée >0.90) entre les régimes. Ces résultats encourageants plaident en faveur de la mise en place d'une sélection génomique de routine chez la poule pondeuse.

ABSTRACT

Genomic evaluation for egg weight in crossbred layers receiving various diets

The ANR UtOpIGe project aims at assessing the value of genomic selection in pyramidal selection schemes, where the selection is conducted on a small size nucleus, before the wide dissemination of genetic progress through successive stages of multiplication and production. We present preliminary results in a selection scheme of laying hens and we also analyze possible interactions genotype x environment (G x E) through two diets differentiated on the given energy level (Low Energy, BE with 2455 kcal vs. High Energy, HE with 2881 kcal). The reference population consisted of 453 roosters of a pure line, genotyped with a high density chip (Affymetrix® Axiom® HD 600k SNPs chip). Associated phenotypes were those of 31,381 daughters of these males, obtained by crossing with another line, housed in multiple cages and equally allocated to one or the other of the two diets. The validation was based on the genetic evaluation and selection within 551 males candidates, sons of the preceding ones. These candidates were simply genotyped when selected and performance of their sisters were not yet available. Genomic indices were estimated according to the "Single Step" procedure. This analysis focused on egg weight at 65 weeks of age. While genetic parameters estimated with the markers information were quite similar to those obtained with the conventional pedigree information in pure line, calculated genomic indices were significantly more accurate than pedigree index, with a reliability (CD) twice as high for candidates known only on genotype. Moreover, for egg weight, no significant G x E interaction (estimated genetic correlation > 0.90) between diets was observed. These encouraging results support the establishment of a routine genomic selection in laying hens.

INTRODUCTION

Par opposition aux ruminants, chez la plupart des monogastriques (porcs, volailles), la filière est de type pyramidal, le sommet étant occupé par la sélection et la base par la production du terminal. Une des grandes difficultés rencontrées dans les schémas de sélection « ponte » provient du décalage entre les populations et l'environnement, très différents selon l'étagé considéré. Au sommet, des noyaux de sélection sont conduits en lignée pure dans des conditions extrêmement protégées, tandis que les poules commerciales sont obtenues par croisements successifs et doivent faire face à des environnements bien moins favorables. De ce fait les performances mesurées à l'étagé supérieur peuvent se révéler des prédicteurs insuffisants de la valeur économique des descendants croisés, surtout si les caractères sont sensibles à des effets non additifs.

Le développement récent de la puce « poule » Affymetrix® Axiom® HD 600k SNPs (Kranis et al., 2013) permet d'envisager une sélection de type génomique chez les pondeuses. En basant cette dernière sur une population de référence (des mâles de lignée pure) à la fois génotypée et bien caractérisée pour les performances obtenues en croisement (les filles des coqs précédents), il est possible de tenir compte des effets du croisement et d'éventuelles interactions entre génotype et environnement (Dekkers, 2007).

Dans cette étude, une expérience de sélection a été conduite, visant à comparer une évaluation génétique classique (basée sur le pedigree) et une évaluation génomique (s'appuyant sur la puce 600K) des performances de poules croisées soumises à deux régimes alimentaires différents. Le but est de déterminer quelle méthode est mieux à même de sélectionner des coqs de lignée pure destinés à engendrer des poules croisées exploitées dans des environnements très variés.

1. MATERIEL ET METHODE

1.1. Génotypage des mâles

La population de référence est constituée de coqs d'une lignée pure A sélectionnée par l'entreprise NOVOGEN, génotypés avec la puce HD 600K SNP Affymetrix® Axiom® par Ark-Genomics (Edimbourg, Royaume-Unis). Au total 1004 mâles ont été génotypés pour 580 961 SNP. Certains génotypes pouvant être manquants pour certains individus pour différentes raisons techniques, le contrôle qualité a comporté 5 étapes successives. Dans un premier temps, il a été vérifié que les SNP étaient génotypés sur plus de 5% des animaux, afin de ne pas biaiser la suite de la filtration. A cette étape, 14 SNP du chromosome W présents sur la puce ont été

