

## IDENTIFICATION DE BIOMARQUEURS DE L'EFFICACITE ALIMENTAIRE CHEZ LE PORC

Localisation : Equipe *Modélisation génétique et amélioration des monogastriques*  
(<http://genphyse.toulouse.inra.fr/groups/modgen>), UMR GenPhySE, INRA Toulouse

Contacts : Hélène Gilbert [helene.gilbert@inra.fr](mailto:helene.gilbert@inra.fr) – 05 61 28 51 67

Alban Bouquet [alban.bouquet@ifip.asso.fr](mailto:alban.bouquet@ifip.asso.fr) – 02 99 60 99 91

Durée : 6 mois

### Contexte, problématique

La sélection pour une amélioration de l'utilisation de l'aliment par les porcs en croissance a connu un bouleversement important depuis les années 2000, avec la mise sur le marché de dispositifs d'enregistrement automatique de l'ingéré des porcs élevés en groupe (DAC = distributeurs automatiques de concentré). Ces automates permettent de mesurer individuellement l'ingéré des porcs élevés en groupe dans des conditions d'élevage aussi proches que possible des conditions de production. La mesure de l'ingéré est la base de l'estimation de l'efficacité alimentaire, qui contribue à la performance économique de la filière et à la réduction de son impact sur l'environnement. Cependant, le coût des automates d'alimentation est une limite majeure à la mesure de l'ensemble des candidats à la sélection, ce qui limite l'efficacité de la sélection. Depuis 10 ans des recherches sont menées pour identifier des biomarqueurs, qui seraient plus facilement mesurables sur l'ensemble des animaux pour prédire leur efficacité alimentaire (Gondret et al., 2017, 2019). L'identification de potentiels biomarqueurs (phase de découverte) est généralement conduite chez un nombre limité d'animaux mesurés dans des conditions relativement standardisées. Une deuxième phase, dite de validation, consiste à échantillonner de façon indépendante des animaux pour un tissu facilement accessible, typiquement le sang ou la salive, et à évaluer les équations de prédictions obtenues dans les premiers jeux de données sur ces animaux.

Les biomarqueurs sélectionnés ont été découverts dans une population Large White sélectionnées pour l'efficacité alimentaire. Un jeu de données de validation formé de 4 cohortes de porcs a été constitué pour valider des biomarqueurs de l'efficacité alimentaire identifiés dans les études précédentes. La première cohorte a été échantillonnées dans la même population Large White que la population de découverte, échantillonnée dans un autre élevage (N=200 porcs). La deuxième cohorte est de même race Large White mais séparée génétiquement depuis 20 ans, et les porcs échantillonnés étaient nourris avec un aliment conventionnel, comme dans la population de découverte, ou avec un aliment alternatif plus fibreux mais moins coûteux (N=400 porcs). Les troisième et quatrième cohortes (n=200/cohorte) appartiennent à d'autres races et ont des caractéristiques biologiques différentes : les Piétrais sont plus maigres et mangent moins, alors que les Duroc ont une meilleure qualité de viande. Dans cette description des cohortes, différents facteurs sont susceptibles de générer des écarts avec la population de découverte (élevage, aliment, race...). L'ensemble des animaux retenus ont des mesures d'efficacité alimentaire, des dosages pour une vingtaine de paramètres sanguins (hormones, niveaux d'expression de gènes), et pour les 400 Large White de la deuxième cohorte, des formules sanguines.

### Objectif du stage

L'objectif est d'évaluer quels sont les biomarqueurs qui sont robustes aux facteurs de variation générés par l'échantillonnage, quels sont ceux qui sont sensibles à ces facteurs, afin de proposer une liste de biomarqueurs utilisables sur le terrain pour la sélection. Pour cela, il faudra :

1. Tester la sensibilité des biomarqueurs aux différents facteurs de variation du dispositif
2. Evaluer les corrélations phénotypiques, et génétiques pour les plus grandes cohortes, entre les caractères mesurés et les biomarqueurs dosés
3. Evaluer les corrélations phénotypiques, et génétiques pour les plus grandes cohortes, entre les caractères mesurés et les équations de prédiction précédemment établies
4. Proposer si besoin de nouvelles combinaisons de biomarqueurs prédictives de l'efficacité alimentaire.

Les données enregistrées en élevage ainsi que les dosages seront disponibles dès le début du stage. Les travaux feront appel à des modèles linéaires simples pour décrire les phénotypes enregistrés (volet 1), et à des modèles linéaires mixtes pour estimer les corrélations génétiques entre les caractères (volets 2 et 3). Dans le dernier volet, des sélections de variables, d'abord par des méthodes de régression stepwise et des arbres de classification, puis éventuellement des approches de type partial least square et random forest, seront envisagées. Le stagiaire devra avoir un goût pour l'analyse de données et la zootechnie.

Les données ont été collectées dans le cadre d'un projet en partenariat avec les organisations de sélection porcines françaises (Nucleus et Axiom), l'IFIP-institut du porc, et le laboratoire PEGASE (Isabelle Louveau, Florence Gondret) pour la production des dosages. Des restitutions des résultats à l'ensemble des partenaires sont planifiées en cours et à la fin du stage.

Rénumération : 560€/mois