

Intérêt des performances de truies croisées pour la sélection en race pure de caractères de reproduction de la lignée maternelle Large White

Raphaël BORE (1,2), Pauline BRENAUT (1), Brigitte BADOUARD (1), Bruno LIGONESCHE (3), Loïc FLATRES-GRALL (4),
Llibertat TUSELL (5), Alban BOUQUET (1)

(1) IFIP-Institut du Porc, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex, France

(2) Ecole Supérieure d'Agricultures, 55 Rue Rabelais, 49007 Angers, France

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

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

(5) INRA UMR GenPhySe, INPT, ENVT, Université de Toulouse, 31320 Castanet-Tolosan, France

alban.bouquet@ifip.asso.fr

Intérêt des performances de truies croisées pour la sélection en race pure de caractères de reproduction de la lignée maternelle Large White

L'objectif de cette étude est d'évaluer l'intérêt des performances de reproduction de truies croisées Large White x Landrace pour l'évaluation génomique de la lignée maternelle Large White Français (LW). Les performances de 24 771 truies croisées (103 305 portées) ayant eu une carrière dans un élevage de production entre 2007 et 2017 ont été analysées conjointement avec les performances de 24 377 femelles LW de race pure utilisées sur la même période (69 415 portées). Deux caractères ont été considérés : le nombre de porcelets nés vivants (NbNv) et le nombre de mort-nés (NbMn). Les performances exprimées en race pure et en croisement ont été analysées comme deux caractères différents génétiquement corrélés. Les composantes de la variance de chaque caractère ont été estimées par Gibbs Sampling en remontant cinq générations de pedigree pour construire les matrices de parenté et en intégrant l'information génomique de 1 439 reproducteurs LW. Pour les deux caractères les héritabilités estimées sont faibles en race pure ($h^2_{NbNv}=0,12 \pm 0,01$ et $h^2_{NbMn}=0,11 \pm 0,01\%$) et en croisement ($h^2_{NbNv}=0,07 \pm 0,01$ et $h^2_{NbMn}=0,06 \pm 0,01$). Des corrélations génétiques élevées ($r_g > 0,90$) ont été estimées entre la performance exprimée en race pure et en croisement. Ce résultat confirme que le progrès génétique cumulé dans le schéma de sélection de race pure est pour l'essentiel transféré à la truie croisée sur les critères de reproduction. Une étude de validation croisée suggère que l'intégration de cet échantillon de performances en croisement dans l'évaluation génomique de race pure permettrait d'obtenir un gain de fiabilité (CD) modéré des index génomiques des candidats à la sélection. Ce gain de CD d'environ 2 points de pourcentage correspondrait à une augmentation de 10% de la fiabilité actuelle des index.

Interest of crossbred sow performance for the selection of reproduction traits in the purebred Large White maternal line

The objective of this study was to evaluate benefits of use of Large White x Landrace sow reproduction performance for genomic evaluation of the French Large White (LW) dam line. The performances of 24 771 crossbred sows (103 305 litters) used on production farms from 2007-2017 were analysed along with those of 24 377 purebred LW sows used during the same period (69 415 litters). Two traits were considered: the number of live born piglets (NbNv) and the number of stillbirths (NbMn). The purebred and crossbred performances were analysed as two different traits that are genetically correlated. Variance components were estimated for each breed by Gibbs Sampling using five generations of pedigree to construct relationship matrices and integrate the genomic information of 1 439 LW breeding animals. Estimated heritabilities were low for purebred ($h^2_{NbNv}= 0.12 \pm 0.01$ and $h^2_{NbMn}=0.11 \pm 0.01$) and crossbred performances ($h^2_{NbNv}= 0.07 \pm 0.01$ and $h^2_{NbMn}=0.06 \pm 0.01$). For both traits, high genetic correlations ($r_g > 0.90$) were estimated between purebred and crossbred performances. This result confirms that most of the genetic progress cumulated in purebred parental lines should be transferred to the crossbred sows. A cross-validation study suggested that integration of crossbred performances into the purebred genomic evaluation could provide a slight increase in reliability of the genomic indices for selection candidates. This increase in index reliability of approximately 2 points of percentage would correspond to a 10% increase compared to the current reliability of the indices.

