

Etude, par simulations, de l'intérêt d'une sélection génomique dans une population porcine de type mâle

Thierry TRIBOUT (1,2), Catherine LARZUL (1,2), Jean-Pierre BIDANEL (1,2), Florence PHOCAS (1,2)

(1) INRA, UMR 1313, Génétique Animale et Biologie Intégrative, 78352 Jouy-en-Josas Cedex, France

(2) AgroParisTech, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, 75005 Paris, France

thierry.tribout@jouy.inra.fr

Cette étude a bénéficié du soutien financier de l'ANR dans le cadre du projet UTOPIGE (ANR-10-GENOM_BTV-015)

Etude, par simulations, de l'intérêt d'une sélection génomique dans une population porcine de type mâle

Des simulations stochastiques ont été réalisées pour comparer l'efficacité de schémas de sélection porcins s'appuyant sur des évaluations génétiques BLUP-modèle animal (**BLUPMA**) ou sur des évaluations génomiques. La population simulée contenait 1 050 femelles reproductrices et 50 verrats, et était sélectionnée pendant 10 ans pour améliorer un objectif de sélection combinant 2 caractères d'héritabilité 0,4 et de mêmes poids économiques. Le schéma reposait sur le phénotypage annuel de 13 770 candidats pour le caractère 1 (**Car1**) et de 270 collatéraux par an issus de 10% des portées pour le caractère 2 (**Car2**). La sélection s'appuyait sur des valeurs génétiques estimées selon la méthodologie du BLUPMA ou sur des valeurs génomiques estimées à l'aide de 2 populations de référence, l'une constituée de candidats dont la taille variait entre 13 770 et 55 080 individus pour Car1, et l'autre constituée de collatéraux dont la taille variait entre 1 000 et 3 430 individus pour Car2. Les résultats montrent que des évaluations génomiques permettraient d'améliorer la précision d'estimation des valeurs génétiques des candidats et le progrès génétique réalisé annuellement pour les 2 caractères, tout en réduisant l'augmentation de la consanguinité dans la population, mais au prix d'un surcoût lié aux génotypages. Une augmentation, même très forte, dans le schéma BLUPMA du nombre de collatéraux contrôlés annuellement ne permettrait pas d'égaliser l'efficacité du schéma génomique. A l'inverse, il serait possible de réduire notablement le surcoût du schéma génomique tout en préservant son efficacité en présélectionnant les portées dans lesquelles des candidats seraient génotypés.

Is there any interest in implementing genomic evaluations in a pig male line nucleus? A simulation study

Stochastic simulation was used to compare the efficiency of pig breeding schemes based on either traditional genetic evaluation or genomic evaluation. The simulated population contained 1,050 female and 50 male breeding animals. It was selected for 10 years for a synthetic breeding goal that included 2 traits with equal economic weights whose heritabilities were 0.4. The breeding scheme was based on the phenotyping of all candidates (13,770 animals per year) for trait 1 and of relatives from 10% of the litters (270 animals per year) for trait 2. Selection was based either on BLUP-Animal Model estimated breeding values, or on genomic breeding values estimated with one TP made up of candidates whose number increased from 13,770 to 55,080 over time for trait 1 and another training population made up of candidate relatives whose number increased from 1,000 to 3,430 over time for trait 2. The results show that genomic evaluations would produce more accurate estimated breeding values and higher annual genetic trends for both traits, while reducing the inbreeding rate in the population. The genomic breeding scheme would nevertheless be more expensive than the traditional scheme, because of the genotyping costs. Even a very strong increase in the annual number of phenotyped relatives in the BLUP-Animal Model breeding scheme would not match the efficiency of the genomic scheme. Conversely, it would be possible to significantly reduce the additional cost of the genomic scheme while preserving its efficiency by preselecting the litters in which candidates would be genotyped.