



Utilisation d'une puce très basse densité (1 100 SNP) pour la sélection génomique chez 3 races de porcs françaises

Céline Carillier-Jacquin, Alban Bouquet, Yann Labrune, Pauline Brenaut,
Catherine Larzul

► To cite this version:

Céline Carillier-Jacquin, Alban Bouquet, Yann Labrune, Pauline Brenaut, Catherine Larzul. Utilisation d'une puce très basse densité (1 100 SNP) pour la sélection génomique chez 3 races de porcs françaises. 52. Journées de la Recherche Porcine en France, Feb 2020, Paris, France. hal-02478451

HAL Id: hal-02478451

<https://hal.science/hal-02478451>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0
International License

Utilisation d'une puce très basse densité (1 100 SNP) pour la sélection génomique chez 3 races porcines françaises

Céline CARILLIER-JACQUIN (1), Alban BOUQUET (2), Yann LABRUNE (1), Pauline BRENAUT (2), Juliette RIQUET (1), Catherine LARZUL (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, INPT, ENVT, 31320, Castanet-Tolosan, France

(2) IFIP-Institut du Porc, 35651 Le Rheu Cedex, France

celine.carillier-jacquin@inra.fr

Design of a very low density chip (1 100 SNP) for genomic selection in 3 French pig breeds

To reduce genotyping costs for genomic selection, a Low-Density SNP (LD) chip, designed in 2016, is now used routinely. This panel is composed of approximately 1 100 equidistant SNPs. The relevance of this chip has been studied in French populations of the Landrace, Large White and Pietrain pig breeds. The quality of imputation was estimated by the correlation between actual and imputed genotypes and error rates. The impact of imputation on the genomic evaluations was estimated by the correlation between the genomic values obtained for the candidates with imputed genotypes, and those obtained with the high-density genotypes. Average error rates of imputation estimated on all the chromosomes were 0.03, 0.11 and 0.14 for Landrace, Large White and Pietrain, respectively. The estimated correlations between actual and imputed genotypes were relatively high at 0.93, 0.92 and 0.88 for Landrace, Large White and Pietrain populations, respectively. Correlations between genomic breeding values predicted with high-density genomic data or imputed genomic data from the LD SNP panel ranged from 0.89-0.97 for Large White and Landrace populations for reproductive traits. They were higher than those obtained for the Pietrain population (0.80 and 0.97 for production traits, respectively). In conclusion, despite the limited number of SNPs on the low-density panel used in this study, the imputation accuracy is sufficient to use the imputed genotypes in the genomic evaluations. In practice, genotyping candidates with a LD chip is a solution for selecting future breeding pigs at lower cost.

INTRODUCTION

Le coût actuel des puces SNP constitue une limite au développement de la sélection génomique dans les populations porcines (Badke *et al.*, 2014; Wellmann *et al.*, 2013). Afin de réduire les coûts de génotypage, une puce SNP basse densité (LD), conçue en 2016, est utilisée en routine. Ce panel LD d'environ 1100 SNP a été optimisé pour maximiser la précision d'imputation dans la population de porcs Landrace français. Dans la présente étude, nous avons proposé d'étudier l'impact de l'utilisation de ce panel pour deux autres grandes races de porc françaises, le Large White et le Piétrain.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Données

Le jeu de données est composé de 3 724 Landrace, 1 061 Large White et 984 Piétrain (projet Utopige) génotypés avec la puce porcine Illumina SNP60 ou la puce GeneSeek 80k. Le panel basse densité d'environ 1 100 marqueurs contient des SNP sélectionnés pour le contrôle de filiation et un ensemble de SNP additionnels situés de manière équidistante les uns des autres pour optimiser l'imputation.

La population d'animaux génotypés a été divisée en deux sous-ensembles : 1) une population d'apprentissage dont l'ensemble des SNP sur puces moyenne densité sont connus (Large White

et Landrace nés avant 2016, 96 pères Piétrain ainsi qu'un maximum de 9 fils/père Piétrain choisis au hasard) et 2) une population de validation (Large White et Landrace nés en 2016 et 96 fils Piétrain non inclus dans la population d'apprentissage) dont les génotypes connus ne sont que ceux des SNP présents sur la puce basse densité.

1.2. Imputation

L'imputation a été réalisée séparément dans chaque race. Le logiciel FImpute (Sargolzaei *et al.*, 2011) a été utilisé pour imputer les génotypes sur la base d'informations du pedigree et des SNP connus. La précision d'imputation a été évaluée à l'aide des corrélations de Pearson entre génotypes imputés et les génotypes réels, par animal et par SNP, et le taux d'erreur d'imputation estimé comme le rapport entre la somme des erreurs d'imputation pour le SNP considéré et le nombre d'animaux génotypés.

1.3. Prédiction des valeurs génomiques

Des évaluations génomiques ont été menées séparément dans chaque race en utilisant la méthode BLUP génomique en une étape (Legarra *et al.*, 2009) avec le programme blupf90 (Misztal *et al.*, 2002) pour les principaux caractères sélectionnés dans chacune des trois races en utilisant les paramètres génétiques des évaluations de routine. L'impact de l'utilisation du panel LD pour l'évaluation génomique a été évalué par la corrélation