

# Déterminisme génétique de la résilience aux perturbations environnementales détectées sur des données d'ingestion de trois lignées de porcs

Tomasi TUSINGWIIRE (1), Carolina GARCIA-BACCINO (2), Céline CARILLIER (1), Bruno LIGONESCHE (2), Catherine LARZUL (1), Zulma VITEZICA (1)

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

(2) NUCLEUS SAS, 7 Rue des Orchidées, 35650 Le Rheu, France

[c.garciabaccino@nucleus-sa.com](mailto:c.garciabaccino@nucleus-sa.com)

## Déterminisme génétique de la résilience aux perturbations environnementales détectées sur des données d'ingestion de trois lignées de porcs

Les perturbations environnementales peuvent impacter le bien-être et la productivité des porcs. Face à différents défis environnementaux, les individus résilients sont capables de maintenir leur production. Parmi les différentes perturbations, certaines ne sont pas enregistrées et leurs origines restent inconnues. Les données à haut débit peuvent être utilisées pour détecter les perturbations, comprendre le déterminisme génétique de la résilience et sélectionner les animaux les plus résilients, en améliorant la durabilité du système d'élevage. L'objectif de cette étude était d'estimer la probabilité de survenue d'un défi environnemental (p) en utilisant des données de consommation journalière (CJ), et d'évaluer le déterminisme génétique de la résilience dans trois lignées de porcs. Les données comprenaient les enregistrements de la CJ de 1618 mâles Landrace Français (LR), 2517 mâles Large White (LW), et 3788 mâles Piétrain (PI). Les probabilités d'occurrence d'une perturbation (p) environnementale à un jour donné ont été estimées via un modèle de mélange et ensuite utilisées pour décrire les conditions environnementales dans un modèle animal à norme de réaction (RNAM). Les composantes de (co)variance ont été estimées en utilisant AI-REML. Les corrélations génétiques entre l'ordonnée à l'origine et la pente obtenues du RNAM pour LR, LW et PI étaient, respectivement, de -0,52, 0,06 et -0,36. Ces résultats suggèrent qu'une sélection hypothétique pour une diminution du CJ dans des conditions non stressantes entraînerait une augmentation de la CJ dans des conditions stressantes pour les races LR et PI, tandis qu'elle aurait un impact mineur sur la résilience des LW. L'étude a démontré que la pente de la CJ est héritable et peut être utilisée comme indicateur de la résilience, rendant ainsi la sélection envisageable.

## Genetic determinism of resilience to environmental challenge using daily feed intake records for three lines of pigs

Environmental challenges can strongly decrease the welfare and productivity of pigs. Resilient animals have the capacity to minimize the influence of these environmental challenges. Some of these stressors are unrecorded, and their origins remain unknown. Longitudinal data can be used to detect such challenges, understand the genetic determinism of resilience, and select the most resilient animals, thereby improving the sustainability of livestock systems. The aim of this study was to estimate the probability of an environmental challenge (p) using daily feed intake (DFI) data, and to assess the genetic determinism of resilience in three pig lines. The data included DFI records from 1618 French Landrace (LR), 2517 Large White (LW), and 3788 Pietrain (PI) males. The probabilities of the occurrence of an environmental challenge (p) on a given day were estimated using a mixture model and subsequently used to describe environmental conditions in a reaction norm animal model (RNAM). The (co)variance components were estimated using AI-REML. The genetic correlations between the intercept and the slope obtained for LA, LW, and PI were -0.52, 0.06, and -0.36, respectively. These results suggest that hypothetically selecting for reduced DFI under non-stressful conditions would lead to increased DFI under stressful conditions in the LR and PI lines but have a minor influence on the resilience of LW. The study demonstrated that the slope of DFI is heritable and can be used as an indicator of resilience, thus making selection a feasible approach.

## INTRODUCTION

Les porcs en croissance peuvent être confrontés à des perturbations environnementales, telles que les maladies infectieuses, les pratiques d'élevage et les interactions avec d'autres animaux, auxquelles ils doivent s'adapter (Knap, 2005 ; Nguyen-Ba *et al.*, 2020). Les impacts de ces perturbations sur la performance animale peuvent être observés dans des conditions de production réelles, même s'ils ne sont pas toujours enregistrés et que leur origine reste inconnue (Nguyen-Ba *et al.*, 2020). Ces perturbations peuvent affecter de manière significative les états physiologiques et comportementaux des animaux, entraînant une réduction de la productivité et une dégradation du bien-être ; d'où la nécessité pour les animaux de s'acclimater en permanence à des environnements changeants (Colditz et Hine, 2016). La résilience, définie comme la capacité d'un animal à être peu affecté par des perturbations ou à revenir rapidement à l'état qui prévalait avant l'exposition à celles-ci (Colditz et Hine, 2016), demeure cruciale. En effet, les animaux résilients sont plus susceptibles de faire face à des défis environnementaux donnés, et sur des périodes suffisamment longues, ont de meilleures chances de survie que les animaux moins résilients (Friggens *et al.*, 2022).

