



HAL
open science

Amélioration génétique des porcs

Jacques Bougler, Jean Pierre Bidanel, Emmanuelle Bourgeat, Bernard Coudurier, Alain Ducos, Ronan Guéblez, Pascale Le Roy, Laurence L. Maignel, Thierry Tribout, Etienne Verrier

► **To cite this version:**

Jacques Bougler, Jean Pierre Bidanel, Emmanuelle Bourgeat, Bernard Coudurier, Alain Ducos, et al.. Amélioration génétique des porcs. École d'ingénieur. Rennes, France. 2000. hal-03364887

HAL Id: hal-03364887

<https://hal.inrae.fr/hal-03364887>

Submitted on 5 Oct 2021

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.

Institut National Agronomique Paris-Grignon

Cours supérieur
d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques

Cycle 2000/2001
7^{ème} session

**AMELIORATION GENETIQUE
DES PORCS**

Rennes, 14-18 mai 2000

Supports de cours

J. Bougler¹, J.P. Bidanel², E. Bourgeat¹, B. Coudurier³, A. Ducos⁴, R.
Guéblez⁵, P. Le Roy², L. Maignel⁵, T. Tribout², E. Verrier¹

¹Institut National Agronomique Paris-Grignon, 16. rue Claude Bernard, 75231 Paris cedex 05

²INRA - Station de Génétique quantitative et appliquée, 78352 Jouy-en-Josas cedex

³Agence de la sélection porcine, 149 rue de Bercy 75595 Paris cedex

⁴Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, 23 chemin des capelles, 31076 Toulouse cedex

⁵Institut Technique du Porc BP3 35650 Le Rheu

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000/2001

7^{ème} session : "Amélioration génétique des Porcs"

Rennes, 14-18 mai 2001

Lundi 14 mai

- 13h30-15h15 • **La filière porcine** : géographie et économie de la production, évolution des modèles de production, les divers maillons de la filière et leurs liaisons, la demande et son évolution (qualité, grille de classement), les objectifs de production.
E. BOURGEAT
- 15h45-17h45 • **Les populations porcines dans le Monde, en Europe et en France** : des races aux populations animales sélectionnées (P.A.S.). Panorama de la situation actuelle, y.i. les races locales.
J.P. BIDANEL
- 17h45-19h15 • **Cytogénétique (anomalies chromosomiques, hybridation,...) et anomalies héréditaires**
A. DUCOS

Mardi 15 mai

- **Définition et déterminisme génétique des caractères d'intérêt économique : les objectifs de sélection**
- 08h00-09h30 La reproduction *T. TRIBOUT*
- 10h00-12h00 La croissance (y inclus l'efficacité alimentaire) et la carcasse *T. TRIBOUT, L. MAIGNEL*
- 13h30-15h30 La qualité des produits *P. LE ROY*
- 16h00-17h00 Les autres caractères (adaptation, aplombs,...) *J.P. BIDANEL*
- Pour chaque caractère, on retiendra le plan suivant :
- définition
 - importance économique
 - variabilité, déterminisme et paramètres génétiques
 - méthodes de mesure
- 17h00-18h00 La pondération des différentes aptitudes dans les indices de sélection *J.P. BIDANEL*

Mercredi 16 mai

- **Les outils de sélection**
- 08h00-10h45 Le cadre général de la sélection porcine en France :
sélection collective, sélection privée *R. GUEBLEZ*
- La sélection collective
- . l'état civil
 - . l'insémination artificielle
 - . les caractères de reproduction
 - . les caractères de production
 - . les autres contrôles : caryotypage, typages moléculaires, potentiel glycolytique,...
 - . la banque ADN

- 11h15-12h30 La sélection au sein d'une entreprise privée : les spécificités par rapport à la situation ci-dessus *T. BURLOT*
- 14h00-16h15 • **L'évaluation des reproducteurs**
 Les chaînes de traitement des informations zootechniques
 L'évaluation des caractères
 La valorisation des résultats : les bilans génétiques *T. TRIBOUT, L. MAIGNEL*
- 16h45-17h45 • **Les outils de contrôle a posteriori** *B. COUDURIER*
- 17h45-19h00 • **L'intégration des outils dans un programme d'amélioration génétique**
 race pure et croisement
 sélection au niveau d'un noyau : gestion d'un élevage de sélection *J.P. BIDANEL*

Jeudi 17 mai

- 08h00-09h00 • **L'intégration des outils dans un programme d'amélioration génétique (suite)**
 spécialisation et complémentarité des lignées : gestion d'un programme de croisement. *J.P. BIDANEL*
- 09h00-10h30 • **Visite de la station du Rheu** *M. BOUFFAUD*
- **L'organisation de la sélection**
- 11h00-13h00 - en France : évolution des types génétiques, des opérateurs et structures de sélection, de la réglementation,... *B. COUDURIER*
- 14h15-15h45 - aperçu sur la situation à l'étranger : objectifs de sélection, types génétiques utilisés, organisation de la sélection,... *B. COUDURIER*
- 16h00-18h00 - un exemple d'entreprise de sélection porcine travaillant à l'échelle internationale *Ch. GASNIER*

Vendredi 18 mai

- 08h30-10h30 • **Les apports des biotechnologies**
 - utilisation des gènes majeurs
 - recherche des marqueurs d'un gène connu
 - carte génique : état d'avancement, utilisation
 - la "vélogénétique" *P. LE ROY*
- 11h00-12h30 • **La gestion de la diversité génétique** *L. MAIGNEL*
- 12h30-13h00 • **Conclusions**

Production porcine et viande de porc : le contexte

Emmanuelle Bourgeat
INA PG
Mai 2001

Plan

Le contexte international

- La libéralisation des échanges (GATT)
- La volonté d'exporter de certains pays
- Une concurrence sur le prix
- Des réglementations variées selon les pays

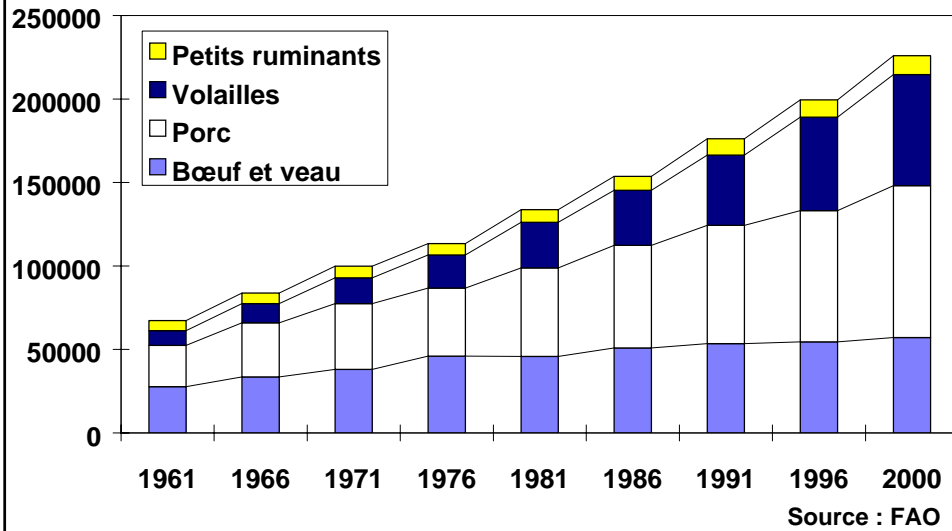
Le contexte européen

- Un taux d'auto-provisionnement de 105 à 108%
- Un marché unique riche de plusieurs bassins de production très performants
- Des échanges intérieurs très importants

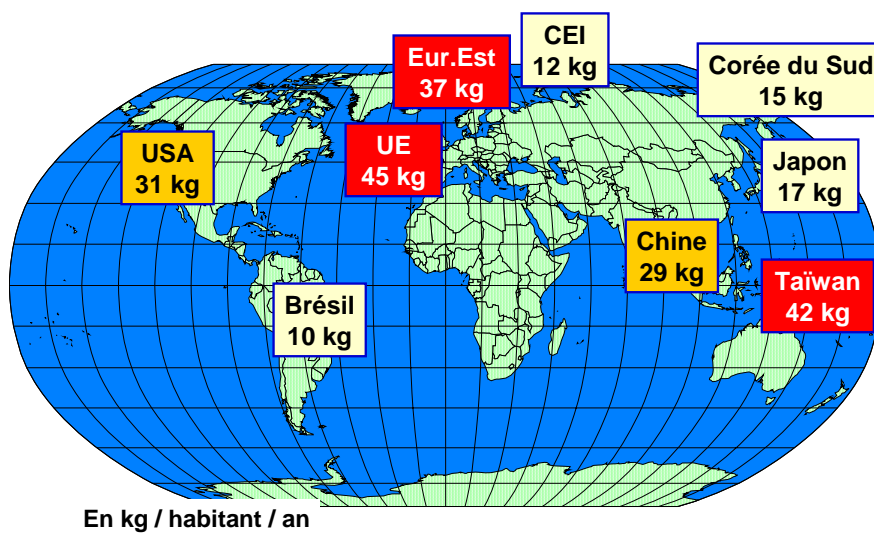
Le contexte français

- Viande porcine = première viande consommée
- La France a couvert son déficit grâce au développement de la production d'une seule région.
- Une production critiquée (environnement, bien-être, sécurité alimentaire)

Evolution de la production mondiale de viandes (1000 t)

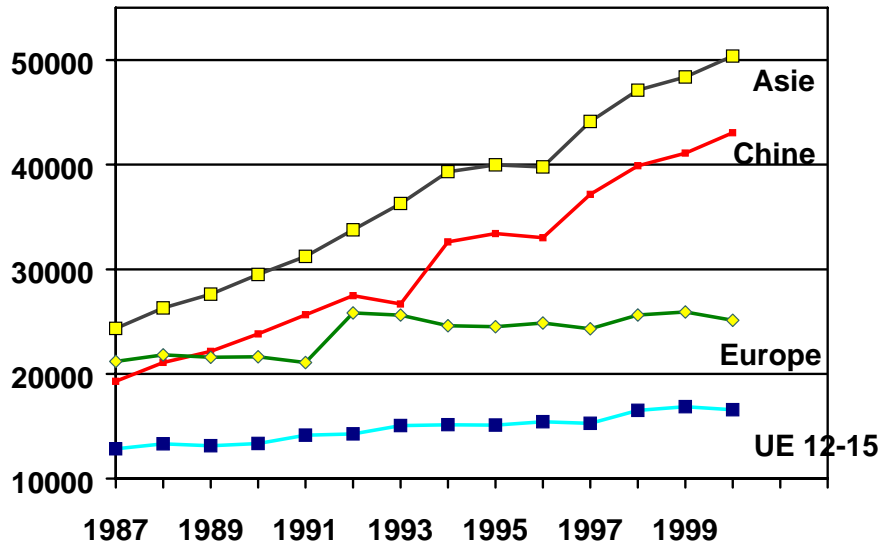


La consommation de viande de porc dans le monde (1999)



Source : d'après l'OFIVAL d'après GIRA

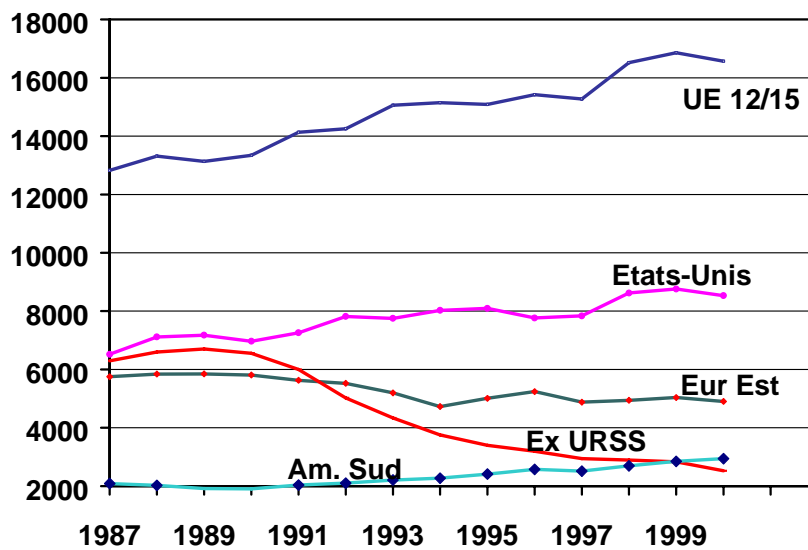
Evolution de la production dans les principaux pays (PIB en 1000 tonnes)



pibmonde.xls

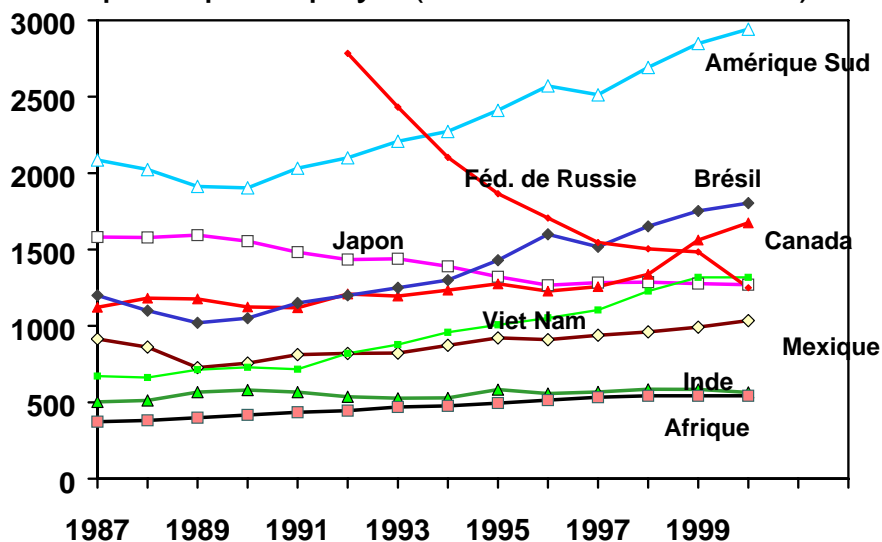
Source : FAO, USDA, EUROSTAT

Evolution de la production dans les principaux pays (PIB en 1000 tonnes)



Source : FAO, USDA, EUROSTAT

Evolution de la production dans les principaux pays (PIB en 1000 tonnes)



Source : FAO, USDA, Eurostat

Les échanges internationaux en 2000 (en 1000 tec)

Les pays importateurs

Japon	889
Etats-Unis	770
Russie	556
Extr. Orient	438
Am. Centrale	200
Eur. Est	152

Les pays exportateurs

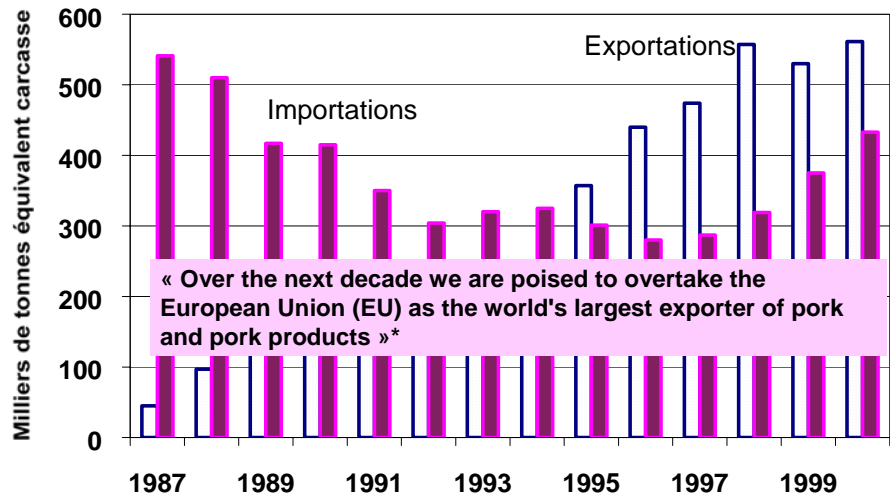
UE	1 425
Canada	961
Etats-Unis	621
Eur Est	300
Extr. Orient	140
Chine	110

(estimations)

Source : OFIVAL



Etats-Unis : évolution des exportations et des importations de viande de porcs



Source : USDA

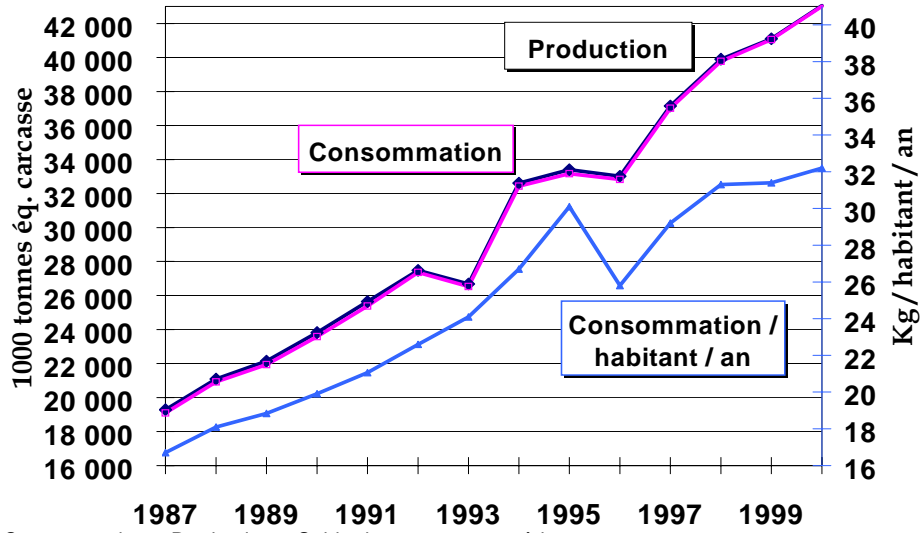
* Extrait de « Perspective of the U.S. Pork Industry presented by NPPC CEO Al Tank before the IMS World Meat Congress in Dublin, Ireland - May 1999 »

L'expansionnisme américain

« Simply stated, the U.S. Pork seal is intended to symbolize "the World's Best Pork". Our commitment is to produce the highest quality, safest pork - in an environmentally sustainable way - for the world's consumers. »*

* Extrait de « Perspective of the U.S. Pork Industry presented by NPPC CEO Al Tank before the IMS World Meat Congress in Dublin, Ireland - May 1999 »

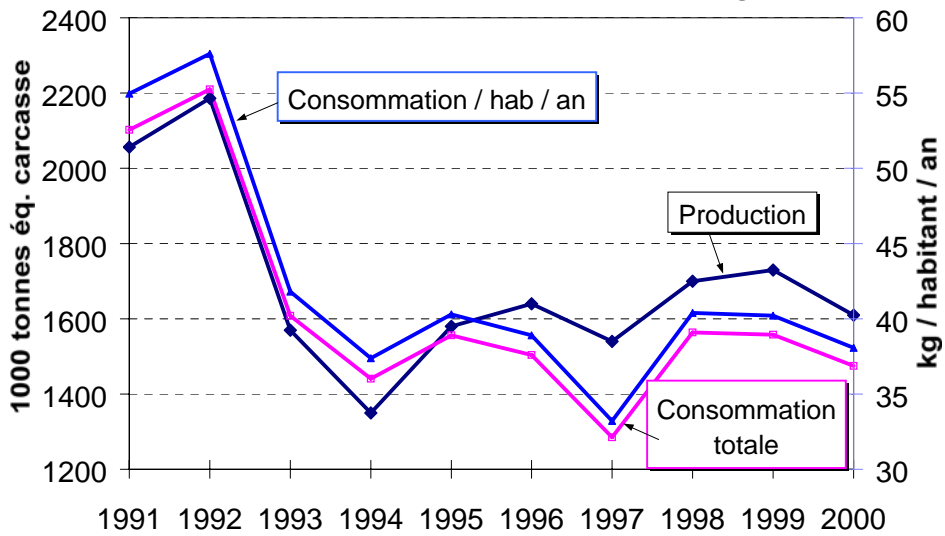
Evolution de la production et de la consommation de porc en Chine



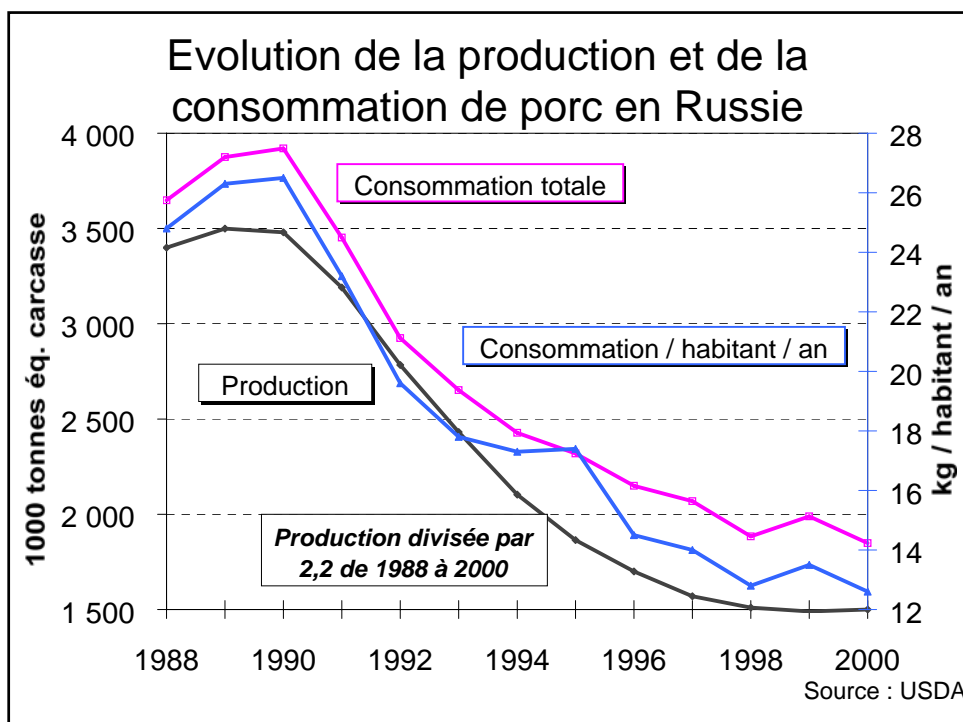
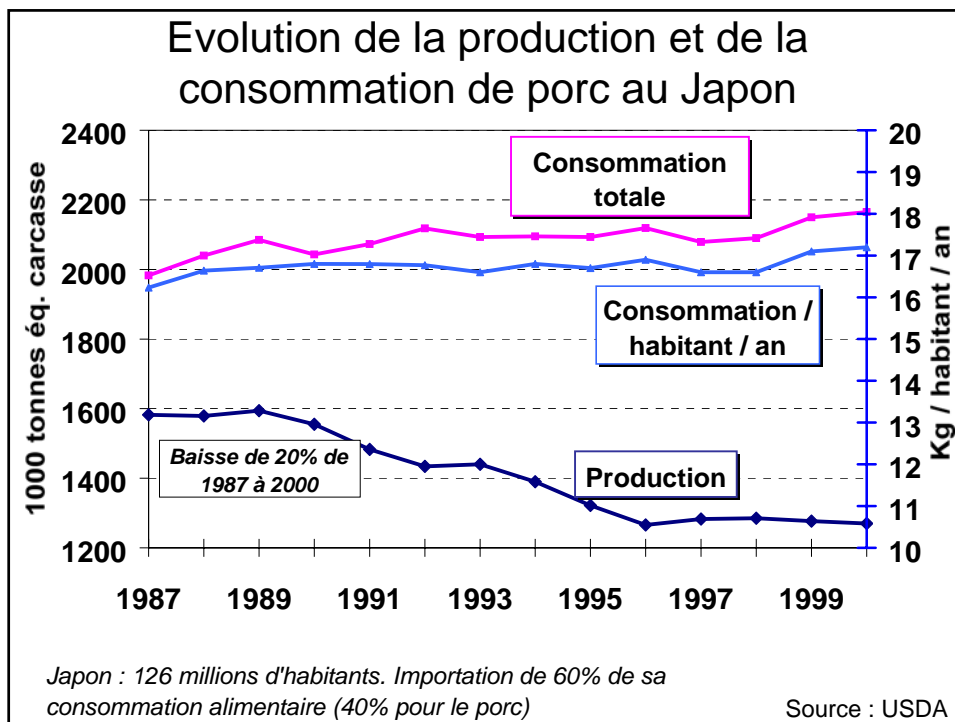
Consommation = Production + Solde du commerce extérieur
 1996 : estimation - 1997 : prévision

Source : USDA et FAO

Evolution de la production et de la consommation de porc en Pologne



Source : OFIVAL d'après GIRA - FAO

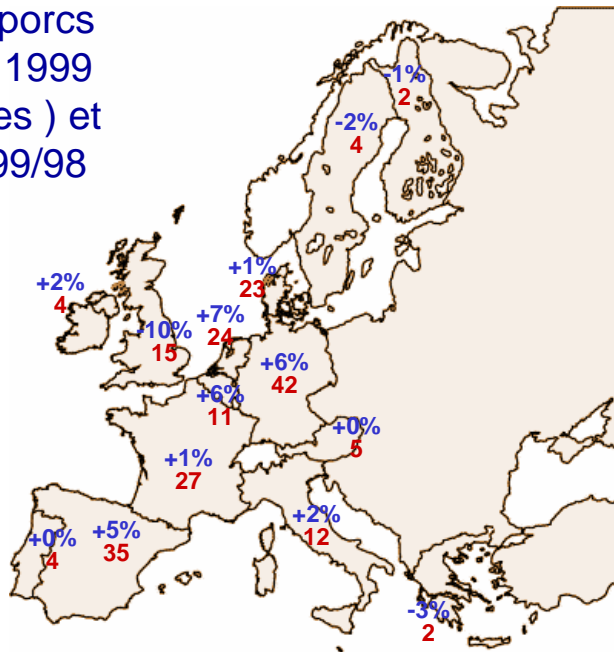


Production de porcs charcutiers en 1999 (millions de têtes) et comparaison 99/98

%99 / 98
Production 99

UE 15 :
99/98 : +1,96%

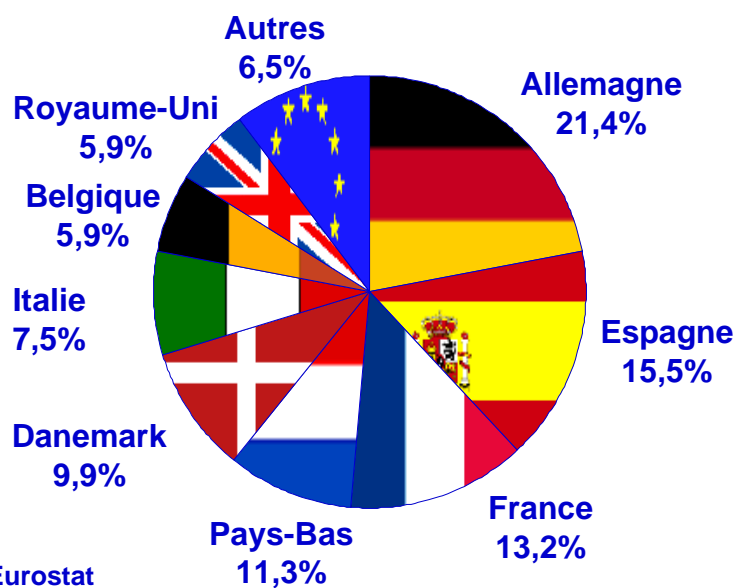
1999 : 209,8
1998 : 205,8



Source : Eurostat

Les principaux producteurs de porcs de l'UE

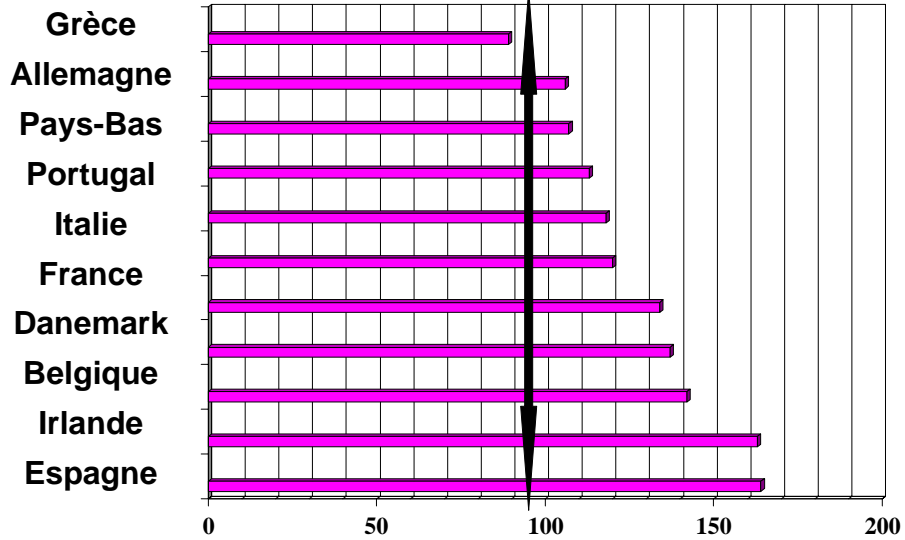
(1999, sur un total de # 18 millions de tec)



Source : Eurostat

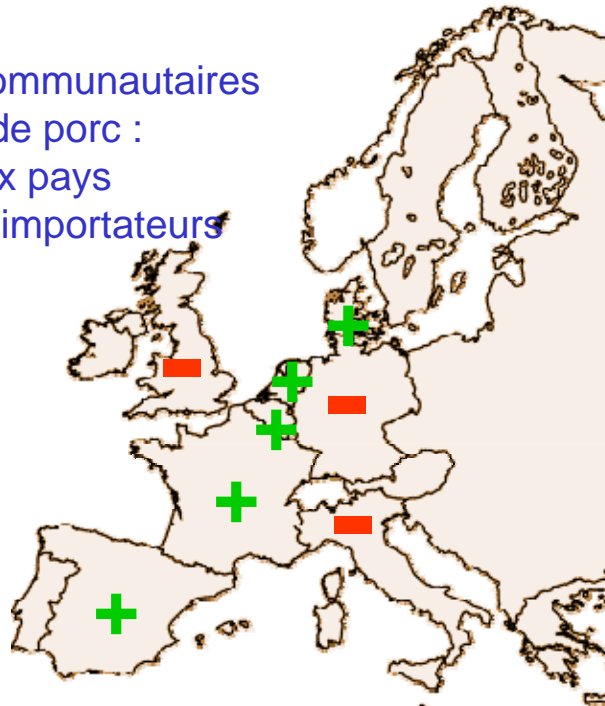
UE : Evolution de la production porcine

de 1987 à 1997 (base 100 en 1987)



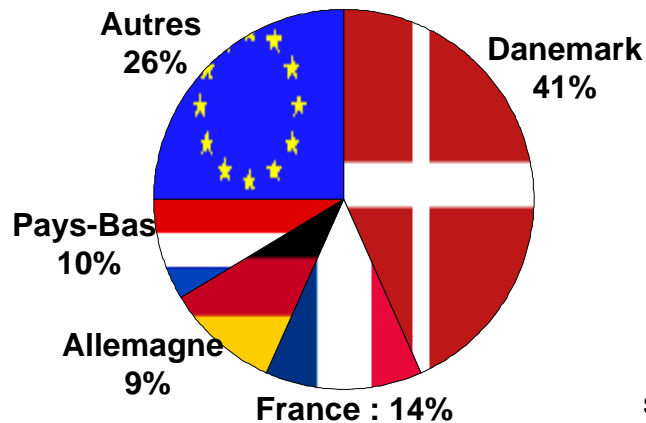
Source : Eurostat

Echanges intra-communautaires
de viande de porc :
principaux pays
exportateurs et importateurs



Quels pays de l'UE exportent vers les pays tiers ?

