

Mise en place de la sélection génomique dans le schéma de sélection de la population Landrace Français

Alban BOUQUET (1), Marion CANAPLE (1), Pauline BRENAUT (1), Thierry BELLEC (2), Loïc FLATRES-GRALL (2), Bruno LIGONESCHE (3), Catherine LARZUL (4)

(1) IFIP, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex, France

(2) AXIOM, La Garenne, 37 310 Azay-sur-Indre, France

(3) Nucleus 7 Rue des Orchidées, 35650 Le Rheu, France

(4) GenPhyse, INRA, INPT, ENVT, Université de Toulouse, 31320, Castanet-Tolosan, France

Alban.bouquet@ifip.asso.fr

Mise en place de la sélection génomique dans le schéma de sélection de la population Landrace Français

La sélection génomique est un nouvel outil permettant d'augmenter la précision du choix des reproducteurs porcins par la prise en compte de l'information de leur génome dans l'évaluation génétique. Une population de référence de 1348 reproducteurs génotypés sur puces SNP haute-densité (panels Illumina 60K et GeneSeek Genomic Profiler Porcine HD) a été constituée dans la population collective Landrace Français. A partir de ces données, une étude de validation a permis de mettre en évidence des gains de précision substantiels dans le choix des reproducteurs à l'issue du contrôle en ferme par rapport à l'évaluation génétique conventionnelle de type BLUP Modèle Animal. Les gains de fiabilité des valeurs génétiques, de l'ordre de 30% à 50%, ont été estimés pour des critères de reproduction clés comme le nombre de porcelets nés vivants, le nombre de porcelets sevrés ou le poids moyen des porcelets à la naissance. En effet, sur ces critères, aucune performance propre n'est disponible pour les candidats au moment de la sélection. L'information génomique se révèle donc être une information importante pour identifier les meilleurs reproducteurs. Sur la base de ces résultats, la sélection génomique a été déployée dans le schéma de sélection Landrace en 2016. Chaque semaine, une évaluation génomique combinant performances, généalogies et génotypages est réalisée. Les candidats à la sélection sont d'abord triés sur valeur génétique conventionnelle avant d'être génotypés pour choisir sur valeur génomique les reproducteurs à conserver pour le noyau de sélection.

Implementation of genomic selection in the breeding scheme of the French Landrace pig population

Genomic selection is a new selection method that enhances the selection accuracy of breeding animals by accounting for information of their genome in genetic evaluation models. A reference population made up of 1348 boars and sows genotyped on high-density SNP panels (Illumina Porcine 60K Beadchip panel and GeneSeek Genomic Profiler Porcine HD panel) was created in the French Landrace pig population. A validation study suggested large gains in selection accuracy when choosing breeding animals among candidates after on-farm testing compared with conventional genetic evaluation procedures (animal model BLUP). The reliability of genomic breeding values was increased by 30% to 50% for important traits such as the number of piglets born alive, the number of piglets weaned or the mean birth weight of piglets. Indeed, no own performance is available at the time of selection of young candidates. Genomic information is then crucial to identify the best breeding animals within and between litters. Given these results, genomic selection was implemented in the Landrace breeding scheme in 2016. Each week, a genomic evaluation combining performances, pedigree and genotyping results is run. The best candidates in each batch, selected according to breeding values based on pedigree, are then genotyped to identify the breeding animals to keep for the breeding nucleus.

INTRODUCTION

Les critères de reproduction des truies ont un poids économique important pour la rentabilité des élevages porcins ayant une activité de naissance. Toutefois, ils sont difficiles à sélectionner car ils sont faiblement héréditaires et sont exprimés uniquement par les femelles à l'âge adulte. A partir des années 1990, la mise en place de l'évaluation génétique BLUP a permis d'améliorer le progrès génétique réalisé en estimant plus précisément les valeurs génétiques des truies élevées dans des élevages différents. Malheureusement, le progrès génétique réalisé sur ces critères est toujours limité par la faible précision de la sélection des jeunes candidats car ceux-ci n'ont pas encore de performances. En moyenne, il est possible d'identifier les meilleures portées sur leur niveau génétique mais il n'est pas possible de sélectionner le meilleur individu au sein de chaque portée.