La mesure de la résilience nécessite des données à haut débit pour quantifier la réponse de l'animal face aux défis environnementaux et le taux de rétablissement (Friggens *et al.*, 2022). Par exemple, les distributeurs automatiques de concentré (DAC) sont devenus populaires pour collecter des données sur la consommation journalière (CJ) d'aliment, permettant ainsi d'évaluer les fluctuations qui peuvent servir d'indicateur de la réponse des porcs aux perturbations (Putz *et al.*, 2019). Des variations importantes de la consommation alimentaire sur une courte période peuvent indiquer une faible résilience, traduisant une plus grande sensibilité des porcs aux stress environnementaux (Nguyen-Ba *et al.*, 2020). Étant donné que le bien-être animal et la résilience sont essentiels dans l'élevage porcin moderne, des méthodes de sélection visant à améliorer ces deux aspects sont nécessaires (Knap, 2020 ; Kavlak et Uimari, 2024).

Garcia-Baccino *et al.* (2021) ont présenté une méthode basée sur les données à haut débit capable d'estimer la probabilité qu'un défi environnemental ( $p$ ) se soit produit à un jour donné, en utilisant un modèle de mélange. Ces probabilités ont servi de descripteur environnemental dans un modèle animal à norme de réaction (RNAM) pour évaluer le déterminisme génétique de la résilience face aux défis environnementaux.

L'objectif de cette étude était donc d'estimer la probabilité d'occurrence d'une perturbation environnementale ( $p$ ) en utilisant des données de CJ, et d'évaluer le déterminisme génétique de la résilience dans trois lignées de porcs.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Animaux et phénotypes

Les données comprenaient les enregistrements de la CJ de 1618 mâles Landrace Français (LR), 2517 mâles Large White (LW), et 3788 mâles Piétrain (PI), sur une période de trois ans (2021 à 2023). Ces données sont issues de cinq élevages de sélection (un pour les LW, un pour les LR et trois pour les PI). Pour chaque bande, les animaux étaient élevés en groupes de 10 à 14 dans chaque case comportant un DAC. Les animaux étaient

automatiquement identifiés par le DAC chaque fois qu'ils s'approchaient et la quantité d'aliment consommée était enregistrée, définissant ainsi une "visite". Une période d'adaptation de 7 jours était nécessaire pour que les animaux s'accoutument à leur nouvel environnement et apprennent à utiliser le DAC.

Après cette période d'adaptation, les animaux étaient enregistrés pendant une durée moyenne de 63, 74 et 64 jours pour les lignées LR, LW et PI, respectivement, en commençant à environ 30 kg et jusqu'à environ 100 kg de poids. Tous les porcs étaient nourris à volonté pendant toute la durée de l'étude. Les enregistrements de la période d'adaptation et ceux ayant des erreurs techniques ont été exclus de l'analyse.

Dans le tableau 1, des statistiques descriptives des données sont présentées pour chaque lignée. La quantité totale d'aliment consommée par jour pour chaque animal a été calculée afin d'obtenir la CJ (kg/jour). Étant donné que les données ont été collectées sur des animaux en croissance, le logarithme naturel du coefficient de variation (CV) de la CJ a été utilisé pour quantifier la variabilité, car la CJ (et sa variance) augmente en même temps que le poids de l'animal. Pour l'analyse génétique, les informations généalogiques ont été extraites sur six générations pour chaque lignée (Tableau 1).

### 1.2. Estimation des probabilités d'occurrence d'un défi environnemental

Les probabilités d'occurrence d'une perturbation ont été estimées via un modèle de mélange, selon la méthode proposée par Garcia-Baccino *et al.* (2021). Les analyses ont été réalisées par bande pour chaque lignée afin d'éviter la variabilité due à la présence d'animaux d'âges différents le même jour. Nous avons également calculé les probabilités pour chaque jour, indiquant l'appartenance à l'une ou l'autre des composantes de la distribution de mélange. Les jours à forte probabilité de CV élevé (jours avec des perturbations) montraient une variabilité importante dans la CJ liée à l'occurrence d'une perturbation environnementale. Ces probabilités ont été utilisées comme référence dans l'analyse génétique sous la forme d'une covariable continue.

### 1.3. Estimation des composantes de variance

Les phénotypes (CJ) ont été analysés en utilisant deux modèles linéaires pour chaque lignée : un RNAM incluant les probabilités  $p$  comme covariable (descripteur environnemental) (Garcia-Baccino *et al.*, 2021), et un modèle animal (AM) sans terme de norme de réaction. Les probabilités variaient de  $p = 0$  (pas de perturbations) à  $p = 1$  (perturbations fortes). Le RNAM était :

$$y_{ijk} = CG_i + b_1 day_j + a_{0,k} + a_{1,k} * p_j + pe_{0,k} + pe_{1,k} * p_j + e_{ijk},$$