éliminés de l'analyse, ce qui était attendu puisque seuls des coqs avaient été génotypés. Il a ensuite été vérifié que les animaux étaient génotypés sur plus de 95% des SNP (aucun animal n'a été exclu). Ont ensuite été conservés, les SNP tels que, successivement, la fréquence de l'allèle rare soit supérieure à 5% (260 945 SNP exclus), plus de 95% des animaux soient génotypés (9 041 SNP exclus) et l'équilibre de Hardy-Weinberg soit respecté ($P > 5\%$) (26 318 SNP exclus). Ainsi, 284 643 SNP ont été conservés pour l'étude.

Les mâles étudiés ont été obtenus en 6 troupeaux successifs, espacés de 6 mois entre le premier semestre 2010 et le second semestre 2012. Seuls les coqs des 3 premiers troupeaux (jusqu'au premier semestre 2011) avaient des filles croisées avec performances au moment des évaluations. Les 3 derniers troupeaux constituent la population de validation de l'expérience de sélection. Il s'agit des candidats à la sélection, connus uniquement par génotypage.

1.2. Phénotypage des femelles

Nous présentons ici les résultats concernant le poids des œufs. Dans la lignée pure A, le poids d'œuf est mesuré à 65 semaines (7 mesures successives sur 1 semaine), les poules étant en cages individuelles nourries *ad libitum* avec un régime à 2700 kcal. Les coqs A ont également été évalués pour le poids d'œuf à partir des performances de 31 381 filles F1 issues d'un croisement Ax.D. Cette population expérimentale a été obtenue en 3 lots (éclosions en novembre 2010, mai 2011 et novembre 2011). A l'âge de 18 semaines, les poules ont été placées en conditions de production, dans des cages collectives de 12 sœurs issues du même père. La moitié a été nourrie avec un aliment « à haute énergie » (HE) apportant 2881 kcal. L'autre moitié avec un régime « basse énergie » (BE) n'apportant que 2455 kcal. Le poids des œufs a été mesuré à 70 semaines d'âge.

1.3. Evaluation génétique en lignée pure

L'évaluation génétique des coqs sur les performances en lignée pure s'appuie sur un BLUP modèle animal (Henderson, 1975) prenant en compte toute l'information disponible depuis la création de la lignée. Les valeurs génétiques des coqs sont estimées à partir des performances des femelles. Pour chaque coq candidat, deux Valeurs Génétiques Estimées (VGE) ont été calculées. La première à la naissance, obtenue sur ascendance (VGE_1) et une seconde (VGE_2) à 70 semaines en tenant compte des performances de toutes les collatérales mesurées. Dans tous les cas le poids des œufs est analysé avec un modèle polygénique classique :

$$y = 1\mu + X\beta + Zu + e$$

avec $\text{Var}\begin{pmatrix} u \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A\sigma_u^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{pmatrix}$ où y est le vecteur des performances, μ est la moyenne générale, β , u , et e sont respectivement les vecteurs des effets lots, des effets génétiques additifs et des résidus. A est la matrice de parenté déduite du pedigree, I une matrice identité tandis que X et Z sont des matrices d'incidence. σ_u^2 est la variance génétique et σ_e^2 la variance résiduelle. Le fichier de pedigree contenait 16 126 individus, et respectivement 3 127 et 4 544 poules ont été mesurées pour estimer VGE_1 et VGE_2 . Le logiciel VCE6 (Groeneveld et al., 2010) a été utilisé pour obtenir les paramètres génétiques et les VGE. Il s'agit du logiciel actuellement utilisé pour estimer les VGE des candidats à la sélection de la lignée A.