L'intérêt de la sélection génomique est d'utiliser l'information du génome des individus pour mieux prédire leur valeur génétique et affiner le choix des reproducteurs. A l'heure actuelle, cette information est obtenue par génotypage des animaux sur un panel de marqueurs génétiques de type « Single Polymorphism Nucleotide » (SNP). Ces panels comportent une forte densité en marqueurs et permettent de tracer la transmission des chromosomes entre parents et descendants. Les modèles statistiques d'évaluation génomique permettent de prédire des index dits « génomiques » pour les jeunes candidats génotypés en s'appuyant sur une population de référence d'animaux phénotypés et génotypés.

L'utilisation en routine de la sélection génomique a été limitée par l'investissement important lié au génotypage d'un grand nombre de reproducteurs pour constituer la population de référence et des candidats à la sélection (Abell *et al*, 2014). La diminution du coût de génotypage est donc une opportunité pour développer l'utilisation de cette méthode aux schémas de sélection porcins. L'objectif de l'étude est de quantifier, à partir de données réelles, les gains de précision de la sélection et de progrès génétique obtenus grâce à la génomique sur les critères de reproduction chez le porc. La population maternelle Landrace Français a été choisie pour cette étude de cas.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Données phénotypiques

Les performances utilisées pour cette étude sont extraites de la base de données nationale. Elles ont été collectées dans les élevages de sélection affiliés aux organismes de sélection porcine ADN, Gène+ et Nucléus entre janvier 2003 et août 2016. Quatre critères évalués en routine dans le schéma de sélection Landrace ont été analysés : le nombre de porcelets nés vivants (**NBNV**), le nombre de porcelets sevrés de la truie (**NSEVD**), le poids moyen des porcelets à la naissance (**PMN**) et l'écart-type intra-portée des poids à la naissance (**ETPN**). Les données de productivité numérique ont été complétées par les performances NBNV enregistrées dans les élevages de multiplication sur la même période. Les caractéristiques pondérales de la portée (PMN et ETPN) ont été déduites des pesées individuelles des porcelets nés vivants réalisées en routine depuis 2011 pour toutes les portées de race pure des élevages de sélection. Ces pesées sont effectuées avec des automates de pesée dédiés (XR3000, Maréchal Pesage) dans les 24 h suivant la naissance.

Pour l'analyse statistique, toutes les bandes de mise bas comprenant moins de 18 portées ont été regroupées avec une bande adjacente espacée de moins de 5 semaines de façon à obtenir 18 portées valides par bande. Ces regroupements ont concerné ponctuellement quelques bandes dans des élevages de petite taille. Pour les critères PMN et ETPN, seules les portées dans lesquelles tous les porcelets nés vivants ont été pesés ont été conservées ainsi que celles de plus de 10 porcelets dans lesquelles un porcelet n'a pas été pesé. En effet, l'impact d'une pesée manquante est négligeable sur la moyenne et la variabilité des poids de naissance au sein de grandes portées. Les effectifs, moyennes et écart-types sur l'ensemble des données enregistrées depuis 2003 sont présentées pour chaque variable dans le tableau 1.

Tableau 1 – Nombre de performances analysées et variabilité des caractères

Variable ¹	Unité	Nombre de performances	Nombre de truies	Ecart-type
NBNV		102486	30185	3,29
NSEVD		42365	13932	3,18
PMN	g	12295	5570	230
ETPN	g	12295	5570	79

¹NBNV : Nombre de porcelets nés vivants, NSEVD : Nombre de porcelets sevrés de la truie, PMN : Poids moyen des porcelets à la naissance, ETPN : Ecart-type intra-portée du poids des porcelets à la naissance

1.2. Données génomiques

Les données génomiques comprennent les résultats de génotypage de 1673 reproducteurs Landrace génotypés sur des panels de marqueurs SNP haute densité. Deux panels différents ont été utilisés : 287 individus ont été génotypés sur le panel GeneSeek Genomic Profiler Porcine HD (Neogen Genomics, Lincoln, NE, USA) et 1386 sur le panel Illumina Porcine 60K (Illumina, San Diego, CA, USA). Différents critères ont été pris en compte pour évaluer la qualité des données de génotypage. En particulier, nous avons écarté les données 1) des marqueurs ayant plus de 10% de génotypes manquants dans la population, 2) des individus ayant un taux d'hybridation < 90% (i.e. >10% de génotypes manquants pour l'individu), 3) des marqueurs avec une fréquence de l'allèle mineur < 5% et 4) des marqueurs pour lesquels la répartition des génotypes observés déviait fortement des proportions attendues sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy Weinberg (statistique de test du $\chi^2 > 300$). Seuls les marqueurs en commun sur les deux panels et localisés sur un autosome ont été pris en compte. Après nettoyage de ces données, 1646 génotypages ont été pris en compte dans les analyses sur un panel de 40 294 marqueurs.