Où  $y_{ijk}$  est la CJ dans un groupe contemporain  $i$ , au jour  $j$  pour l'animal  $k$  ; le premier terme est le groupe contemporain (CG) défini par la concaténation de la bande et du DAC pour le LR et LW et de l'élevage, de la bande et du DAC pour le PI. Le terme  $b_1 day_j$  a été inclus pour prendre en compte l'effet de la croissance des porcs sur la CJ ;  $a_{0,k}$  est la valeur génétique (VG) du niveau (ou l'ordonnée à l'origine de la CJ et correspond à la VG classique pour l'animal  $k$  et est indépendante de l'environnement ;  $a_{1,k}$  est la VG pour la pente de la CJ pour l'animal  $k$  et quantifie la sensibilité environnementale ;  $p_j$  est la probabilité qu'au jour  $j$  une perturbation se soit produite ;  $pe_{0,k}$  est l'effet environnemental permanent de l'animal  $k$  (ordonnée à l'origine) ;  $pe_{1,k}$  est l'effet environnemental permanent pour l'animal  $k$  (pente) ; et  $e_{ijk}$  est l'effet

résiduel. Une pente de 0 signifie que l'animal n'est pas sensible à la perturbation environnementale et une pente supérieure ou inférieure à 0 indique que l'animal est sensible.

Les VG  $a_0$  et  $a_1$  suivent une distribution bivariée avec

$$Var \begin{pmatrix} a_0 \\ a_1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_{a0}^2 & \sigma_{a0,a1} \\ \sigma_{a0,a1} & \sigma_{a1}^2 \end{pmatrix}; pe_0 \text{ et } pe_1 \text{ suivent une}$$

distribution bivariée avec  $Var \begin{pmatrix} pe_0 \\ pe_1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_{pe0}^2 & \sigma_{pe0,pe1} \\ \sigma_{pe0,pe1} & \sigma_{pe1}^2 \end{pmatrix}$ .

Les composantes de (co)variance ont été estimées en utilisant la méthode AI-REML avec le logiciel BLUPF90+ (Lourenco *et al.*, 2022). Les modèles RNAM et AM ont été comparés à l'aide du critère d'information d'Akaike (AIC). Après avoir obtenu les (co)variances, les estimations d'héritabilité, qui varient selon les conditions environnementales (de  $p=0$  à  $p=1$ ), ont été calculées comme dans Garcia-Baccino *et al.* (2021).

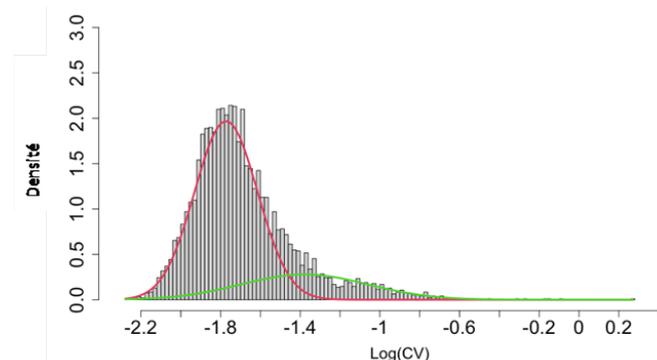
**Tableau 1**–Structure des données dans les trois populations de porcs étudiées

Lignée <sup>1</sup>	N anim.	N visites	N données de CJ	N bandes	Anim. pedigree
LR	1 618	2 750 259	100799	24	3 730
LW	2 517	9 901 187	186 247	53	5 649
PI	4 788	6 219 930	304 826	74	9 293

## 2. RESULTATS

### 2.1. Estimation des probabilités d'occurrence d'un défi environnemental

L'application du modèle de mélange au logarithme naturel du coefficient de variation (CV) des données de CJ pour les lignées LR, LW et PI a permis d'identifier deux composantes différentes, chacune indiquant un sous-groupe de jours. Dans la figure 1, on présente à titre d'exemple le modèle de mélange obtenu pour l'une des bandes étudiées chez le PI (tous les autres cas suivent la même logique). Sur le graphique, on peut voir les deux composantes : 1) en rouge, la composante liée aux jours à faible probabilité de perturbation et 2) en vert, la composante liée aux jours à forte probabilité de perturbation. Plus précisément, la première composante a une moyenne (écart type) de -1,67 (0,15), -1,67 (0,12) et -1,77 (0,16) pour LR, LW et PI, respectivement. En revanche, la deuxième composante a une moyenne (écart type) de -1,21 (0,23), -1,28 (0,28) et -1,38 (0,40) pour LR, LW et PI, respectivement.