INTRODUCTION

La production porcine française s'appuie sur le croisement de plusieurs races spécialisées pour la production des porcs charcutiers. Ce schéma est très intéressant puisqu'il permet d'exploiter la complémentarité de plusieurs races spécialisées aux aptitudes différentes pour la production des porcs charcutiers, mais aussi de bénéficier de l'effet d'hétérosis. Cependant, malgré l'utilisation prépondérante du croisement en production porcine, l'amélioration génétique est réalisée en utilisant uniquement les performances enregistrées sur les animaux de race pure. Dans le cas des caractères de reproduction des truies, les outils de sélection exploitent seulement les performances des truies de race pure des élevages de sélection et de multiplication, qui représentent moins de 5% du cheptel de truies. Pourtant, certains éleveurs producteurs enregistrent en routine toutes les performances de reproduction de leurs truies croisées pour la réalisation d'analyses technico-économiques. Ces données sont centralisées dans des bases de données par les groupements de producteurs et pourraient également être mises à profit pour la sélection. En effet, toutes les truies croisées Large White (LW) x Landrace (LR) ont des parents de race pure nés dans le noyau de sélection. Dans un contexte de sélection génomique, ces nouvelles informations pourraient accroître les quantités d'informations disponibles pour population de référence et augmenter la précision des équations génomiques utilisées pour prédire la valeur génomique des jeunes candidats à la sélection en incluant des performances collectées à l'étape de production (Tribout, 2011).

L'objectif de cette étude est d'évaluer le gain de précision des index génomiques obtenu par l'intégration de performances de truies croisées LW x LR dans l'évaluation génomique des critères de reproduction de la lignée maternelle LW. Elle se décompose en deux phases : (1) l'estimation des paramètres génétiques entre les performances de reproduction exprimées par les truies de race pure et croisées puis (2) l'estimation du gain de précision à partir d'une étude de validation croisée s'appuyant sur les données réelles.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Données

Les performances utilisées pour cette étude ont été collectées sur des truies de race pure LW et des truies croisées issues du croisement LW x LR ayant mis bas durant la période 2007-2017. Les performances des truies de race pure ont été extraites des bases de données nationales génétiques. Les performances de truies croisées ont été extraites de la base de données de gestion technique des troupeaux de truies (GTTT) gérée par l'IFIP. Les truies de race pure proviennent de 19 élevages de sélection LW. Pour garantir une bonne fiabilité des généalogies, nous avons analysé les performances de truies croisées nées dans un échantillon de 18 élevages sélectionneurs-multiplicateurs puis ayant poursuivi leur carrière de productrices dans 100 élevages de production. Deux caractères de productivité numérique à la mise-bas ont été analysés dans cette étude : le nombre de porcelets nés vivants (NbNv) et le nombre de mort-nés (NbMn).

Seules les performances des truies dont les généalogies étaient connues ont été retenues. Pour éviter un biais dans les analyses

statistiques, les mises-bas avec un nombre de nés vivants faibles (< 6) ou un nombre de mort-nés élevé (> 9) ont été écartées car elles sont peu représentatives de la variabilité des données. Enfin, les performances de truies situées dans des bandes de mise-bas comprenant moins de 18 femelles n'ont pas été prises en compte. Ainsi, au final, 69 415 portées provenant de 24 377 truies LW et 103 305 portées provenant de 24 771 truies croisées ont été retenues pour l'estimation des paramètres génétiques (Tableau 1).

Tableau 1 - Statistiques descriptives des performances

Type de truies ¹	Variable ²	Nombre de portées	Nombre de truies	Ecart-type
LW	NbNv	69 415	24 377	3,2
	NbMn			1,5
Truies Croisées	NbNv	103 305	24 771	3,08
	NbMn			1,47

¹LW : truies Large White; ²NbNv : nombre de nés vivants; NbMn : nombre de mort-nés par portée.

