



**HAL**  
open science

## **Gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées**

J Jacques J. J. Colleau, Thierry Tribout

► **To cite this version:**

J Jacques J. J. Colleau, Thierry Tribout. Gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées. *Productions Animales*, 2006, 19 (5), pp.339-346. <hal-02653758>

**HAL Id: hal-02653758**

**<https://hal.inrae.fr/hal-02653758v1>**

Submitted on 29 May 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

# Gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées

J.-J. COLLEAU, T. TRIBOUT

INRA, UR337 Génétique Quantitative et Appliquée, F-78352 Jouy-en-Josas, France

Courriel : [ugencjj@dga2.jouy.inra.fr](mailto:ugencjj@dga2.jouy.inra.fr)

La large utilisation de l'Insémination Artificielle associée à un rythme très rapide de reproduction, expose les populations porcines sélectionnées en race pure aux dangers de la consanguinité. Il est cependant possible de la freiner très fortement tout en maintenant un niveau satisfaisant de progrès génétique.

L'efficacité à court terme de la sélection intensive n'est plus à démontrer mais elle génère une perte de variabilité génétique, ce qui est préjudiciable au progrès génétique à long terme et limite l'adaptabilité de la population à une variation des objectifs de sélection si le contexte économique le demande. Elle génère aussi de la consanguinité, ce qui altère les performances de reproduction, la résistance aux maladies, et qui facilite la diffusion de tares génétiques, quand elles existent. Ces phénomènes sont liés à la pression de sélection, en général forte, et aussi à la manière dont sont calculées les estimées de valeur génétique (VGE) ou index des individus : dans le cas d'une évaluation génétique fondée sur la méthodologie du BLUP appliquée à un modèle animal, les VGE prennent en considération les performances des apparentés et la sélection est donc en partie familiale. Toutes ces retombées défavorables s'instaurent d'autant plus rapidement que l'intervalle de génération est court et que les techniques de reproduction, comme l'insémination artificielle (IA) permettent une large diffusion du même individu. C'est particulièrement le cas dans l'espèce porcine. Des bilans effectués dans un passé récent ont effectivement permis de constater d'importantes diminutions de la variabilité génétique dans diverses populations porcines sélectionnées (Maignel *et al* 1998, Maignel et Labroue 2001, Delaunay et Merour 2006).

Il importe donc de disposer de méthodes de travail efficaces pour tem-

pérer cette augmentation tout en maintenant un niveau de progrès génétique compatible avec une bonne compétitivité à court terme de la population sélectionnée. Cette problématique a suscité beaucoup de travaux théoriques dans la communauté mondiale des généticiens quantitatifs, particulièrement au cours des vingt dernières années, ce qui a permis de mettre au point les méthodes d'optimisation des programmes de sélection en vue du long terme. La difficulté majeure consiste alors à la mise en œuvre dans le détail des étapes majeures du schéma de sélection, dont les caractéristiques sont imposées bien souvent par celles de l'espèce en question. Ainsi, Colleau *et al* (2003, 2004), Colleau et Moureaux (2006) ont identifié quatre étapes dans les programmes de sélection des bovins laitiers, proposé les méthodologies correspondantes et les ont testées sur données réelles obtenues récemment.

Chez le Porc, deux grandes étapes peuvent être considérées dans un dispositif d'amélioration génétique, relevant chacune d'une optimisation distincte : le choix des accouplements (appelé «service» ci-après) et le renouvellement des reproducteurs. L'objectif de cette communication est de présenter successivement pour chaque phase la stratégie utilisée et les résultats fournis par un test rétrospectif. Celui-ci a été effectué en référence à des accouplements réellement observés dans la population Landrace Français collective, pour laquelle l'élévation de la

consanguinité est la plus rapide parmi les populations porcines pures exploitées en France (0,35 % par an sur la période 2000-2004). Le test concernait 2520 truies situées dans 26 élevages de sélection, sur une période s'étendant du 15 septembre 2002 au 9 février 2003. Ces tests rétrospectifs ont eu pour but essentiel de déterminer *s'il aurait été possible au cours de cette période de diminuer sensiblement la parenté et la consanguinité tout en maintenant intégralement les niveaux observés pour l'index de sélection synthétique, c'est-à-dire l'estimée de la valeur génétique pour l'objectif de sélection de la population.*

La communication a également pour but de faire des propositions concrètes pour la gestion conjointe, dans le futur, du progrès génétique et de la variabilité. En ce qui concerne les bovins laitiers (Colleau et Moureaux 2006), celles-ci consistaient essentiellement à informer les utilisateurs sur les taux optima d'utilisation des reproducteurs en posant comme contrainte de base un niveau désiré de progrès génétique sur l'index synthétique. Les auteurs proposaient ensuite une répartition optimisée des accouplements tenant compte non seulement de la consanguinité mais aussi d'une exigence de complémentarité des aptitudes entre mâles et femelles, exigence souvent formulée par les éleveurs. Il conviendra donc d'apprécier si ce schéma est également opportun pour les populations porcines.

## 1 / Principes généraux des optimisations

Les travaux théoriques de génétique quantitative ont été accompagnés par de nombreuses simulations sur des populations simplifiées, qui ont confirmé la validité des méthodes proposées de gestion optimisée de la variabilité génétique. Ils sont retracés en détail, avec les références correspondantes, dans la partie introductive de l'article de Colleau et Moureaux (2006), qui abordent ensuite le cas des populations de bovins laitiers sélectionnés. Il est possible de s'y reporter car les principes de l'optimisation ne dépendent pas de l'espèce.