1.3. Modèles d'évaluation utilisés

Les quatre critères ont été analysés à l'aide de modèles linéaires mixtes. Toutes les variables ont été analysées conjointement dans un modèle multivariable comme des caractères de la truie. Le modèle d'analyse s'écrit sous la forme :

$y = Xb + W_d p_d + W_s p_s + Zu + e$, où y est le vecteur d'observations, b est le vecteur d'effets fixes, p_d et p_s sont les effets aléatoires d'environnement permanent de la truie et du verrat père de la portée, u est le vecteur des effets génétiques additifs et e est le vecteur des effets résiduels. X , W_d , W_s et Z sont les matrices d'incidence associées respectivement aux vecteurs b , p_d , p_s et u .

Les effets fixes inclus dans le modèle ont été identifiés au préalable par une analyse de variance à l'aide du logiciel SAS 9.4 (SAS Inc, Cary, NY, USA) comme ayant un effet significatif à un seuil de 5% ($P < 0,05$). Deux effets ont été inclus dans le modèle d'analyse de tous les caractères : la bande de mise bas et le rang de portée de la truie, avec 5 niveaux : 1, 2, 3, 4 et ≥ 5 . L'effet fixe du type de portée (portée de race pure ou croisée) a été pris en compte pour l'analyse de NSEVD. Pour les caractéristiques pondérales, l'âge à la pesée a été inclus comme effet fixe dans le modèle (pesée à 0 ou 1 jour après la naissance).

Les deux modèles d'évaluation génétique et génomique comparés diffèrent par la manière de construire la matrice de parenté entre les individus. Dans le cas de l'évaluation génétique BLUP conventionnelle, la matrice de parenté **A** est construite en remontant les généalogies des individus avec performances sur 5 générations. Pour l'évaluation génomique, la méthodologie « BLUP génomique en une étape » ou single-step genomic BLUP (ssGBLUP) a été employée. Cette méthode consiste à construire en premier lieu une matrice de parenté génomique (**G**) entre les individus génotypés en utilisant les estimateurs de consanguinité et de parenté proposés par VanRaden (2008) et les fréquences alléliques observées dans la population. Ensuite, les matrices de parenté généalogique **A** et génomique **G** sont combinées de façon optimale en une matrice de parenté unique **H** selon la méthode proposée par Aguilar *et al.* (2010). Dans les deux cas, deux groupes de parents inconnus ont été considérés pour regrouper tous les animaux sans parents connus nés avant 2007 et après 2008.

Tous les calculs ont été réalisés à l'aide du logiciel BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2014). Les deux types d'évaluations ont été comparés à données et paramètres constants, les paramètres génétiques étant présentés dans le tableau 2. Ces paramètres ont été estimés au préalable à l'aide de la méthodologie du maximum de vraisemblance restreinte (ReML) avec le logiciel AIREMLF90 (Misztal, 2008), la prise en compte ou non de l'information génomique ne modifiant pas significativement les paramètres estimés.

1.4. Critères de comparaison des modèles

Les évaluations BLUP et ssGBLUP ont été comparées à l'aune de deux critères différents en estimant : 1) le gain de fiabilité des index par le calcul du coefficient de détermination (**CD**) des index des candidats et 2) le pouvoir prédictif des deux modèles à l'aide d'une étude de validation croisée.

1.4.1. Calcul du CD des index génétiques et génomiques des candidats

Le CD des index a été déduit des variances d'erreur de prédiction des valeurs génétiques et génomiques par inversion directe de la matrice des coefficients du système d'équations linéaires à l'aide du logiciel BLUPF90. Pour chaque individu i , le CD a été calculé comme :

$$CD_i = 1 - \frac{PEV_i}{(1 + F_i) * \sigma_g^2}$$

Où PEV_i est la variance d'erreur de prédiction de l'index, F_i est la consanguinité de l'individu et σ_g^2 est la variance génétique additive du caractère.