- En 2000, l'UE exporte 1,4 millions de tonnes (8% de sa production)



Source : Eurostat

Mécanismes communautaires de protection du marché



L'UE face aux pays tiers

Prélèvements à l'importation (contingent GATT non soumis à droits de douane)

Restitutions aux exportations (contingents limités par le GATT)

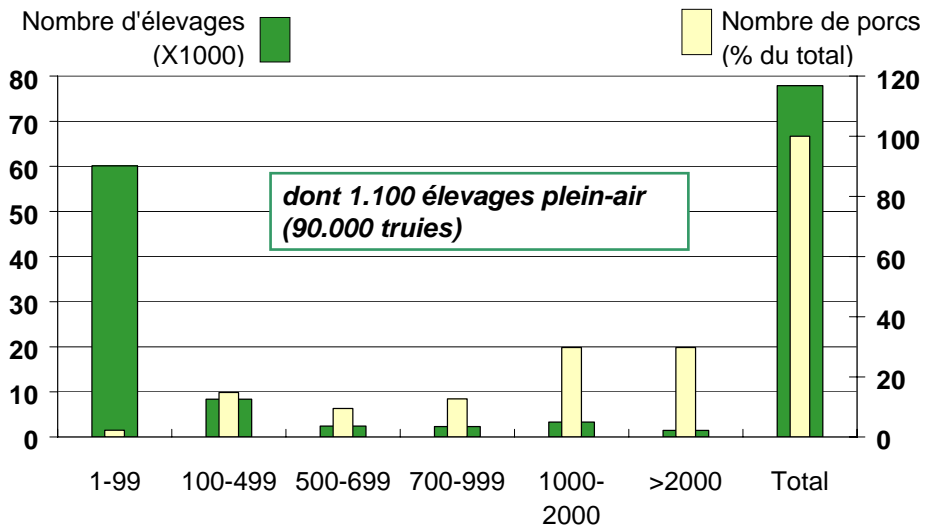


Au sein de l'UE

Aucun système de garantie de prix ou de maîtrise de la production.

En cas de crise, aide au stockage privé et opérations de dégagement (porc = moins de 1% des dépenses de soutien agricole de l'UE).

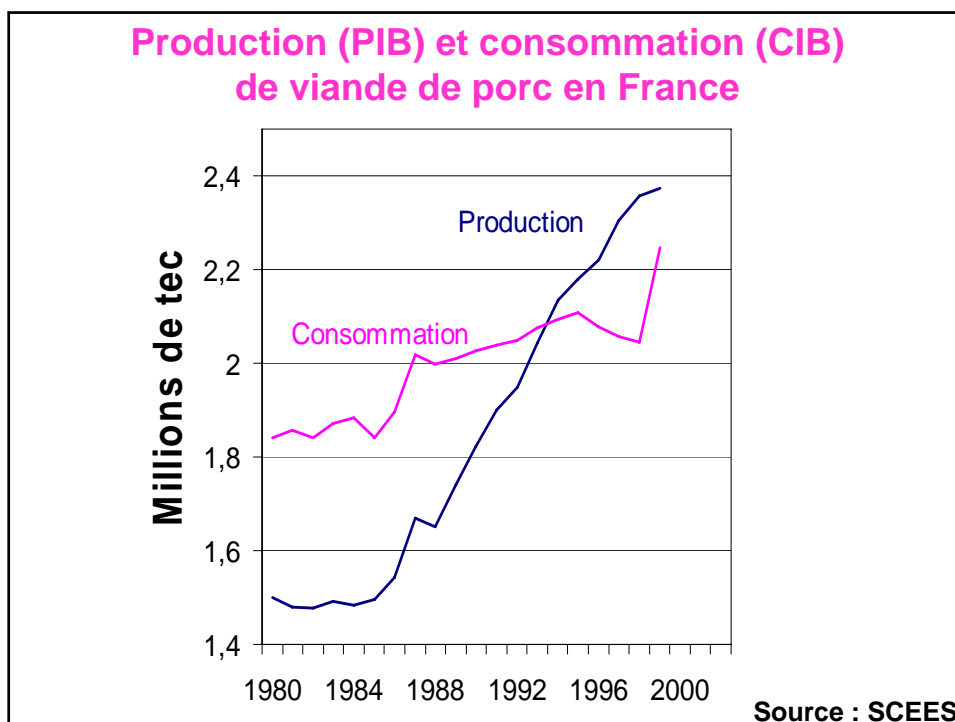
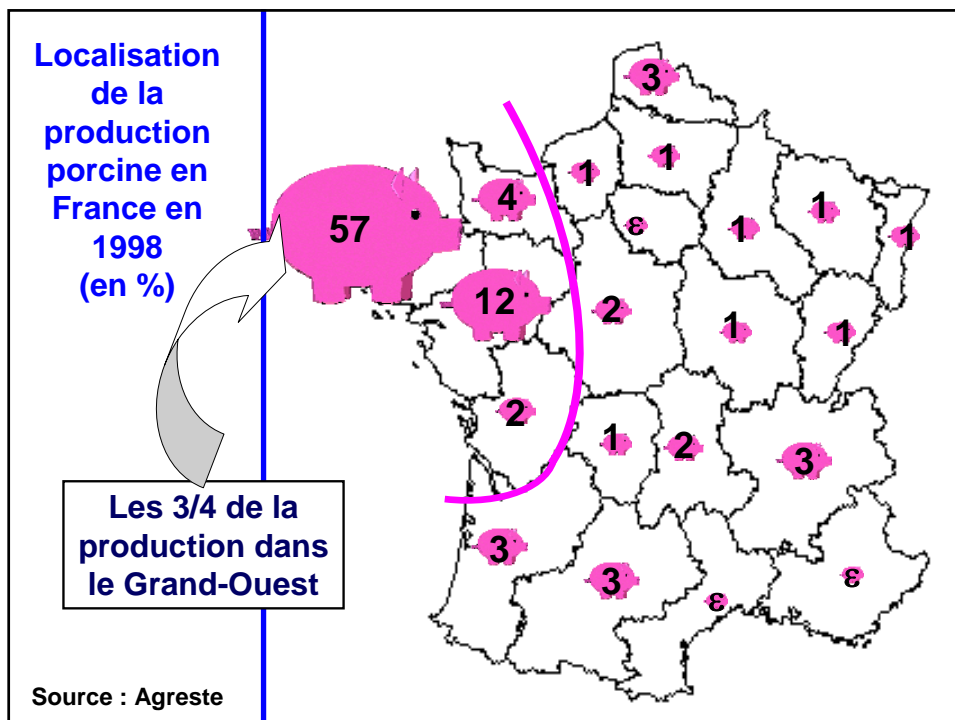
Nombre d'élevages et répartition du cheptel par classe de taille en 1997

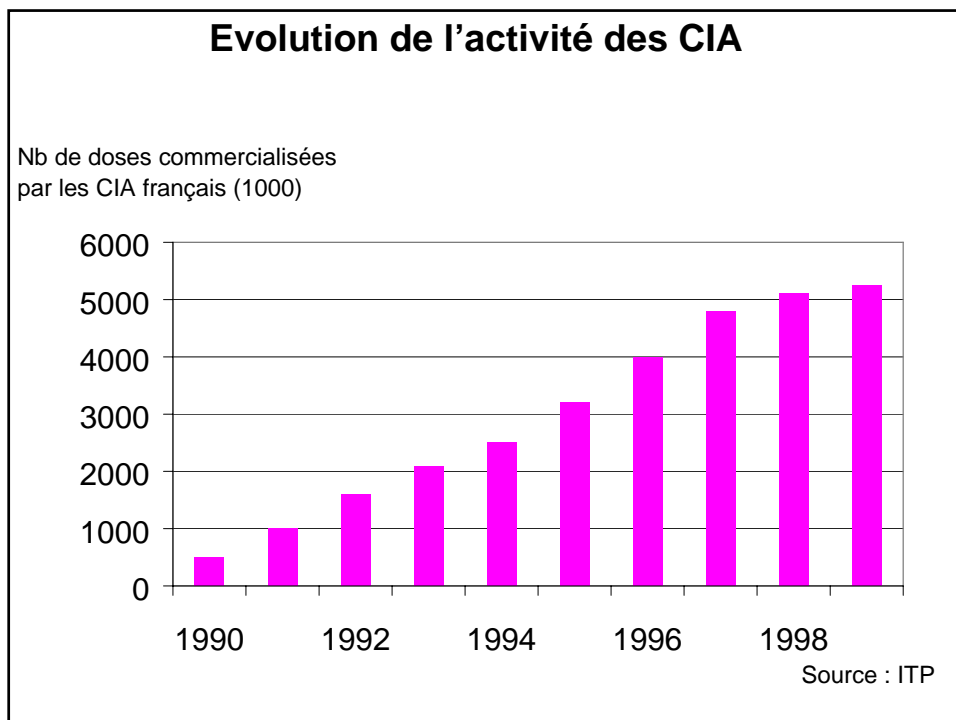
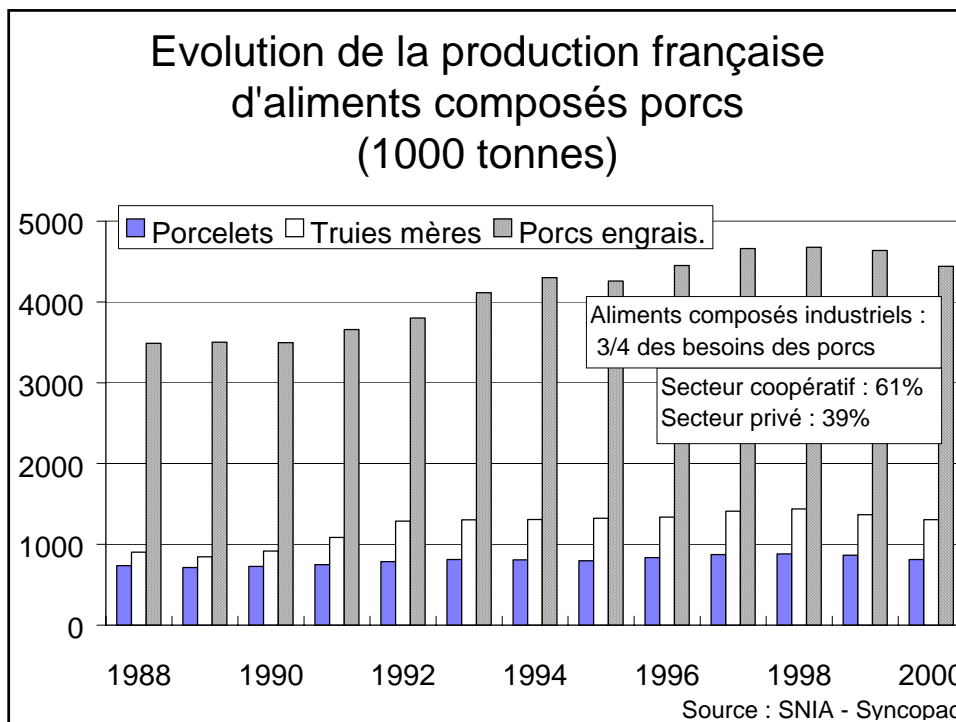


Le cheptel français en novembre 1999 et sa répartition en fonction de l'orientation de l'élevage (en milliers d'animaux)

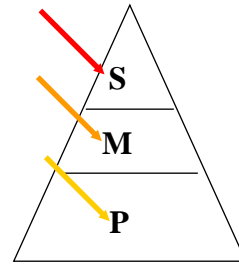
Porcelets (<20 kg)	5 672	70% en NE 28% en E
Jeunes porcs (20-50 kg)	2 843	
Porcs à l'engrais	5 972	
Truies reproductrices	1 467	83% en NE 14% en N
non saillies	436	
jeunes	146	
allaitantes/repos	290	
saillies	1 031	
pour la 1ère fois	186	
autres	846	
Verrats	39	
Total	15 993	

Source : SCEES - Agreste





Organisation de la sélection

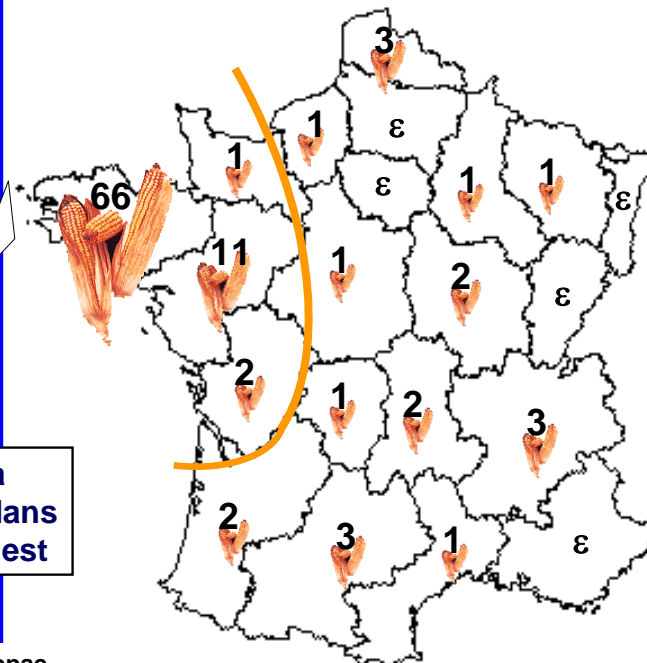


- Organismes de sélection porcine (OSP)
- Sélection collective (4 populations en France : LW femelle, LW mâle, LF, Piétrain)
 - 66% des truies de sélection
 - Le plus souvent le fait de structures émanant des groupements de producteurs
- Sélection autonome (variétés de race ou lignées composites)

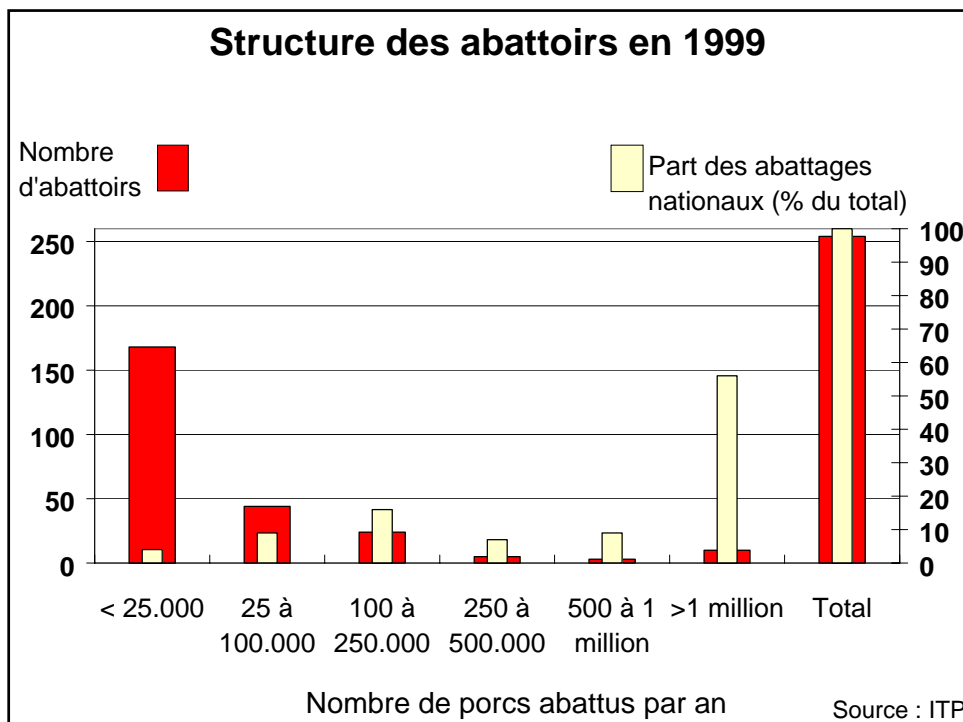
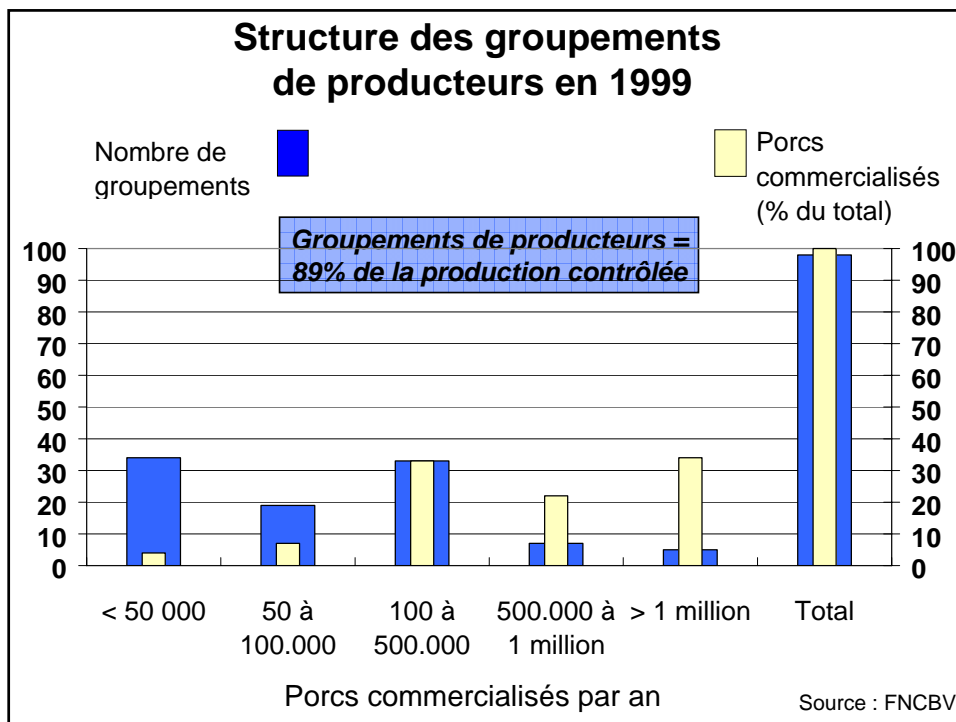
Localisation de la production d'aliments composés porcs en 1999

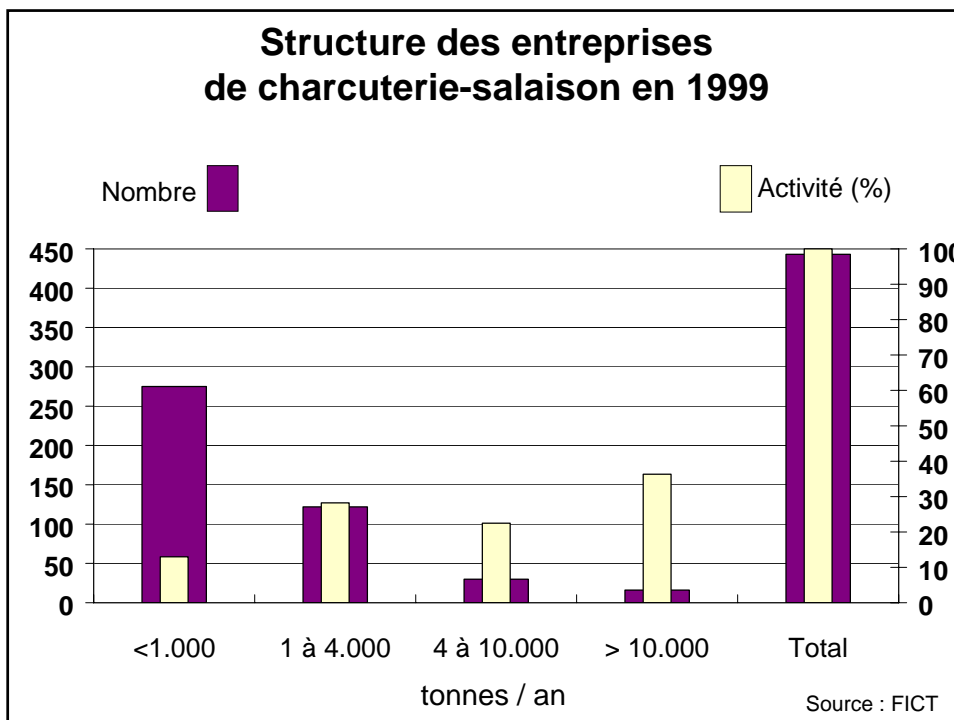
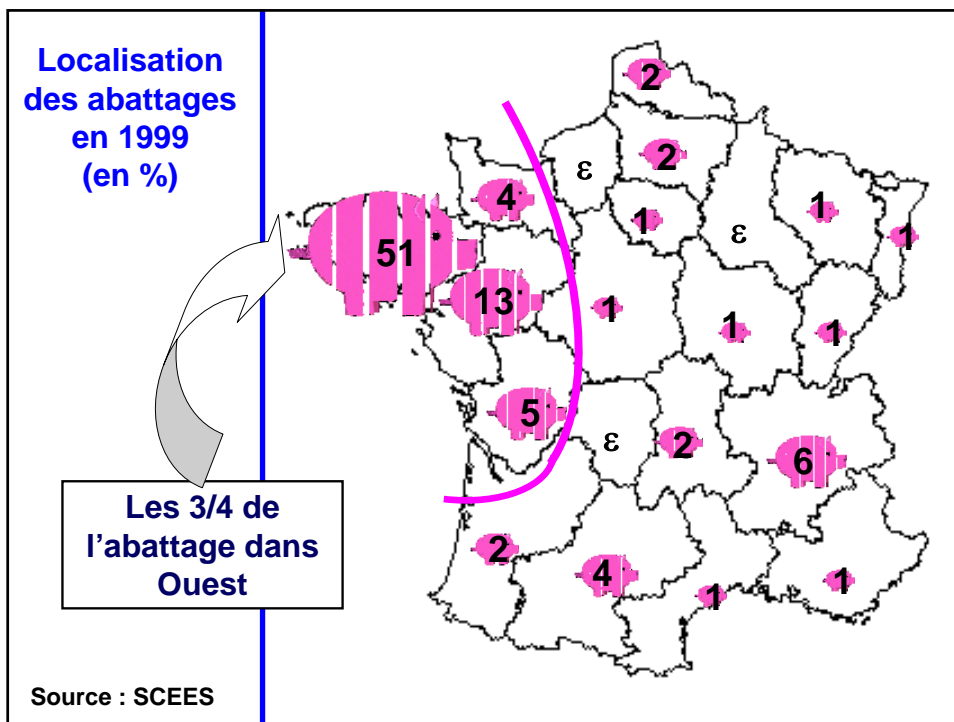
(en % du tonnage total)

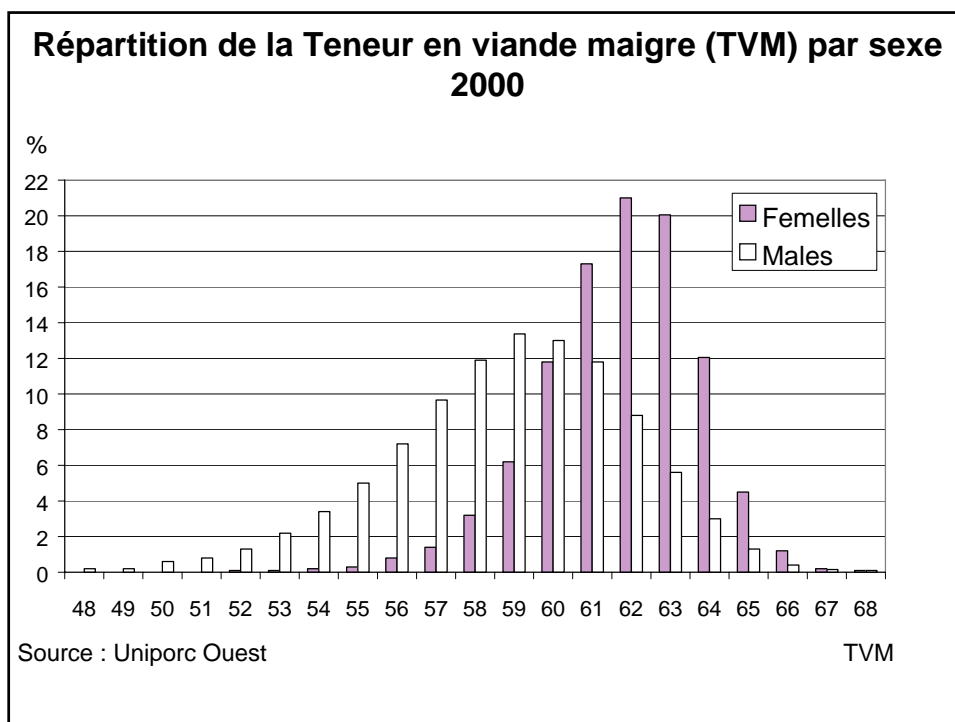
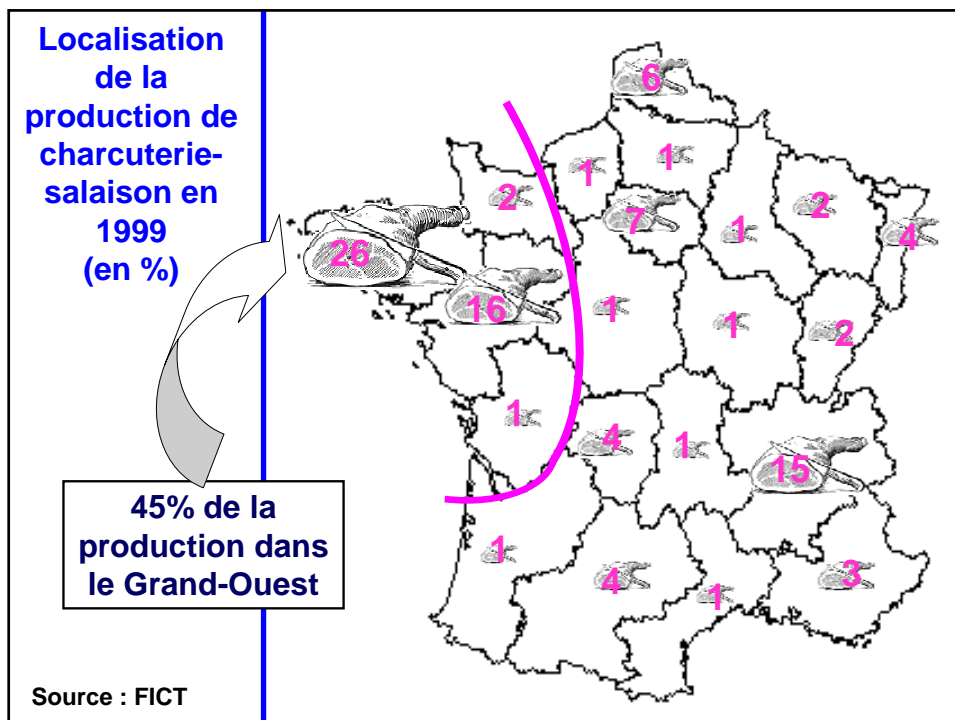
80% de la production dans le Grand-Ouest