Le résultat le plus clair de ces recherches est que la minimisation de la consanguinité à long terme s'obtient grâce à la minimisation de la moyenne des coefficients de parenté deux à deux obtenus dans la population mélangeant les reproducteurs et reproductrices. On pourrait penser intuitivement qu'il suffit de minimiser la parenté entre les mâles et les femelles. Or deux individus d'un même sexe se retrouveront fatalement en même temps dans les pedigrees d'un mâle et d'une femelle accouplés plusieurs générations plus tard. La parenté entre ces individus a donc un effet sur la consanguinité du produit issu de l'accouplement, ce qui veut dire que les parentés sont aussi à considérer intra-sexe. La moitié du pool génétique total est sous le contrôle des mâles et l'autre moitié sous le contrôle des femelles : en conséquence, dans le calcul des parentés moyennes, les parentés mâle-mâle ou femelle-femelle interviennent globalement avec une pondération de 0,25 et les parentés mâle-femelle avec une pondération de 0,50.

Plus précisément, la minimisation du coefficient de parenté moyen s'effectue en faisant varier les droits à la reproduction, c'est-à-dire non seulement la liste des reproducteurs sélectionnés mais aussi leur intensité d'utilisation. On met l'accent sur le choix des individus les plus intéressants et on module leur utilisation. Les combinaisons les plus efficaces *se calculent* à partir de méthodes spécialisées de génétique quantitative et les calculs analytiques tiennent compte de la structure réelle des populations au sein des équations d'optimisation. *L'homologie avec les méthodes actuelles de calcul des valeurs génétiques (BLUP notamment) est très forte*, car là aussi, il y a des équations

d'optimisation (ici de la vraisemblance des estimées de valeur génétique) qui tiennent compte de la structure exacte des populations.

## 2 / Optimisation du service

Au moment où l'on souhaite optimiser le service, on connaît la liste des femelles à saillir avec certitude et la liste des mâles tant d'IA que de Monte Naturelle (MN) qui sont disponibles à cet instant. Ces sigles sont considérés pour la simplicité. L'appellation MN regroupe en fait la monte naturelle stricte et l'IA effectuée par l'éleveur avec la semence de ses propres verrats. L'appellation IA concerne l'IA effectuée par les seuls verrats de Centre d'Insémination Artificielle (CIA). L'optimisation du service consiste tout d'abord à calculer le nombre de truies qui sont affectées à chaque verrat sélectionné (c'est-à-dire le «droit» à la reproduction), puis à choisir les meilleurs accouplements, étant entendu qu'un mâle MN ne peut saillir en dehors de son troupeau. La première phase a pour but d'abaisser au maximum le rythme final (de «croisière») d'augmentation de la consanguinité, et la seconde à abaisser au maximum son niveau à court terme.

### 2.1 / Modèle utilisé

La période considérée pour la mise en application des méthodes d'optimisation du service et du renouvellement dans la population Landrace Français collective s'étendait du 15 septembre 2002 au 9 février 2003. Cet intervalle de 21 semaines correspond approximativement à l'intervalle de temps au cours duquel toutes les femelles actives de la population sont saillies une seule fois (exception faite des retours). Le réalisme amène à ne pas considérer dans l'optimisation que les reproducteurs mâles actifs à un moment de cette période l'étaient aussi sur l'ensemble de celle-ci, ni que les valeurs génétiques estimées avaient été constantes pendant toute la période. On a donc divisé la période de test en 5 sous-périodes d'environ 1 mois, ce qui correspond à la périodicité de l'évaluation génétique dans cette population, en considérant que ce découpage constituait un compromis acceptable entre les exigences contradictoires de précision et de simplicité.

### 2.2 / Critère optimisé

A une période donnée, les droits à la reproduction sont optimisés en tenant

compte de la population existante, gestations comprises. Pour le cas particulier de l'optimisation rétrospective, on tient compte des recommandations d'utilisation effectuées aux sous-périodes précédentes, puisque les accouplements sont fictifs. On gère donc les droits non seulement à un instant donné mais aussi dans le temps.

### 2.3 / Méthodes de calcul des taux d'utilisation des verrats

Le calcul des droits à la reproduction des mâles intègre plusieurs contraintes de nature très différente. On se fixe le niveau moyen pondéré des verrats sélectionnés pour la valeur génétique estimée pour l'objectif de sélection, notée souvent «VGEobj», qu'on nommera de manière équivalente «Index de Synthèse» (IS). On fixe aussi le taux d'IA souhaité dans chaque élevage, étant entendu que ceux qui désirent pratiquer la MN disposent de verrats correspondants disponibles. En effet, l'utilisation de l'IA est très variable du troupeau à l'autre. Pour le test rétrospectif, les valeurs utilisées pour les contraintes ont été identiques aux valeurs observées pendant la période correspondante.

Les équations d'optimisation correspondent à un système linéaire où les inconnues sont les taux d'utilisation recherchés. Les coefficients du système prennent en considération les parentés détaillées deux à deux dans l'ensemble des mâles et des femelles, ainsi que les valeurs génétiques estimées de ces individus. Des équations supplémentaires sont utilisées pour le respect des contraintes. Le calcul des solutions se fait de manière itérative car au début, certains taux d'utilisation calculés sont négatifs. Cependant, on peut montrer théoriquement que dans ce cas, les taux vrais sont en fait nuls (verrats non utilisés). Il est donc licite de répéter les calculs jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de valeurs négatives. On a alors la liste des verrats sélectionnés et leurs droits à la reproduction.