**Figure 1** - Modèle de mélange à deux composantes (rouge et vert) ajustées au logarithme du CV de la CJ pour le PI.

**Tableau 2**– Paramètres génétiques (SE) de la CJ obtenues à partir du RNAM pour les trois lignées

Paramètres <sup>1</sup>	LR	LW	PI
$\sigma_{a0}^2$	0,052(0,008)	0,046(0,006)	0,026(0,003)
$\sigma_{a1}^2$	0,055(0,014)	0,080(0,018)	0,097(0,012)
$\sigma_{a0,a1}$	-0,028(0,009)	0,003(0,008)	-0,018(0,005)
$\sigma_{pe0}^2$	0,033(0,005)	0,027(0,004)	0,025(0,002)
$\sigma_{pe1}^2$	0,142(0,012)	0,200(0,016)	0,114(0,009)
$\sigma_{pe0,pe1}$	-0,018(0,006)	0,019(0,006)	-0,015(0,003)
$\sigma_e^2$	0,211(0,001)	0,203(0,001)	0,175(0,001)
$r_{a0,a1}$	-0,523(0,13)	0,055(0,13)	-0,359(0,08)

<sup>1</sup> $\sigma_{a0}^2$ = variance génétique additive pour l'ordonnée à l'origine,  $\sigma_{a1}^2$ = variance génétique additive pour la pente,  $\sigma_{a0,a1}$ = covariance génétique additive entre l'ordonnée à l'origine et la pente,  $\sigma_{pe0}^2$ =variance environnementale permanente pour l'ordonnée à l'origine,  $\sigma_{pe1}^2$ = variance environnementale permanente pour la pente,  $\sigma_{pe0,pe1}$ = covariance environnementale permanente entre l'ordonnée à l'origine et la pente,  $\sigma_e^2$ = variance résiduel,  $r_{a0,a1}$ =corrélation génétique entre l'ordonnée à l'origine et la pente

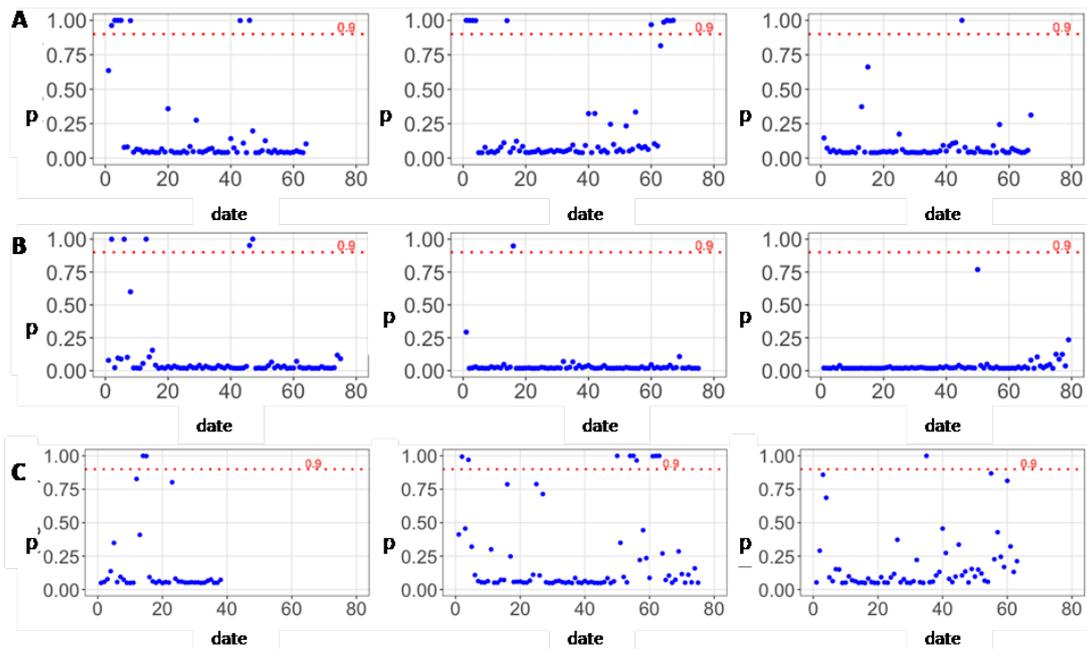
La figure 2 montre la probabilité que chaque jour soit classé dans la deuxième composante du mélange (probabilité d'être un "jour stressant"), pour un échantillon aléatoire de trois bandes par lignée. Pour le LR, LW et PI, les moyennes de ces probabilités étaient, respectivement, de 0,24, 0,10 et 0,22. Ces valeurs suggèrent que pour la plupart des jours, la probabilité d'occurrence d'une perturbation était faible. Pour toutes les bandes de chaque lignée, la proportion de jours avec une probabilité d'occurrence d'une perturbation ( $p$ ) supérieure à 0,9 est de 12,6 % pour le LR et 8,6 % pour le PI, et environ la moitié pour LW (4,2 %).

Après l'identification des jours présentant de fortes probabilités d'occurrence d'une perturbation, une analyse approfondie de l'historique de chaque bande a été réalisée. Il a été établi que certains de ces jours correspondaient à des interventions spécifiques ou des événements climatiques (fortes températures ou des orages qui ont généré des problèmes techniques). Cependant, pour d'autres jours, il n'y avait pas d'information enregistrée pour expliquer ces perturbations. Dans ce cas-là, la méthode permet de supposer la présence de perturbations non enregistrées qui ont eu un impact significatif sur la CJ.