1.4. Evaluation génétique en croisement

Afin d'analyser les performances des poules croisées, des analyses bicaractères génétiques et génomiques ont été conduites. Cette approche permet d'estimer la corrélation génétique entre les deux niveaux d'alimentation et donc de mesurer le niveau d'interaction génotype milieu. Intra régime, les données des filles d'un même père sont considérées comme des performances répétées du père. Une approche « single step » (Aguilar et al., 2010) a été choisie car elle permet très facilement de passer d'une analyse génétique classique à une analyse génomique. En effet le modèle est le suivant :

$$y = \begin{pmatrix} y_{BE} \\ y_{HE} \end{pmatrix} = 1\mu + Xc + Zs + e$$

avec $\text{Var}\begin{pmatrix} c \\ s \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} IC & 0 & 0 \\ 0 & HS & 0 \\ 0 & 0 & IE \end{pmatrix}$ où C , S et E sont les matrices (d'ordre 2) de variance des effets cages, des effets pères et des résidus. La flexibilité du modèle provient de la matrice H qui est soit la matrice de parenté classique déduite du pedigree (évaluation dite génétique), soit la matrice combinant l'information du pedigree et des SNP (évaluation dite génomique). Le modèle a été ajusté avec les logiciels de la famille BLUPF90 (Misztal et al., 2002). Le programme gibbs2f90 a été utilisé pour estimer les composantes de variances. Il a permis de calculer un intervalle de confiance à 90% des composantes à partir de leur distribution a posteriori, obtenue par 4000 observations indépendantes.

1.5. Population de validation

A l'issue de l'évaluation, 60 mâles ont été sélectionnés (parmi 565 candidats) pour produire des descendantes croisées. Chacun a eu 80 filles du type génétique AxD et 80 d'un autre type génétique (AxB). Toutes ces poules ont été élevées dans la même ferme. Une fois de plus, elles ont été divisées en deux

groupes, chacun étant soumis à un régime alimentaire différent (HE et BE).

Les corrélations entre, d'une part, les valeurs génétiques ou génomiques estimées pour ces 60 coqs et, d'autre part, les performances moyennes de leurs filles ont été calculées et divisées par la racine carrée des héritabilités afin de permettre une comparaison des valeurs prédictives. Les poids des œufs des troupeaux de validation étaient connus aux âges de 21, 25 et 30 semaines.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Paramètres génétiques

En lignée pure, l'estimation d'héritabilité du poids des œufs à 65 semaines est de 0,38 +/-0,01 et de 0,40 +/-0,02, selon que les performances des sœurs sont exclues ou prises en compte. Les estimations des paramètres génétiques obtenus en croisement sont présentées dans le tableau 1. Les valeurs obtenues (entre 0,60 et 0,64) sont conformes à la littérature. La corrélation génétique entre les poids obtenus avec les deux régimes est proche de 0,9 avec le modèle génétique classique et proche de 1,0 avec le modèle génomique. Par conséquent l'existence d'une interaction « génotype x environnement » significative ne semble pas vérifiée pour ce caractère.

Tableau 1. Paramètres génétiques[&] estimés sur les données des poules croisées

	PO _{HE}	PO _{BE}
	Parenté Pedigree	
PO _{HE}	0,52<0,60<0,68	0,86<0,89<0,93
PO _{BE}		0,56<0,64<0,72
	Parenté Génomique	
PO _{HE}	0,56<0,64<0,72	0,95<0,99<1,00
PO _{BE}		0,52<0,60<0,68

[&]Héritabilités sur la diagonale, corrélations génétiques au-dessus de la diagonale.

PO_{HE} : poids d'œuf à 70 semaines des poules croisées nourries avec le régime "HE".

PO_{BE} : poids d'œuf à 70 semaines des poules croisées nourries avec le régime "BE".

2.2. Corrélation entre valeurs génétiques et génomiques

Les corrélations de rang entre les valeurs génétiques et génomiques des coqs candidats sont dans le tableau 2. En lignée pure, la corrélation entre la VGE estimée à la naissance ou après performances est de l'ordre de 0,8. C'est une valeur élevée, mais différente de 1. Elle témoigne de la relative imprécision des valeurs obtenues sur ascendance et de la nécessité de les affiner avec les performances des sœurs des coqs. On constate par ailleurs que le classement des coqs sur valeurs génomiques des performances des filles croisées est identique quel que soit le régime

considéré. En revanche les corrélations de rang entre les prédictors obtenus sur performances en lignée pure ou en croisement, si elles sont positives, demeurent très faibles (de l'ordre de 0,3).