Parmi les femelles croisées, 68% avaient un père LW et une mère LR et 32% un père LR et une mère LW. Cinq générations de pedigree ont été remontées pour construire les matrices de parenté, qui comportent 31 463 reproducteurs LW. Les informations généalogiques ont été complétées par les données génomiques de 1 439 reproducteurs LW de race pure ayant des performances de reproduction ou des filles avec performances. Ces données de génotypage ont été extraites de la base de données génomiques utilisée pour les évaluations génomiques hebdomadaires. Un total de 39 353 marqueurs SNP a été retenu après application des contrôles qualité et des procédures de routine décrites par Bouquet *et al.* (2017).

1.2. Paramètres génétiques

1.2.1. Modèles statistiques

Pour chaque caractère considéré, les performances des truies de race pure LW et des truies croisées ont été analysées conjointement comme deux caractères différents.

Les caractères exprimés par les femelles LW ont été analysés à l'aide du modèle linéaire mixte de type BLUP modèle « animal » dans lequel la valeur génétique de chaque animal est prédite individuellement à partir de ses performances ou des performances de ses apparentés. Le modèle est le suivant :

$$y_{LW} = Xb + Wp + Zu_{LW} + e$$

Où y_{LW} est le vecteur des performances des truies LW, b le vecteur contenant les effets fixes du rang de portée de la truie, de la bande de mise-bas intra-élevage et du verrat de la saillie, e le vecteur des effets aléatoires résiduels, p le vecteur contenant l'effet aléatoire de l'environnement permanent et u_{LW} le vecteur des valeurs génétiques additives. Les effets aléatoires e , p et u_{LW} suivent une loi normale d'espérance nulle et de variances σ_e^2 , σ_p^2 et σ_g^2 représentant respectivement les variances résiduelles, d'environnement permanent et génétique de la population. X , W et Z sont les matrices d'incidences qui relient les vecteurs b , p et u_{LW} aux phénotypes. Pour les femelles croisées, le modèle de croisement terminal (TCM) proposé par Wei et van der Werf (1994) et adapté à un modèle en une seule étape a été utilisé (Aguilar *et al.*, 2010 ; Tusell *et al.*, 2016). Dans ce modèle, la valeur génétique de la femelle croisée est scindée en deux : une moitié correspond à 50% de la valeur génétique paternelle, l'autre moitié correspond à 50% de la valeur génétique maternelle.

Ce modèle s'écrit :

$$y_{HYB} = Xb + Wp + Z_{LW}u_{HYB,LW} + Z_{LR}u_{HYB,LR} + e$$

où y_{HYB} est le vecteur des performances des truies croisées, b le vecteur contenant les effets fixes du numéro de cycle de la truie et de la bande de mise-bas intra-élevage, e le vecteur contenant l'effet aléatoire résiduel, p le vecteur contenant l'effet aléatoire de l'environnement permanent, $u_{HYB,LW}$ le vecteur des valeurs génétiques additives attribuées au parent LW et $u_{HYB,LR}$ le vecteur des valeurs génétiques additives attribuées au parent LR.

Ce modèle permet d'estimer la variance génétique additive en LW, et les variances génétiques additives des contributions alléliques des LW et des LR aux valeurs génétiques additives de leurs descendants croisés. Il permet également d'estimer la covariance génétique entre les performances de race pure LW et les performances des truies croisées (u_{LW} et $u_{HYB,LW}$).

1.2.2. Estimation des paramètres génétiques

L'estimation des paramètres génétiques utilise l'information généalogique des animaux de race pure, et pour les animaux croisés, l'information généalogique des parents LW et LR. Cette information permet de construire les deux matrices de parenté utilisées dans le modèle. Avec l'utilisation de l'information génomique, la matrice de parenté LW est remplacée par une matrice combinant à la fois la matrice de parenté généalogique et la matrice d'apparentement génomique construite à partir de l'information des marqueurs SNP en suivant la méthode proposée par Aguilar *et al.* (2010) et en donnant un poids de 30% à l'information génomique pour les individus génotypés.