Concernant le critère AIC, le modèle RNAM s'est ajusté beaucoup mieux aux données que le modèle AM pour toutes les lignées (136961 contre 142235 pour LA, 243377 contre 248463 pour LW, et 355294 contre 368447 pour PI). Ces résultats justifient l'inclusion de  $p$  dans l'analyse génétique.

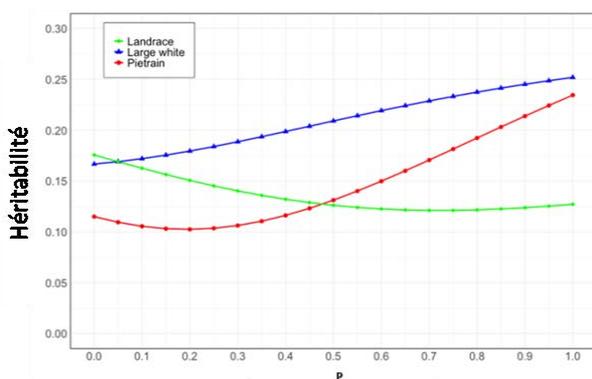
### 2.2. Estimations des composantes de variance et héritabilités

Le tableau 2 présente les estimations des composantes de la variance obtenues à partir des modèles RNAM et AM pour toutes les lignées. La variance génétique additive de l'ordonnée à l'origine pour la CJ était la plus élevée chez les LR, suivie des LW et des PI. La proportion de la variance génétique additive expliquée par la pente était de 51,4 %, 63,5 % et 78,9 % pour les LR, LW et PI. Comme prévu, les PI ont montré le niveau de variation le plus élevé de la CJ en cas de perturbations environnementales.



**Figure 2** - Probabilités (p) d'occurrence d'une perturbation environnementale pour chaque jour **A.** LR **B.** LW **C.** PI

Les estimations de l'héritabilité de la CJ en fonction des probabilités croissantes d'occurrence d'un défi environnemental pour les LR, LW et PI sont présentées dans la figure 3. Les estimations d'héritabilité de la CJ varient d'un environnement non stressant ( $p=0$ ) à un environnement contraignant ( $p=1$ ), avec des valeurs allant de 0,12 à 0,17 pour les LR, de 0,17 à 0,25 pour les LW, et de 0,10 à 0,24 pour les PI. Chez les LR, en raison de la covariance négative entre l'ordonnée à l'origine et la pente, l'héritabilité de la CJ a diminué de  $p=0$  à  $p=0,6$ , puis est restée constante jusqu'à  $p=0,8$ , après quoi elle a légèrement augmenté jusqu'à  $p=1$ . L'héritabilité de la CJ chez les PI a également diminué de  $p=0$  à  $p=0,2$ , puis a augmenté pour des valeurs de  $p$  plus élevées. Pour les LW, l'héritabilité de la CJ a augmenté de faible à modérée à mesure que les valeurs de  $p$  augmentaient. Les estimations d'héritabilité de la CJ à travers le gradient environnemental étaient les plus élevées chez les LW et les plus faibles chez les LR, en particulier pour des valeurs de  $p$  plus élevées.



**Figure 3** – Héritabilité de la CJ pour différentes valeurs de p

### 2.3. Corrélations génétiques

Les corrélations génétiques (et leurs erreurs standards) entre  $a_0$  et  $a_1$  obtenues à partir du RNAM pour toutes les lignées sont présentées dans le tableau 2. La corrélation génétique était modérée et négative pour le LR et le PI (-0,53 et -0,36, respectivement), tandis qu'elle était faible et positive (0,06) pour le LW. Ces résultats suggèrent qu'une sélection

hypothétique pour une diminution de la CJ dans des conditions non stressantes (les plus courantes) entraînerait des porcs avec une augmentation de la CJ dans des conditions stressantes pour les races LR et PI. En revanche, pour le LW, une sélection hypothétique pour augmenter ou diminuer la CJ aurait un impact mineur sur la sensibilité des animaux aux conditions environnementales difficiles.

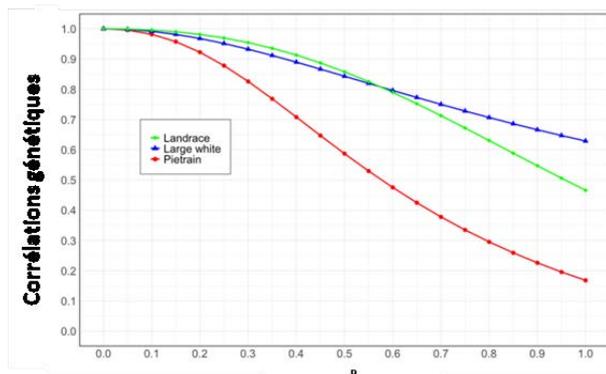
Les corrélations génétiques entre la VG dans un environnement non stressant ( $p=0$ ) et la VG à une probabilité donnée de perturbation environnementale pour toutes les lignées sont présentées dans la figure 4. Lorsque  $p$  est inférieur à 0,1 (environnements moins stressants), les corrélations génétiques sont proches de 1 pour toutes les lignées et commencent à diminuer à mesure que  $p$  dépasse 0,1, atteignant leurs valeurs minimales respectives de 0,47, 0,63, et 0,17 pour LR, LW et PI, respectivement, à  $p=1$ . La corrélation génétique à travers le gradient environnemental a diminué le plus rapidement pour PI, suivie de LR, tandis que LW montrait la diminution la plus lente.