### 2.4 / Méthodes de répartition des accouplements

Une fois connu le nombre de truies que doit saillir chaque verrat sélectionné à une sous-période donnée, les accouplements sont déterminés de manière à minimiser le coefficient de consanguinité moyen des produits à naître. On tient compte bien entendu du fait que les accouplements entre un verrat MN et les truies hors de son trou-

peau sont interdits. On pose par ailleurs des contraintes de niveau génétique spécifiques à chaque élevage, de manière à ce que l'optimisation des accouplements ne s'effectue pas au détriment de certains éleveurs (à qui par exemple on demanderait de baisser leurs niveaux génétiques). Là encore, les valeurs observées ont été considérées dans le test rétrospectif. Par conséquent, l'index de synthèse moyen des verrats recommandés dans un troupeau doit être le plus proche possible de l'index de synthèse moyen des verrats effectivement utilisés. Pour les troupeaux pratiquant l'IA, on détermine pour chaque élevage la liste des verrats d'IA devant faire la saillie et le nombre correspondant de truies, pour que la différence entre les deux VGE moyennes soient la plus petite possible (étape 1). Puis séparément pour chaque élevage, connaissant l'ensemble des verrats impliqués (IA et MN) et leurs taux d'utilisation, on minimise la consanguinité des produits (étape 2). Pour chacune des deux étapes d'optimisation, on utilise la méthode du «recuit simulé» dont le principe consiste à tester progressivement un grand nombre de permutations possibles (Robert et Casella 1999, Sonesson et Meuwissen 2000).

## 2.5 / Description des données disponibles

Les données proviennent de 26 élevages de sélection regroupant un total de 2520 truies sur l'ensemble des sous périodes (tableau 1). Le taux moyen d'IA est de 65 % avec un écart-type conséquent entre troupeaux (de l'ordre de 30 %), puisque toute la gamme de variation entre 0 et 100 % existe. Les index moyens des verrats utilisés sont très variables d'un troupeau à l'autre : l'écart-type des moyennes entre troupeaux est de l'ordre de 15 points. Rappelons que l'écart-type génétique pour l'objectif de sélection est de 30 points. L'ampleur de ces variations entre troupeaux a nécessité de les prendre en compte complètement lors de l'optimisation rétrospective, ce qui l'a compliquée quelque peu.

**Tableau 1.** Caractéristiques des troupeaux.

	Sous-période					Total
	1	2	3	4	5	
<b>Nombre de truies</b>	373	636	463	491	557	2520
<b>Nombre de troupeaux</b>	22	25	25	26	24	26
<b>Taux d'IA (%)</b>						
<b>Moyenne (écart-type)</b>	64(34)	61(31)	64(36)	74(33)	64(35)	65(31)
<b>Valeur génétique estimée des verrats</b>						
<b>Moyenne (écart-type)</b>	126(5)	127(15)	128(15)	129(14)	130(16)	128(14)

**Tableau 2.** Effectifs de verrats en insémination artificielle (IA) ou en monte naturelle (MN).

	Sous-période					Total
	1	2	3	4	5	
<b>IA Utilisés</b>	45	51	50	45	45	95
<b>IA Disponibles</b>	128	129	123	127	131	164
<b>MN Utilisés</b>	45	60	53	51	53	80
<b>MN Disponibles</b>	49	61	63	63	61	83

Les effectifs de verrats sont indiqués au tableau 2. Les mâles (IA ou MN) disponibles pour une sous-période donnée sont les mâles qui étaient actifs pendant au moins la moitié de la sous-période, compte tenu de leur dates d'entrée en reproduction et de réforme. On constate que le nombre de verrats disponible en IA dépasse largement le nombre de verrats effectivement utilisés, alors qu'en MN les effectifs disponibles sont pratiquement utilisés en totalité. Le but de l'optimisation est précisément d'apprécier si les choix effectués par les éleveurs étaient efficaces en ce qui concerne le maintien de la variabilité génétique.

Pour le calcul des parentés et des consanguinités, on a considéré l'ensemble des généalogies disponibles pour les animaux vivants, ce qui constitue au total un fichier de 46133 individus. Le nombre de générations connues est en moyenne de 12,9 (minimum 7,3) pour les femelles à saillir et de 13,0 (minimum 9,3) pour les mâles disponibles correspondants. C'est pratiquement le double du nombre de générations connues sur les populations bovines actuelles (Colleau et Moureaux 2006), conséquence logique du rythme de reproduction rapide de l'espèce porcine. Cette situation illustre bien la nécessité encore plus forte dans cette espèce de bien gérer la variabilité génétique.

## 2.6 / Résultats

Les coefficients moyens de parenté (entre reproducteurs sélectionnés) ob-

servés lors de la période de test sont de l'ordre de 6-8 %, ce qui n'est pas négligeable. Rappelons en effet qu'un coefficient de 6 % est obtenu quand les individus comparés ont deux grands-parents en commun et qu'un coefficient de 10 % correspond à trois grands-parents en commun. Le tableau 3 montre les résultats globaux de l'optimisation en ce qui concerne la parenté moyenne des reproducteurs sélectionnés et la consanguinité des produits issus des accouplements. L'optimisation conduit à une réduction relative de 26 % pour la parenté moyenne entre verrats, à une réduction de 17 % pour la parenté moyenne entre verrats et truies, à une réduction de 18 % de la parenté entre verrats et l'ensemble des animaux existants. De la même manière, l'optimisation amène une réduction sensible (21 %) des coefficients de consanguinité attendus pour les produits des accouplements après comparaison avec les accouplements effectifs, ce qui est bienvenu, car le coefficient de consanguinité moyen correspondant à ces derniers commence à être substantiel (6,6 %).