Les paramètres génétiques ont été estimés par la méthode d'échantillonnage de Gibbs à l'aide du logiciel GIBBS1F90 (Misztal *et al.*, 2002). Une chaîne de 500 000 itérations a été exécutée en écartant les 50 000 premières itérations. Des échantillons de paramètres ont été sauvegardés toutes les 10 itérations et utilisés pour l'estimation des paramètres génétiques. La convergence de l'algorithme a été confirmée par l'analyse de la distribution *a posteriori* des paramètres et de l'autocorrélation entre échantillons à l'aide du logiciel POSTGIBBSF90. Les héritabilités et les corrélations génétiques ont été estimées selon Tusell *et al.* (2016). Les erreurs de prédiction calculées correspondent à l'écart-type de la distribution marginale postérieure estimée à partir des échantillons obtenus par échantillonnage de Gibbs.

1.3. Validation croisée

1.3.1. Principe de la démarche

Dans cette étude de validation croisée, l'objectif était de prédire l'index génomique de verrats LW, évalués sur descendance en 2018, à partir des informations disponibles au moment où ils ont été sélectionnés. Trois modèles différents ont été utilisés : le modèle BLUP conventionnel, le modèle BLUP génomique (GBLUP), le modèle de croisement terminal GBLUP intégrant les performances de truies croisées (TCM). Les performances utilisées pour réaliser les différentes évaluations sont celles des évaluations génomiques du 04/07/2018, qui contiennent toutes les performances des truies de race pure des élevages de sélection et de multiplication LW (484 218 performances de mise-bas). Ces données ont été complétées par les 103 305 performances des truies croisées présentées précédemment.

Les verrats utilisés pour la validation ont été mis en situation de candidats en supprimant successivement les performances de reproduction enregistrées après les 01/01/2014, 01/01/2015 et 01/01/2016. Trois populations de validation différentes ont donc été considérées. Elles sont composées, respectivement, de 69, 51 et 25 verrats nés en 2013, 2014 ou 2015 dont on estime de manière précise la valeur génomique en 2018. Au 04/07/2018, ces verrats possédaient en moyenne, respectivement, 90, 111 et 99 filles de race pure LW et 27, 18 et 7 filles croisées. Les évaluations génétiques ont été réalisées à paramètres génétiques constants en reprenant les composantes de la variance estimées précédemment avec le modèle TCM.

1.3.2. Mesure de la fiabilité des index

Le coefficient de détermination (CD) des verrats est une mesure de la fiabilité des valeurs génétiques et évalue la quantité d'information disponible pour leur prédiction. Un CD de 1 correspond à une fiabilité maximale. Le CD a été calculé à partir des variances d'erreur de prédiction des évaluations calculées par le programme BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2002) selon la formule :

$$CD_{i,k,m} = 1 - \frac{PEV_{i,k,m}}{(1 + F_i)\sigma_k^2}$$

où $PEV_{i,k,m}$ est la variance d'erreur de prédiction de la valeur génétique de l'individu i pour le caractère k obtenu à partir du modèle m , F_i est le coefficient de consanguinité de l'individu i , calculé grâce au programme relax2 (Strandén et Vuori, 2006) et σ_k^2 est la variance génétique additive du caractère k estimée précédemment.

Les CD ont été calculés pour les verrats de validation dans les jeux de données tronqués pour les modèles GBLUP et TCM. Un test de Student apparié a été réalisé pour comparer les CD moyens des verrats en situation de candidats calculés par ces deux modèles.

1.3.3. Evaluation du pouvoir prédictif des modèles

Le pouvoir prédictif P_m des trois modèles BLUP, GBLUP et TCM a été estimée à partir des valeurs génétiques des verrats de validation comme :

$$P_m = \frac{\text{corr}(EBV_m, EBV_{2018})^2}{CD_{2018}}$$

avec EBV_m la valeur génétique des verrats de validation calculée à partir du fichier tronqué pour le modèle m , EBV_{2018} la valeur génétique des verrats de validation prédite à partir du modèle BLUP et des informations de la descendance, CD_{2018} le coefficient de détermination moyen des valeurs génétiques estimées avec le modèle BLUP en 2018 pour les verrats de validation. Le pouvoir prédictif du modèle a été estimé en moyennant les précisions P_m estimées pour chacune des trois populations de validation. Celui-ci est homogène avec le CD calculé précédemment. Le gain de précision d'un modèle par rapport à un autre a été estimé comme la différence de pouvoir prédictif entre les trois modèles.