Ces résultats suggèrent que la race LW était la moins sensible aux défis environnementaux, tandis que la race PI était la plus sensible. De plus, les faibles corrélations génétiques entre les environnements stressants et non stressants (par exemple, pour PI) indiquent un changement de classement des animaux dans des conditions environnementales différentes. Cela implique que la sélection uniquement dans des conditions totalement non stressantes pourrait être inefficace pour l'expression des caractères dans des conditions totalement stressantes (Garcia-Baccino *et al.*, 2021). Le LW montrait le moins de reclassement des animaux dans différents environnements, comme en témoigne la corrélation génétique élevée (0,63) entre la VG à  $p=0$  et la VG à  $p=1$ . Il est à noter que la race PI est connue pour être plus sensible au stress que les autres races (Foury *et al.*, 2007).

### 2.4. Identification des animaux résilients

La variation des VG entre des conditions environnementales non stressantes ( $p=0$ ) et stressantes ( $p=1$ ), exprimée en écarts-types génétiques, a été utilisée pour identifier des animaux potentiellement résilients et sensibles. Les animaux ont été

classés en trois groupes : le premier groupe, où la VG diminue à mesure que les conditions deviennent plus stressantes ; le deuxième groupe, où la VG augmente avec des conditions environnementales plus stressantes ; et le troisième groupe comprend les animaux dont les pentes restent relativement constantes à mesure que  $p$  augmente. Ce dernier groupe contient des animaux avec des pentes positives, négatives ou proches de 0, avec une variation de VG comprise entre  $\pm 1$  écart-type. Pour les lignées LR, LW et PI, respectivement 75,0 %, 74,2 % et 72,2 % des animaux appartenait au deuxième groupe, et peuvent donc être qualifiés de résilients. En d'autres termes, la plupart des animaux sont capables de maintenir leurs performances malgré les changements des conditions environnementales.



**Figure 4** –Corrélations génétiques entre les VG de la CJ dans un environnement sans perturbations ( $p=0$ ) et les VG à différentes probabilités d'occurrence d'une perturbation

### 3. DISCUSSION

La méthode de Garcia-Baccino *et al.* (2021) repose uniquement sur des données phénotypiques recueillies en routine, sans besoin de données supplémentaires (comme des variables climatiques). Elle permet de capturer les événements même non documentés à la ferme, sans introduire physiquement des perturbations. La méthode a permis de capturer les différences entre les races dans leur réponse aux défis environnementaux.

La variance génétique additive de l'ordonnée à l'origine pour la CJ était la plus élevée chez les animaux LR, suivie des LW et des PI. Gao *et al.* (2021) ont trouvé une variance génétique additive de la CJ chez les LR danois de 0,10, un chiffre supérieur à celui obtenu dans cette étude. Núñez *et al.* (2023) ont rapporté une variance génétique additive de 0,02 pour la CJ chez les PI. Cependant, Do *et al.* (2013) ont rapporté une variance génétique additive de 0,42 et 0,44 pour la CJ moyenne chez les LR et les LW, respectivement. La variance génétique additive de la CJ moyenne est plus élevée que celle de la CJ, car la moyenne de la CJ sur toute la période de test réduit le bruit dans les données.

Les estimations d'héritabilité de la CJ pour les trois races ont varié le long du gradient environnemental (de  $p=0$  à  $p=1$ ). Des estimations d'héritabilité variables le long du gradient environnemental ont également été observées dans diverses études comme par exemple Chen *et al.* (2021) pour des traits de composition corporelle et croissance chez le LW.

Kavлак *et al.* (2021) ont estimé les héritabilités de la CJ chez le LW en classant les enregistrements en cinq périodes de test de 20 jours et ont rapporté des estimations d'héritabilité allant de 0,14 à 0,30 pour les différentes périodes. Wetten *et al.* (2012) ont étudié l'héritabilité des courbes de CJ pour les porcs en

croissance (Duroc et LR) en utilisant des modèles de régression aléatoire et ont obtenu des héritabilités allant de 0,09 à 0,11. Gao *et al.* (2021) ont utilisé un modèle de régression aléatoire pour estimer l'héritabilité de la CJ chez les LR danois et ont obtenu des estimations d'héritabilité allant de 0,15 à 0,36 sur la période de test. Nos résultats sont en accord avec ceux publiés dans la littérature.