Tableau 2 – Paramètres génétiques ² estimés entre critères de reproduction des truies

Variable ¹	NBNV	NSEVD	PMN	ETPN
NBNV	0,09	0,86	-0,41	0,01
NSEVD	0,83	0,07	-0,27	-0,02
PMN	-0,49	-0,33	0,36	0,51
ETPN	0,18	0,09	-0,05	0,17

¹NBNV : Nombre de porcelets nés vivants, NSEVD : Nombre de porcelets sevrés de la truie, PMN : Poids moyen des porcelets à la naissance, ETPN : Ecart-type intra-portée du poids des porcelets à la naissance

² Héritabilité sur la diagonale, corrélations génétiques au-dessus de la diagonale, corrélations phénotypiques en-dessous de la diagonale

1.4.2. Etude de validation croisée

L'objectif de l'étude de validation croisée est d'identifier le meilleur modèle pour prédire la valeur génétique vraie des candidats reproducteurs. Le principe est de comparer les valeurs génétiques prédites en situation de candidat et après évaluation sur descendance pour un groupe de reproducteurs bien connus. Ainsi, une première évaluation génétique BLUP et ssGBLUP a été réalisée en supprimant toutes les performances de reproduction enregistrées après le 31/12/2013. Ce scénario mime une situation où les verrats nés en 2012 et 2013 sont en situation de candidats à la sélection (scénario 2013). Les index du scénario 2013 ont été comparés à ceux prédits à partir de toute l'information disponible au 31/08/2016 (scénario 2016). Pour que les index prédits dans chaque évaluation soient comparables, tous les index ont été recentrés autour de la moyenne des valeurs génétiques des reproducteurs nés entre 2008 et 2011. La population des verrats de validation regroupe des individus ayant un $CD \leq 0,25$ pour leur valeur BLUP 2013 et au moins 25 filles avec performances en 2016.

2. RESULTATS

2.1. Estimation des CD

Dans le modèle BLUP, le CD des index NBNV est en moyenne égal à environ 20% pour les candidats à la sélection nés en 2013 dans le scénario 2013 et ceux nés en 2016 dans le scénario 2016 (Figure 1).

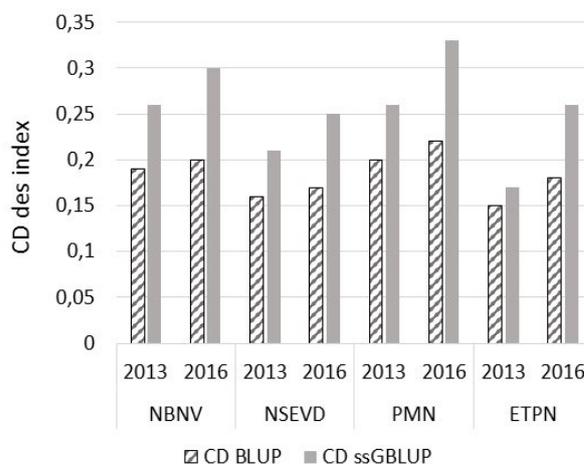


Figure 1 – Coefficient de détermination des index BLUP et ssGBLUP pour les candidats dans les scénarios 2013 et 2016

Le CD des valeurs génétiques BLUP sur ascendance est donc stable dans le temps. Dans le scénario 2013, la population de référence comporte 928 reproducteurs informatifs génotypés, à savoir 477 verrats évalués sur descendance et 451 femelles avec au moins une performance NBNV. Le CD des index génomiques NBNV des candidats génotypés est augmenté de 7 points de pourcentage (de 19% à 26%) par rapport aux candidats non génotypés. Le gain de fiabilité des index est donc d'environ 37%. Dans le scénario 2016, la population de référence comporte 1348 reproducteurs informatifs génotypés (680 verrats évalués sur descendance et 668 femelles avec ≥ 1 performance NBNV). Le CD des index génomiques NBNV des candidats génotypés s'accroît en moyenne de 10 points de pourcentage après génotypage (de 20% à 30%), soit une augmentation de 50%. A contrario, les différences de CD observés entre reproducteurs évalués sur descendance sont négligeables (résultat non présenté).

Les augmentations de CD observées sont du même ordre de grandeur pour le critère NSEVD. L'augmentation du CD des index PMN et ETPN était relativement faible dans le scénario 2013. Par exemple, ce gain de CD n'était que de 2 points de pourcentage pour ETPN (de 15% à 18%). Toutefois, dans le scénario 2016, le gain de CD observé sur les index génomiques PMN et ETPN des candidats génotypés était important (de 11 et 8 points de pourcentage respectivement).