Tableau 2. Corrélations de rang entre les valeurs génétiques et génomiques estimées des candidats

	VGE ₁	VGE ₂	VGE _{HE}
VGE ₂	0.795		
VGE _{HE}	0.250	0.323	
VGE _{BE}	0.263	0.337	0.996

VGE₁ : valeur génétique estimée en race pure sans information sur les sœurs.

VGE₂ : valeur génétique estimée en race pure avec information sur les sœurs.

VGE_{HE} : valeur génomique estimée en croisement avec le régime HE.

VGE_{BE} : valeur génomique estimée en croisement avec le régime BE.

2.3. Validation

Dans le tableau 3, nous avons rassemblé les corrélations entre les valeurs génétiques ou génomiques, d'une part, et les performances moyennes des filles des coqs concernés, d'autre part. La précision de la prédiction est clairement plus élevée avec les valeurs génomiques qu'avec les valeurs génétiques, notamment pour les performances précoces. Les corrélations augmentent avec l'âge des poules, ce qui est cohérent, car les prédictors utilisent des mesures tardives. Etant données les fortes corrélations génétiques évoquées plus haut, on n'observe que peu de différences entre les régimes. Plus étrange, on remarque une meilleure corrélation des valeurs génomiques avec les performances dans le croisement AxB. Ces premiers résultats nécessitent confirmation, notamment lorsque les mesures des performances à 70 semaines des filles seront disponibles.

Tableau 3. Corrélations[&] entre les valeurs génétiques ou génomiques estimées des coqs candidats et la performance moyenne de leurs filles croisées (n=60 pères)

	Filles AxD		Filles AxB	
	PO _{HE}	PO _{BE}	PO _{HE}	PO _{BE}
A 21 semaines				
VGE ₁	0.00	-0.08	0.08	0.14
VGE ₂	0.06	-0.02	0.35	0.33
VGE _{HE}	0.17	0.22	0.36	0.52
VGE _{BE}	0.18	0.23	0.37	0.50
A 25 semaines				
VGE ₁	0.11	0.09	0.25	0.22
VGE ₂	0.27	0.20	0.36	0.41
VGE _{HE}	0.39	0.28	0.54	0.62
VGE _{BE}	0.37	0.28	0.54	0.61
A 30 semaines				
VGE ₁	0.28	0.19	0.43	0.25
VGE ₂	0.46	0.39	0.51	0.47
VGE _{HE}	0.40	0.49	0.61	0.61
VGE _{BE}	0.40	0.48	0.59	0.58

[&]Les corrélations ont été divisées par la racine carrée de l'héritabilité du caractère considéré pour l'estimation des VGE, respectivement ($\sqrt{0,38}$, $\sqrt{0,40}$, $\sqrt{0,64}$, $\sqrt{0,60}$).

CONCLUSION

Les résultats de cette expérience sont encore en cours d'acquisition. Néanmoins ils semblent attester de l'intérêt d'une sélection génomique pour la prédiction du poids d'œuf dans les populations croisées. Par ailleurs, sur le poids d'œuf au moins, il ne semble pas y avoir de fortes interactions Génétique x Régime alimentaire.

REMERCIEMENTS

Ces travaux ont été conduits dans le cadre du programme UtOpIGe, financé par l'ANR (ANR-10-GENOM_BTV-015).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D. L., et al (2010) J. Dairy Sci., 93 :743-752
2. Dekkers, J. C. M. (2007) J. Anim. Sci., 85 :2104-2114
3. Groeneveld, E., Kovac, M., Mielenz, M. (2010) VCE Version 6.0
4. Henderson, C. R. (1975) Biometrics, 31(2):423-447
5. Kranis, A., Gheyas, A. A., Boschiero, C. et al (2013) BMC Genomics, 14:59
6. Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T. et al (2002). Proc. 7th WCGALP, CD-ROM communication N° 28-07