Au total, parmi les 247 verrats effectivement disponibles dans la population de test, 83 verrats ont été recommandés pour la reproduction des 2520 truies, ce qui est nettement moins que le nombre de verrats effectivement utilisés (175). Le nombre maximum de truies affectées à un ver-rat est de 160 après l'optimisation, ce qui est nettement supérieur à la valeur observée (102). En résumé, on peut dire que l'optimisation conduit à utiliser moins de verrats mais mieux ciblés, si l'on en juge d'après les résultats du tableau 1. Ainsi, 69 des 83 verrats recommandés ont été effectivement utilisés mais pas du tout de la même manière. D'une part, ces 69 verrats sont utilisés sur 1998 truies lors de l'optimisation et seulement 1263 en réel, d'autre part, il n'y a pas de corrélation ( $r = -0,01$ ) entre les deux taux d'utilisation concernant un même ver-rat.

**Tableau 3.** Résultats de l'optimisation du service.

	Réel	Optimisé	Réduction (%)
<b>Parentés (%)</b>			
Mâle-mâle	8,55	6,34	26
Mâle-femelle	6,84	5,70	17
Femelle-femelle	6,33	6,33	0
Mâle-population	7,14	5,85	18
<b>Consanguinité (%)</b>			
Moyenne	6,59	5,20	21
Ecart-type	1,96	2,09	

### 3 / Optimisation du renouvellement

L'optimisation du renouvellement consiste à effectuer la sélection des jeunes animaux qui viennent d'être indexés en fin de contrôle en ferme et à désigner les reproducteurs déjà disponibles et dignes d'être utilisés ultérieurement pour la reproduction en race pure, ce qui revient à mettre ces deux grandes catégories en compétition. L'établissement d'un classement est donc nécessaire mais dans un souci de maintien de la variabilité génétique, il est indispensable d'aller plus loin, notamment de déterminer les taux d'utilisation optima des verrats. En particulier, la connaissance de ces taux permet d'orienter les jeunes mâles sélectionnés soit vers l'IA soit vers la MN.

La stratégie suivie consiste à imaginer la première campagne d'utilisation des jeunes animaux en reproduction, mis en compétition avec les animaux déjà actifs. Il est à noter qu'il existe un décalage important dans le temps entre les actions de sélection et leur traduction sous forme d'accouplements en période de reproduction. Les jeunes candidats mâles et femelles sont évalués à l'âge de 5 mois environ, alors que l'âge des femelles à la première saillie est d'environ 8 mois. C'est également l'âge auquel les mâles de MN peuvent être utilisés pour la première fois. En revanche, les mâles d'IA ne peuvent être utilisés la première fois qu'à environ 10 mois, en raison du délai nécessité par les tests sanitaires.

Quand on pratique la sélection à 5 mois, pour choisir les nouveaux verrats et les nouvelles truies, il convient donc de les mettre en compétition avec les reproducteurs et reproductrices déjà en activité en vue d'une reproduction qui prévaudra 3 mois plus tard. On calcule alors les droits de reproduction de toutes les catégories en ligne (jeunes

mâles, jeunes femelles, femelles en activité, mâles IA ou MN en activité). En ce qui concerne les femelles, le terme «en activité» signifie «apte à la reproduction», ce qui veut dire qu'on considère aussi toutes les femelles des élevages de sélection précédemment utilisées en croisement (les élevages de sélection pratiquent partiellement le croisement, les produits n'étant pas réintroduits en sélection). Dans le cas spécial du test rétrospectif, les femelles considérées en activité dans une sous-période sont celles ayant effectivement mis bas dans cette sous-période, que ce soit en race pure ou en croisement. Le test rétrospectif s'est donc effectué sans remettre en cause le bien-fondé des réformes.

#### 3.1 / Classification des animaux dans l'ensemble de la population (optimisation 1)

Dans un premier temps, il est utile d'apprécier l'intérêt global réel de chaque mâle et de chaque femelle dans la population en les libérant des contraintes liées à leur situation actuelle (statut IA ou MN, troupeau...). En particulier, on ne tient pas compte du statut présent des verrats ni du nombre de truies envisagées pour la reproduction dans chaque élevage. Si au contraire on en avait tenu compte, on aurait par exemple systématiquement avantagé les verrats déjà disponibles en IA et systématiquement désavantagé les truies situées dans un élevage à très bon niveau génétique. A noter aussi que la distinction IA/MN disparaît au profit du «tout IA», pour rendre les meilleurs verrats accessibles à tous les élevages. Les seules contraintes sont donc les contraintes inévitables, c'est-à-dire le niveau génétique moyen des reproducteurs sélectionnés et le nombre total de truies en reproduction.