2.2. Validation croisée

La population de validation comportait 32 verrats ayant en moyenne 53 filles avec performances en 2016. Une étude détaillée des résultats est présentée pour le critère NBNV pour lequel les quantités de performances enregistrées sont les plus importantes. En moyenne, les deux évaluations BLUP et ssGBLUP prédisent le même niveau génétique pour les verrats de validation dans le scénario 2013, ce niveau génétique étant sensiblement inférieur à celui estimé dans le scénario 2016 (Tableau 3). De même, les valeurs génétiques sur descendance estimées par les modèles BLUP et ssGBLUP sont très proches en moyenne suggérant l'absence de biais systématique dans le modèle ssGBLUP.

Tableau 3 – Statistiques descriptives des valeurs génétiques du critère « Nés Vivants » prédites par les modèles d'évaluation génétique (BLUP) et génomique (ssGBLUP) dans les scénarios avec données enregistrées jusqu'en 2013 et 2016

Scénario	Index	Moyenne	Ecart-type	Mini	Maxi
2013	BLUP	1,13	0,32	0,54	1,71
	ssGBLUP	1,12	0,45	0,11	1,91
2016	BLUP	1,35	0,85	-0,25	2,81
	ssGBLUP	1,36	0,87	-0,39	2,97

La variabilité des index génomiques dans le scénario 2013 est plus élevée que celle des index BLUP, qui ne prennent en compte que l'information familiale. Les index génomiques en tant que candidats dans le scénario 2013 sont toutefois beaucoup moins variables que ceux obtenus après évaluation sur descendance dans le scénario 2016.

Dans le scénario 2016, la corrélation entre index NBNV prédits avec les modèles BLUP et ssGBLUP est égale à 0,99.

Cela signifie que les classements des verrats prédits par les deux modèles sont très similaires. En effet, l'information apportée par les SNP devient négligeable lorsque les performances des descendantes sont prises en compte dans l'évaluation ssGBLUP. L'index ssGBLUP, plus précis, a été utilisé comme valeur de référence pour comparer les index prédits dans le scénario 2013 avec les deux modèles d'évaluation.

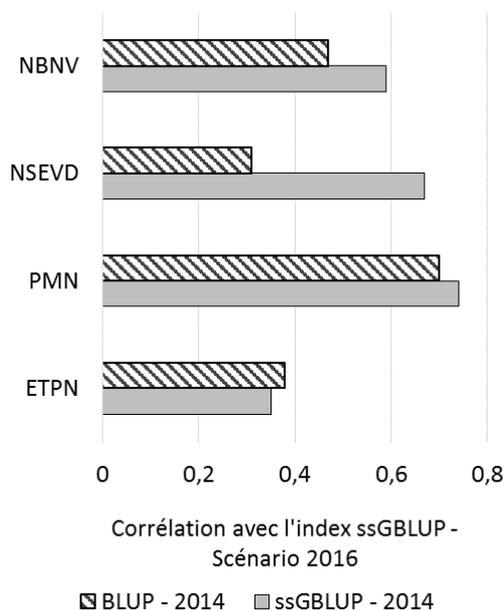


Figure 2 – Pouvoir prédictif des modèles d'évaluation conventionnelle (BLUP) et génomique (ssGBLUP) estimé par la corrélation entre la valeur BLUP et ssBLUP prédite en 2013 et la valeur sur descendance en 2016 pour les 32 verrats de validation

A quantité de performances et à paramètres génétiques équivalents, le pouvoir prédictif du modèle génomique est meilleur que le modèle d'évaluation BLUP pour le choix des reproducteurs sur les critères NBNV et NSEVD (Figure 2). D'après la figure 2, le pouvoir prédictif du modèle ssGBLUP est également nettement meilleur que celui du modèle BLUP pour le critère NSEVD. Ces résultats sont cohérents avec ceux présentés par Jafarikia *et al.* (2012). Pour les critères PMN et ETPN, le pouvoir prédictif du modèle d'évaluation génomique est similaire à celui du modèle BLUP.

2.3. Evolution d'index

La distribution des évolutions d'index NBNV entre les évaluations génétiques et génomiques prédits en 2016 pour tous les candidats nés en 2016 est représentée en Figure 3. Les variations d'index des jeunes candidats sans performance propre sont importantes et peuvent atteindre 1,5 écart-type génétique sur les critères de productivité numérique.