Les estimations d'héritabilité sont influencées par les variations des conditions environnementales en raison de l'effet GxE, et il est donc important de comprendre le comportement des estimations d'héritabilité le long du gradient environnemental, car le gain génétique peut changer en fonction du gradient (Carvalho Filho *et al.*, 2022 ; Silva Neto *et al.*, 2023). De plus, les paramètres génétiques estimés dans des conditions environnementales favorables peuvent être moins applicables dans des conditions défavorables, et vice versa, ce qui pourrait entraîner une réponse à la sélection plus faible (Herrero-Medrano *et al.*, 2015).

Dans cette étude, nous avons observé une faible corrélation génétique positive entre l'ordonnée à l'origine et la pente pour le LW, mais des corrélations génétiques négatives modérées pour les LR et PI. Cela montre que les trois lignées présentent des profils différents de sensibilité environnementale. La faible corrélation génétique entre l'ordonnée à l'origine et la pente observée chez les LW suggère que la sélection pour une réduction de la CJ aurait un impact minimal sur la sensibilité de l'animal aux conditions environnementales difficiles. Cela signifie qu'il est possible de sélectionner à la fois pour une efficacité alimentaire accrue et pour la résilience. En d'autres termes, la VG de l'ordonnée à l'origine (pour le potentiel génétique de l'animal) n'affectera pas la VG de la pente (VG pour la sensibilité environnementale), et vice versa (Madsen *et al.*, 2018). La corrélation génétique négative et modérée pour les LR et PI suggère qu'une sélection pour une réduction de la CJ dans des environnements non contraignants entraînerait une augmentation de la CJ dans des conditions environnementales difficiles, et inversement. Des résultats similaires ont été rapportés par Garcia-Baccino *et al.* (2021) chez les moutons Romane. Schnyder *et al.* (2001) ont étudié la variation génétique des courbes de consommation alimentaire des porcs français LR et LW en utilisant un modèle de régression aléatoire. Ils ont trouvé des corrélations génétiques entre l'ordonnée à l'origine et la pente (terme linéaire) de -0,62 et 0,01 pour LR et LW, respectivement. Hermes (2006) a trouvé une corrélation génétique de 0,07 entre l'ordonnée à l'origine et la pente de la CJ moyen des verrats de trois lignées terminales enregistrées dans un environnement commercial.

Une corrélation génétique entre différents environnements inférieure à 0,8 est souvent considérée comme une preuve d'interaction génotype-environnement (GxE) (Robertson, 1959). Dans notre étude, nous avons mis en évidence la présence d'interactions GxE pour la CJ chez les lignées étudiées, avec une intensité plus faible chez les LW que chez les PI et les LR. Les faibles corrélations génétiques entre les environnements stressants et non stressants indiquent un changement du classement des animaux dans différentes conditions environnementales, impliquant que la sélection sous des conditions non stressantes peut être inefficace pour l'expression des caractères dans des conditions stressantes.

Les animaux résilients atteindront leur potentiel génétique dans des conditions commerciales et garantiront une production efficace (Kavлак et Uimari, 2024). Cependant, même les animaux résilients montrent des profils de réponse variables

aux perturbations environnementales, comme en témoignent les différences dans leurs pentes de CJ. Les animaux moins résilients connaîtront soit une diminution générale substantielle, soit des fluctuations quotidiennes importantes de la CJ par rapport aux animaux plus résilients dans le même environnement, comme l'indique le CV élevé de la CJ.

## CONCLUSION

Dans toutes les races, cette méthode basée sur un modèle de mélange les données (jusqu'à présent utilisée uniquement sur des données d'un élevage expérimental) a permis d'identifier des perturbations dans des conditions réelles. Les données collectées de manière routinière, telles que la CJ ou d'autres mesures provenant de dispositifs automatiques, peuvent être

utilisées pour détecter les perturbations environnementales et aider à la sélection d'animaux résilients.