Le classement est établi au cours d'un processus d'optimisation mettant en œuvre des équations d'optimisation construites sur le même principe que

celui décrit en 1.3. Le processus vise à établir *in fine* la liste des meilleurs mâles (*élite mâle*) ainsi que leurs droits à la reproduction et la liste des meilleures femelles aptes à la reproduction en race pure (*élite femelle*). Le classement se construit en séquence : on sélectionne d'abord les tous meilleurs animaux et on élimine les plus mauvais puis on recommence en considérant les animaux restants, après mise à jour des équations d'optimisation pour tenir compte des décisions déjà prises. A la fin du processus, on peut ainsi classer tous les animaux suivant un ordre de mérite global décroissant : d'abord les individus sélectionnés par ordre décroissant de droits, puis les éliminés tardivement... et enfin les éliminés du tout début. Le classement général (CLG) est donc un sous-produit de l'établissement des deux listes élites (mâle et femelle). La métrique du classement dépend bien entendu de l'effectif total (le rang du dernier est égal à cet effectif). C'est la raison pour laquelle on le transforme sur une échelle standard de moyenne 0 et d'écart-type 1 : la nouvelle variable est alors la variable du mérite global ( $m$ ). L'idée est de postuler l'existence d'une variable continue de «mérite» ( $m$ ) suivant une distribution normale (par exemple la distribution normale standard : moyenne 0 et écart-type 1), qui n'est pas observée directement mais conditionne le classement. Pour un rang donné du classement, on considère alors l'espérance de la variable sous-jacente ( $m$ ). Soit par exemple à calculer le mérite d'un individu classé 10<sup>ème</sup> dans une liste de 1000 individus. On effectue alors un grand nombre de répliques d'un tirage de 1000 valeurs indépendantes dans la distribution normale. Le mérite de l'individu est alors la moyenne sur toutes les répliques, de la 10<sup>ème</sup> plus grande valeur. Les plus méritants ont alors une valeur très positive (de l'ordre de + 2 à + 3) et les moins méritants ont une valeur très négative (de l'ordre de - 3 à - 2).

La variable de mérite peut être prédite par un index linéaire qui combine l'index de synthèse actuel de l'individu et sa parenté moyenne avec les individus des listes élites. Cette prédiction peut logiquement être assimilée à un index de synthèse pénalisé (ISP), combinant l'index de synthèse actuel et une pénalité pour la parenté du reproducteur avec d'autres individus. Il est à signaler que la pondération relative à la parenté est une pondération d'opportunité, n'intégrant aucune considération économique : *c'est la pondération*

maximale qu'on peut se permettre sans compromettre le progrès génétique à court terme, en vue de protéger l'avenir de la population. A la fin du contrôle en ferme des jeunes candidats, l'éleveur pourrait alors utiliser cet index de prédiction, ou mieux le classement lui-même, pour prendre ses décisions. Elles influenceront la déclaration, 2 mois plus tard, de la liste des animaux disponibles pour la reproduction du mois suivant (donc dans 3 mois au total).

### 3.2 / Statut des nouveaux mâles sélectionnés : IA ou MN ? (optimisation 2)

Ce statut peut être déterminé par une nouvelle optimisation, toujours en fonction des besoins trois mois plus tard, mais en tenant compte cette fois des contraintes pratiques de la situation existante. D'abord, dans un troupeau donné, la sélection des femelles pour la reproduction s'effectue en fonction des besoins exacts et non des effectifs qui se trouvent dans la liste optimale des femelles au niveau de la population. L'éleveur considère alors la liste de ses truies triées d'après le classement CLG et sélectionne l'effectif nécessaire. En conséquence, certaines femelles de la liste élite ne seront pas retenues dans les très bons élevages alors qu'au contraire dans les moins bons élevages, certaines femelles ne figurant pas sur la liste élite devront être acceptées pour la reproduction. Par ailleurs, un certain nombre de mâles ont une contribution déjà connue à l'avance. C'est le cas des verrats présents sur la liste élite et uniques représentants de leurs troupeaux d'appartenance pour y être utilisés en MN. Alors, les droits à la reproduction de ces verrats sont égaux aux effectifs de truies affectées à la MN dans ces élevages (cas MN<sub>1</sub>). Si aucun verrot d'élevage ne figure sur la liste élite alors que l'élevage pratique la MN (cas MN<sub>0</sub>), on peut se ramener au cas précédent, en sélectionnant le meilleur verrot disponible dans le troupeau d'après CLG (on voit ici aussi l'utilité du CLG). Ces verrats MN solitaires peuvent être des verrats anciens ou nouveaux. Dans ce dernier cas, le statut MN est fixé définitivement.

Les résultats concernant la sélection définitive des femelles et l'existence de verrats MN disponibles solitaires sont pris en compte par la nouvelle optimisation, qui permet alors de prendre les décisions appropriées concernant les troupeaux MN<sub>2</sub>, où au moins deux verrats figurent sur la liste élite et sont

donc envisageables pour la monte naturelle. La priorité est alors donnée aux besoins globaux de l'IA, au niveau de la population, en lui affectant les verrats à la plus forte contribution calculée. On peut illustrer la démarche en prenant le cas d'un éleveur qui a dans troupeau 10 truies à saillir naturellement et 3 nouveaux verrats sélectionnés par le calcul, avec pour droits de reproduction respectifs 5, 6 et 30 truies. Les 10 truies peuvent être saillies par les deux premiers, ce qui libère le troisième pour l'IA.

### 3.3 / Résultats

L'index de synthèse pénalisé (ISP) combine l'index de synthèse actuel (IS) et la parenté P (exprimée en %). Cette parenté est elle-même la moyenne de deux parentés spécifiques P1 et P2. P1 est la parenté moyenne de l'individu avec les individus de la liste élite mâle (§ 2.1) et P2 est la parenté moyenne de l'individu avec les individus de la liste élite femelle. On constate en effet que le mérite est beaucoup mieux prédit si P est calculé en référence aux animaux élite plutôt qu'à l'ensemble des candidats. Ceci est vrai pour toutes les périodes concernées. Les critères P1 et P2 sont très corrélés entre eux ( $r = 0,89$  chez les femelles et  $0,63$  chez les mâles). Le tableau 4 montre les corrélations entre les 4 variables (mérite, IS, P, ISP) chez les mâles et chez les femelles.