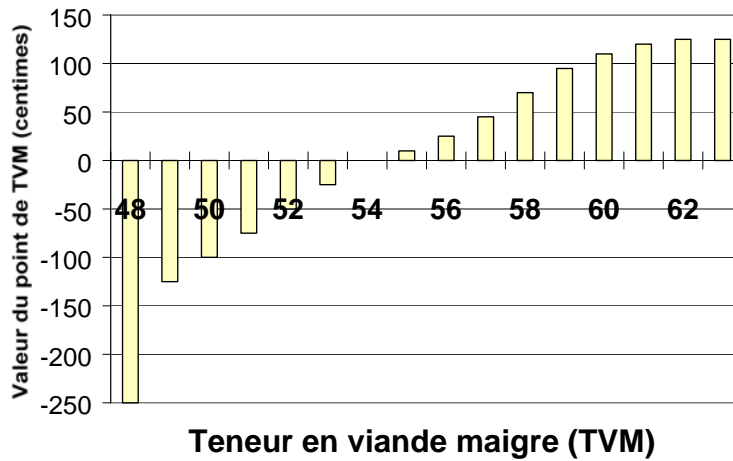
Source : SNIA, Syncopac







Grille de paiement des porcs en fonction de leur teneur en viande maigre



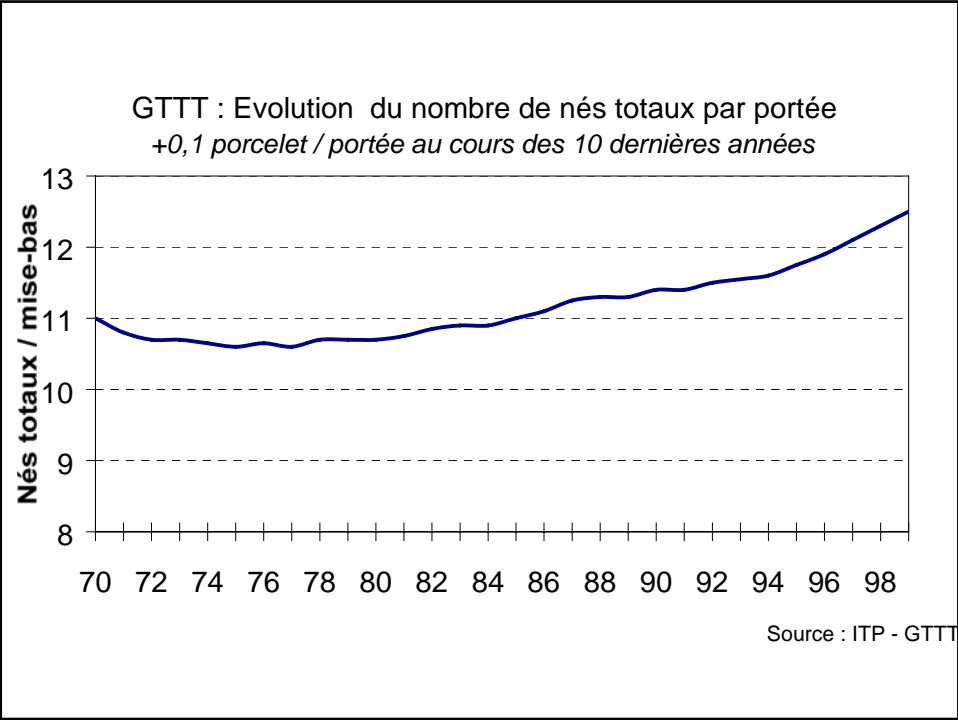
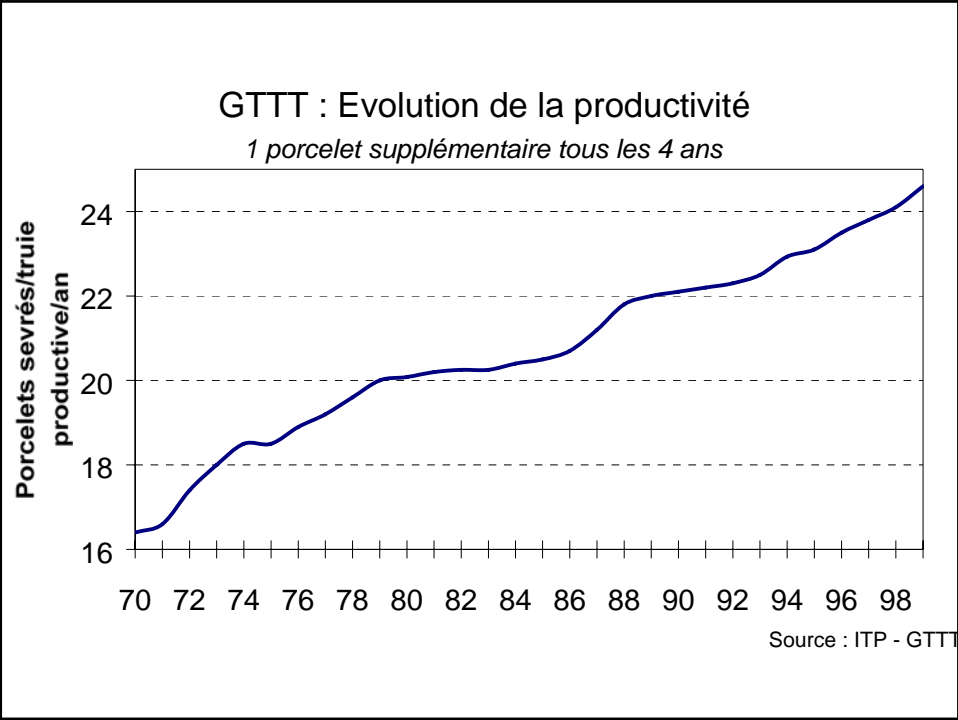
Grille applicable pour les porcs dans la gamme de poids
(75 - 100 kg de carcasse). En dessus ou en dessous
de la gamme, pénalités de 30 à 200 cts.

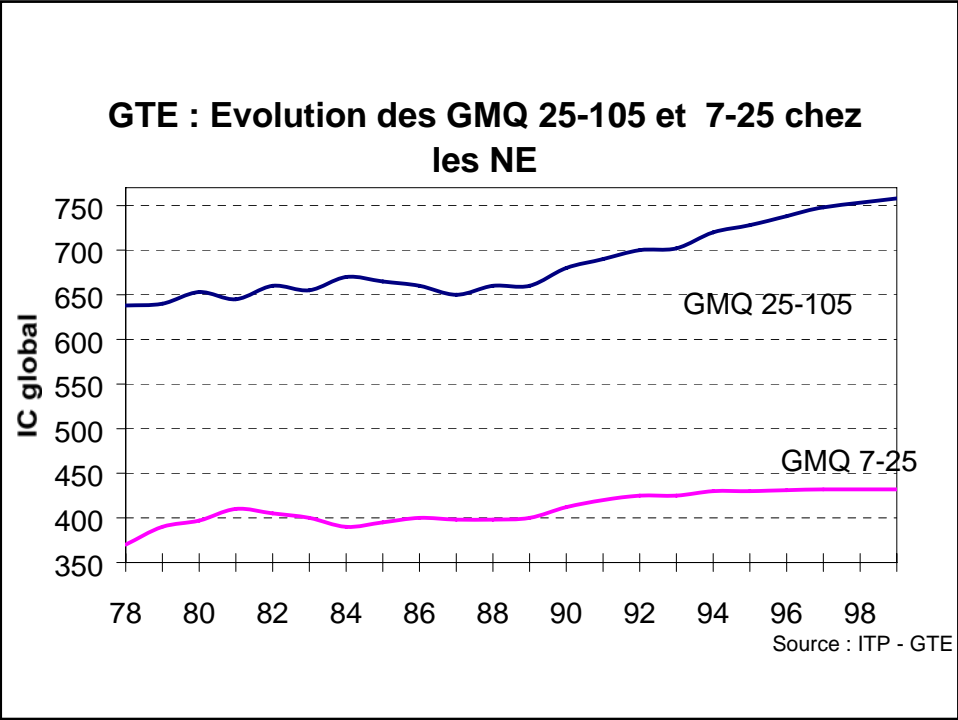
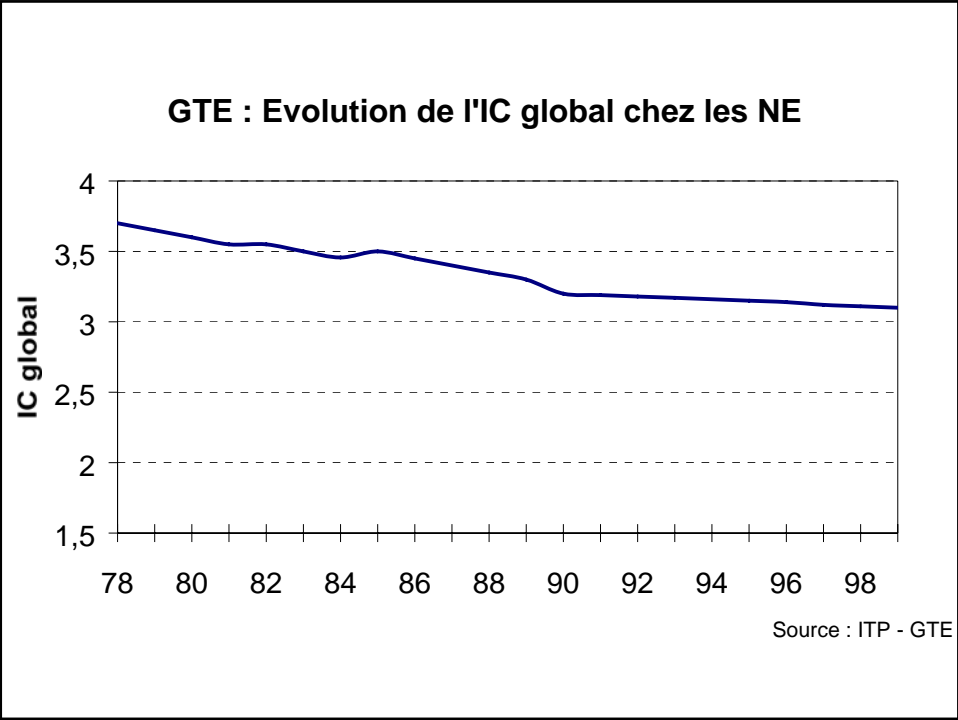
Source : Uniporc-Ouest

Résultats de pesée-classement dans le Grand-Ouest en 2000

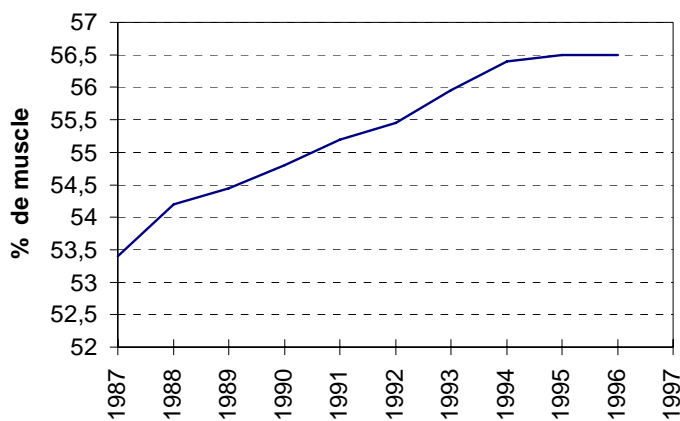
	Males	Femelles	Total
% du nombre	51	49	100
G1	17,9	15,8	16,8
G2	16,6	13,8	15,2
M2	53,5	55,1	54,2
TVM	58,8	61,7	60,3
Poids	87,5	87,5	87,4
Plus-Value	65	105	79,1

Source : Uniporc Ouest



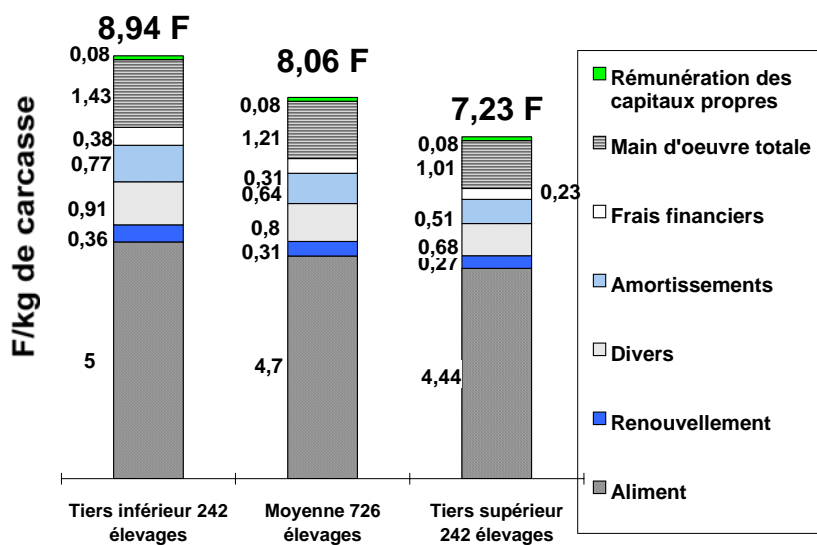


Evolution du taux de muscle de 1987 à 1996



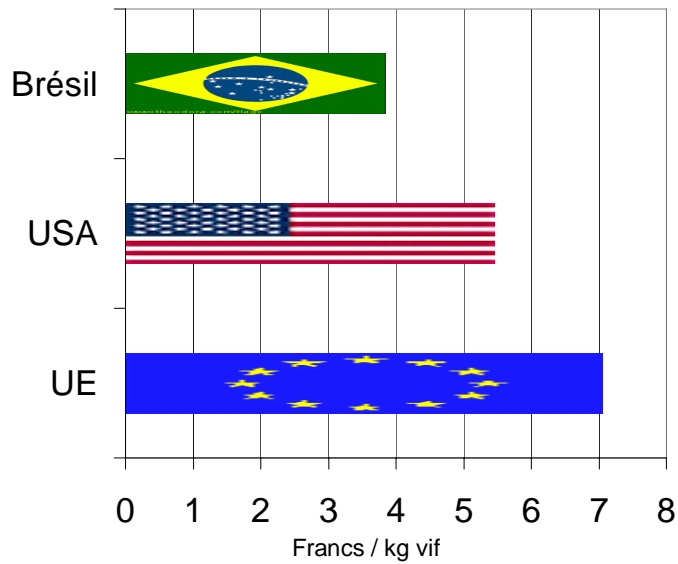
Source : Uniporc Ouest

Coût de production des élevages naisseurs-engraisseurs 1999

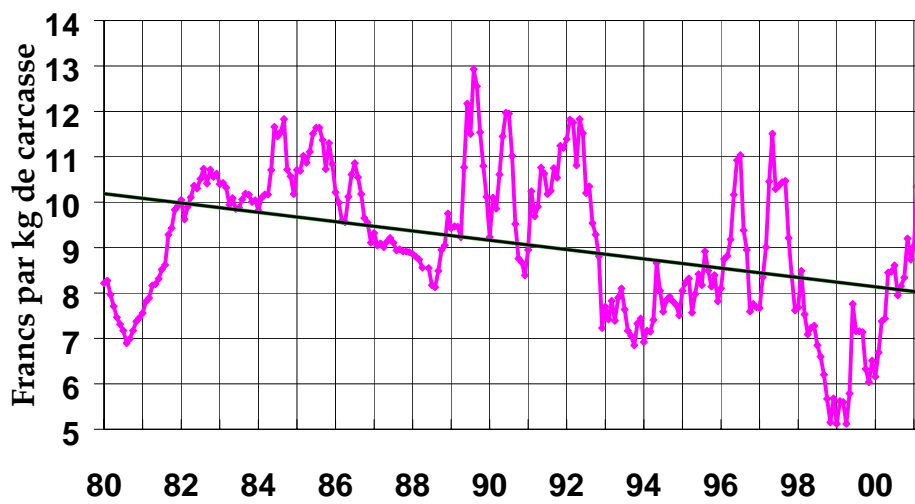


Source : ITP

Coût de production du porc en 1999 (en francs / kg vif)



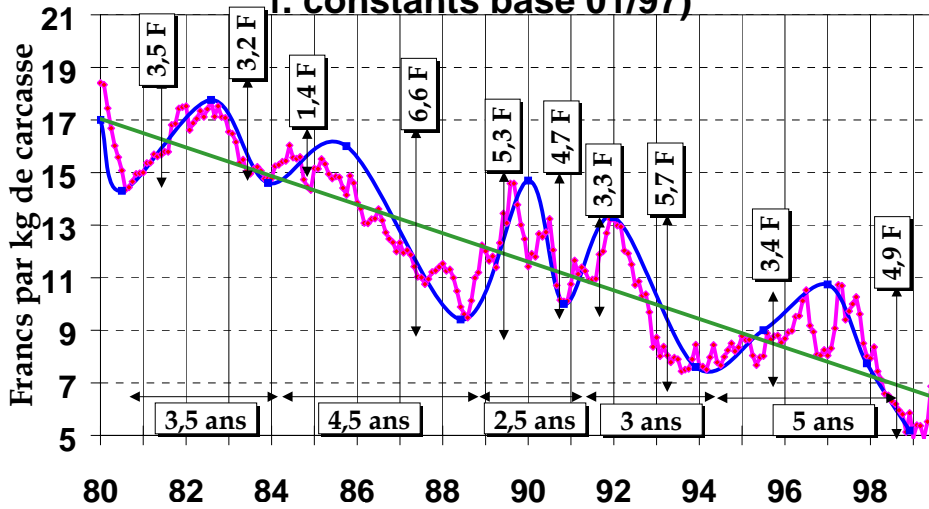
Evolution du cadran* en francs courants



* Cadran 50% puis 54% tvm

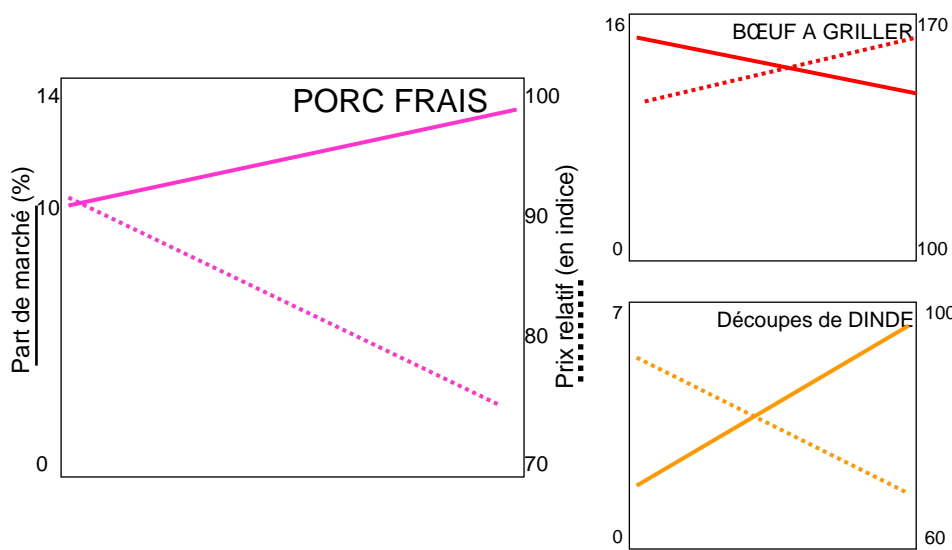
Source : MPB

Oscillations cycliques du prix du porc (cadran 54% TVM - série désaisonnalisée, f. constants base 01/97)



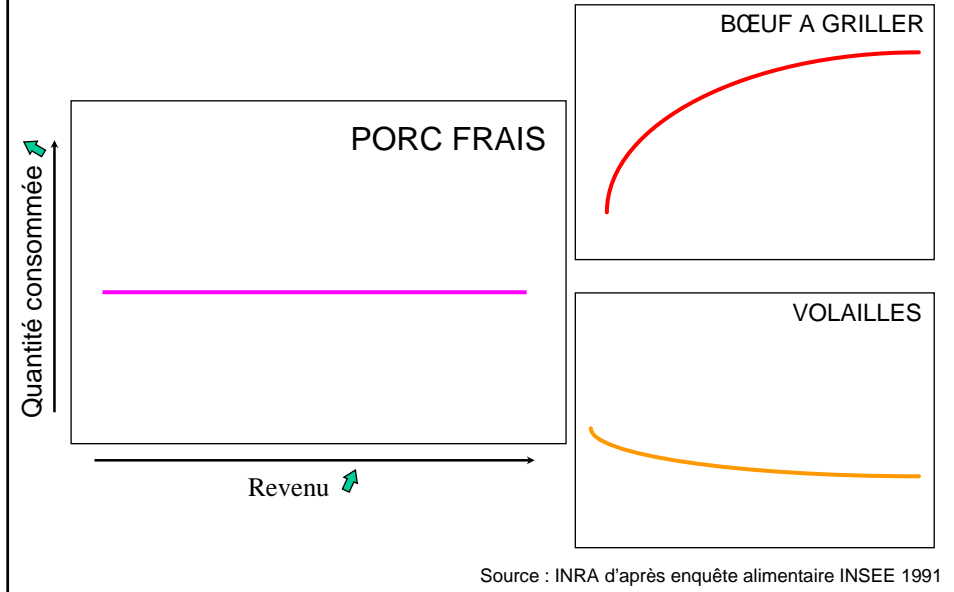
Source : Cereopa d'après données MPB

Consommation de viandes : l'effet prix

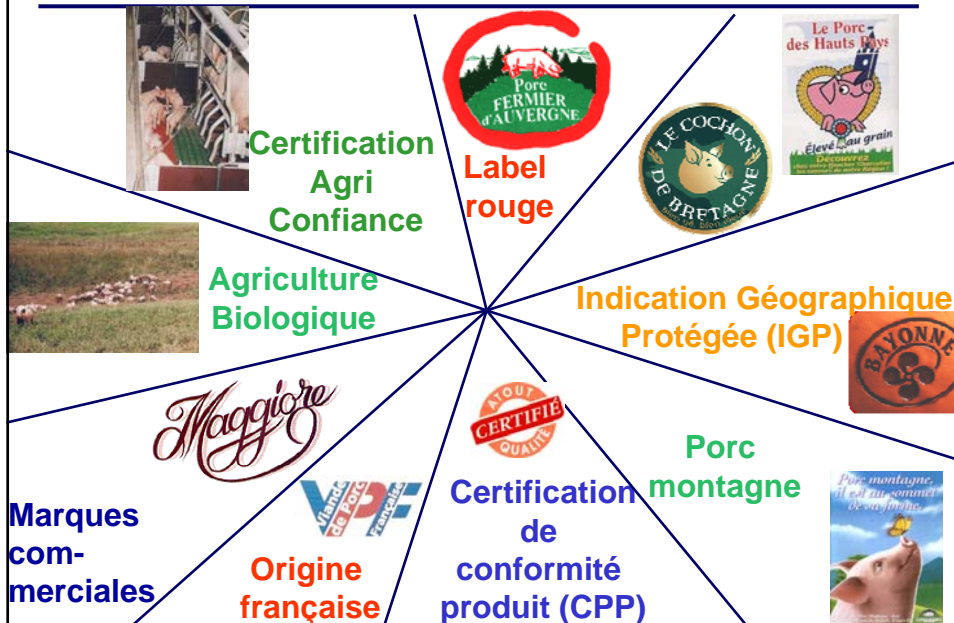


Source : INRA d'après Panel SECODIP

Consommation de viandes : l'effet revenu



Segmentation de la production



Quelques caractéristiques des cahiers des charges des porcs labels

- **Logement**
Plein-air (50 à 100 m²/porc) ou
Semi plein-air (2,6 m²/porc) ou
Bâtiment (0,8 m²/porc)
- **Génétique**
En général : 50% LW
- **Alimentation**
en général : 50 à 75% de céréales mini
parfois : 20 à 40% maïs maxi
- **pH** : parfois des contraintes
- **Age d'abattage** : 182 à 189 j

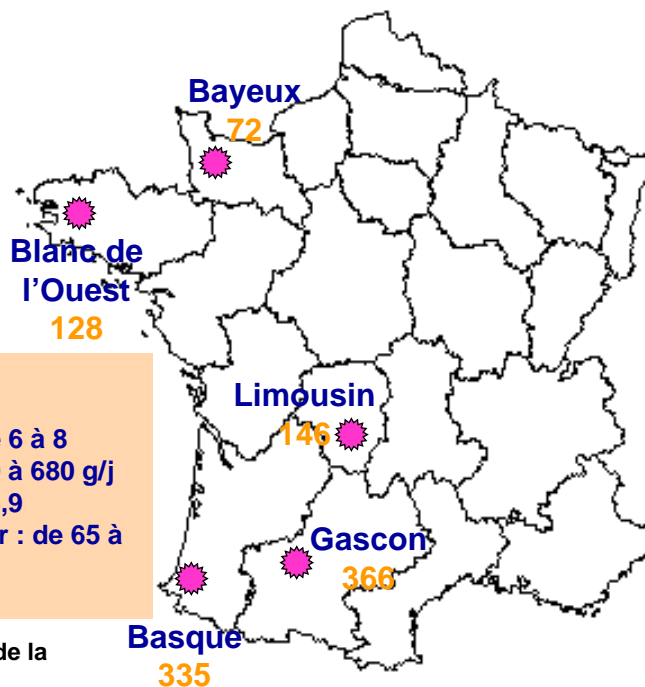
Les races locales françaises

398 effectifs de truies au 01/01/00

Performances

- Sevrés / portée : de 6 à 8
- GMQ 30-90 : de 560 à 680 g/j
- IC 30-90 : de 3,1 à 3,9
- Test consommateur : de 65 à 78% d'intention de reconsommation

Source : ITP, Agence de la Sélection Porcine



Les races locales à l'origine du développement de mini-filières : l'exemple du porc gascon

Mini-filière localisée dans les Hautes-Pyrénées, rassemblant 45 éleveurs, 2 salaisoniers et 3 charcutiers.

Dépôt d'une demande d'AOC pour le jambon « Noir de Bigorre ».

Elevage en plein-air.

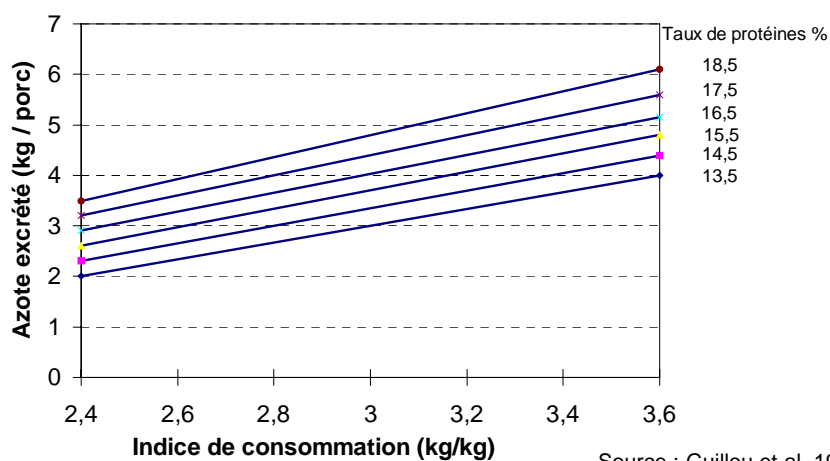
Abattage à 140 - 170 kg de poids vif (12 à 18 mois).

Valorisation : de 16 à 20 F / kg de carcasse.