2. RESULTATS

2.1. Paramètres génétiques

Les variances phénotypiques des caractères exprimés par les truies croisées (8,94 et 1,94 pour les caractères NbNv et NbMn) sont plus faibles que celles des truies de race pure LW (10,01 et 2,08 pour les caractères NbNv et NbMn).

Tableau 2 - Paramètres génétiques estimés pour les performances de truies de race pure Large White et croisées et écart-types d'erreur associés

Caractères	Paramètres ¹		
	h^2_{LW}	h^2_{HYB}	r_g
Nés vivants	0,12 ± 0,01	0,07 ± 0,01	0,91 ± 0,07
Mort-nés	0,13 ± 0,01	0,06 ± 0,01	0,94 ± 0,05

¹ h^2_{LW} : hérabilité LW ; h^2_{HYB} : hérabilité truies croisées ; r_g : corrélation génétique entre performances exprimées chez les truies LW et chez les truies croisées.

Les hérabilités estimées chez les truies LW de race pure sont faibles pour les deux caractères (0,12 et 0,13) (Tableau 2). Les hérabilités sont légèrement plus faibles chez les truies croisées que chez les truies de race pure LW puisqu'elles sont respectivement égales à 0,07 et 0,06. Les corrélations génétiques entre les caractères exprimés par les truies de race pure et croisées sont élevées (> 0,90) et estimées avec des erreurs standards d'estimation faibles (\leq 0,07). Pour les deux caractères, les corrélations génétiques estimées entre performances de race pure et en croisement ne sont pas significativement différentes de 1 à un seuil de 5%.

2.2. Gains de précision de la sélection obtenus grâce aux performances de truies croisées

2.2.1. Différence de CD entre évaluation génomique de race pure ou intégrant les performances de truies croisées

Selon le caractère étudié, l'intégration des performances de taille de portée et de mortinatalité des truies croisées dans l'évaluation génomique LW permet d'obtenir un gain de 3 à 4 points de CD pour les individus de validation en situation de candidats à la sélection. Cela représente une augmentation relative du CD de 11 à 15 % environ par rapport à l'évaluation génomique exploitant uniquement les données de race pure. D'après le test de différence de moyenne, cette augmentation du CD est significative ($P < 0,001$) en faveur des évaluations génomiques incluant les performances de truies croisées.

2.2.2. Pouvoir prédictif des évaluations génétiques et génomiques

En prenant comme référence la valeur génétique BLUP sur descendance prédite en 2018, l'ajout d'information génomique permet d'améliorer la précision des valeurs génétiques estimées pour les caractères NbNv et NbMn des candidats LW à la sélection (Figure 1). Le gain de pouvoir prédictif observé est, respectivement, de 7 et 11 points de pourcentage pour ces deux caractères. Le modèle TCM, qui intègre les performances de truies croisées, permet d'obtenir une légère augmentation de pouvoir prédictif en comparaison du modèle GBLUP en race pure. Ces augmentations sont faibles et égales à 1 et 2 points de pourcentage pour les deux caractères. Ces résultats sont cohérents avec les gains de CD théoriques de +3-4 points estimés précédemment. Ces gains de pouvoir prédictifs sont homogènes dans les trois populations de référence considérées. De même, lorsque la valeur génomique sur descendance (GBLUP 2018) est prise comme référence, des gains de précision similaires sont observés entre le modèle GBLUP et TCM.

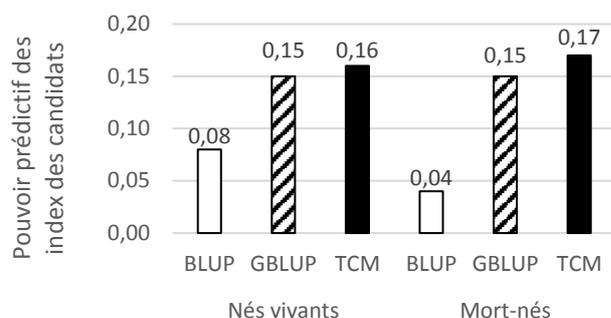


Figure 1 - Précisions des index génomiques estimées par étude de validation pour les modèles BLUP, le modèle BLUP génomique (GBLUP) et le modèle de croisement terminal GBLUP intégrant les performances de truies croisées (TCM) des caractères nés vivants et mort-nés