**Tableau 4.** Coefficients de corrélation entre le mérite global (*m*), l'index de synthèse actuel (*IS*), la parenté (*P*), index de synthèse pénalisé (*ISP*).

	IS	P	ISP
<i>m</i>	0,38 0,31	-0,43 -0,46	0,71 0,76
IS		0,35 0,49	0,53 0,40
P			-0,61 -0,60

Première ligne : mâles  
Deuxième ligne : femelles

La corrélation entre l'ISP et le mérite global est substantielle mais loin d'être totale (de l'ordre de 0,7). La corrélation entre l'ISP et l'IS est très modérée (de l'ordre de 0,4 - 0,5) ce qui peut surprendre. Comme attendu, la corrélation entre ISP et P est substantiellement négative (de l'ordre de - 0,60). La corrélation modérée avec l'IS tient au coefficient de pondération de P dans l'ISP. Si on donne par convention le poids 1 à l'ISP (1 point supplémentaire

d'IS apporte un point d'ISP), le poids à donner à P est de - 27 chez les mâles (1 % supplémentaire pour P enlève 27 points dans l'ISP) et de - 24 chez les femelles. L'impact de ces coefficients est moins spectaculaire qu'il n'y paraît, car la gamme de variation de P est beaucoup plus faible que celle d'IS. Les écart-types de IS sont de 12,3 et 13,9 chez les mâles et femelles respectivement, alors que pour P, les valeurs correspondantes sont de 0,48 et 0,67. Finalement, une variation d'un écart-type pour P a pratiquement autant d'impact qu'une variation d'un écart-type pour IS, ce qui reste quand même substantiel (incidence relative de - 1,06 et - 1,15 pour les mâles et femelles respectivement).

La prolificité du porc est telle que les pressions de sélection possibles pour le renouvellement sont très fortes. Il y avait ainsi 5419 jeunes candidats et 8616 jeunes candidates, c'est-à-dire jeunes animaux indexés avec performances, pour l'accession à la reproduction pendant la période de test. Les niveaux génétiques observés chez les animaux réellement sélectionnés par les éleveurs parmi ces jeunes animaux sont bien inférieurs à ceux qu'on aurait pu obtenir après sélection exclusive sur IS. On retrouve l'évidence que la sélection s'exerce aussi sur des critères autres que l'IS. Le calcul relatif à l'ISP suppose que ces autres critères disparaissent au profit d'un seul, la parenté P, en vue de protéger au maximum l'avenir de la population et ceci permet de comprendre la pondération empirique élevée des parentés dans l'ISP. On pourrait donc, à condition de simplifier la liste des critères pris en considération, donner beaucoup d'importance à l'épargne génétique sans compromettre les progrès génétiques actuels.

## 4 / Optimisation combinée du renouvellement et du service

Il s'agit ici d'une optimisation du service où la liste des femelles à saillir et la liste des mâles disponibles ont été déterminées à la suite de l'optimisation du renouvellement. Ceci est très facile dans le cadre d'un test rétrospectif car il suffit alors de déclarer disponibles pour le service les meilleurs animaux sélectionnés à la première phase, très exactement après la deuxième optimisation de cette phase. Il y a toutefois une exception imposée par la durée des examens sanitaires sur les nouveaux verrats des-

**Tableau 5.** Résultats de l'optimisation combinée du renouvellement et du service.

	Réel	Optimisé	Réduction (%)
<b>Parentés (%)</b>			
Mâle-mâle	8,54	5,34	37
Mâle-femelle	6,84	4,65	32
Femelle-femelle	6,33	5,46	14
Moyenne	7,14	5,03	30
<b>Consanguinité (%)</b>	6,59	4,40	32

tinés aux CIA. De ce fait, les jeunes mâles sélectionnés à ce moment pour les CIA doivent être utilisés deux mois plus tard que prévu. Leur place est alors prise par les jeunes mâles sélectionnés pour les CIA deux mois plus tôt qu'eux.

Le tableau 5 donne les résultats de la double optimisation. Celle-ci aurait conduit à une réduction de la parenté moyenne de 30 % parmi les reproducteurs sélectionnés. Les coefficients de consanguinité attendus auraient été inférieurs de 32 % à ceux correspondant aux accouplements effectivement réalisés. La comparaison entre le tableau 5 et le tableau 3 permet d'évaluer, par différence, l'effet de l'optimisation du renouvellement. Les réductions de parenté dues à cette phase sont de l'ordre de 10-15 % : 11, 15, 14 % pour les parentés mâle-mâle, mâle-femelle, femelle-femelle respectivement. En termes quantitatifs, l'optimisation du renouvellement a donc une utilité certaine, même si elle n'est pas aussi forte que l'optimisation du service.