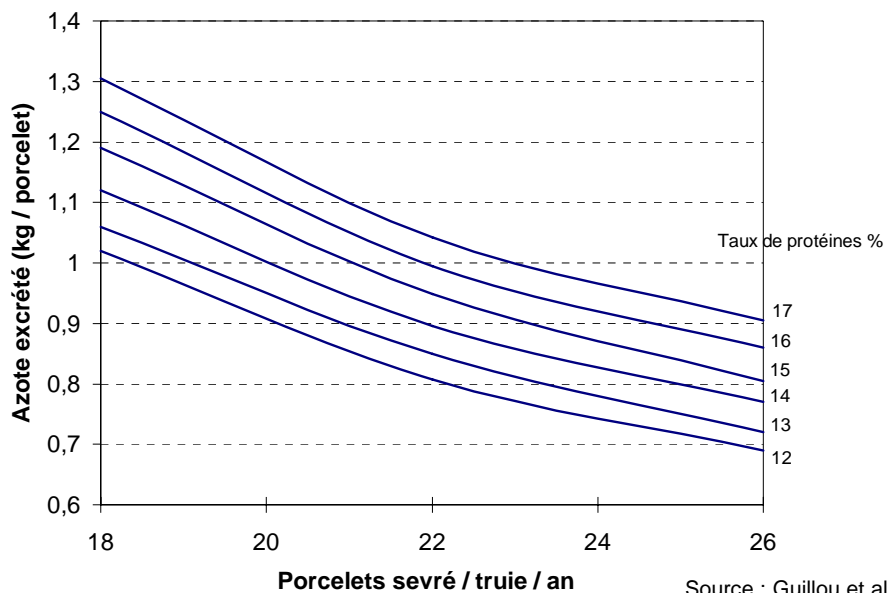
Source : Porc Magazine octobre 2000

Influence de l'IC et du taux de protéines sur le rejet azoté des porcs charcutiers (25-100 kg)



Source : Guillou et al, 1993

Influence des performances de reproduction et du taux de protéines sur le rejet azoté des truies exprimé par porcelet sevré



Source : Guillou et al, 199

Cours Supérieur d 'Amélioration Génétique des animaux Domestiques
Cycle 2002/2003

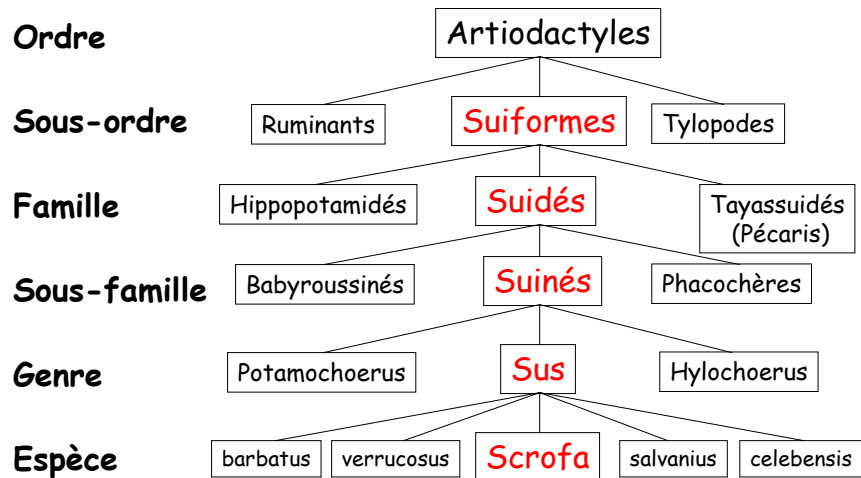
Amélioration génétique des porcs

Rennes, 20-24 octobre 2003

Les races porcines

J.P. BIDANEL
Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale
Station de génétique quantitative et appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex - France
tél: 01-34-65-22-84
E-mail: bidanel@dga.jouy.inra.fr
Web : <http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/>

Eléments de taxonomie



La domestication du porc

□ Raisons

- Source de protéine ?
- Qualités organoleptiques ?
- Source d'énergie (graisse) ?

□ Origine

- 1ères traces de domestication
 - il y a 9000 ans au Moyen Orient
 - il y a 7000 ans en Chine
- Probablement pas de centre unique de domestication
- Domestication associée à une certaine sédentarisation
- Migration vers l'Europe

□ Epstein

- *S scrofa vittatus*
- *S scrofa cristatus*
- *S scrofa scrofa*

Développement des races porcines

□ Définition

- Groupe d'animaux de même origine possédant des caractères héréditaires communs permettant de les distinguer des autres membres de l'espèce

□ Développement

- Beaucoup d'incertitudes
- A partir du 18e siècle en Europe et en Amérique
- Probablement plus précocement en Chine

□ Limites

- Populations similaires
 - dans différents pays
 - dans un même pays
- Nouvelles populations (lignées)

□ Notions de Populations Animales Sélectionnées et de variétés de races

Variétés et populations animales sélectionnées

Définitions

- ❑ **Population animale sélectionnée**
 - Population améliorée pour un objectif défini
 - Une race d'intérêt général
 - Une variété issue d'une race d'intérêt général
 - Une lignée composite, issue d'un croisement de plusieurs PAS
- ❑ **Variété de race**
 - Population issue d'une race d'intérêt général
 - qui s'en est éloignée suffisamment pour avoir des caractéristiques propres, différentes de la population d'origine
 - Éloignement défini sur la base d'une expertise généalogique

Variétés et populations animales sélectionnées

Situation actuelle en France

- ❑ **4 grandes races d'intérêt général**
 - Large White femelle, Landrace Français
 - Large White mâle, Piétrain
- ❑ **Variétés de races**
 - 22 PAS agréées (5 LW, 5 LR, 6 PI, 5 DU, 1 ?)
- ❑ **Lignées composites**
 - 17 PAS agréées (10 lignées mâles, 7 lignées femelles)
- ❑ **5 races rustiques**
 - Bayeux, Porc Blanc de l'Ouest, Cul Noir Limousin, Gascon, Basque
 - cf exposé de J Baret

Développement des races porcines quelques dates

Race	Pays d'origine	Période de développement	Société de race
Large White	R.U.	Fin 18 ^e siècle	1868
Duroc	U.S.A.	Milieu 19 ^e siècle	1883
Hampshire	U.S.A.	Milieu 19 ^e siècle	1893
Landrace	Danemark	Milieu 19 ^e siècle	1896
Piétrain	Belgique	1920-1950	1950



(D 'après Sellier & Rothschild, 1991)

Inventaire des races porcines

□ Bibliographie

- **Mason (1969)** : 330 « races » non éteintes, dont 89 « importantes et reconnues »
- **Mc Laren (1990)** : 201 « races » listées

□ Bases de données

- **FAO** : <http://www.fao.org/dad-is/>
629 entrées (mais n 'est pas à jour)
- **FEZ** : <http://www.tiho-hannover.de/einricht/zucht/eaap/index.htm>
237 entrées (Europe uniquement)
- **BRG** : <http://www.brg.prd.fr/brg/ecrans/animalesBd.htm>
36 entrées (France uniquement)

□ Autres sites WEB

- **INA P-G** : <http://www.inapg.inra.fr/dsa/especes/especes.htm>
- **Université d 'Oklahoma** : <http://www.ansi.okstate.edu/breeds/>



Inventaire des races porcines

□ En pratique

➤ Un nombre très limité de grandes races (de variétés de ces races) sont utilisées mondialement

- Large White (Yorkshire)
- Landrace
- Duroc
- Hampshire
- Piétrain
- Meishan
- Berkshire

➤ Nombre important de races à développement beaucoup plus restreint. Ces races sont souvent « en danger » et font l'objet de programmes de conservation. En France:

- Basque
- Limousin
- Gascon
- Porc Blanc de l'ouest
- Porc de Bayeux
- Porc corse
- Créole



Les principales races porcines



Le Large White

□ Caractéristiques morphologiques

- Robe blanche uniforme
- Oreilles dressées, ouvertes sur l'avant
- corps de forme parallélépipédique



□ Origine

- Comté de Yorkshire (SE Angleterre)
- Mélange de:
 - Old English Hog
 - Small White
 - Middle White
 - +Berkshire?
- Introduction de races chinoises (18e s.) dans ces 3 dernières races



Développement du Large White Quelques dates



Le Large White

Race	Pays	Période de développement	Société de race
Large White	R.U.	Fin 18 ^e siècle	1868
Yorkshire canadien	Canada	Milieu 19 ^e siècle	1889
Yorkshire américain	U.S.A.	Fin 19 ^e siècle	1893
Yorkshire danois	Danemark	Fin 19 ^e siècle	1895
Edelschwein	Allemagne	Fin 19 ^e siècle	1904
Yorksire néerlandais	Pays-Bas	Fin 19 ^e siècle	1913
Large White Français	France	Début 20 ^e siècle	1927

(D 'après Sellier & Rothschild, 1991)

Les principales races porcines



Le Landrace

❑ Caractéristiques morphologiques

- Robe blanche uniforme
- Oreilles tombantes
- Corps long avec tendance fusiforme



❑ Origine

- Croisements entre races celtiques d'Europe du Nord et Large White
- Importations de Chine (vers 1800) ?



Développement du Landrace Quelques dates



Race	Pays	Période de développement	Société de race
Landrace	Danemark	Milieu 19 ^e siècle	1896
Landrace Suédois	Suède	Début 20 ^e siècle	1907
Landrace Néerlandais	Pays-Bas	Début 20 ^e siècle	1933
Landrace Américain	U.S.A.	Milieu 20 ^e siècle	1950
Landrace Français	France	Milieu 20 ^e siècle	1951
Landrace Anglais	R.U.	Milieu 20 ^e siècle	1953
Landrace Belge	Belgique	Milieu 20 ^e siècle	1966 (Fr = 1971)

(D 'après Sellier & Rothschild, 1991)

Les principales races porcines



Le Piétrain

❑ Caractéristiques morphologiques

- Robe blanche tachetée de noir ou de roux
- Oreilles dressées
- Fort développement musculaire



❑ Origine

- apparue vers 1920 dans la petite commune belge de Piétrain
- Origine peu claire : Berkshire, Normand, Large White, Tamworth, Limousin ?
- 1 (?) mutation à l'origine de sa musculature
- Introduite en France vers 1950
- Regain d'intérêt dans les années 1980

Les principales races porcines



Le Piétrain

□ Aptitudes et utilisation

- Excellentes performances de carcasse (rendement, TVM)
- Bonne efficacité alimentaire
- Croissance moyenne

- Prolificité et aptitudes maternelles correctes
- Qualité de viande médiocre en race pure : fréquence élevée de viandes PSE (pâles, humides et exsudatives)
- Ces défauts sont en grande partie récessifs
- Sensibilité au stress

☞ Utilisation comme lignée mâle spécialisée

Performances comparées des races porcines françaises

Contrôle en station - année 2002

	Large White		Landrace Français	Piétrain
	Femelle	Mâle		
GMQ (g/j)	941	959	919	843
IC	2,70	2,65	2,75	2,47
Rendement (%)	78,3	78,9	77,7	81,7
TVM	54,5	56,2	52,3	64,4
Rétention (/10s)	9,8	11,0	9,6	2,8
Réfectance	51,0	50,5	50,1	52,1
pH ultime	5,72	5,77	5,75	5,61

(ajusté pour l'effet sexe : femelles et castrats)

Performances comparées des races porcines françaises

Contrôle en ferme - année 2002

	Landrace Français	Large White		Piétrain
		Femelle	Mâle	
Nés totaux	13,6	14,5	11,9	10,5
Nés vivants	12,2	13,1	10,9	9,6
Morts nés	1,4	1,4	1,0	0,9
Sevrés	10,6	10,7	9,4	8,1
Age à 100 kg des femelles (j)	157,9	156,5	146,2	159,5
ELD à 100 kg des femelles (mm)	11,6	10,3	12,5	8,2

(Résultats des élevages de sélection)

Les principales races porcines



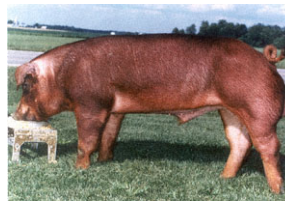
Le Duroc

❑ Caractéristiques morphologiques

- Robe brun roux uniforme
- Oreilles tombantes

❑ Origine

- USA - fin du 19e siècle:
 - Jersey - Duroc
 - Porcs espagnols rouges
 - Porcs portugais,
 - ancien Berkshire (sans gènes chinois),
 - Tamworth (?)



provided by National Swine Registry

Les principales races porcines



Le Duroc

□ Aptitudes et utilisation

- Grande rusticité
- Bonne croissance
- Teneur élevée en gras intramusculaire
- Prolificité et aptitudes maternelles moyennes
- Qualité de carcasse : proche du Large White

- ☞ Utilisation à la fois comme lignée paternelle (France) et comme lignée maternelle

Les principales races porcines



Le Hampshire

□ Caractéristiques morphologiques

- Robe noire à ceinture blanche
- Oreilles dressées

□ Origine

- Angleterre : région du Hampshire
 - Wessex Saddleback - Essex (mais oreilles tombantes)
 - Old English Hog x Berkshire ?
 - Base génétique étroite



provided by National Swine Registry



Les principales races porcines



Le Hampshire

□ Aptitudes et utilisation

- Bonnes performances de croissance
- Bonnes performances de carcasse
- Prolificité et aptitudes maternelles médiocres
- Qualité de viande médiocre : faible pH ultime de la viande

☞ Utilisation comme lignée mâle spécialisée

Performances comparées de races américaines

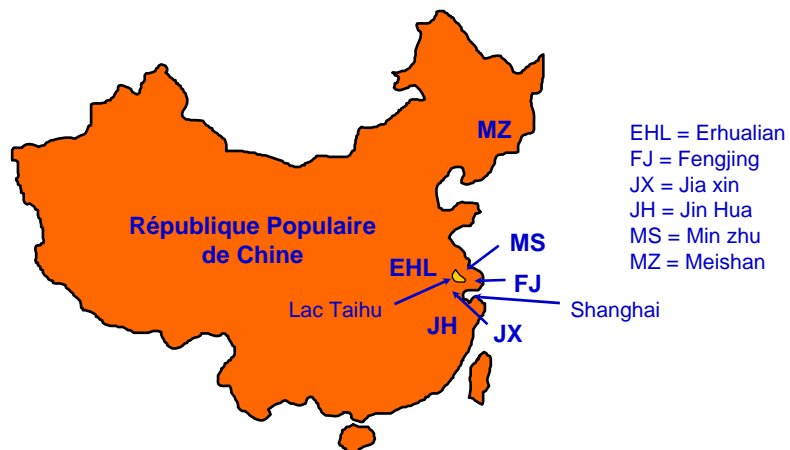
Programme d'évaluation des lignées paternelles (1995)

	Berkshire	Duroc	Hampshire	Yorkshire
CMJ (kg/j)	2,66	2,61	2,57	2,54
IC	3,07	2,91	2,92	2,93
GMQ (g/j)	840	885	849	835
Rendement (%)	73,6	73,5	73,8	73,6
% muscle	47	49,0	51,2	49,9
pH ultime (LD)	5,91	5,85	5,70	5,84
Perte cuisson (%)	22,5	23,1	26,0	23,5

Les races porcines chinoises



Localisation de quelques races porcines chinoises prolifiques



Les races porcines chinoises



Le Meishan

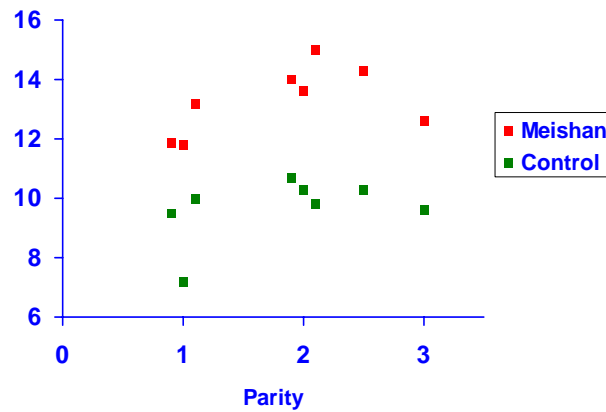
- ❑ **Caractéristiques morphologiques**
 - Robe noire avec extrémités blanches
 - Oreilles tombantes
 - Faible développement musculaire
- ❑ **Origine**
 - Chine - Région du lac Taihu
- ❑ **Aptitudes**
 - Précocité sexuelle, prolificité et aptitudes maternelles exceptionnelles
 - Faible croissance
 - Faible performances de carcasse
 - Bonne qualité de viande



Les races porcines chinoises



Prolificité comparée (nés vivants) de truies Meishan et témoin (Large White ou croisés)



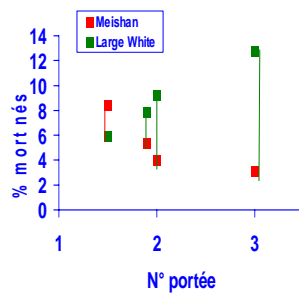
Les races porcines chinoises



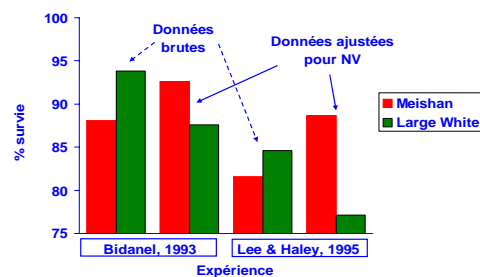
Performances comparées de truies Meishan et LW

Survie naissance-sevrage

% mort nés



% survie naissance-sevrage

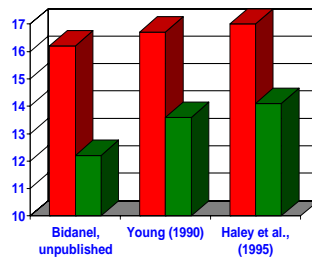


Les races porcines chinoises

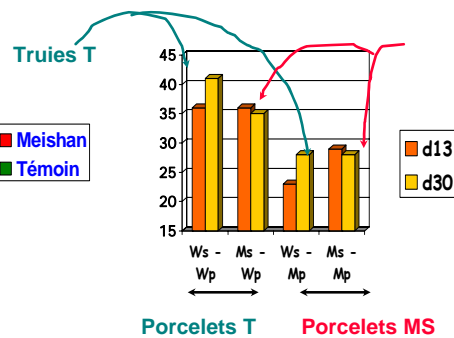


Performances comparées de truies Meishan et LW

Nombre de tétines



Production laitière



Les races porcines chinoises



Performances comparées de porcs Meishan et Piétrain

	Meishan	Croisés	Piétrain
GMQ 60-100 kg (g/j)	468	712	634
IC 60-100 kg	5,67	3,95	3,62
Rendement (%)	71,7	76,5	78,3
% muscle	34,4	53,4	60,7
Rétention GS (/10s)	19,1	7,7	4,8
Réfectance GS	355	406	483
pH ultime GS	5,76	5,57	5,57

Bidanel et al, JAS, 1991)

Les races porcines chinoises

La Jiaxing

❑ Caractéristiques morphologiques

- Proche de la Meishan
- Robe noire
- Gabarit plus faible

❑ Origine

- Chine - Région du lac Taihu

❑ Aptitudes

- grande précocité sexuelle, bonne prolificité
- Excellentes aptitudes maternelles (tétines)
- Très faible croissance
- Très faible performances de carcasse
- Bonne qualité de viande



Les races porcines chinoises

Autres races chinoises

La Jin Hua



La 3e race importée
en France

L' Erhualian



La « championne du monde »
de la prolificité

Les races porcines chinoises

Autres races chinoises

La Min Zhu



Une race prolifique du nord de la Chine (importée aux USA)

La Wutsusan



Pour l'anecdote, une apparence originale

Les races locales de porcs en France

Le Cul-Noir Limousin (Cul-noir de St Yrieix)

❑ Caractéristiques morphologiques

- Tête et la croupe noires,
- Corps trapu et cylindrique

❑ Origine

- Ouest du Massif Central (connu au 16e siècle)
- Porc de type ibérique
- Création du livre généalogique en 1894 et du Herd Book en 1935
- Programme de conservation



Les races locales de porcs en France

Le Gascon

❑ Caractéristiques morphologiques

- Type ibérique
- Entièrement noir
- Oreilles étroites et horizontales

❑ Origine

- Piémont pyrénéen
- Programme de conservation



Les races locales de porcs en France

Le Basque

⌘ Caractéristiques morphologiques

- ⌘ Tête et croupe noires
- ⌘ Oreilles tombantes

⌘ Origine

- ⌘ Peuplait les départements des pyrénées et le nord de l'Espagne
- ⌘ Standard de race établi en 1921
- ⌘ Programme de conservation



Les races locales de porcs en France

Le Porc Blanc de l'Ouest

❑ Caractéristiques morphologiques

- Robe blanche
- Profil concave
- Oreilles inclinées vers l'avant



❑ Origine

- Type celtique
- Fusion des races Craonnaises, Normandes et Flamandes



Les races locales de porcs en France

Le porc de Bayeux

❑ Caractéristiques morphologiques

- Robe blanche - tâches noires arrondies
- Oreilles demi-courtes horizontales

➢ Origine

- Issue d'un croisement entre
 - Normand
 - Berkshire



Les races locales de porcs en France

Le porc Créole

❑ Caractéristiques morphologiques

- Diversité de types
- Dominante ibérique (robe noire)

❑ Origine

- Issue de diverses races :
 - Ibériques
 - Large Black
 - Duroc
 - Normand, Craonnais



Les races locales de porcs en France

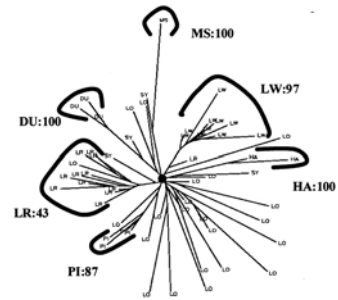
Performances comparées (Labroue et al, JRP 2000)

	Large White	Basque	Gascon	Limousin	Blanc de l'Ouest
GMQ 30-90 kg (g/j)	848 a	560 d	563 d	633 c	682 b
IC	2,55 a	3,93 d	3,84cd	3,73 c	3,16 b
ELD à 90 kg (mm)	13 a	32 c	33 c	41 d	23 b
Rendement (%)	72,1b	73,2a	74,4a	73,5ab	72,9ab
%Jambon+longe	62 a	53 c	52 c	52 c	58 b
pH ultime LV	5,57b	5,69ab	5,85a	5,83a	5,65ab
Réfectance	51 b	51 ab	48 a	50 ab	51 b
Appréciation glob.	3,7 b	6,4 a	6,2 a	6,4 a	6,4 a

Analyse de la diversité des races porcines

□ Programme européen d'analyse de la diversité (PigBioDiv)

- 58 races
- 50 porcs / race
- 50 marqueurs microsatellites
- Arbres phylogénétiques
- Analyse de la contribution des races à la diversité



San Cristobal et al, 2002

CSAGAD, 7ème session « Amélioration Génétique des Porcs »
Rennes, 14-18 mai 2001

Cytogénétique et Anomalies Héritaires

Alain Ducos
Maître de Conférences
Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, 23 chemin des Capelles, 31076 Toulouse Cedex 3
Unité Pédagogique de Productions Animales
UMR INRA-ENVT de Cytogénétique des Populations Animales
a.ducos@envt.fr

SOMMAIRE

A- Cytogénétique

1. *Définitions et objectifs*
2. *Outils et méthodes de l'analyse cytogénétique*
3. *Applications*
 - a) *cartographie*
 - b) *cytogénétique clinique*

B- Anomalies héréditaires (autres que chromosomiques)

1. *Présentation du projet « d'Observatoire des Anomalies Génétiques »*

Définitions

et

objectifs

Cytogénétique : définition

CYTOGENETIQUE : analyse (étude) des chromosomes

Cellules en interphase



Cellules en cours de division

Mitose

(stade métaphase)

Méiose

(stade diacinèse – fin prophase M1)

Cytogénétique : objectifs (domaines d'application)

BIOLOGIE « FONDAMENTALE »

- > Mécanismes, régulation de la division cellulaire
- > Évolution des espèces
- > ...



CARTOGRAPHIE

- > Carte cytogénétique
- > Cartographie comparée



CYTOGENETIQUE CLINIQUE

- > Mise en évidence et caractérisation d'anomalies chromosomiques

Outils

et

Méthodes

Cytogénétique : outils et méthodes

Obtention de chromosomes métaphasiques

1. *Cultures cellulaires (lymphocytes, fibroblastes ...)*
2. *Récolte et traitement des cellules*
3. *Etalement sur lame et coloration*

Analyse en microscopie optique (*contraste de phase ou épifluorescence*)

Cytogénétique : outils et méthodes ; culture cellulaire (lymphocytes)

Prélèvement

*1 tube vacutainer héparinate de sodium (pas EDTA !)
Attention à la propreté ...*

Expédition

Chronopost, ou autre service de messagerie rapide

Mise en culture

	<i>sang total</i>	<i>0,5 ml</i>
+	<i>milieu de culture</i>	<i>8 ml (dont sérum de veau fcetal)</i>
+	<i>héparine</i>	<i>50 µl</i>
+	<i>agent mitogène</i>	<i>0,3 ml (concanavaline)</i>

48 à 72 heures à 37°C

24 à 48 h

Cytogénétique : outils et méthodes ; traitements des cellules

1. Ajout d'un dérivé de la colchicine (colcémide)

Inhibe la formation du fuseau chromatique

On bloque les cellules en métaphase (on augmente la proportion de cellules en métaphase)

2. Choc hypotonique

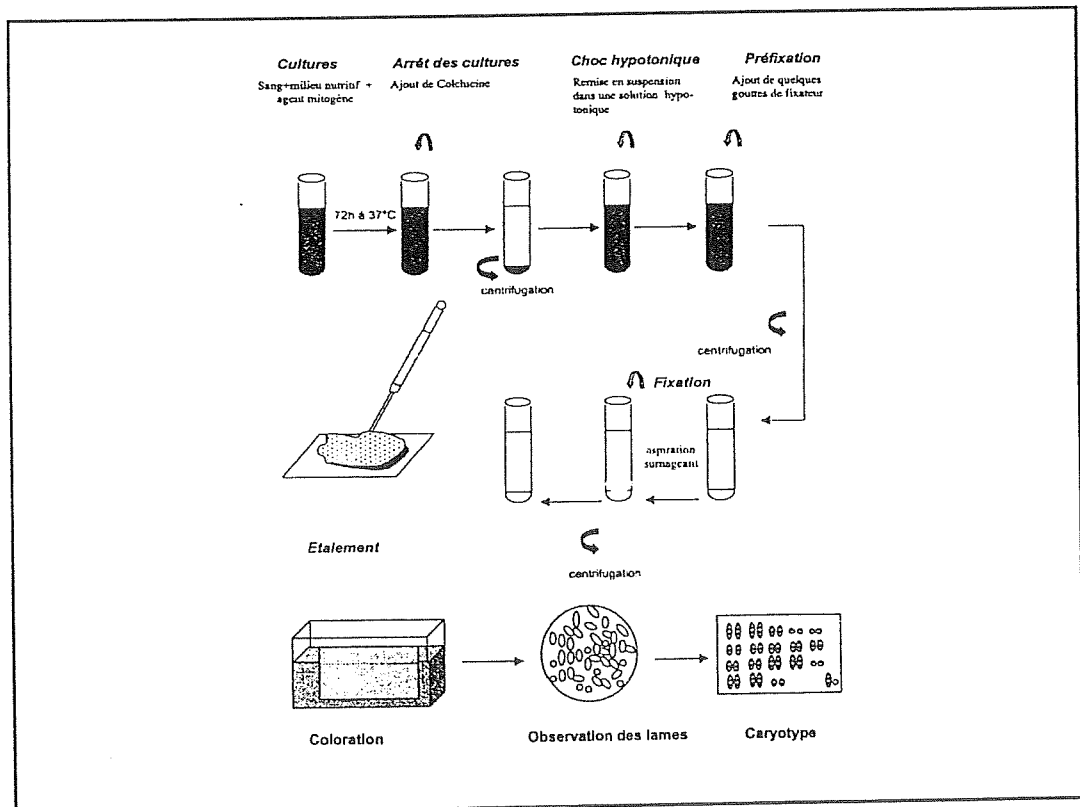
Incubation dans une solution hypo-osmotique (KCl : 0,075M)

On provoque un « gonflement » des noyaux cellulaires (permet un bon étalement des chromosomes)

3. Préfixation, fixation

Solution éthanol / acide acétique 3:1

4. Etalement sur lames de verre



Cytogénétique : outils et méthodes ; coloration des chromosomes (1)

- Coloration classique au « Giemsa »