Dans le scénario 2013, les variations d'index NBNV observées entre les valeurs BLUP et ssGBLUP des 32 verrats de validation étaient moindres ($< 0,75$ écart-type génétique). Nous avons cependant constaté que les 9 candidats ayant un index génomique supérieur à l'index BLUP d'au moins 15% d'écart-type génétique en 2013 ont vu leur index BLUP augmenter entre 2013 et 2016 (+0,36).

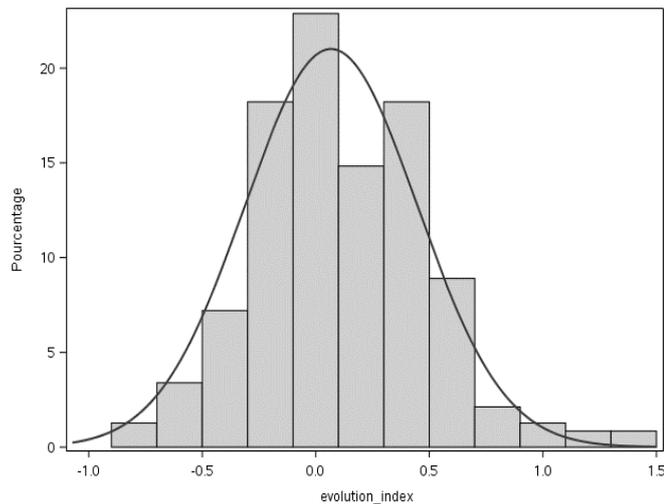


Figure 3 – Evolution d'index NBNV des candidats nés en 2016 entre les modèles BLUP et ssGBLUP

A contrario, les 8 individus dont l'index génomique était inférieur à la valeur BLUP d'au moins 15% d'écart-type génétique en 2013 ont vu leur index BLUP diminuer entre 2013 et 2016 (-0,24). Bien que les effectifs en jeu soient faibles, ces résultats suggèrent que l'évaluation génomique est capable d'identifier les candidats déviant le plus fortement de la moyenne parentale.

DISCUSSION ET CONCLUSION

Les résultats présentés dans cette étude suggèrent que la sélection génomique est un outil pertinent pour améliorer la précision de la sélection des critères de reproduction chez le porc.

L'estimation du CD des index génétiques et génomiques met en évidence le gain d'information obtenu par l'utilisation d'une matrice de parenté génomique plutôt que généalogique. En effet, l'information génomique permet d'estimer la proportion de gènes effectivement reçue de chaque ancêtre et non celle espérée d'après le pedigree, c'est-à-dire 50% des gènes hérités de chaque parent, 25% de chaque grand-parent, etc. Par ailleurs, l'information génomique permet également d'estimer la parenté réelle entre deux fondateurs, qui est supposée nulle dans le modèle conventionnel. La matrice de parenté génomique reliant les individus génotypés est donc beaucoup plus dense et permet d'extraire plus d'information pour la prédiction des index des jeunes candidats. Sous réserve que le modèle d'évaluation soit *ad hoc*, tout gain de CD doit se traduire par une amélioration de la précision des index. Le gain de CD estimé sur les index NBNV des candidats est important avec la mise en place d'une évaluation génomique. En 2013, le CD des index NBNV des candidats était augmenté de 37% en considérant une population de référence de 928 reproducteurs. Cette augmentation atteint 50% en 2016 avec une population de référence comprenant 1348 reproducteurs informatifs. L'augmentation de CD obtenue dans l'évaluation génomique était moins importante dans le scénario 2013 pour les critères PMN et ETPN. En effet, ces critères sont plus héréditaires que les critères de productivité numérique. Le gain relatif d'information obtenu par les données génomiques est donc moindre. Par ailleurs, la pesée individuelle des porcelets est réalisée en routine depuis 2011. Le nombre de verrats génotypés possédant un grand nombre de filles avec performances était

encore limité en 2013. Seuls 576 reproducteurs phénotypés ou avec descendance phénotypée sur ces critères étaient inclus dans la population de référence au 31/12/2013. L'augmentation relative du CD observée après génotypage des candidats est plus importante en 2016 pour les critères PMN et ETPN, en lien avec le cumul de performances sur les trois dernières années (1014 reproducteurs informatifs pour ces critères en 2016).