3. DISCUSSION

3.1. Les caractères de prolificité et de mortinatalité exprimés en race pure et en croisement ont un déterminisme génétique proche

Les hérabilités des caractères de prolificité et de mortinatalité estimées chez les truies de race pure et chez les truies croisées de cette étude sont du même ordre de grandeur que celles estimées dans la littérature. La plupart des études publiées (Bösch *et al.*, 2000 ; Brandt *et al.*, 1998) rapportent des hérabilités proches de 0,10 quel que soit le type de truies considéré (race pure ou croisées). Dans cette étude, les hérabilités des caractères exprimés par les animaux croisés sont en revanche légèrement plus faibles que celles estimées chez les animaux de race pure LW. La corrélation génétique élevée estimée entre les performances exprimées en race pure et en croisement suggère que celles-ci sont génétiquement proches et peu affectées par les conditions environnementales différentes rencontrées dans les élevages de sélection et de production. Autrement dit, le classement des reproducteurs sur les caractères de taille de portée de leurs filles sera le même s'il est effectué à partir des performances de leurs filles de race pure dans les élevages de sélection ou de leurs filles croisées dans les élevages de production. Ainsi, la sélection effectuée en race pure à partir des performances de race pure est efficace pour améliorer les performances en croisement. Au vu de ces corrélations génétiques élevées, les données acquises sur les truies croisées pourraient être utiles dans un contexte de sélection génomique pour augmenter le progrès génétique sur les caractères de productivité numérique des truies cumulé en race pure dans le noyau de sélection.

3.2. Un faible gain de précision des index génomiques obtenu grâce à l'échantillon de performances de truies croisées

La sélection génomique a été mise en place dans les lignées maternelles porcines pour accélérer le progrès génétique sur les critères de productivité numérique des truies (Bouquet *et al.*, 2017). Le gain de pouvoir prédictif apporté par la génomique est de l'ordre de 7 à 11 points de pourcentage et est cohérent avec les résultats de Bouquet *et al.* (2017) pour la population LR. Cette augmentation est non négligeable car le CD des valeurs génétiques est faible pour ces caractères (< 20%).

En comparaison, le gain marginal de précision des index des candidats à la sélection obtenu en intégrant les performances de truies croisées dans l'évaluation génomique est relativement faible pour les deux caractères étudiés. En effet, un gain de précision d'environ 3 à 4 points de CD a été estimé. Ce gain est homogène avec le gain de pouvoir prédictif estimé à partir des corrélations entre les index des verrats de validation estimés avec les modèles GBLUP et TCM en situation de candidats et après évaluation sur descendance. La cohérence entre les valeurs de gains de CD et de pouvoir prédictif estimées pour chaque modèle suggère l'absence de biais ce qui doit permettre de classer les reproducteurs objectivement intra et entre élevages. Toutefois, cette étude de validation s'est focalisée sur un échantillon de données de truies croisées restreint pour garantir une fiabilité maximale des généalogies. Le nombre de femelles croisées retenu était inférieur au nombre de femelles LW de race pure. Pour la plupart des verrats génotypés, le nombre de filles croisées ajoutées dans l'évaluation génomique était marginal par rapport au nombre de filles de race pure. Par ailleurs, ces résultats reposent sur une population de validation de taille limitée composée de verrats fortement sélectionnés sur la valeur génétique du caractère NbNv. Une étude de simulation récente a également montré que l'estimation du gain de pouvoir prédictif d'un modèle dépend fortement de la méthode choisie pour le calcul de la précision des index : que ce soit un calcul de CD à partir des variances d'erreur de prédiction ou une corrélation entre une valeur génétique prédite et une valeur de référence qui peut être un phénotype, un phénotype corrigé pour les principaux effets d'environnement ou encore la performance moyenne des filles d'un verrat (Putz *et al.*, 2018). Ces différences sont particulièrement importantes dans le cas de caractères faiblement héréditaires parce que chaque performance est peu informative de la valeur génétique vraie d'un individu. Ainsi, Putz *et al.* (2018) concluent que l'utilisation du CD des valeurs génétiques des candidats est l'approche qui permet de comparer avec le plus de robustesse la précision de deux modèles et donc le gain de pouvoir prédictif, en l'occurrence entre un modèle d'évaluation génomique et un modèle d'évaluation conventionnelle. L'utilisation de la moyenne corrigée des performances des filles comme variable de référence semble également pertinente pour mesurer le