- Coloration en bandes

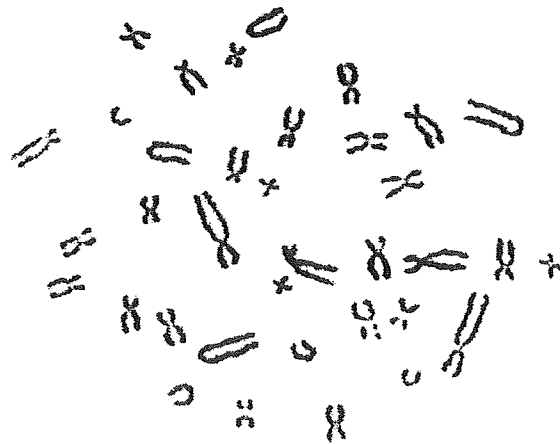
- Bandes G, R, T, C ... etc ...
- Bandes « statiques », ou « dynamiques »

Ex. GTG, RBG

⇒ Etablissement du caryotype

- Méthodes utilisant la fluorescence

- FISH (Fluorescent In Situ Hybridization)



Métaphase de sanglier ($2N=36$) en coloration conventionnelle au Giemsa

Cytogénétique : outils et méthodes ; coloration des chromosomes (2)

Principales caractéristiques des bandes G et R

G	R
Faible densité en gènes	Fortes densité en gènes
Réplication tardive	Réplication précoce
Riche en bases A, T	Riche en G, C

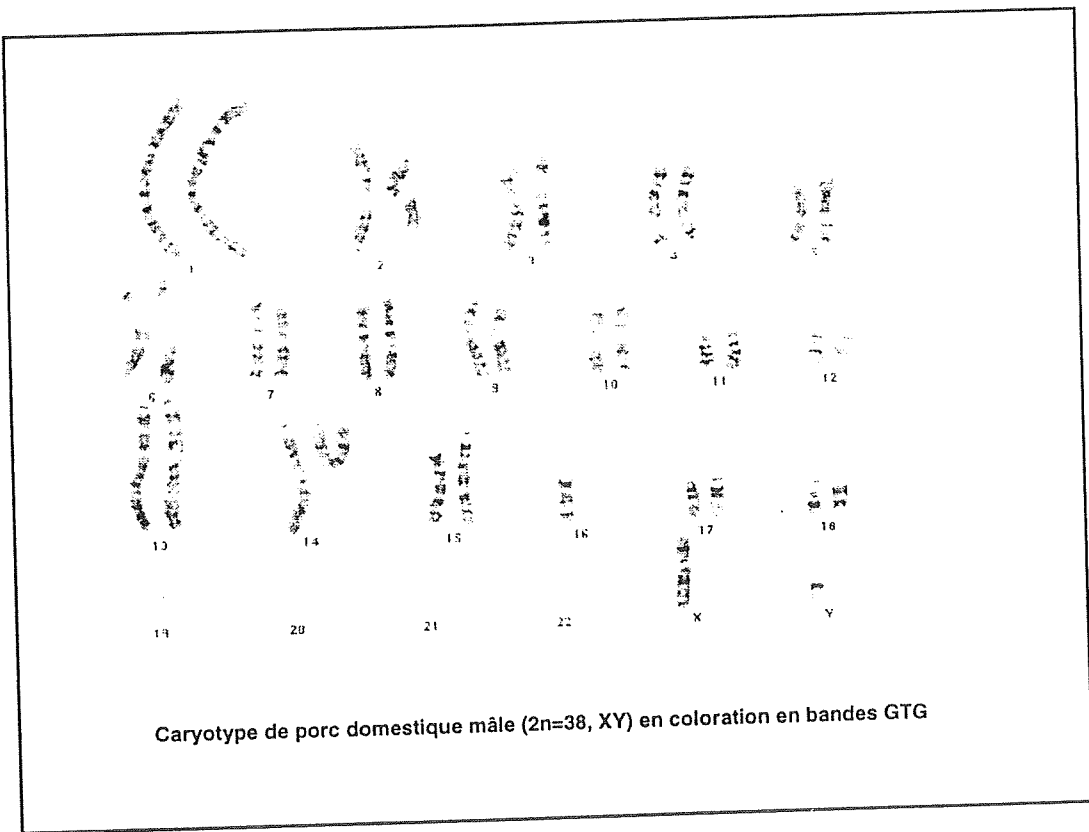
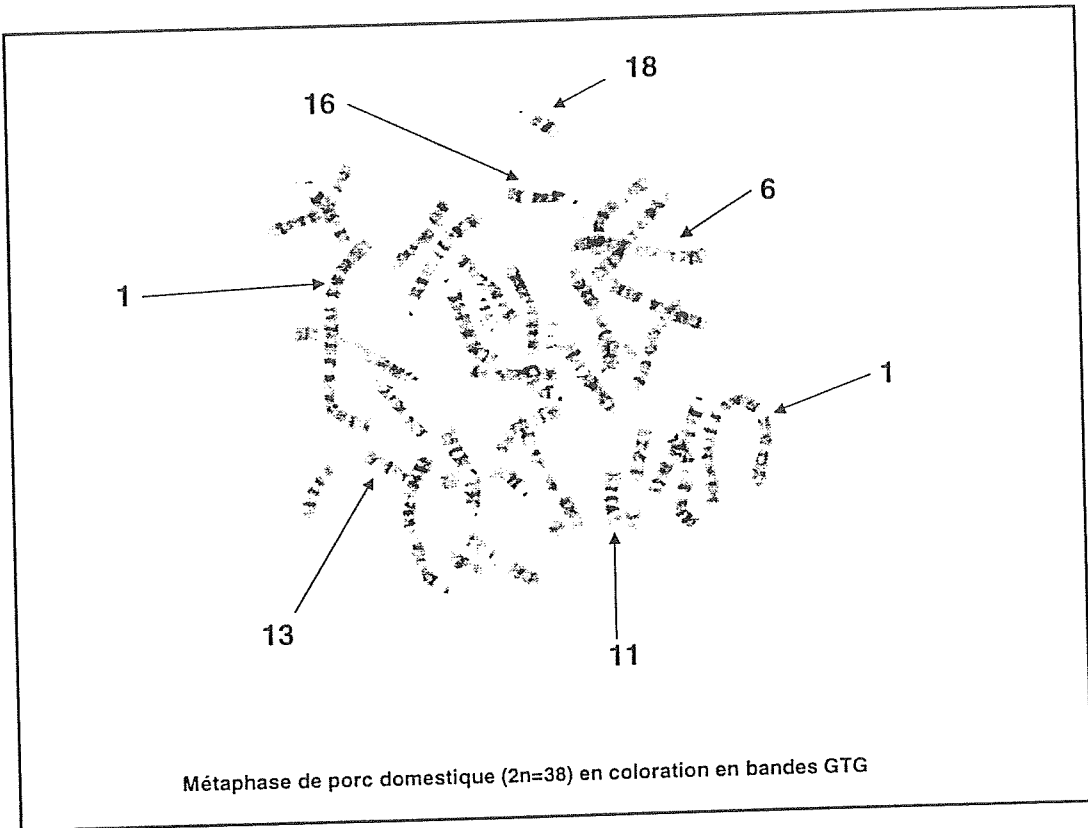
Cytogénétique : outils et méthodes ; coloration des chromosomes (3)

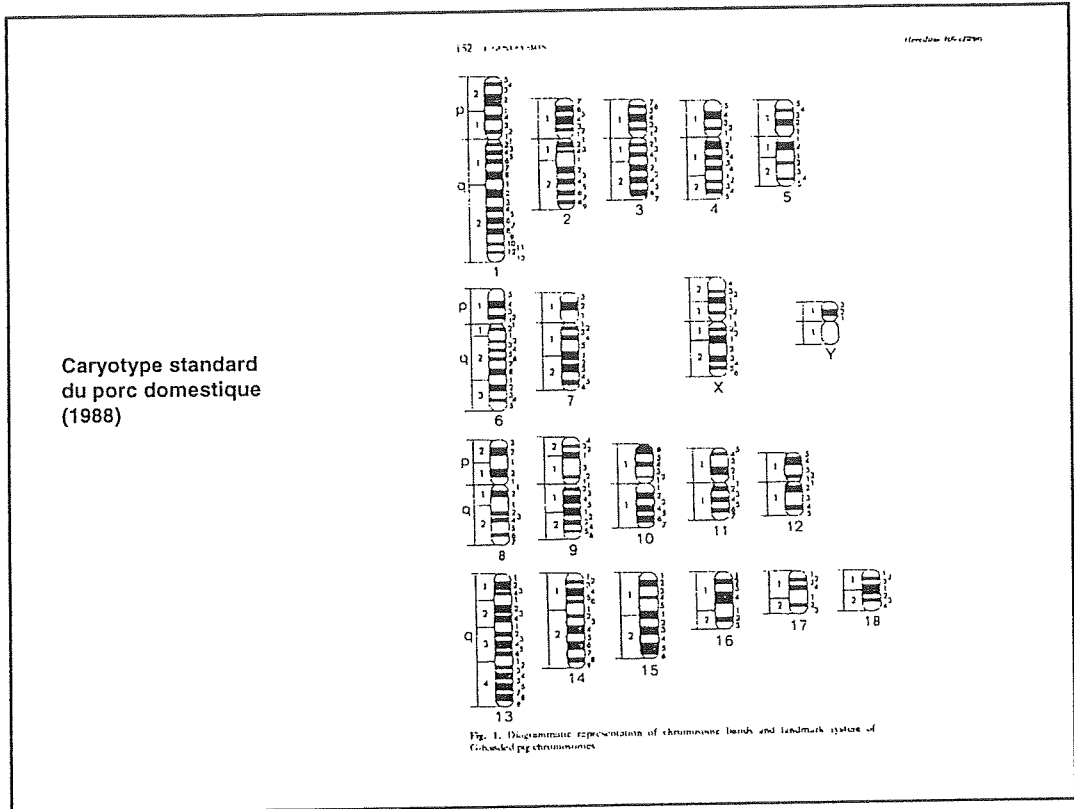
Bandes GTG (standard) :

- *Etalement*
- *Bain de Trypsine (1min15)*
- *Rinçage au PBS*
- *Bain de Giemsa (9 min)*

Bandes RBG (certaines anomalies) :

- *Blocage des cellules en milieu de phase S (thymidine en excès – 16h)*
- *Levée du blocage (lavage avec du milieu)*
- *Ajout de BrdU dans le milieu de culture (incorporation dans les bandes à réplication tardive)*
- *Etalement*
- *Irradiation aux UV*
- *Coloration au Giemsa (les bandes ayant incorporé le BrdU ne sont pas colorées)*





Caryotype standard
du porc domestique
(1988)

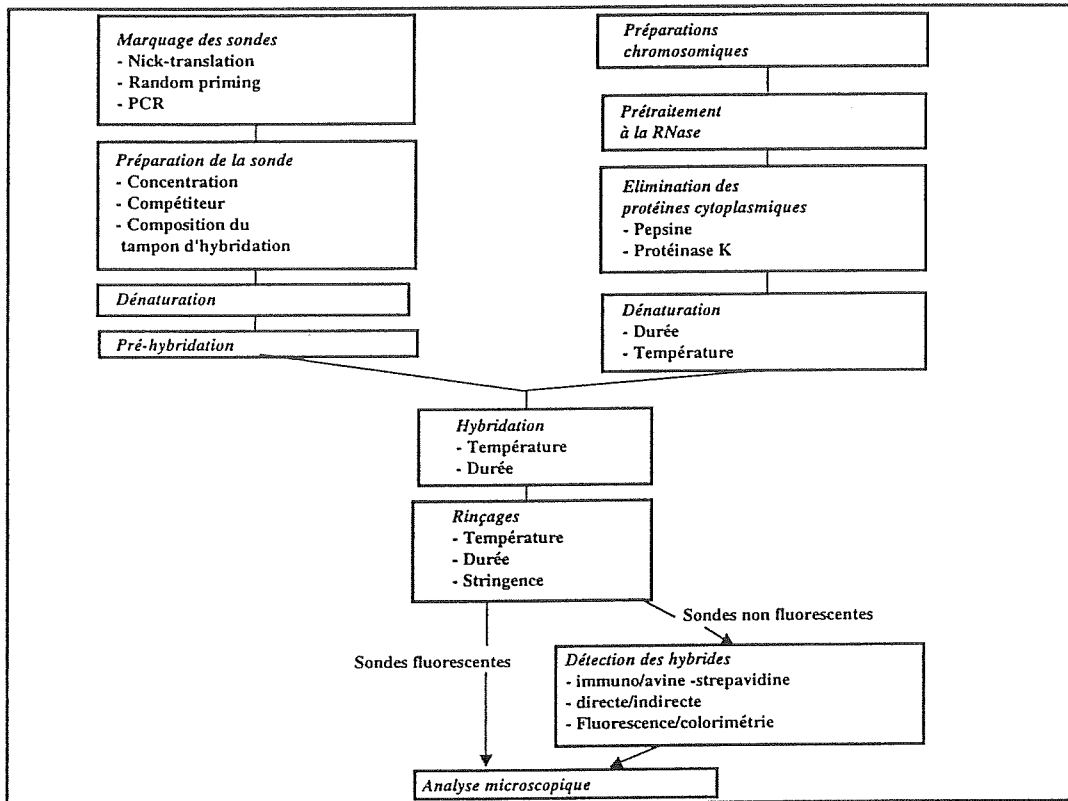
Cytogénétique : outils et méthodes ; coloration des chromosomes (4)

Fluorescent in situ Hybridization : cas particulier d'hybridation moléculaire



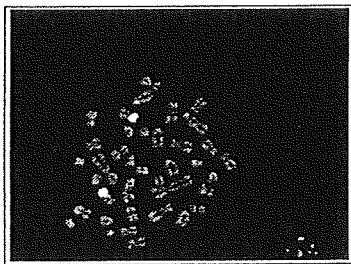
- ADN cloné
- Cosmides*
 - YACs*
 - BACs*
- Sondes de peinture
- Chromosomes entiers (tri, μ dis)
 - Bras ou bandes chr. (μ dis)

- Chromosomes métaphasiques
- Chromosomes interphasiques (spz)

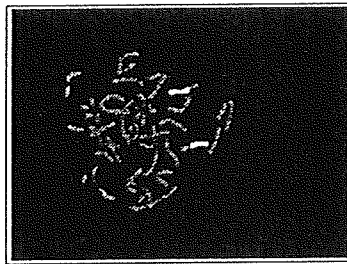


Exemples de FISH

a) Peinture chromosomique avec des sondes de bras du chromosome 4 générées par microdissection

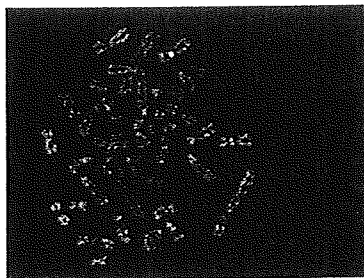


bras courts



bras longs

b) FISH de sondes préparées à partir de BAC contenant un microsatellite cartographié sur le bras court du chromosome 9



(Photos : Alain Pinton)

Cytogénétique : Applications ; Cartographie (2)

Cartographie comparée

Objectifs : déterminer les régions chromosomiques homologues conservées dans plusieurs espèces

« ... on utilise actuellement, de façon pragmatique, les données obtenues dans une espèce pour faire des hypothèses sur la structure génomique locale dans une autre et progresser ainsi plus vite dans la recherche des gènes d'intérêt ... » J. Gellin (INRA-LGC)

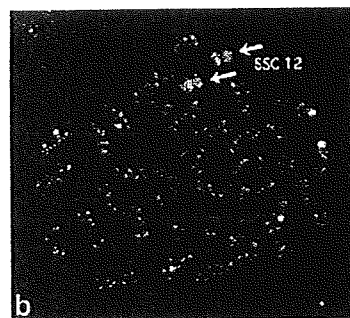
Stratégies : ZooFISH, ZooPCR, comparaisons « in silico »

Exemple de ZooFISH

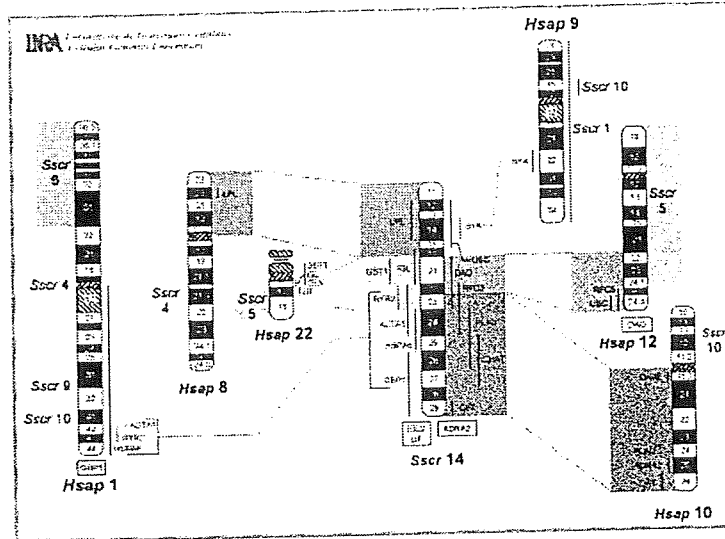
Bidirectional painting between SSC12 and HSA 17.



a HSA 17 labelled by a PARM-PCR SSC12 probe



b SSC12 labelled by DOP-PCR HSA 17 probe



<http://www.toulouse.inra.fr/lgc/pig/compare/bidirectional.htm>

NetScape
 Fichier Edition Affichage Aide Connexion Aide
 Précédent Recharge Accueil Recherche Guide Imprimer Sécurité
 Adresse : <http://www.toulouse.inra.fr/lgc/pig/compare/SSC.htm> Info connex
 Instant Message Internet Nouvelles Annonces Membres Marché

SSC 1	HSA 06, HSA 09, HSA 14, HSA 15, HSA 18
SSC 2	HSA 05, HSA 11, HSA 17 *, HSA 19
SSC 3	HSA 02, HSA 07 *, HSA 16
SSC 4	HSA 01, HSA 08
SSC 5	HSA 12, HSA 19 *, HSA 22
SSC 6	HSA 01, HSA 04 *, HSA 16, HSA 18, HSA 19, HSA 21 *
SSC 7	HSA 06, HSA 14, HSA 15, HSA 19 *
SSC 8	HSA 04
SSC 9	HSA 01, HSA 07, HSA 11, HSA 21 *
SSC 10	HSA 01, HSA 09 *, HSA 10
SSC 11	HSA 13
SSC 12	HSA 17
SSC 13	HSA 03, HSA 21
SSC 14	HSA 01, HSA 08, HSA 09 *, HSA 10, HSA 12, HSA 22
SSC 15	HSA 02, HSA 04 *, HSA 08 *
SSC 16	HSA 05
SSC 17	HSA 04 *, HSA 20
SSC 18	HSA 07

Document chargé
 Navigation en cours - Disc - Netscape
 14:58

Cytogénétique : Applications ; Cytogénétique Clinique (1)

Cytogénétique « clinique »

Mise en évidence et caractérisation d'anomalies chromosomiques pouvant être :

- responsables de baisses de fertilité, prolificité
- responsables d'anomalies du développement (malformations, retard mental ...)
- impliquées dans des cancers

Cytogénétique : Applications ; Cytogénétique Clinique (2)

ANOMALIES CHROMOSOMIQUES

De nombre (hétéroploïdies)

H. euploïde (polyploïdies)
H. aneuploïdes (trisomies)

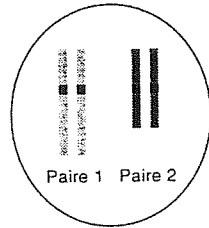
De structure

Duplications, délétions
Translocations (réciproques, Robertsoniennes)
Inversions (péri- ou paracentriques)

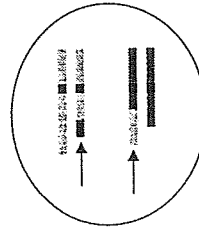
Cytogénétique : Applications ; Cytogénétique Clinique (3)

a) Translocation réciproque :

échange réciproque de fragments entre deux chromosomes non homologues (appartenant à deux paires chromosomiques différentes)



Cellule normale

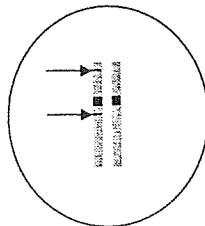


Cellule transloquée hétérozygote

→ Chromosomes transloqués

b) Inversion (péricentrique) :

cassures sur un chromosome, de part et d'autre du centromère, et retournement de la partie centrale



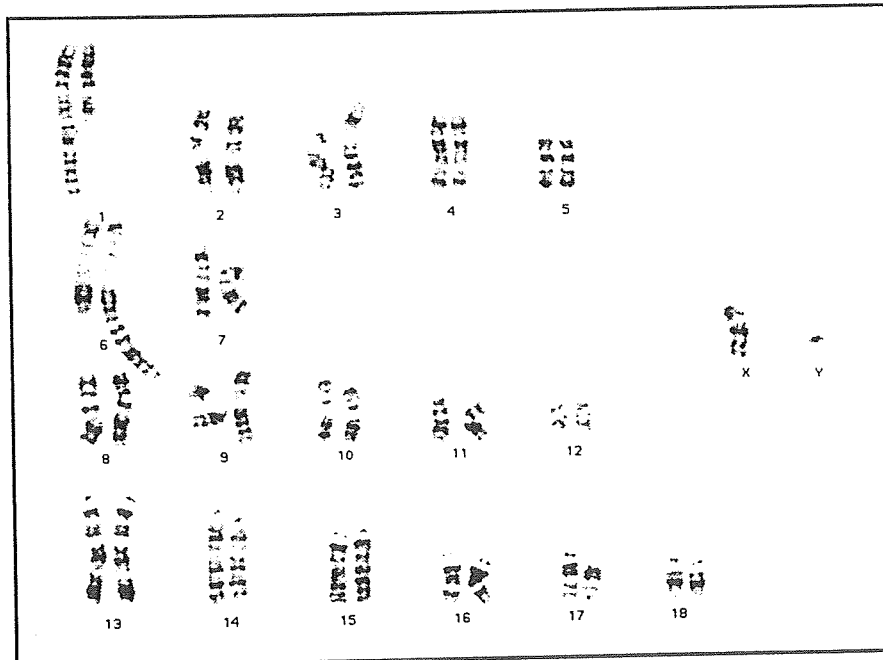
Cellule normale



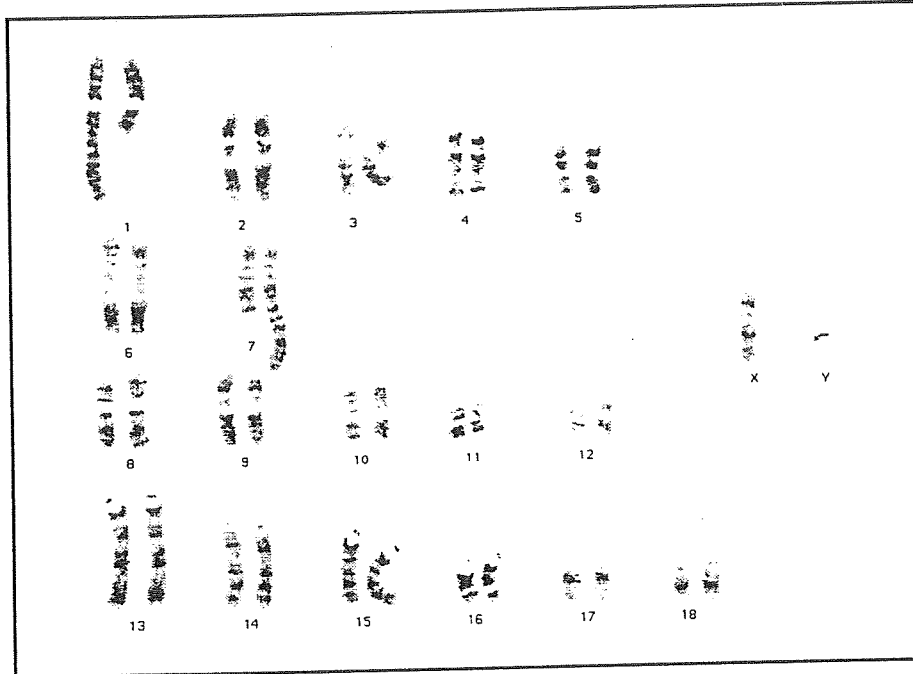
Cellule inversée hétérozygote

→ Chromosomes transloqués

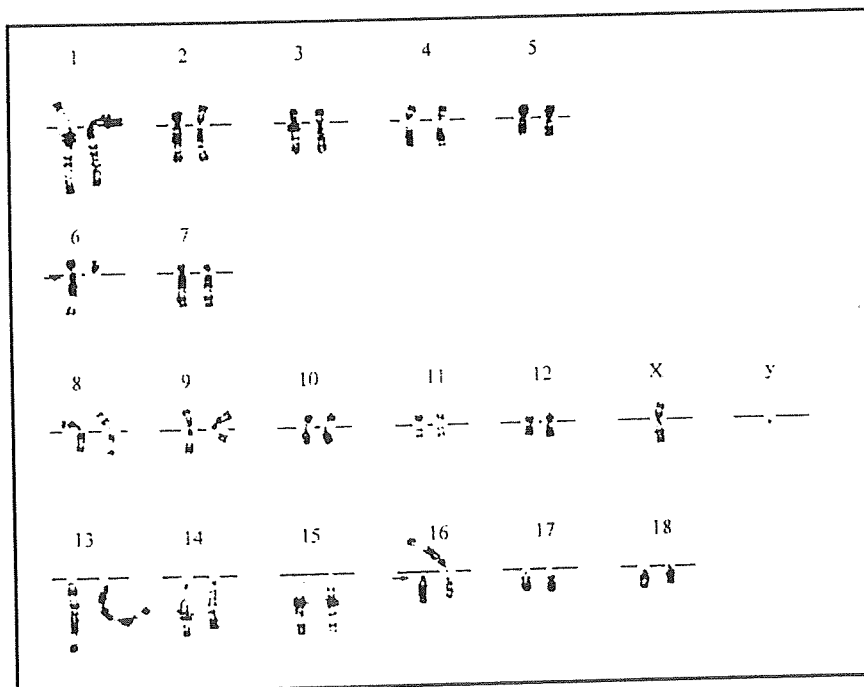
rcp(1;6)(q17;q35)



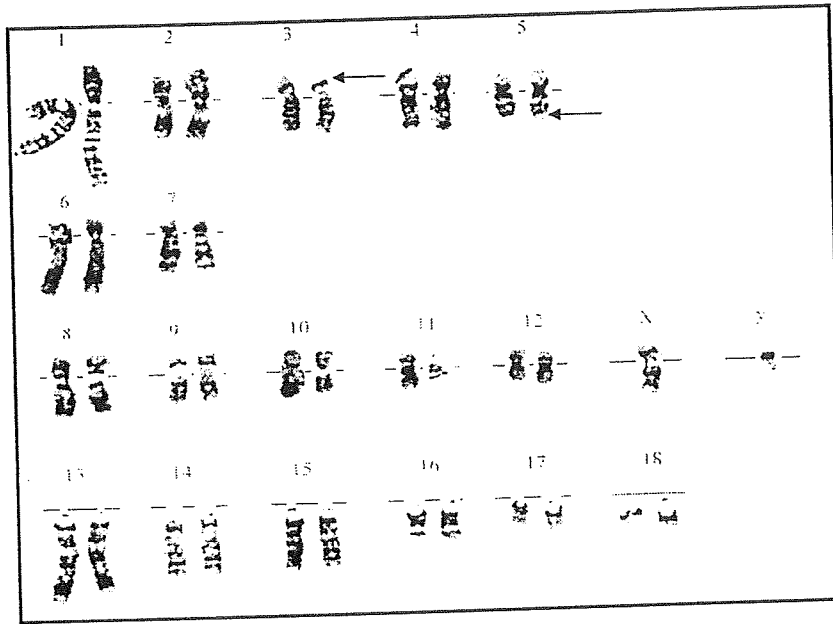
rcp(1;7)(q17;q26)



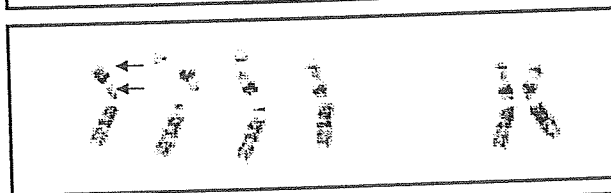
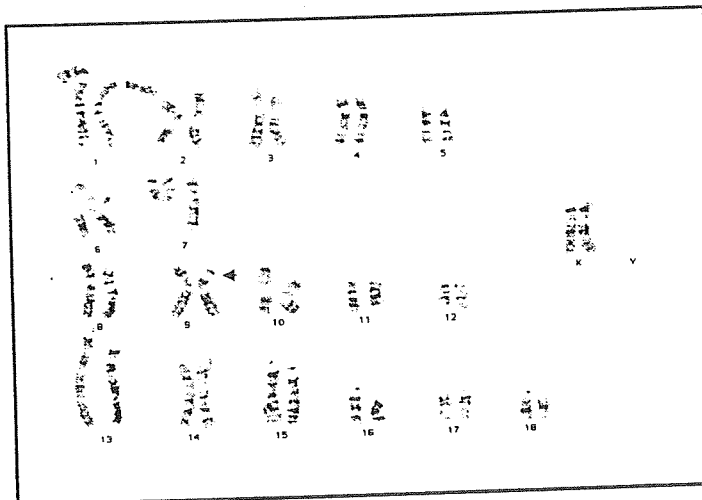
rcp(6;16)(q11;q11)