La procédure d'optimisation change considérablement la population des truies à saillir. Dans la réalité, 813 jeunes truies et 1707 truies déjà actives ont été utilisées. Après l'optimisation, le nombre de jeunes truies devient prédominant (1493 par rapport à 1027). Ces 1493 jeunes truies se décomposent en 1083 jeunes truies jamais utilisées, 384 utilisées en race pure et 26 utilisées en croisement. Les 1027 truies actives se décomposent en 710 truies utilisées en race pure et 317 utilisées en croisement. En conséquence, moins de la moitié (1094, c'est-à-dire 43 %) des femelles réellement utilisées font partie de la liste optimisée. Les femelles optimisées correspondent à des origines familiales vraiment différentes. Dans la population réelle, les 2520 truies proviennent de 1865 familles (de même père et même mère) et dans la population optimisée, de 1465 familles. Seules 882 familles sont communes aux deux populations. Le fait majeur ressortant de l'optimisation est la prépondérance des jeunes truies : compte

tenu de tous les éléments précédents, on peut penser qu'il y avait beaucoup plus de diversité familiale dans la population des jeunes candidates que dans celle des candidates déjà actives, sans doute trop sélectionnées en faveur de certaines familles. Si cette explication est exacte, on devrait constater que lors d'une gestion optimisée en continu (ce qui est proposé ici pour l'avenir), la proportion finale de jeunes truies s'établirait à un niveau inférieur, peut-être du même ordre que le niveau actuel : en effet, les truies actives seraient mieux sélectionnées au niveau de la variabilité génétique et résisteraient mieux à la compétition avec les très nombreuses jeunes candidates.

Au total, 89 verrats sont recommandés pour la reproduction des 2520 truies, dont 79 déjà recommandés lors de l'optimisation du service et 69 effectivement utilisés. 58 des 89 verrats recommandés (65 %) sont des jeunes verrats alors que cette proportion n'est que de 30 % pour les verrats réellement utilisés. On retrouve donc chez les verrats le même phénomène de rajeunissement que chez les truies, pour lequel la même explication peut être avancée.

## 5 / Discussion

En toute rigueur, certains animaux désignés par l'optimisation n'auraient pu être utilisés, par exemple pour des défauts importants dans le domaine de la reproduction. Il est évidemment impossible de quantifier l'importance du biais «optimiste» ainsi créé. Cependant, l'ampleur calculée des gains liés à l'optimisation est tellement grande qu'elle incite à une mise en œuvre effective, sur toutes les populations porcines sélectionnées. L'évolution la plus simple et la moins exigeante en matière d'organisation, consiste à diffuser, en complément des informations habituellement transmises aux utilisateurs, un nouvel index synthétique qui combine l'index synthétique actuel et un critère de parenté. Il est alors calculé à partir des informa-

tions les plus récentes (index de synthèse, mises bas, disponibilité des mâles). Cet index serait très utile pour se former une idée de la vraie hiérarchie des reproducteurs dans la population. Cependant, il ne permettrait pas de déterminer les taux d'utilisation optimaux des mâles. Et ne pas donner d'indications sur ces verrats équivaldrait à laisser les sélectionneurs dans le flou et à reproduire en quelque sorte une situation assez similaire à la situation actuelle, dont a vu qu'elle est loin d'être efficace en matière de protection de la variabilité génétique.

Il serait donc tout à fait logique d'une part de calculer un index de synthèse pénalisé au moment de l'indexation périodique et d'autre part, de conduire une optimisation détaillée du service et du renouvellement, avec communication intégrale des résultats aux éleveurs, aux Organismes de Sélection Porcine (OSP) et aux Centres d'Insémination Artificielle. *Les recommandations détaillées pour l'utilisation des verrats sont à considérer comme des références, des ordres de grandeur.* Pour la simplicité, les utilisateurs pourraient les simplifier en un petit nombre de classes d'utilisation. A chaque fois qu'ils s'écarteraient beaucoup des recommandations, ils auraient alors à se demander s'il existe des raisons vraiment objectives de le faire.

L'optimisation du service n'aurait toutefois de sens que si l'éleveur était en mesure de donner à l'avance (un mois, en cas d'évaluation mensuelle) la liste des femelles à saillir et des mâles MN dont il dispose : elle serait alors précise car basée sur des prédictions à très court terme. Les Centres d'Insémination Artificielle pourraient déclarer mensuellement leurs disponibilités en mâles. L'optimisation du renouvellement, qui en théorie nécessite de déclarer les saillies trois mois à l'avance, ce qui est un laps de temps assez conséquent, pourrait s'effectuer sans solliciter l'éleveur, en se basant sur une estimation approximative de la future situation.

## Conclusion

Les résultats obtenus lors des optimisations rétrospectives effectuées sur la population Landrace Français collectif montrent que le progrès génétique observé aurait pu être obtenu avec beaucoup moins de parenté et de consanguinité (réduction de l'ordre de 20-30 %). Une mise en œuvre intégrale de telles

procédures à partir de 2002 aurait permis d'abord de diminuer parenté et consanguinité et ensuite de ralentir la remontée de ces paramètres (remontée malheureusement inéluctable). Au total, pour fixer les idées, ces paramètres auraient alors été vers 2011 du même ordre qu'en 2002-2003 : baisse immédiate de 2 % de consanguinité suivie d'une remontée annuelle de 0,24 % par an (au lieu du 0,35 % actuel). Le test effectué se révèle donc encourageant. Il n'y a pas de raison de penser que les procédures testées ne sont efficaces que dans les populations collectives.