gain de pouvoir prédictif mais celle-ci conduit souvent à sous-estimer la précision réelle des valeurs génétiques prédites. Les deux approches choisies dans la présente étude convergent vers la même conclusion et estiment un faible gain de précision du modèle génomique qui prend en compte l'échantillon de performances de truies croisées par rapport au modèle d'évaluation génomique en race pure.

En théorie, le nombre de performances de truies croisées qui pourraient être intégrées à l'évaluation génomique est beaucoup plus important. Pour les verrats de la population de référence disposant de nombreuses filles de race pure avec performances, l'ajout de performances de filles croisées aura vraisemblablement un impact faible sur la précision de leurs index. En revanche, le gain d'information peut être non négligeable pour les verrats ayant peu diffusé dans le noyau de sélection mais ayant été utilisés plus largement en multiplication. Par ailleurs, en intégrant les performances de reproduction de truies croisées, le nombre de verrats informatifs avec filles pouvant être intégrés à la population de référence sera également plus important. Cet élargissement de la population de référence doit en principe aboutir à un gain de précision de la sélection des candidats de race pure avec l'évaluation génomique.

CONCLUSION

L'objectif de cette étude était d'évaluer l'intérêt des performances de truies croisées pour la sélection en race pure de la lignée maternelle Large White. Les performances de productivité numérique exprimées par les truies de race pure et croisées ont un déterminisme génétique proche. Ce résultat confirme que la sélection en race pure est efficace pour améliorer les performances en croisement pour les caractères considérés dans cette étude. L'étude de validation a permis de vérifier que l'intégration de nouvelles performances de truies croisées dans les évaluations génomiques se traduit par un gain de pouvoir prédictif du modèle génomique. En revanche, ce gain est faible principalement en raison de la taille limitée de l'échantillon de performances en croisement considéré dans cette étude mais aussi de la taille limitée et de la structure de la population de verrats utilisée pour l'étude de validation croisée.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- 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.
- Bösch M., Röhe R., Looft H., Kalm E., 2000. Selection on purebred and crossbred performance for litter size in pigs. *Arch. Anim. Breed.*, 43, 249–262.
- Bouquet A., Canaple M., Brenaut P., Bellec T., Flatrès-Grall L., Ligonésche B., Larzul C., 2017. Mise en place de la sélection génomique dans le schéma de sélection de la population Landrace Français. *Journées Rech. Porcine*, 49, 31-36.
- Brandt H., Täubert H., 1998. Parameter estimates for purebred and crossbred performances in pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, 115, 97–104.
- Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: *Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France, Communication N°28-07.
- Putz A.M., Tiezzi F., Maltecca C. Gray K.A., Knauer M.T., 2018. A comparison of accuracy validation methods for genomic and pedigree-based predictions of swine litter size traits using Large White and simulated data. *J. Anim. Breed. Genet.*, 135, 5-13.
- Strandén I., Vuori K., 2006. Relax2: pedigree analysis programme. In: *Proc. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 27-30.
- Tribout T., 2011. Perspectives d'application de la sélection génomique dans les schémas d'amélioration génétique porcins. *INRA Prod. Anim.*, 24, 369-376.
- Tusell L., Gilbert H., Riquet J., Mercat M.J., Legarra A., Larzul C., 2016. Pedigree and genomic evaluation of pigs using a terminal-cross model. *Genet. Sel. Evol.*, 48, 32.
- Wei M., van der Werf J.H.J., 1994. Maximizing genetic response in crossbreds using both purebred and crossbred information. *Anim. Sci.*, 59, 401–413.