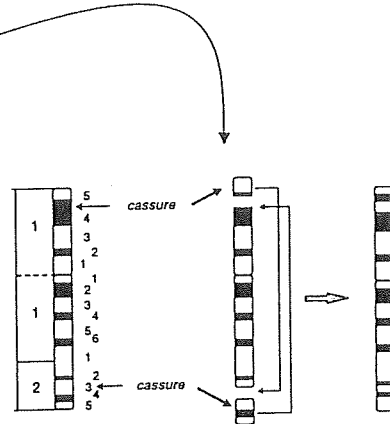
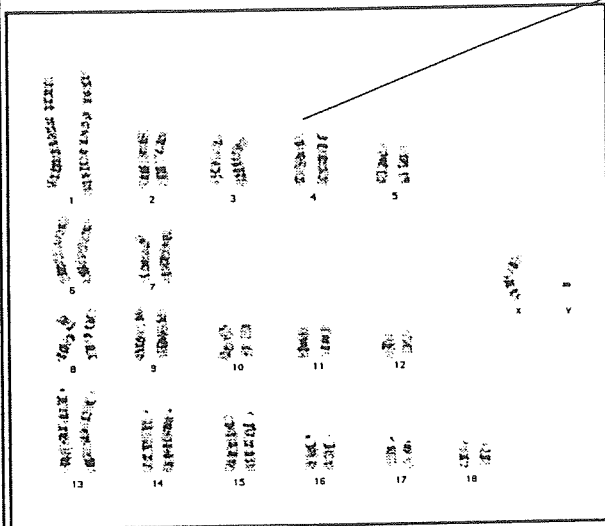
rcp(3;5)(p13.q23)



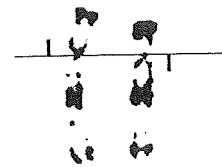
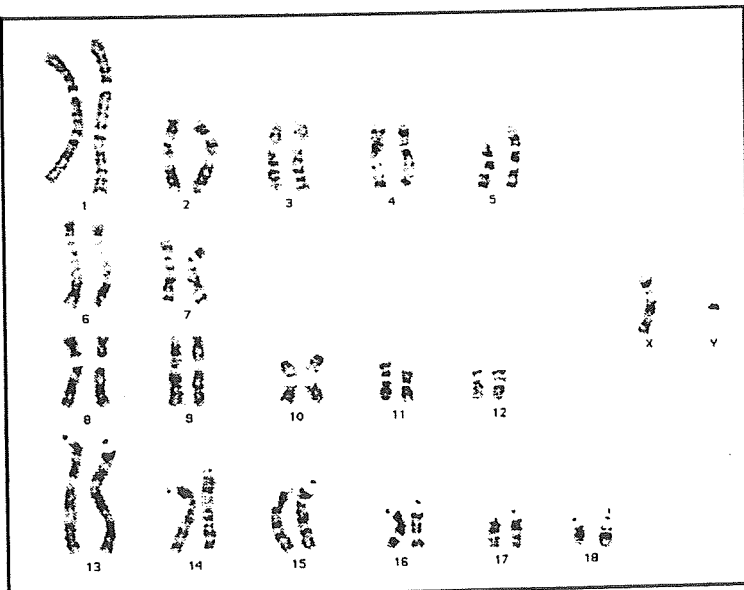
inv(9)(p12;p22)



inv(4)(p14;q23)



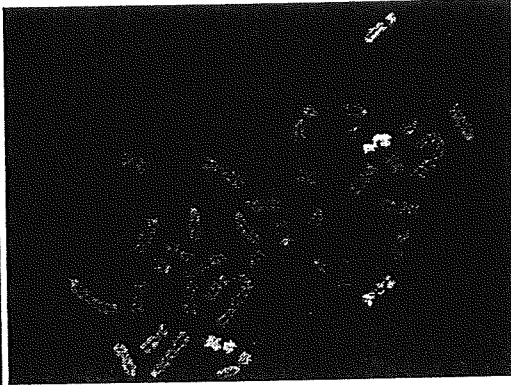
inv(2)(p13;q13)



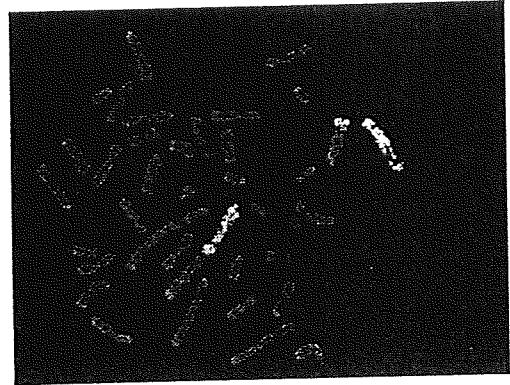
paire N° 2 en bandes RBG

Caractérisation des anomalies chromosomiques à l'aide des techniques de « peinture chromosomique » (1)

rcp(3;5)(p13;q23)



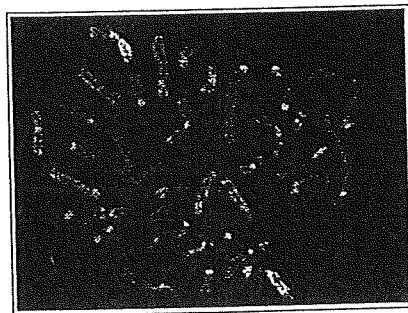
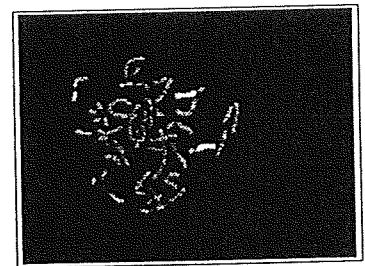
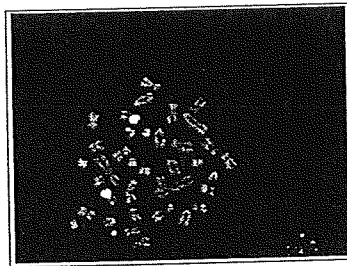
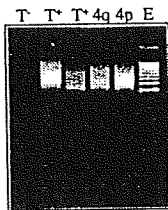
rcp(1;6)(q17;q35)



(Photos : Alain Pinton)

Caractérisation des anomalies chromosomiques à l'aide des techniques de « peinture chromosomique » (2)

inv4(p14;q23) ; sondes de peinture (bras chromosomiques microdisséqués)

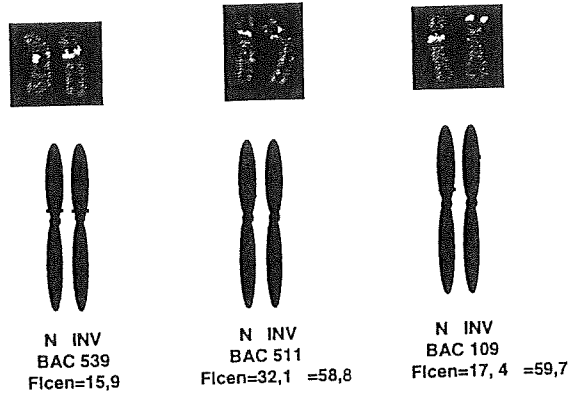


(Photos : Alain Pinton)

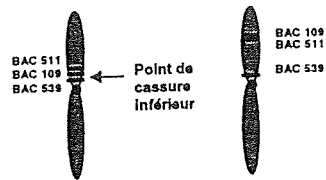
Caractérisation des anomalies chromosomiques à l'aide des techniques de FISH

inv9(p12;p22) ; sondes d'ADN cloné (BACs)

N : chromosome 9 normal
INV : chromosome 9 inversé

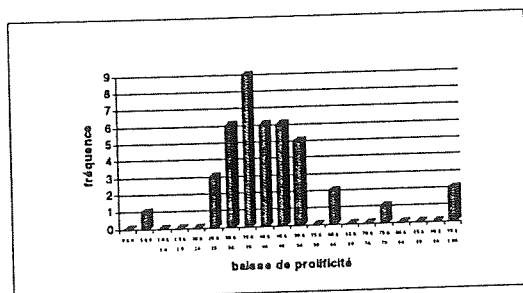
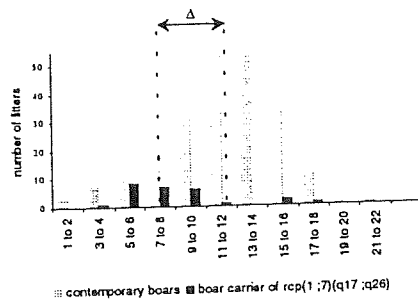


Position des marqueurs :

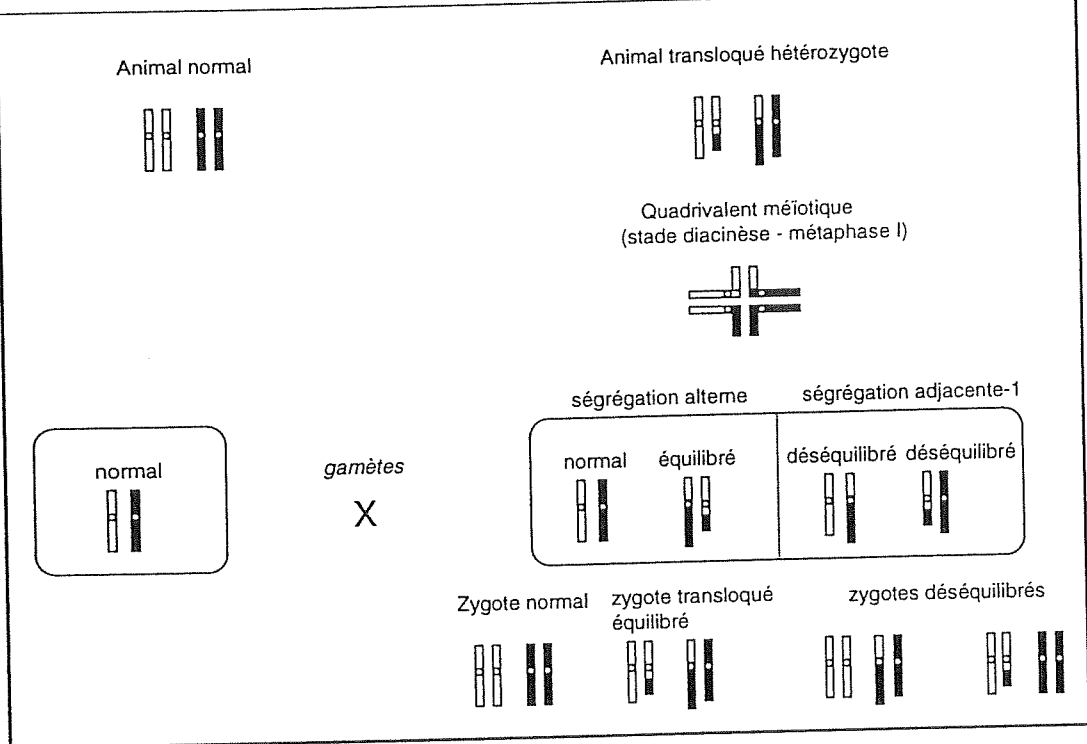


(Photos : Alain Pinton)

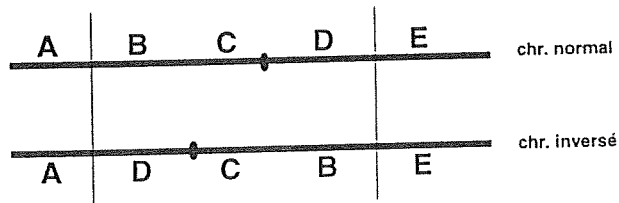
Cytogénétique : Applications ; Cytogénétique Clinique (4)



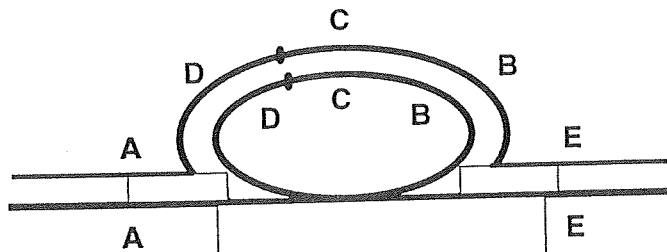
Cytogénétique : Applications ; Cytogénétique Clinique (5)



Cytogénétique : Applications ; Cytogénétique Clinique (6)

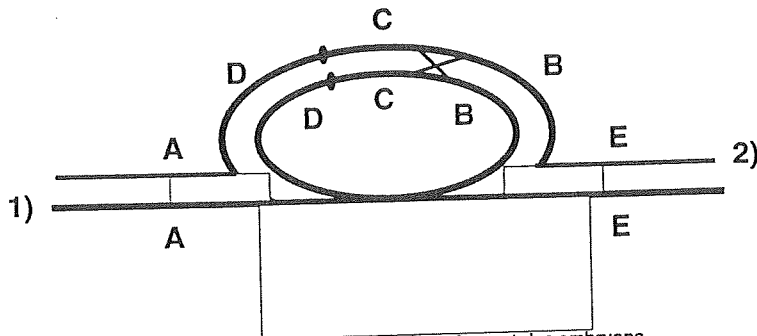


Formation d'une boucle d'inversion à la méiose

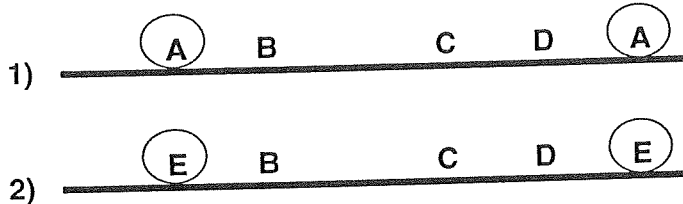


Cytogénétique : Applications ; Cytogénétique Clinique (7)

Si crossing-over dans la boucle ...



... on a des duplications/délétions partielles ... qui induisent la mort des embryons ...



Programmes de contrôle chromosomique dans l'espèce porcine

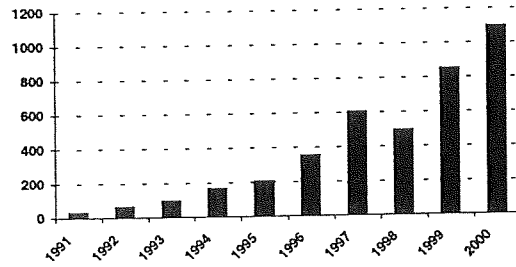
Contrôle « actif » *a priori*

- ☞ verrats de race pure en CIA
- ☞ verrats nés dans des petites portées (agrément)
- ☞ contrôle exhaustif dans quelques situations particulières (création d'une nouvelle lignée, éradication d'une anomalie ...)

Contrôle *a posteriori*

- ☞ verrats hypoprolifériques
 - verrats croisés (GTTT)
 - verrats de race pure (BLUP)
- cf Techniporc, 23(2), 19-24

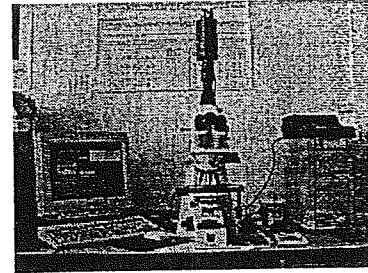
Evolution du nombre de caryotypes réalisés chez le porc de 1991 à 2001
au sein de l'UMR INRA-ENVT de Cytogénétique des Populations Animales



(N = 4391 au 24/04/2001)

Restructuration du laboratoire

+ 2 techniciennes
+ 6 stations « Cytovision » (1,2 MF)



Anomalies chromosomiques identifiées au sein de l'UMR INRA-ENVT de
Cytogénétique des Populations Animales (espèce porcine) – au 24/04/2001

Anomalie*	Date	motif du contrôle**	Race***	Sexe****	Effet sur la prolificité	Publication
rcp(11;13)(11q+;13q-)	1973	1	LW	M	Non Estimé	Ducos et al 1998a
rcp(1;9)(1p-;9p+)	1980	1	LW	F	Non Estimé	Ducos et al 1998a
rcp(1;6)(q1.2;q2.2)	oct-92	1	Ga	M	-56%	Ducos et al 1998a
rcp(3;13)(p1.5;q3.1)	mai-93	1	LW	M	-35%	Ducos et al 1998a
rcp(15;17)(q1.3;q2.1)	févr-94	1	LW	M	Non Estimé	Ducos et al 1998a
rcp(6;16)(q1.1;q1.1)	juin-94	1	LS	M	Non Estimé	Ducos et al 1998a
inv(4)(p1.4;q2.3)	juin-94	2	LW	M	nul	Ducos et al 1997
rcp(11;16)(p1.4;q1.4)	nov-94	1	LW x P	M	-30%	Ducos et al 1998a
rcp(9;15)(p2.4;q1.3)	nov-94	1	LW x LF	M	-41%	Ducos et al 1998a
rcp(6;14)(q2.7;q2.1)	mars-95	1	LW x P	M	-35%	Ducos et al 1998a
dup(9p+)	nov-95		LW	Intersexué		Non Publié
rcp(4;6)(q2.1;q2.8)	mars-96	2	LW	M	-10%	Ducos et al 1998b
rcp(3;5)(p1.3;q2.3)	juil-96	1	LF	M	-43%	Ducos et al 1998b
rcp(6;13)(p1.5;q4.1)	août-96	1	LW x P	M	-58%	Ducos et al 1998b
rcp(13;17)(q4.1;q1.1)	avi-97	1	LW x P	M	-34%	Ducos et al 1998b
rcp(2;14)(q1.3;q2.7)	mai-97	2	LF	F	Non Estimé	Ducos et al 1998b
39,X,Y,+18 (mosaïque)	mai-97	2	LF	M	Non Estimé	Non Publié
inv(1)(q1.8;q2.4)	déc-97	2	LW	M	nul	Non Publié
dup(14q+)	févr-98	2	LW	M	Non Estimé	Non Publié
inv(2)(p1.3;q1.1)	mars-98	3+1	croléé LS	M	-30%	Pinton et al 2000
rcp(1;7)(q17;q26)	janv-99	1	LW	M	-36%	Pinton et al 2000
rcp(4;12)(p13;q13)	mars-99	3	LS	M	Non Estimé	Pinton et al 2000
rcp(1;6)(q17;q35)	mars-99	2	LS	M	Non Estimé	Pinton et al 2000
inv(9)(p12;p22)	juil-99		LS	Intersexué		Non Publié
inv(15)(à préciser)	nov-99	2	croléé LS	M	Non Estimé	Non Publié
rcp(4;6)(q21;q14-15)	janv-00	1	P	M	Non Disponible	Non Publié
rcp(5;8)(p11;q11)	janv-00	2	LW	M	Non Estimé	Non Publié
rcp(15;17)	mars-00	2	LF	M	Non Estimé	Non Publié
inv(1)(p21;q21)	mai-00	2	LS	M	Non Estimé	Non Publié
rcp(7;8)(q24;q23)	juin-00	2	croléé 1/AMS	M	Non Estimé	Non Publié
rcp(2;6)(p15;q27)	oct-00	1	Yo	M	Non communiqué (NL)	Non Publié
rcp(5;17)(p12;q13)	oct-00	1	Yo	M	Non communiqué (NL)	Non Publié
rcp(5;8)(p11;p23)	nov-00	2	alno européen	M	Non Estimé	Non Publié
rcp(3;15)(à définir)	févr-01	2	LW	M	Non Estimé	Non Publié

* rcp = translocation réciproque, inv = inversion, dup = duplication
 ** 1) venant issu de petite portée, 2) analyse avant mise à la reproduction, 3) venant issu de petite portée
 *** LW Large White, LF Landrace Français, P Piétrain, LS Lignée Synthétique, Ga Gascon, MS Meishan, Yo Yorkshire
 **** Mâle, F-femelle

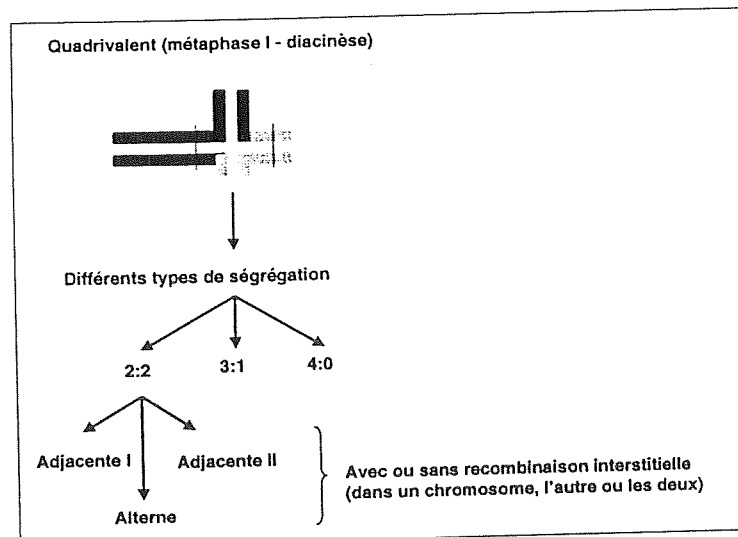
Problème : on réforme systématiquement les individus porteurs d'une anomalie chromosomique, sans connaître l'effet de cette anomalie (principe de précaution) ; peut diminuer l'efficacité d'un schéma de sélection

Projet : prédire l'effet potentiel des anomalies sur la reproduction pour raisonner l'utilisation des animaux porteurs

Stratégie : analyse des déséquilibres chromosomiques dans les gamètes d'individus porteurs hétérozygotes par les techniques d'hybridation *in situ* en fluorescence

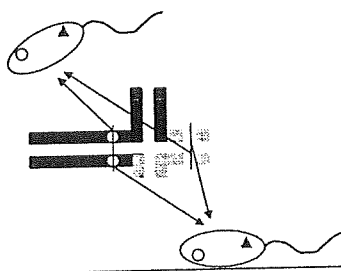
Intérêt des techniques de FISH pour mettre en évidence des déséquilibres chromosomiques dans les gamètes d'individus porteurs hétérozygotes d'anomalies chromosomiques

Exemple d'une translocation réciproque

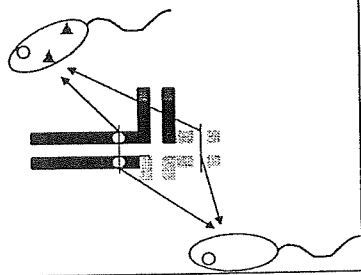


Exemple d'une translocation réciproque

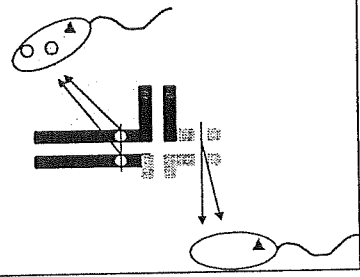
Ségrégation alterne



Ségrégation adjacente I



Ségrégation adjacente II



**Anomalies Héréditaires : projet INRA (DGA) de création d'un
« observatoire des anomalies génétiques des cheptels »**

Le problème ...

Anomalies	BLAD, syndrome Bulldog, CVM ...	(espèce bovine)
	Hernies ombilicales	(espèce porcine)

→ Limitent l'efficacité des programmes de sélection

Une solution ...



Mise en place d'un programme global de gestion des anomalies d'origine génétique

- épidémiologie
- caractérisation anatomo-pathologique
- coordination des travaux de localisation des gènes responsables
- conception et gestion des programmes d'éradication
- élaboration et suivi de programmes de prévention
- ...

**Cours Supérieur d 'Amélioration Génétique des animaux Domestiques
Cycle 2000/2001**

**7ème session
Amélioration génétique des porcs**

Rennes, 14-18 mai 2001

Variabilité génétique des caractères de reproduction

T. Tribout
Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale
Station de génétique quantitative et appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex - France

E-mail: tribout@dga.jouy.inra.fr
Web : <http://inra-sgqa.jouy.inra.fr>

Les caractères de reproduction : introduction

composante importante de la rentabilité d'un élevage porcin :

Ex : **nombre de porcelets sevrés / an** : caractère « évident »

coût du porcelet sevré $\approx \frac{\text{coût/truie/an} + \text{nb sevrés/an} \times \text{coût alim./porcel.}}{\text{nb sevrés/an}}$

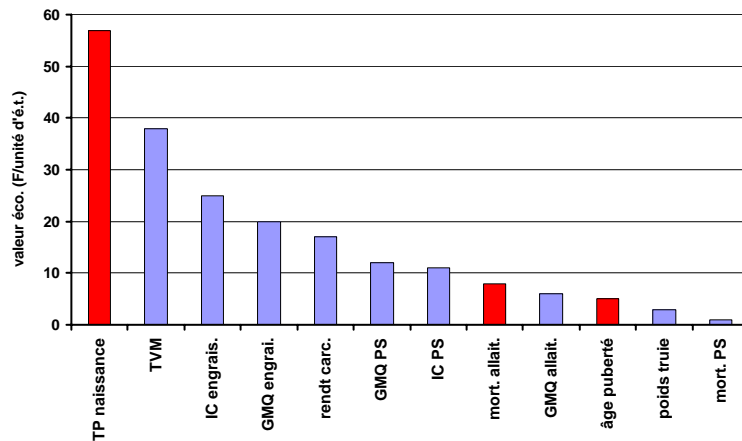
Ex' : **problèmes de reproduction** (femelles ou mâles)

truie impubère, verrat de CIA refusant de sauter, ...

↔ entretien d'animaux « non productifs » (aliment, bâtiment, ...)

Les caractères de reproduction : introduction

Valeur économique de divers caractères (d'après DUCOS, 1994)



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Les caractères de reproduction : introduction

→ caractères intéressants à améliorer

Pourtant, prise en compte tardive par les sélectionneurs :

- faible héritabilité
- croisement → hétérosis important

Actuellement, prolificité = caractère le plus important dans l'objectif de sélection des populations femelles

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Les caractères de reproduction : introduction

1. Caractères de reproduction femelles :

- inventaire et intérêt des divers caractères
- performances moyennes de diverses populations
- déterminisme génétique : polygènes / gènes majeurs – QTL
- importance et utilisation de l'hétérosis
- relations entre caractères de reproduction / production

2. Caractères de reproduction mâles :

- ...
- ...

3. Expériences de sélection sur les caractères de reproduction

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Caractères de reproduction femelles

Caractères de reproduction de la truie :

« ensemble des caractères dont la résultante est le nombre de porcelets sevrés annuellement par la truie (*productivité numérique = Pn*) »

$$Pn = \frac{NPS}{an} * NVIV/portée * (1 - TxMort NS) \quad (1999 : NPS/an = 2,4)$$

$$= \frac{365}{Gest + Lact + Issf} * NVIV/portée * (1 - TxMort NS)$$

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Caractères de reproduction femelles

→ par rapport à la vie reproductive de la truie (Pn') :

$$Pn' = \frac{\text{Nb portées} * \text{NVIV/portée} * (1 - \text{TxMort NS}) * 365}{I_{100\text{kg-1ere MB}} + (\text{Nb portées}-1) * I_{\text{MB-MB}} + I_{\text{dernMB-réforme}}}$$

Diagram illustrating the components of the female reproduction characteristics equation:

- prolificité** (red oval) points to **NVIV/portée**.
- aptitudes maternelles** (green oval) points to **(1 - TxMort NS)**.
- périodes improductives** (blue oval) points to **I_{100kg-1ere MB}** and **I_{MB-MB}**.

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

1. caractères déterminant la prolificité

- taux d'ovulation
- taux de fertilisation des ovules
- survie embryonnaire
- survie périnatale

$$Pn' = \frac{\text{Nb portées} * \text{NVIV/portée} * (1 - \text{TxMort NS}) * 365}{I_{100\text{kg-1ere MB}} + (\text{Nb portées}-1) * I_{\text{MB-MB}} + I_{\text{dernMB-réforme}}}$$

Diagram illustrating the components of the female reproduction characteristics equation:

- survie périnatale** (red arrow) points to **NVIV/portée**.