Pour le futur, on peut espérer que les décisions des acteurs de la sélection s'effectuent en tenant compte plus efficacement de la nécessité d'une préservation de l'avenir de la population. La mise en œuvre des procédures d'optimisation suppose toutefois une organisation relativement rigoureuse qui permet de connaître à temps la liste des candidats et candidates à la reproduction. Par ailleurs, de nombreux critères autres que l'index synthétique sont actuellement pris en considération. Les recommandations établies à partir des méthodes décrites précédemment devraient faire désormais partie de la

liste de ces critères. Elles sont très complémentaires des efforts engagés actuellement par l'Institut Technique du Porc (Delaunay et Merour 2006) pour mieux prendre en compte la variabilité génétique dans la gestion des populations collectives porcines sélectionnées. On peut noter aussi que dans un pays comme la Suisse, la variabilité génétique commence à être gérée conjointement avec le progrès génétique dans les populations porcines, sur la base de recommandations optimisées (Luther et Hofer 2005).

## Références

- Colleau J.J., Moureaux S., Briend M., Béchu J., 2003. Gestion dynamique de la variabilité génétique lors de la sélection des bovins laitiers. *Renc. Rech. Rum.*, 10, 181-184.
- Colleau J.J., Moureaux S., Briend M., Béchu J., 2004. A method for the dynamic management of genetic variability in dairy cattle. *Genet. Sel. Evol.*, 36, 373-394.
- Colleau J.J., Moureaux S., 2006. Gestion optimisée de la parenté et de la consanguinité dans les programmes de sélection des bovins laitiers. *INRA Prod. Anim.*, 19 (1), 3-14.
- Delaunay I., Merour I., 2006. Gestion de la variabilité des populations porcines collectives sélectionnées. *Journ. Rech. Porcine Fr.*, 38, 137-142.
- Luther H., Hofer A., 2005. Implementation of a selection and mating strategy to optimize genetic gain and rate of inbreeding in the Swiss pig breeding program. 55th EAAP Annual Meeting, June 5-8, Uppsala, Sweden., 224.
- Maignel L., Tribout T., Boichard D., Bidanel J.P., Guéblez R., 1998. Analyse de la variabilité génétique des races porcines Large White, Landrace français et Piétrain, sur la base de l'information généalogique. *Journ. Rech. Porcine Fr.*, 30, 109-116.
- Maignel L., Labroue F., 2001. Analyse de la variabilité des races porcines collectives et des races locales en conservation à partir de l'information généalogique. *Journ. Rech. Porcine Fr.*, 33, 111-117.
- Robert C., Casella G., 1999. Monte-Carlo statistical methods. Springer-Verlag (Ed), New-York, Inc., 199-200.
- Sonesson A.K., Meuwissen T.H.E., 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.*, 32, 23, 231-249.

## Résumé

Il est possible de modérer l'accroissement des coefficients de parenté et de consanguinité dans les populations sélectionnées en calculant les taux optimaux d'utilisation des reproducteurs, compte tenu de la diversité génétique existante, et en optimisant ensuite les accouplements. Les potentialités d'une telle approche ont été testées rétrospectivement sur la population Landrace Français en sélection en comparaison aux saillies réellement effectuées au cours d'une période test de 21 semaines. La contrainte majeure a été la conservation du niveau génétique moyen pour l'objectif global de sélection de la population, pour ne pas pénaliser le progrès génétique à court terme. En optimisant l'utilisation des verrats disponibles durant cette période, il aurait été possible de diminuer les coefficients de parenté et de consanguinité d'environ 20 %. Cette diminution aurait pu être portée à environ 30 % si en plus on avait optimisé le renouvellement et les réformes en considérant la variabilité génétique, toujours avec la même contrainte de niveau génétique inchangé par rapport au réel. A partir des résultats de cette dernière optimisation, il est possible de définir pour chaque individu un index synthétique pénalisé qui combine l'index synthétique actuel et une pénalité proportionnelle à sa parenté moyenne avec le reste de la population. Le coefficient de pondération de la parenté a été trouvé très élevé en dépit de la clause de conservation des niveaux génétiques pour l'index synthétique actuel. Ces résultats montrent l'intérêt qu'il y aurait à fournir à l'avenir, au moment de chaque évaluation génétique, les résultats de ces optimisations effectuées en continu, de manière à promouvoir la préservation de la variabilité génétique par les acteurs de la sélection.

## Abstract

*Optimised management of genetic variability in selected pig populations: the example of the French Landrace collective population.*

Tempering the increase of coancestry and inbreeding coefficients in selected populations is made possible through calculation of the optimal contributions allowed for breeding animals, given the current situation with regards to genetic diversity, and furthermore, through optimal distribution of matings. The potential of such an approach was tested by retrospective optimisation on the French Landrace population in reference to the matings actually carried out during a 21-week test period. The major constraint was that the average overall EBV (Estimated Breeding Value) should be the same as the observed one, in order to not damage short-term genetic gain. Optimising breeding allocations to boars would have led one to decrease coancestry and inbreeding coefficients by about 20 %. This decrease would have even climbed to about 30 %, if replacements and disposals had been optimised after accounting for genetic variability while keeping the same constraint of genetic level identical to the observed one. This last optimisation gave the appropriate information for

defining a penalized overall EBV for each individual, combining the current EBV and a penalty proportional to this coancestry with the rest of the population. Weight of coancestry was found to be very high, despite the strong requirement of maintaining the same genetic level for the current overall EBV. These results show the potential value, in the future, of completing each periodical calculation of EBV by optimisations considering genetic variability and of releasing the corresponding information to breeders, in order to enhance maintenance of genetic variability.

COLLEAU J.-J., TRIBOUT T., 2006. Gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées. *INRA Prod. Anim.*, 19, 339-346.