La corrélation génétique entre l'ordonnée à l'origine et la pente de la norme de réaction de la CJ suggère que sélectionner hypothétiquement pour une réduction de la CJ dans des conditions non stressantes peut conduire à une CJ accrue dans des environnements difficiles pour le LR et le PI. En revanche, l'impact d'une telle sélection sur le LW semble marginal, suggérant une réponse spécifique à la race face aux défis environnementaux. Ces résultats mettent en lumière l'interaction complexe entre les facteurs génétiques et les perturbations environnementales. L'étude a démontré que la pente de la CJ est héritable et peut être utilisée comme indicateur de la résilience, rendant ainsi la sélection par résilience envisageable.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Carvalho Filho I., Silva D. A., Teixeira C. S., Silva T. L., Mota L. F. M., Albuquerque L. G., Carvalheiro R., 2022. Heteroscedastic Reaction Norm Models improve the assessment of genotype by environment interaction for growth, reproductive, and visual score traits in Nelore cattle. *Animals*, 12, 19.
- Chen S. Y., Freitas P. H. F., Oliveira H. R., Lázaro S. F., Huang Y. J., Howard J. T., Gu Y., Schinckel A. P., Brito L. F., 2021. Genotype-by-environment interactions for reproduction, body composition, and growth traits in maternal-line pigs based on single-step genomic reaction norms. *Genet. Sel. Evol.*, 53, 1.
- Colditz I. G., Hine B. C., 2016. Resilience in farm animals: Biology, management, breeding and implications for animal welfare. *Anim. Prod. Sci.*, 56, 1961–1983.
- Do D. N., Strathe A. B., Jensen J., Mark T., Kadarmideen H. N., 2013. Genetic parameters for different measures of feed efficiency and related traits in boars of three pig breeds. *J. Anim. Sci.*, 91, 4069–4079.
- Foury A., Geverink N. A., Gil M., Gispert M., Hortós M., Font I., Furnols M., Carrion D., Blott S. C., Plastow G. S., Mormède P., 2007. Stress neuroendocrine profiles in five pig breeding lines and the relationship with carcass composition. *Animal*, 1, 7, 973–982.
- Friggens N. C., Adriaens I., Boré R., Cozzi G., Jurquet J., Kamphuis C., Leiber F., Lora I., Sakowski T., Statham J., De Haas Y., 2022. Resilience: reference measures based on longer-term consequences are needed to unlock the potential of precision livestock farming technologies for quantifying this trait. *Peer Community Journal*, 2.
- Gao H., Su G., Jensen J., Madsen P., Christensen O. F., Ask B., Poulsen B. G., Ostensen T., Nielsen B., 2021. Genetic parameters and genomic prediction for feed intake recorded at the group and individual level in different production systems for growing pigs. *Genet. Sel. Evol.*, 53, 1.
- Garcia-Baccino C. A., Marie-Etancelin C., Tortereau F., Marcon D., Weisbecker J. L., Legarra A., 2021. Detection of unrecorded environmental challenges in high-frequency recorded traits, and genetic determinism of resilience to challenge, with an application on feed intake in lambs. *Genet. Sel. Evol.*, 53, 1, 1–14.
- Hermesch S., 2006. Analysis of genotype by feeding level interaction in pigs applying reaction norm models. Conference "WCGALP", Belo Horizonte, Brazil. 6, 3.
- Herrero-Medrano M. J., Mathur P. K., Nepal J., Rashidi H., Alexandri P., Knol E., Mulder A., 2015. Estimation of genetic parameters and breeding values across challenged environments to select for robust pigs. *J. Anim. Sci.*, 93, 1494–1502.
- Kavlak A. T., Strandén I., Lidauer M. H., Uimari P., 2021. Estimation of social genetic effects on feeding behaviour and production traits in pigs. *Animal*, 15, 3.
- Kavlak A. T., Uimari P., 2024. Inheritance of feed intake-based resilience traits and their correlation with production traits in Finnish pig breeds. *J. Anim. Sci.*, 102, skae037.
- Knap P. W., 2005. Breeding robust pigs. *Aust. J. Exp. Agr.*, 45, 763–773.
- Knap P. W., 2020. The scientific development that we need in the animal breeding industry. *J. Anim. Breed. Genet.*, 137, 4, 343–344.
- Lourenco D., Tsuruta S., Aguilar I., Masuda Y., Bermann M., Legarra A., Misztal I., 2022. Recent updates in the BLUPF90 software suite. Conference "WCGALP", Rotterdam, Pays-Bas, 1530-1533.
- Madsen M. D., Madsen P., Nielsen B., Kristensen T. N., Jensen J., Shirali M., 2018. Macro-environmental sensitivity for growth rate in Danish Duroc pigs is under genetic control. *J. Anim. Sci.*, 96, 4967–4977.
- Nguyen-Ba H., Van Milgen J., Taghipoor M., 2020. A procedure to quantify the feed intake response of growing pigs to perturbations. *Animal*, 14, 253–260.
- Núñez P., Gol S., Reixach J., Casto-Rebollo C., Ibáñez-Escriche N., 2023. Incorporation of feeding behaviour traits to increase the genetic gain of feed efficiency in Pietrain pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, 140, 5, 485–495.
- Putz A. M., Harding J. C. S., Dyck M. K., Fortin F., Plastow G. S., Dekkers J. C. M., 2019. Novel resilience phenotypes using feed intake data from a natural disease challenge model in wean-to-finish pigs. *Frontiers in Genetics*, 10.
- Robertson A., 1959. The Sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics*, 15, 469–485.
- Schnyder U., Hofer A., Labroue F., Künzi N., 2001. Genetic parameters of a random regression model for daily feed intake of performance tested French Landrace and Large White growing pigs. *Genet. Sel. Evol.*, 33, 1.
- Silva Neto J. B., Mota L. F. M., Amorim S. T., Peripolli E., Brito L. F., Magnabosco C. U., Baldi F., 2023. Genotype-by-environment interactions for feed efficiency traits in Nelore cattle based on bi-trait reaction norm models. *Genet. Sel. Evol.*, 55, 1.
- Wetten M., Ødegård J., Vangen O., Meuwissen T. H. E., 2012. Simultaneous estimation of daily weight and feed intake curves for growing pigs by random regression. *Animal*, 6, 3, 433–439.