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

1. caractères déterminant la prolificité

niveaux de performances moyens

	racés européennes (Large White)	racés chinoises (Meishan)
taux d'ovulation	13,7 à 20,7 ov. moy = 16,3 ov.	9,2 à 27,8 ov. moy = 19 ov.
taux de fertil. des ovules	≈ 100%	≈ 100%
survie embryonnaire	55,9 à 68,8 % moy = 63,9 %	58,3 à 77,9 % moy = 67 %
Nés totaux par portée	<u>LWF</u> <u>LWM</u> <u>LF</u> <u>PP</u> 13,2 11,9 12,3 10,4 p.	≈ 14,5 p.
survie péri-natale	90,9 91,6 91,1 93,3 %	91,6 à 97 %
Nés vivants par portée	12,0 10,9 11,2 9,7 p.	≈ 13,3 p.

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

1. caractères déterminant la prolificité

Héritabilité des caractères

caractères les plus héréditaires = caractères « **simples** »

taux d'ovulation, âge à la puberté ← **génomé de la truie**

sélection plus efficace ?

caractères les moins héréditaires = caractères « **complexes** »

nombre nés vivants, ... ← **génomé de la truie**
 ← **génomé du verrat**
 ← **génomé des porcelets**

sélection moins efficace ?

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

1. caractères déterminant la prolificité

Héritabilité des caractères

	héritabilité
taux d'ovulation	≈ 0,32
survie embryonnaire	≈ 0,15
Nés totaux par portée	≈ 0,11
Nés vivants par portée	≈ 0,09

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

2. Caractères d'aptitudes maternelles

- nombre de bonnes tétines
- quantité/composition du colostrum
- quantité/composition du lait
- comportement de la truie / porcelets

$$Pn' = \frac{\text{Nb portées} * \text{NVIV/portée} * (1 - \text{TxMort NS}) * 365}{I_{100\text{kg-1ere MB}} + (\text{Nb portées}-1)*I_{\text{MB-MB}} + I_{\text{dernMB-réforme}}}$$

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

2. Caractères d'aptitudes maternelles niveaux de performances moyens

	races européennes		races chinoises	
	Large White / Landrace		Meishan Jiaxing	
Nombre total de tétines	14,4	14,5		
Nbre de bonnes tétines	14,1	14,2	16,2	19
Nbre de fausses tétines	0,3	0,3		
Production de lait	≈ 9 kg/j pour 10 porcelets +0,5 kg/j / porcel. suppl			
Nbre sevrés par portée	<u>LWF</u>	<u>LWM</u>	<u>LF</u>	<u>PP</u>
	10,3	9,5	9,9	8,5 p.
			(Meishan)	≥11,3

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

2. Caractères d'aptitudes maternelles Héritabilité des caractères

	héritabilité
Nombre total de tétines	≈ 0,32
Nbre de bonnes tétines	≈ 0,22
Production de lait	≈ 0,27 (York et Robison, 1985)
Nbre sevrés par portée	≈ 0,07
comportement maternel	≈ 0,20 0,30 ?

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

3. Caractères déterminant la durée des périodes improductives

$$Pn' = \frac{\text{Nb portées} * \text{NVIV/portée} * (1 - \text{TxMort NS}) * 365}{I_{100\text{kg-1ere MB}} + (\text{Nb portées}-1)*I_{\text{MB-MB}} + I_{\text{dernMB-réforme}}$$

- durée de la gestation : très peu de variabilité
- durée de la lactation : facteur d'élevage
- âge à la puberté
- facilité de détection de la chaleur (cochettes)
- intervalle sevrage – retour en chaleur
- taux de réussite de la fécondation

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

3. Caractères déterminant la durée des périodes improductives

niveaux de performances moyens

	racés européennes	racés chinoises
	(Large White)	(Meishan)
Âge à la puberté	≈ 197 j	≈ 92 j
Intensité des chaleurs		
Intervalle sevrage - oestrus	≈ 7,5 j	≈ 5,2 j
Intervalle sevrage – saillie fécondante	<u>LWF</u> <u>LWM</u> <u>LF</u> <u>PP</u> 9,3j 10,2j 10,2j 12j	

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

3. Caractères déterminant la durée des périodes improductives

Héritabilité des caractères

	héritabilité
Âge à la puberté	≈ 0,33
Intensité des symptômes vulvaires	≈ 0,24
réflexe d'immobil. passage verrat	≈ 0,29
Intervalle sevrage – oestrus	≈ 0,25
Intervalle sevrage – saillie fécondante	≈ 0,23

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

QTL impliqués dans les caractères de reproduction femelle

caractères de reproduction :

- faiblement héritables
- caractères exprimés dans un seul sexe
- caractères exprimés tardivement (+ plusieurs portées ...)
- caractères parfois difficiles à mesurer (production laitière)

→ intérêt potentiel de la sélection assistée par marqueurs pour les caractères de reproduction

abondance de marqueurs chez le porc

→ recherche de QTL sur la reproduction

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

**Principaux gènes individuels détectés / suspectés
caractères de reproduction femelles (1)**

caractère	chrom	position (cm)	effet additif	effet de dominance
prolificité (SE) : ESR	1	19	1,15 p	0,5 p
âge à la puberté	1	105	9,35 j	- 5,49 j
nombre de tétines	1	115	0,17	0,7
durée de gestation	1	94	1,18 j	0,62 j
long. cornes utér J30	1	68	0,34 m	
nbre corps jaunes	3	36	- 2,2	0
nbre de morts nés	4	4	- 0,31 p	- 0,57 p
nbre de tétines	4	11	0,47	

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

**Principaux gènes individuels détectés / suspectés
caractères de reproduction femelles (2)**

caractère	chrom	position (cm)	effet additif	effet de dominance
long. cornes utér	5	42	0,87m	- 0,31m
nbre de morts nés	5	85	-0,87	1,13
taux d'ovulation	5	128	-0,36	
nbre de nés totaux	6	104	-0,81	1,94
nbre de tétines	6	145	-0,35	0,17

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

**Principaux gènes individuels détectés / suspectés
caractères de reproduction femelles (3)**

caractère	chrom	position (cm)	effet additif	effet de dominance
âge à la puberté	7	4	- 2,4 j	10,5 j
âge à la puberté	7	55	- 3,2 j	- 10,8 j
nbre de tétines	7	59	- 0,2	- 0,41
nbre de tétines	7	120	± 0,38	
long. cornes utér	7	154	0,20m	- 1,8m
nbre corps jaunes	7	156	2,57	1,33

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

**Principaux gènes individuels détectés / suspectés
caractères de reproduction femelles (4)**

caractère	chrom	position (cm)	effet additif	effet de dominance
nbre de corps jaunes	8	5	- 2,87	0
nbre de tétines	8	19	- 0,29	0,36
nbre de corps jaunes	8	50	- 1,20	- 1,76
âge à la puberté	8	70	7,7 j	7,4 j
capacité utérine	8	71	1,99	1,43
nbre de corps jaunes	8	110	3,07	- 5,35
âge à la puberté	8	110	7,1 j	- 2,6 j
âge à la puberté	8	110	7,2 j	- 10,6 j
poids des ovaires	8	122	1,04 g	0,26 g

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

**Principaux gènes individuels détectés / suspectés
caractères de reproduction femelles (5)**

caractère	chrom	position (cm)	effet additif	effet de dominance
nbre de corps jaunes	9	11	- 0,25	1,16
nbre de corps jaunes	9	67	- 1,98	0,10
pds cornes utérines	9	105	80 g	
durée de gestation	9	130	1,52 j	- 2,34 j
nbre de corps jaunes	10	89	- 2,26	- 1,22
âge à la puberté	10	125	- 27,58 j	- 10,20 j
nbre de tétines	11	45	- 0,03	0,68
nbre de nés totaux	11	51	- 0,86	- 0,04
nbre de nés vivants	11	67	- 0,83	- 0,66

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

**Principaux gènes individuels détectés / suspectés
caractères de reproduction femelles (6)**

caractère	chrom	position (cm)	effet additif	effet de dominance
âge à la puberté	12	15	- 5,4 j	- 0,89 j
long cornes utér.	13	53	- 0,27m	
nbre de morts nés	13	101	- 0,43	- 0,5
long cornes utér.	13	105	- 0,12m	
nbre de corps jaunes	15	79	2,44	0,25
durée de gestation	15	89	1,86 j	1,01 j
nbre de corps jaunes	15	100	- 0,81	3,84
nbre de tétines	16	40	0,37	

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Principaux gènes individuels détectés / suspectés caractères de reproduction femelles

Bilan

- QTL détectés pour la plupart des caractères de reproduction
- résultats non concordants entre les différentes études

↔ SAM intra-population, introgression de gènes de populations chinoises dans les popul. européennes : **intérêt potentiel ...**

MAIS, en général, pas d'application immédiate possible :

- vérifier résultats + affiner position des QTL détectés
- vérifier le polymorphisme dans la population sélectionnée
- introgression : vérifier effet du QTL dans popul. receveuse

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Relations entre caractères de reproduction femelles

corrélations génétiques

	taux ovul.	nés totaux	nés vivants	survie nais-sev	nbre sevrés	survie embr.
âge puberté	-0,08	0,04	0,04	0,08	0,10	
taux ovul.		0,08	0,25	-0,38	0,10	<i>Défav.</i>
nés totaux			0,91	-0,11	0,73	<i>favor.</i>
nés vivants				0,16	0,81	<i>favor.</i>
survie nais-sev					0,53	
nb tétines (fonc)		≈0	≈0	0,45	0,34	
prod. lait		<i>favor.</i>	<i>favor.</i>	<i>favor.</i>	<i>favor.</i>	
fertilité		<i>favorable avec l'ensemble des caractères ?</i>				

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Relations entre caractères de reproduction femelles et caractères de production

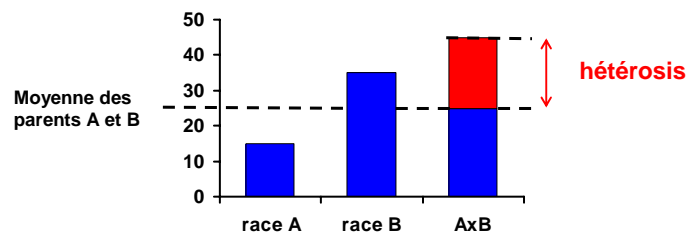
relations en général nulles ou faibles :

	vitesse de croissance	teneur muscle de la carcasse	qualité de la viande
âge à la puberté	favorable (-0,2)	<0, >0, =0	<0 avec PG
taille de portée	-0,2 à +0,2	0 à -0,3	= 0 avec PG
fertilité	Faible et incertain ?		?
nombre de tétines	≈ indépendant		?
longévité	≈ indépendant ?		?

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Importance de l'hétérosis sur la reproduction

hétérosis : avantage d'un individu croisé par rapport à la moyenne des performances de ses parents

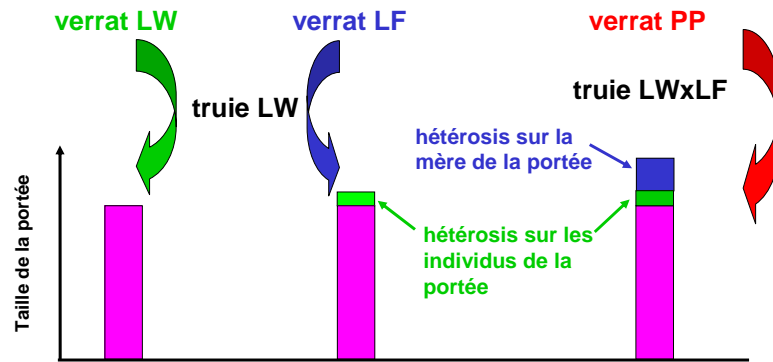


Origine de l'hétérosis : fréquence élevée des individus hétérozygotes dans la population

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Importance de l'hétérosis

hétérosis sur les porcelets / hétérosis sur la mère



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Importance de l'hétérosis

<i>(hétérosis entre populations européennes)</i>	hétérosis	
	porcelets	troupe
âge à la puberté		- 11,3 j (5%)
intervalle sevrage-saillie fécond.		(- 16 % ?)
taux d'ovulation		0,52 ov (3%)
taille portée à 30 jours de gestation	0,39 p	0,73 p
taille portée à la naissance	0,24 p	0,66 p (6%)
taille portée au sevrage	0,49 p	0,84 p (8%)
taux de survie embryonnaire	- 1,1 %	6,7 %
taux de survie naissance-sevrage	5,8 %	5,0 %
production de lait		+ 15 à 20 %

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Importance de l'hétérosis

Intérêt d'une truie parentale croisée

verrat LF x truie LW



portée LWxLF

truie LWxLF

x

verrat race C

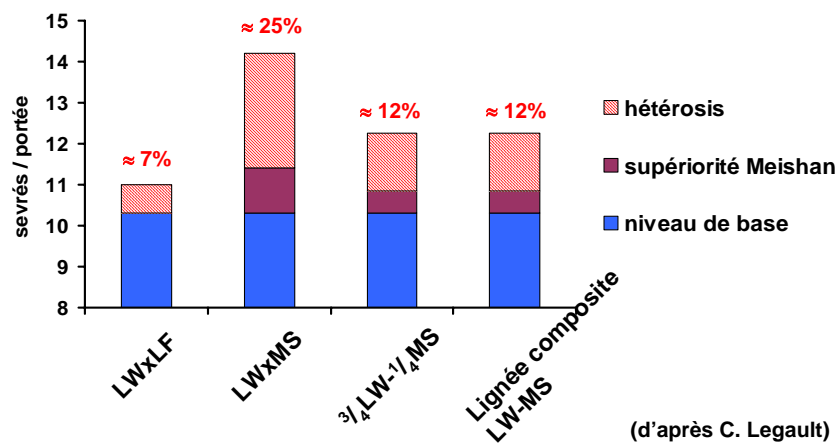


produit terminal

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Importance de l'hétérosis

Importance des types génétiques et des croisements réalisés



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Caractères de reproduction mâles

« ensemble des caractères dont la résultante est le nombre de portées/porcelets produits par le verrat annuellement ou au cours de sa carrière » *(par analogie avec la femelle ?)*

NB : définition imparfaite car utilisation dépend de la valeur génétique du verrat (race pure)

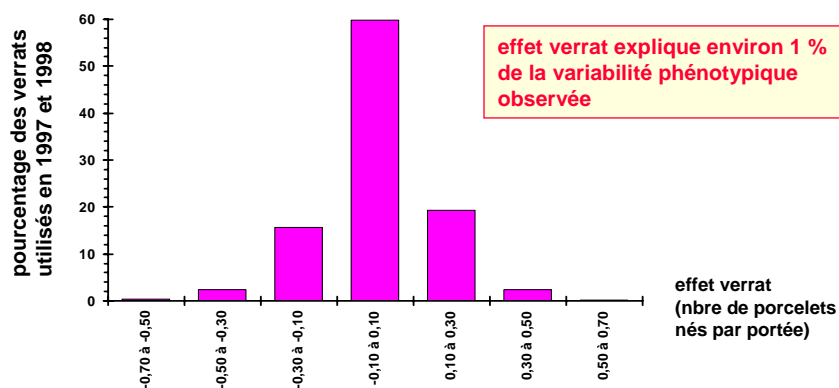
Reproducteur présent en ferme / en CIA

- **nbre doses produites** au cours de la carrière
- **fertilité** du verrat (conception / saillies)
- **effet direct** du verrat **sur la taille de portée** (effet faible)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Effet direct du verrat sur la taille de portée

Effet verrat dans le modèle d'analyse de la taille de la portée



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Effet direct du verrat sur la taille de portée

Autre approche :

taille de la portée = performance du verrat

- fertilisation des ovules ?
- survie des embryons ?

→ Estimation de paramètres génétiques

héritabilité très faible : < 0,04

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Caractères de reproduction mâles

- collecte hebdomadaire (demande)
- qualité de l'éjaculat (mobilité, motilité)
- aptitude au saut
- volume de l'éjaculat
- nb spz totaux
- concentration

$$\text{nbre doses / carrière} = \frac{\text{nb collectes util./an} * (\text{nb dose/collecte}) * 365}{\text{âge à la réforme} - \text{âge 1ère collecte}}$$

- persistance de la production
- valeur génétique *
- « âge à la puberté »
- aptitude au saut

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Caractères de reproduction mâles

« maturité sexuelle » = phénomène « diffus » (≠ femelles) :

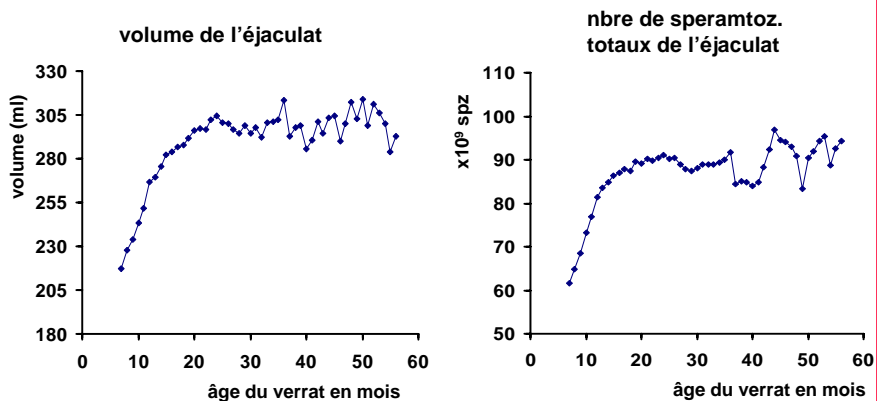
- croissance testiculaire (poids) :
 - 10 g à 100 j
 - 200 g à 200 j
- 1^{ers} spz dans testicules : 120 à 150 jours (< asiat.)
- début maturation épидидymaire : ≈ 180 jours

	LW	LF	PP
Volume de l'éjaculat (ml)	289	282	240
Nbre total de spz par éjaculat (10 ⁹)	98,4	75,7	66,3
Concentration de l'éjaculat (x10 ⁶ /ml)	364	285	283
% de spz mobiles dans éjaculat	≤ 85 % (CIA)		

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Caractères de reproduction mâles

La production de semence augmente avec l'âge du verrat



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Caractères de reproduction mâles

appréciation de la production spermatique du verrat

1. méthodes histologiques :

estimation du nb de spermatozoïdes présents sur coupe
estimation volume des testicules

→ précis mais nécessite abattage de l'animal ou biopsie

2. Collectes répétées :

collectes répétées → épuisement des réserves épidid.
collecte ≈ production journalière de sperme

→ n'affecte pas l'aptitude à la reproduction

3. méthode indirecte :

estimation à partir des dimensions testiculaires

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Caractères de reproduction mâles

Héritabilité des caractères

	héritabilité
Largeur des testicules	≈ 0,37
Longueur des testicules	≈ 0,33
Poids des testicules	≈ 0,44
Poids de l'épididyme	≈ 0,33
Longueur des glandes de Cowper	≈ 0,61
Nombre de spermatoz/éjaculat	≈ 0,37
Motilité des spermatozoïdes	≈ 0,17
« ardeur sexuelle »	≈ 0,15

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

QTL impliqués dans les caractères de reproduction mâles

Peu de résultats disponibles :

caractère	chrom	position (cm)	effet additif
pds vésicules séminales	3	58	30 g
poids des testicules	17	50	40 g

Hal : **allèle N** : - volume éjaculat plus faible ?
- nbre spz totaux plus faible ?
- meilleure qualité de semence
allèle n : - effet favorable sur nés totaux ?

} **Pas de tendance nette ...**

Gène à effet majeur sur la taille des glandes de Cowper
& la teneur en androsténone des tissus gras

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Effet d'hétérosis sur les caractères de reproduction

Avantage verrat croisé / verrat de race pur pour :

- taille & poids des testicules (≈ 10% ?)
- volume éjaculat (≈ 10%)
- concentration éjaculat (écart diminue avec l'âge)
- motilité (≈ 3%) , % spz anormaux (≈ -0,8%)
- ardeur sexuelle
- réussite au 1er saut
- taux de conception au 1er service (≈ + 17 %)

↔ **maturité sexuelle plus précoce** des verrats croisés

MAIS, intérêt (repro) du verrat parental croisé diminue avec l'âge

Pas d'avantage notable sur la taille de portée

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Relations entre caractères de reproduction mâles et caractères de production

Peu de résultats :

	vitesse de croissance (à âge fixe)	teneur muscle de la carcasse	qualité de la viande
taille des testicules	favorable	faible et variable	
teneur en testostérone	favorable		
taille des glandes de Cowper			défavorable (teneur en androsténone)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Résultats d'expériences de sélection

1. Sélection sur la taille de portée :

- Ollivier et Bolet, 1981 (France) : sélection directe

➡ pas de progrès : +0,26 porcelets après 11 génér.

2. Sélection sur taux d'ovulation / survie embryonnaire :

- Cunningham et al, 1979 (Nebraska) : 9 génér.

➡ +3,7 ovules ; +0,8 porcelets / portée

- Bidanel et al, 1996 (France) : 4 génér.

1 lignée sélect. pour augmenter taux ovulation

1 lignée sélect. pour augmenter la survie embryon.

➡ pas de progrès sur la taille de portée

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Résultats d'expériences de sélection

3. Sélection sur taux d'ovulation ET survie embryonnaire :

- Johnson et al, 1984 : 5 générations

➡ Progrès significatif : +0,19 porcelet/génération

4. Sélection sur poids des testicules :

- Johnson et al, 1994 : 10 générations

sélection pour augmenter poids des testicules à 150 j

➡ Augmentation poids testicules et épидидyme
augmentation concentration spz dans semence
augmentation production de spermatozoïdes
production de semence plus précoce

(pas d'effet significatif sur puberté femelle ni TO)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Résultats d'expériences de sélection

Constitution d'une lignée hyperprolifique

taille de portée = faiblement héritable

➡ peu de progrès à attendre par sélection intra-troupeau

➡ Legault et al (INRA) à partir de 1973 :

recherche de truie « hyperprolifiques » dans l'ensemble des élevages suivis par le programme GTTT (40% des portées)

Au minimum +1,6 porcelets par portée / contemporaines

BASE DE SELECTION = POPULATION ENTIERE

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Résultats d'expériences de sélection

Constitution d'une lignée hyperprolifique (2)

fils de truies hyper x truies hyper



fils de truies hyper x truies hyper



Après quelques générations, **pool de verrats « élite » en CIA**
disponibles pour l'ensemble des sélectionneurs

Importance de l'**insémination artificielle** pour **diffuser le progrès**

(principe repris en Landrace Français)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Résultats d'expériences de sélection

Utilisation des races chinoises (1)

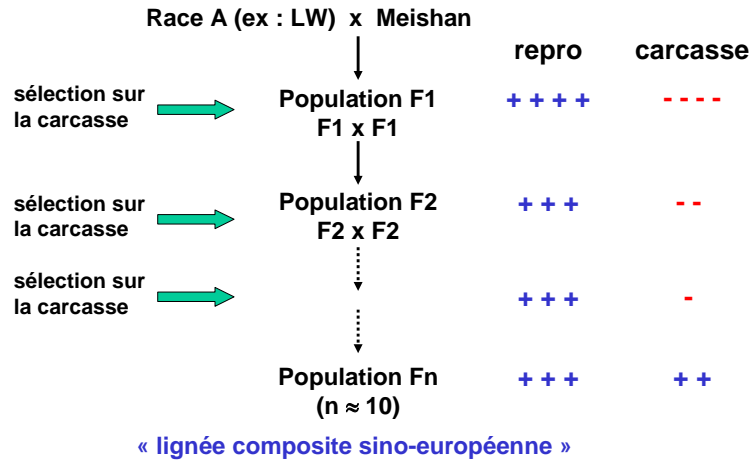
Races chinoises : **prolificité et qualités maternelles**
 hétérosis important avec races europ.

MAIS : gain de Pn (+5 à 8 servés/truie/an) ne compense pas la
dégradation des performances de carcasse d'un porc
charcutier 1/4 chinois

années 80 : début de constitution de lignées sino-européennes
en France

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

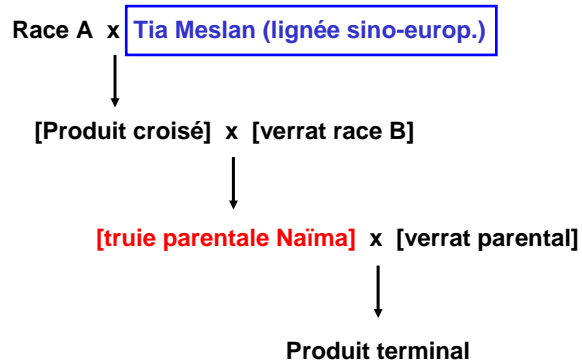
Résultats d'expériences de sélection



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Résultats d'expériences de sélection

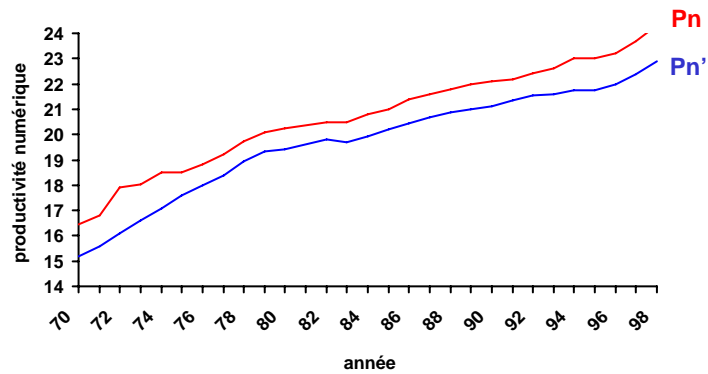
Exemple d'utilisation de lignée sino-européenne



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Évolutions des performances de reproduction (GTTT)

Évolution de la productivité numérique par année de vie reproductrice (Pn) et par année de présence (Pn')

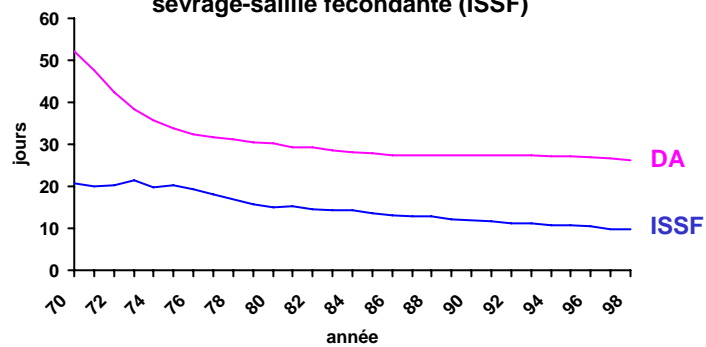


gain de plus de 7 porcelets sevrés/truie/an depuis 1970

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Évolutions des performances de reproduction (GTTT)

Évolution de la durée d'allaitement (DA) et de l'intervalle sevrage-saillie fécondante (ISSF)

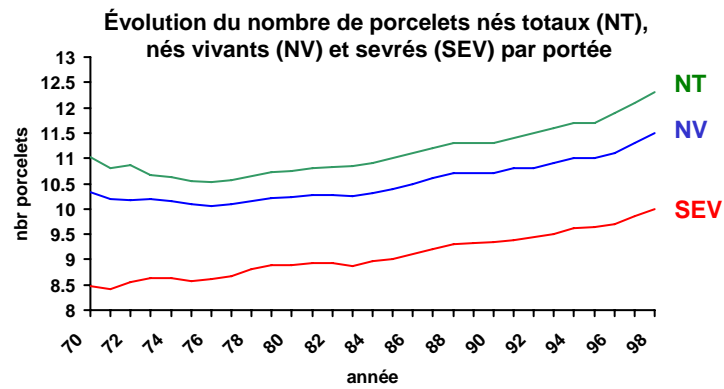


70 à 78 : réduction très forte de la DA (- 3 semaines)

75 à 85 : diminution ISSF grâce à meilleure conduite élevage

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

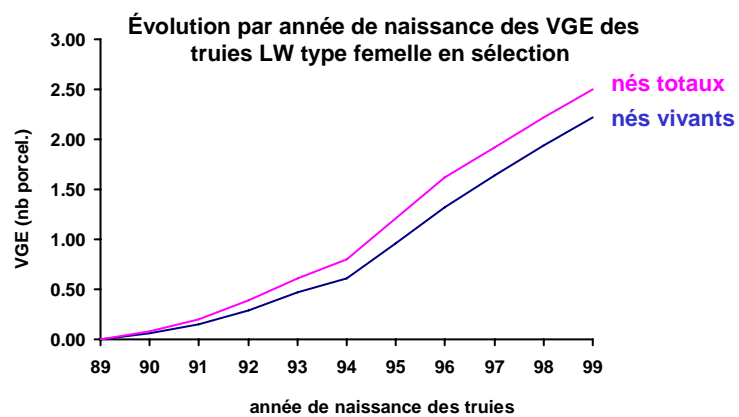
Évolutions des performances de reproduction (GTTT)



- amélioration de la survie des porcelets par techniques d'élevage
- hétérosis sur NT, NV et aptitudes maternelles sur truies croisées
- années 90 : diffusion des gènes hyperprolififiques
progrès génétique étage de sélection

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Évolutions génétiques estimées en race pure



Progrès génétique important : lignées hyper + éval. BLUP-MA (depuis 1996)

(Source : évaluation nationale BLUP-reproduction)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

CONCLUSIONS

Caractères de reproduction : pas uniquement taille de la portée

- nombreux caractères : héritabilité parfois élevée

→ amélioration par sélection envisageable

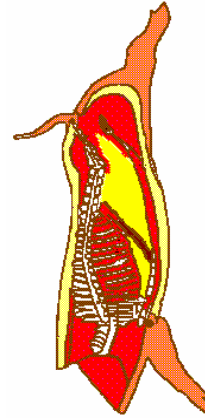
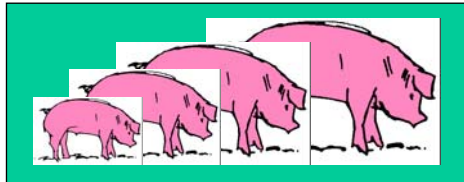
Impossibilité d'inclure tous les caractères dans objectif

→ besoin de résultats économiques pour hiérarchiser

- taille de portée : toujours très important économiquement

→ la sélection sur la prolificité va continuer

prochains caractères à améliorer : **aptitudes maternelles** ?