L'étude de validation croisée entre modèle BLUP et ssGBLUP a montré que le gain de CD observé pour les index génomiques se traduit effectivement par une amélioration de la précision de la sélection pour les critères de productivité numérique. Le modèle d'évaluation génomique permet également d'identifier des individus déviant notablement de la moyenne parentale. Selon Daetwyler *et al.* (2007), le fait de sélectionner plus précisément les individus entre et à l'intérieur des portées doit améliorer l'efficacité de la sélection en augmentant le progrès génétique sans répercussion négative sur l'évolution de la consanguinité.

Toutefois, les corrélations de l'étude de validation croisée tendent généralement à sous-estimer la précision réelle des deux méthodologies parce que les verrats de validation sont un échantillon d'individus très sélectionnés de la population, notamment sur le critère NBNV (Edel *et al.*, 2012; Gorjanc *et al.*, 2015). Il est en effet plus difficile de différencier des individus sur leur valeur génétique lorsque celles-ci sont très homogènes. Par ailleurs, la valeur génétique prédite sur descendance n'est pas la valeur génétique vraie du verrot bien que cela en soit la meilleure prédiction.

A l'aune de ces résultats, une évaluation génomique ssGBLUP est réalisée de façon hebdomadaire depuis le 1^{er} semestre 2016 pour tous les critères de reproduction dans la population Landrace. La mise en place de la sélection génomique dans le schéma s'est traduite par une étape supplémentaire pour la sélection des candidats. Après le contrôle en ferme, les candidats sont présélectionnés sur leur valeur génétique BLUP pour être génotypés. La sélection finale des reproducteurs est réalisée après la prise en compte de leurs résultats de génotypage dans l'évaluation génomique. Une étude de modélisation du schéma de sélection Landrace, non présentée dans le présent article, suggère qu'il est nécessaire de génotyper environ 10% des candidats mâles contrôlés en ferme pour capter l'essentiel des bénéfices de la sélection génomique à moindre coût. Ce résultat est en accord avec les travaux de Henryon *et al.* (2012), qui suggèrent que le gain marginal de progrès génétique est négligeable lorsque l'on génotype plus de 10-15% des candidats dans des schémas de sélection typiques de l'espèce porcine, si ceux-ci sont présélectionnés sur valeur BLUP. En effet, il est plus probable de trouver les meilleurs reproducteurs parmi les meilleurs individus sur valeur BLUP. Cette stratégie permettrait d'augmenter le progrès génétique actuel sur le critère NBNV d'environ 30% en supposant que la sélection génomique augmente de 37% le CD des index des candidats.

En conclusion, la mise en place de la sélection génomique dans la population Landrace Français est une innovation de rupture qui doit permettre d'augmenter fortement le progrès génétique sur les critères de productivité numérique des truies. Des travaux de recherche sont en cours pour optimiser l'utilisation de cet outil dans le schéma de sélection, notamment pour l'étendre à la sélection des reproductrices.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Abell C.E., Dekkers J.C., Rothschild M.F., Mabry J.W., Stalder K.J., 2014. Total cost estimation for implementing genome-enabled selection in a multi-level swine production system. *Genet. Sel. Evol.*, 46, 32.
- Aguilar I., Misztal I., Johnson D.L., Legarra A., Tsuruta S., Lawlor T.J., 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.*, 93, 743-752.
- Daetwyler H.D., Villanueva B., Bijma P., Woolliams J.A., 2007. Inbreeding in genome-wide selection. *J. Anim. Breed. Genet.*, 124, 369-376.
- Edel C., Neuner S., Emmerling R., Goetz K.-U., 2012. A note on using 'forward prediction' to assess precision and bias of genomic predictions. *Interbull Bull.*, 0. Consultable : <https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/view/1253> [Consulté le 26 septembre 2016].
- Gorjanc G., Bijma P., Hickey J.M., 2015. Reliability of pedigree-based and genomic evaluations in selected populations. *Genet. Sel. Evol.*, 47, 65.
- Henryon M., Berg P., Ostensen T., Nielsen B., Sorensen A.C., 2012. Most of the benefits from genomic selection can be realized by genotyping a small proportion of available selection candidates. *J. Anim. Sci.*, 90, 4681-4689.
- Jafarikia M., Schenkel F., Fortin F., Maignel L., Wyss S., Sullivan B., 2012. Genomic evaluation for litter size in Canadian Yorkshire pigs. In *Proceeding of International Plant and Animal Genome Conference*, San Diego, CA, USA.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z., 2014. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, USA
- Misztal I., 2008. Reliable computing in estimation of variance components. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125, 363-370.
- VanRaden P.M., 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci.*, 91, 4414-4423.