Définition,
Importance économique,
Variabilité,
Méthodes de mesure

Quels caractères ?

Caractères économiquement importants, que l'on souhaite améliorer à l'étape de production

Objectifs majeurs :

- limiter les coûts de production du porc charcutier
(*efficacité alimentaire, vitesse de croissance*)
- augmenter la valeur d'usage du porc charcutier
aspects quantitatifs (*rendement à l'abattage*)
aspects qualitatifs (*pourcentage de muscle*)

$$H = \text{Prix de vente de la carcasse} - \text{Coût d'engraissement}$$

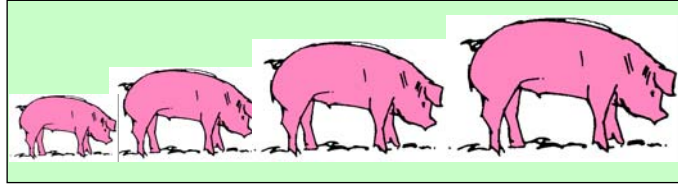
Quels caractères ? (suite)

En conséquence, 2 groupes de caractères de production dans les objectifs de sélection :

- **Vitesse de croissance** :
 - Gain Moyen Quotidien en engraissement
- **Efficacité alimentaire**
 - Indice de consommation en engraissement
- **Composition corporelle** :
 - Rendement de carcasse
 - Teneur en Viande Maigre

La vitesse de croissance est impliquée dans les coûts de production du porc charcutier : elle conditionne le temps de présence de l'animal

→ **Durée d'Engraissement**



Particularités du porc :

- Poids de naissance doublé en 8 jours
- X5 en 3 semaines
- X20 en 8 semaines
- X80 en 6 mois !!

Courbe de croissance sigmoïde, avec un point d'inflexion au moment de la puberté.

Caractères mesurés :

- Gain Moyen Quotidien (GMQ) en grammes/jour sur la période 35kg - 100 kg
- Age à 100 kg (en jours)
- Age à 100 kg corrigé (en jours)

Variabilité du Gain Moyen Quotidien

CARACTERE	intra race	VARIATION
	(4 écarts types)	entre races (extrêmes)
GMQ	300	200 (race Zanzhu) à 900 (race Large White)

Résultats nationaux 1999 : 758 g/j (naisseurs-engraisseurs)

**Populations LGPC
 Année 2000**

	Age100	GMQ 35-100kg
Large White lignée femelle	155 j	945 g/j
Landrace Français	155 j	914 g/j
Large White lignée mâle	148 j	957 g/j
Piétrain	159 j	802 g/j

Le coût d'engraissement (de 20 à 100 kg) dépend essentiellement de la **durée d'engraissement** et de l'**efficacité alimentaire**

$$CE = (DE \times C1J) + 80 \times IC \times Pal$$

CE : coût d'engraissement

DE : durée d'engraissement = 80/GMQ

C1J : coûts non alimentaires d'une journée en engraissement

IC : indice de consommation

Pal : prix d'un kilo d'aliment

Indice de consommation :

Nombre de kg d'aliment nécessaire pour fabriquer 1 kg de poids vif

S'exprime en kg/kg

Caractère mesuré en station (populations LGPC) à l'aide d'un système d'automates de mesure de la consommation alimentaire



Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

CARACTERE	VARIATION	
	intra race (4 écarts types)	entre races (extrêmes)
INDICE DE CONSOMMATION	0,9	2,7 (race Large White) à environ 6

Résultats nationaux 1999 : IC = 2,82 kg/kg
Prix moyen d'1 kg d'aliment = 1,09 FF

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

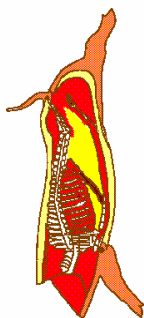
Rennes, 14-18 mai 2001

Populations LGPC
Année 2000

IC
(35-100 kg)

Large White lignée femelle	2,71 kg/kg
Landrace Français	2,79 kg/kg
Large White lignée mâle	2,64 kg/kg
Piértrain	2,53 kg/kg

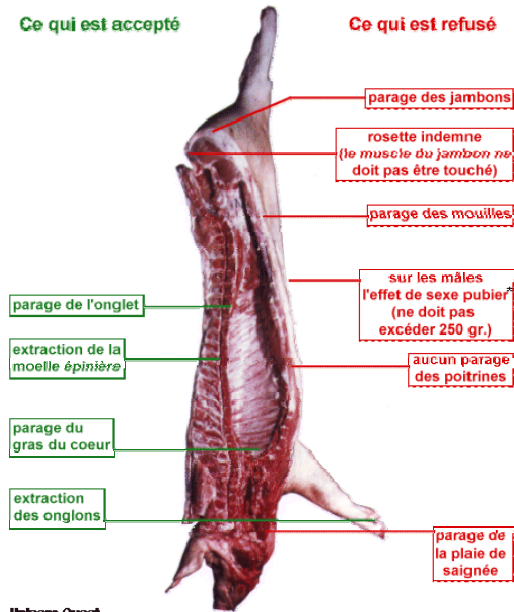
La carcasse



"Corps d'un porc abattu, saigné et éviscéré,
entier ou divisé par le milieu, sans la langue, les soies,
les onglons et les organes génitaux, la panne, les
rognons et le diaphragme"
(règlement CEE n°3220/84, modifié par le règlement n°3513/93)

Paiement d'un lot à l'abattoir selon :

- le **taux de viande maigre**
- la **taille du lot**
- l'accès au quai et les facilités d'embarquement
- la situation géographique (proximité des abattoirs, nature des axes routiers, etc..)



Uniporc-Ouest

* Peser 20 pubiers et faire la moyenne

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

La carcasse

Composition de la carcasse de porc : 3 principaux tissus

- **OS** : proportion stable (13 à 14 % de la carcasse)
- **MUSCLE** : 36% dans la région dorso-lombaire, 30% dans les membres postérieurs, 22% dans les membres antérieurs, 11% dans la région ventrale.
- **GRAS** : teneur 2 à 3 fois inférieure à celle du muscle, réparti en gras sous-cutané (61 %), gras intermusculaire (32%) et gras péri rénal (7 %).

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

La carcasse

Qualité de carcasse = notion complexe

Pour les abatteurs : importance du développement musculaire

Pour les transformateurs : compromis entre teneur en muscle et qualités technologiques, voire organoleptiques

Qualité de la viande : de + en + importante, mais n'entre pas à l'heure actuelle dans le paiement au producteur

La carcasse

Grille communautaire de classement :

- imposée par l'UE pour assurer un paiement équitable aux producteurs sur la base du **poids** et de la **composition corporelle** des porcs
- basée sur la teneur en viande maigre estimée
- laisse la possibilité d'utiliser d'autres critères pour estimer la valeur commerciale des carcasses

La carcasse

Marché du Porc Breton (MPB) : référence dans la zone Uniporc Ouest (Bretagne, Pays de Loire, Poitou-Charentes, Normandie, Centre, soit 75 % des abattages).

Paiement des porcs : régi par des accords interprofessionnels régionaux, toujours basé au moins sur 2 critères : le poids de carcasse et la TVM.

MPB : fait référence concernant le prix de base et la grille de paiement (sauf en région Midi-Pyrénées), tandis que le paiement selon le poids de carcasse est davantage régionalisé.

La carcasse

Grille EUROP

TVM estimée	Classe
55 et +	E
50 à moins de 55	U
45 à moins de 50	R
40 à moins de 45	O
moins de 40	P

La carcasse

Les méthodes de classement (1)

1) **CGM** (Capteur Gras-Maigre) : mesures par réflectance

2 sites de mesure (à chaud) :

entre les 3 et 4èmes dernières vertèbres lombaires, à 8 cm de la ligne médiane dorsale : **G1** (gras lombaire)

entre les 3 et 4èmes dernières côtes, à 6 cm de la ligne médiane dorsale **G2** (gras costal) et **M2** (muscle costal).

Femelles :

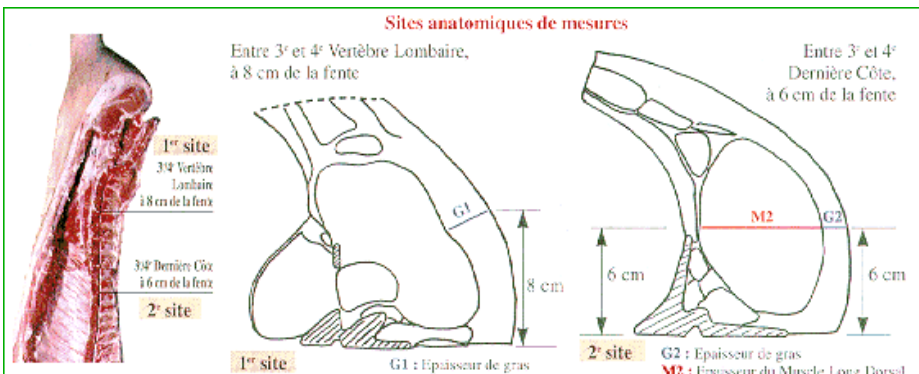
$$TVMest. = 61,68 - 0,142 G1 - 0,449 G2 + 0,154 M2$$

Mâles castrés :

$$TVMest. = 58,15 - 0,198 G1 - 0,570 G2 + 0,255 M2$$

La carcasse

Sites anatomiques de mesures



La carcasse

Les méthodes de classement (2)

2) **Ultra-Meater** : principe de l'échographie

1 site de mesure (à chaud) :

entre les 2 et 3èmes dernières côtes, à 6 cm de la ligne médiane dorsale **Gc** (gras sous-cutané, couenne incluse) et **Mc** (épaisseur de noix de côtelette).

Femelles :

$$\text{TVMest.} = 60,87 - 0,797 Gc + 0,209 Mc$$

Mâles castrés :

$$\text{TVMest.} = 58,44 - 0,953 Gc + 0,304 Mc$$

La carcasse

Les méthodes de classement (3)

3) **Méthode manuelle (réglette)**

2 mesures (à chaud) :

- épaisseur minimale de gras sur la fente (**G**)
- épaisseur minimale de muscle lombaire sur la fente (**M**)

Femelles :

$$\text{TVMest.} = 54,84 - 0,545 G + 0,194 M$$

Mâles castrés :

$$\text{TVMest.} = 48,35 - 0,488 G + 0,255 M$$

La carcasse

Précision des méthodes de classement des carcasses

Erreur d'estimation ~2 à 2,5 points de TVM selon la méthode

Méthode la plus précise = **CGM**

Précision faible pour une carcasse prise individuellement :

par exemple : une femelle estimée à 60 de TVM a :

- 66% de chances que sa TVM réelle soit comprise entre 58 et 62
- 95% de chances qu'elle soit comprise entre 56 et 64.

MAIS : l'erreur d'estimation de la moyenne d'un lot (de taille minimale 50) est tout à fait acceptable pour permettre un paiement équitable.

RENDEMENT DE CARCASSE

Rendement de carcasse : Poids de carcasse / Poids vif

S'exprime en %

Dans le cas des populations en sélection collective :

- mesuré à l'abattoir, sur les animaux contrôlés en station

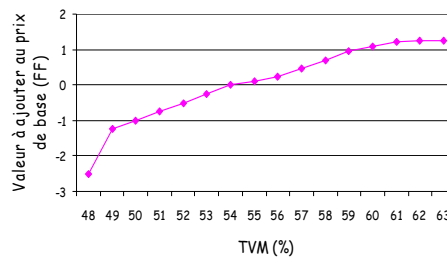
CARACTERE	VARIATION	
	intra race (4 écarts types)	entre races (extrêmes)
RENDEMENT DE CARCASSE	4	75 (race Meishan) à 82 (race Piétrain)

Populations LGPC Année 2000	RENDEMENT DE CARCASSE
Large White lignée femelle	78,0 %
Landrace Français	77,2 %
Large White lignée mâle	78,7 %
Piétrain	82,0 %

TVM = critère de paiement du kilo de carcasse à l'abattoir

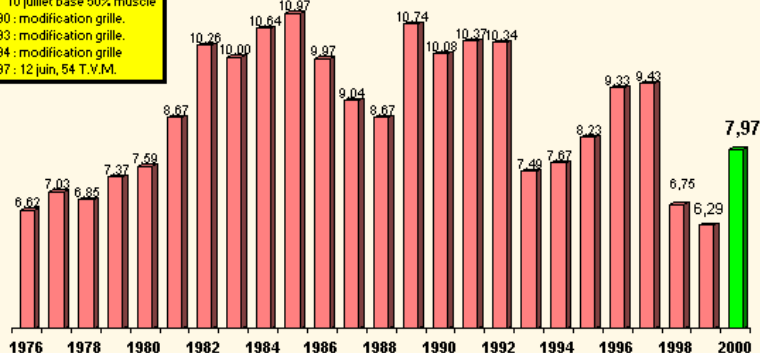
(convention commerciale définie dans le cadre interprofessionnel COMITE REGIONAL PORCIN (CRP) / UNION BRETONNE DES ABATTEURS DE PORCS (UBAP))

Evolution du prix du kg de carcasse payé au producteur en fonction du TVM estimé à l'abattoir



EVOLUTION DU PRIX DE BASE AU M.P.B.

1979 : modification
1981 : des écarts
1985 : entre classes.
1986 : 12 juin, base 48% muscle
10 juillet base 50% muscle
01/90 : modification grille.
01/93 : modification grille.
07/94 : modification grille
06/97 : 12 juin, 54 T.V.M.



TVM « découpe » : estimée à partir du poids de certains morceaux ajustés à 100 kg

$$TVM = 5.684 + (1.197*JA) + (1.076*LO) - (1.059*BA)$$

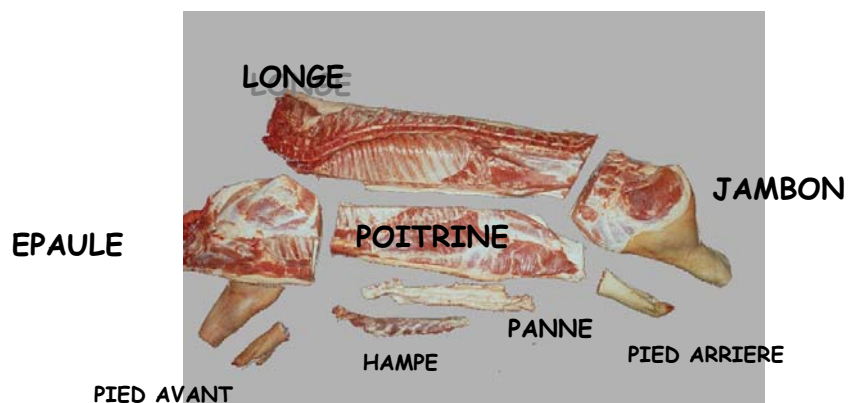
Exprimée en %

Mesurée sur les animaux contrôlés en station

« Estimateurs » de la TVM

- Épaisseur de lard dorsal ajustée à 100 kg (sur animal vivant)
- Mesure de l'épaisseur de noix de côtelette (sur animal vivant)
- Mesures à l'abattoir (G1, G2, M2)

Découpe de la carcasse



CARACTERE	VARIATION	
	intra race (4 écarts types)	entre races (extrêmes)
TVM	12	34 (race Meishan) à 65 (race Piétrain)

Résultats nationaux 1999 : TVM abattoir = 60,3 %

Populations LGPC Année 2000	TVM
Large White lignée femelle	55,3 %
Landrace Français	53,6 %
Large White lignée mâle	56,9 %
Piétrain	65,7 %

Objectif de sélection « Production »

$$PVC - CE = (100 \times RDT \times Pxc) - [(IC \times 80 \times Pal) + (80/GMQ) \times C1J]$$

PVC : Prix de vente de la carcasse

CE : coût d'engraissement

RDT : rendement de carcasse

Pxc : prix du kg de carcasse (dépend de TVM)

IC : indice de consommation

Pal : prix d'un kg d'aliment

GMQ : Gain moyen quotidien

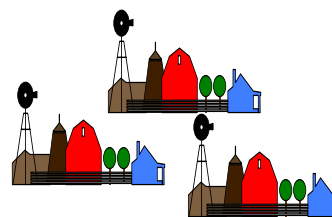
C1J : coûts non alimentaires d'un jour en engraissement

CONTROLE EN STATION



3 stations publiques
de contrôle des performances
~4000places /an

CONTROLE EN FERME



90 élevages de sélection
~100 000 places /an

Avant 1995 : contrôle des verrats sur descendance

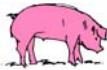
1966-1986 : contrôle individuel

1986-1995 : contrôle combiné

depuis 1996 : contrôle combiné, mais candidats en ferme

contrôle en ferme

Mâles et femelles
candidats à la sélection



Age
Épaisseur de lard
(Épaisseur de noix
de côtelette)

contrôle en station

jeunes mâles candidats (avt. 97)



GMQ,
épaisseur de lard,
indice de consommation

collatéraux abattus

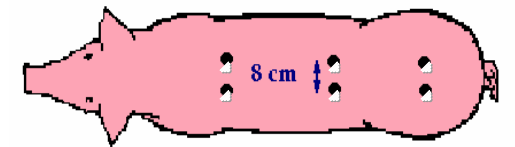
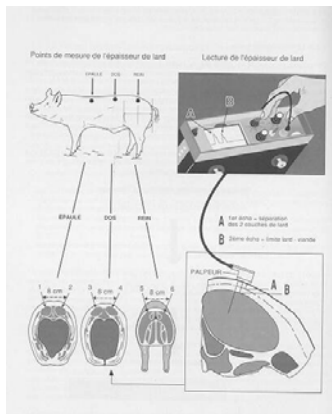
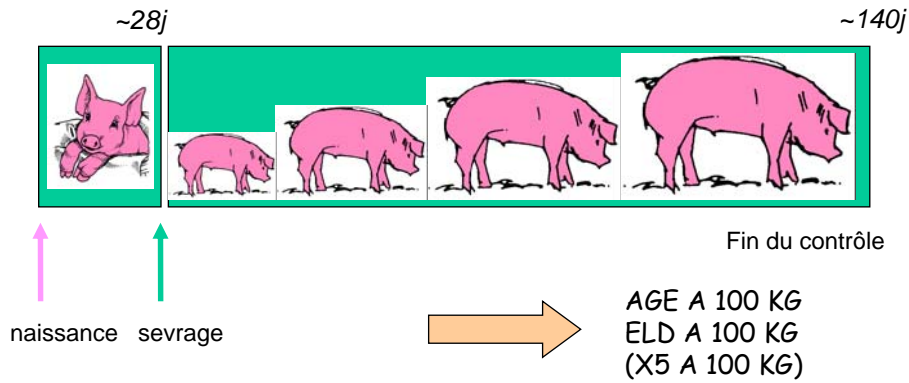


GMQ
IC



rendement de carcasse,
TVM

Le contrôle de performances en ferme



Appareils de mesure de l'épaisseur de lard dorsal

- **Échographie unidimensionnelle** : à écran (SOFRANEL) ou à affichage digital (RENCO)

- **Échographie bidimensionnelle** : appareils récents, issus de l'imagerie médicale, permettant de réaliser des mesures d'épaisseur de gras, de muscle, et des diagnostics de gestation.

Principaux constructeurs :
ECHOCONTROL, LCIM, PIE MEDICAL, ULTRASCAN, TOSHIBA.



Déterminisme génétique

- Caractères gouvernés par un grand nombre de gènes à effet individuel faible (**modèle polygénique**)
- Cependant, il existe des gènes connus ayant des effets majeurs sur certains caractères de production :
 - * **Gène de sensibilité à l'halothane (Hal)**
 - > prédisposition au syndrome de stress ou d'hyperthermie maligne
 - > phénomène d'hypertrophie musculaire
 - > Prédisposition au syndrome PSE
- Nombreuses études mettant en évidence des QTL

Principaux QTL de croissance

<u>Chr.</u>	<u>Caractère</u>	<u>gènes candidats ?</u>
1	CR précoce, CR tardive, CMJ	
2	CR tardive	
3	CR tardive	
4	CR	H-FABP
5	CMJ	IGF-1
6	CR tardive	
7	CR tardive	AMPEPN
8	CR tardive	
11	Poids naissance	
13	CR précoce	PIT1
18	CR tardive	

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

Principaux QTL de composition corporelle

<u>Chr.</u>	<u>Caractère</u>	<u>gènes candidats ?</u>
1	ELD, %muscle	
2	ELD, % muscle, % gras	IGF-2
4	ELD	
5	ELD	
6	ELD, SNC	
7	ELD	
8	ELD, % muscle	
9	ELD	
14	% muscle	
X	ELD, % muscle	

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

Déterminisme génétique

- Pour l'évaluation génétique, actuellement l'hypothèse polygénique prévaut
- Situation par rapport au gène Hal :
 - populations Large White et Landrace Français : indemnes de l'allèle n
 - population Piétrain : quasiment à 100% de génotype nn
- Autres gènes ou QTLs :
 - nombreux programmes en cours
 - nombreux résultats à confirmer
 - pas encore d'application en sélection collective
 - beaucoup d'espoirs dans la sélection assistée par marqueurs

Héritabilités des principaux caractères

	LW	LF	PP
GMQ	0,30	0,29	0,47
IC	0,41	0,33	0,34
A100	0,19	0,38	0,30
TVM	0,63	0,54	0,88
L100	0,42	0,52	0,45
RDT	0,40	0,33	0,27

Corrélations génétiques (caractères station)

	IC	RDT	TVM
GMQ	-0,4 à -0,5	-0,3 à -0,2	-0,3 à +0,1
IC		-0,2 à +0,1	-0,2 à -0,8
RDT			0,0 à +0,3

Corrélations génétiques (ferme-station)

	A100	ELD100
GMQ	-0,50 à -0,80	-0,15 à +0,16
IC	+0,07 à +0,36	+0,41 à +0,55
RDT	+0,04 à +0,45	-0,03 à +0,22
TVM	+0,01 à +0,27	-0,72 à -0,85

Définition et déterminisme génétique de la qualité des produits

Pascale Le Roy

INRA, Département de Génétique Animale
Station de Génétique Quantitative et Appliquée
78352 Jouy en Josas cedex
leroy@dga.jouy.inra.fr



Définition



Les qualités

Diététiques

besoins nutritionnels du consommateur

Hygiéniques

santé du consommateur

Organoleptiques ou sensorielles

satisfaction du consommateur

Technologiques

conservation et transformation (transformateur, consommateur)



Diversité des qualités

Qualités organoleptiques :

- * L'aspect
- * La flaveur
- * La texture

Qualités technologiques :

- * Le pouvoir de rétention d'eau
- * La fermeté
- * La couleur
- * Le pouvoir émulsifiant
- * La conservabilité

... du tissu maigre et / ou du tissu gras



Diversité des produits



Viande
fraîche



Jambon
cuit



Saucissons secs
Saucisses cuites



Contexte français

*70% d'une carcasse de porc
est vendue après transformation

====> importance des **qualités technologiques**

*Un produit majeur : le jambon saumuré - cuit

====> objectif de sélection =
rendement technologique
lors de la fabrication « jambon de Paris »



Importance économique



Pour l'éleveur :

pas de paiement en fonction de la qualité
pas de pénalités s'il y a des défauts

Pour l'abatteur-découpeur :

pertes de poids par exsudation (de 1 à 3%)

Pour le distributeur :

pertes de poids par exsudation (de 1 à 5%)
difficultés à vendre

Pour le transformateur :

pertes de poids à la cuisson (de 1 à 10%)
pertes au tranchage (de 0 à 50%)

Pour le consommateur :

pertes de poids à la cuisson (à 1 à 10%)



Conséquence

Depuis 30 ans, l'amélioration génétique de la qualité de la viande de porc a surtout consisté en l'élimination de défauts graves

En dehors des défauts graves, l'objectif de sélection est le maintien de la qualité technologique



Méthodes de mesure



Critères de qualité du tissu maigre

pH (pH_1 , pH_u)

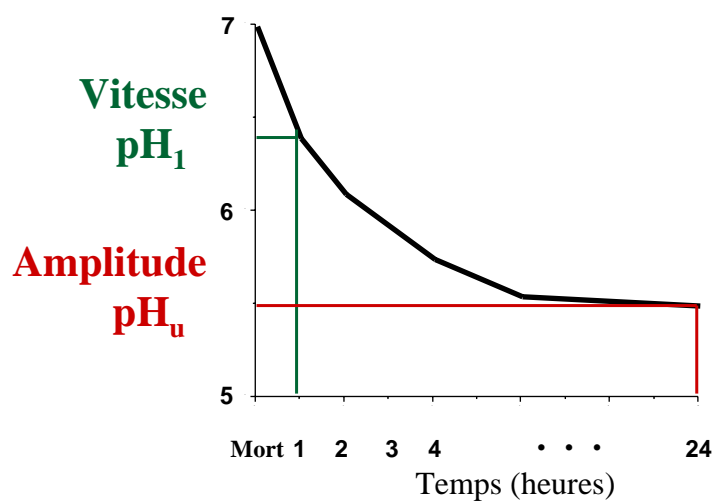
Couleur (L^* , a^* , b^*)

Caractéristiques des fibres musculaires (type, taille)

... mesurés sur différents muscles
du jambon ou de la longe



Evolution du pH post mortem



Critères de qualité technologique du tissu maigre

Temps d'imbibition	}	Pouvoir de Rétention d'Eau (PRE)
Pertes d'exsudat		
Pertes à la cuisson		
Potentiel Glycolytique (PG)	}	Composition chimique
% d'eau		
% protéines		

... mesurés sur différents muscles
du jambon ou de la longe

Rendement Technologique Napole (RTN)
Rendements technologiques (cuit ou sec)



Critères de qualité sensorielle du tissu maigre

% gras intra-musculaire (% LIM)

... mesuré sur la longe

Tendreté
Jutosité
Flaveur



Critères de qualité technologique du tissu gras

Fermeté
Caractère rance
% d'eau, % lipides
Composition en acides gras (polyinsaturés/saturés)

et de qualité sensorielle

Taux d'androsténone, taux de scatol



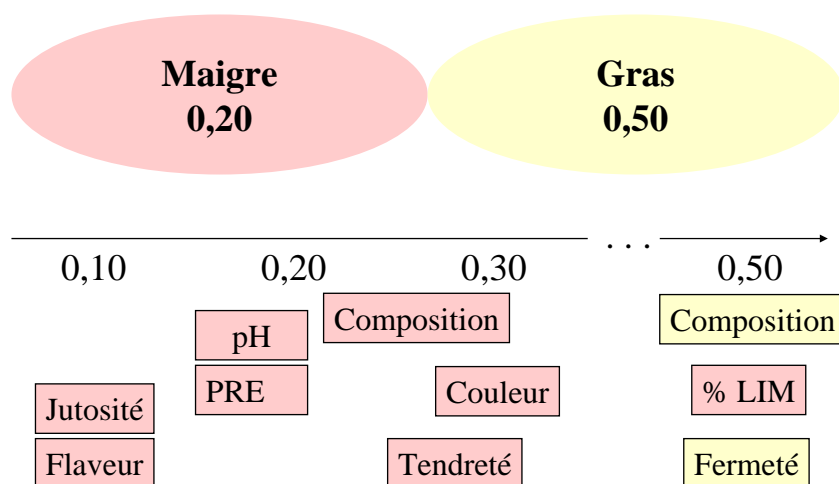
**Variabilité
et déterminisme
génétique**



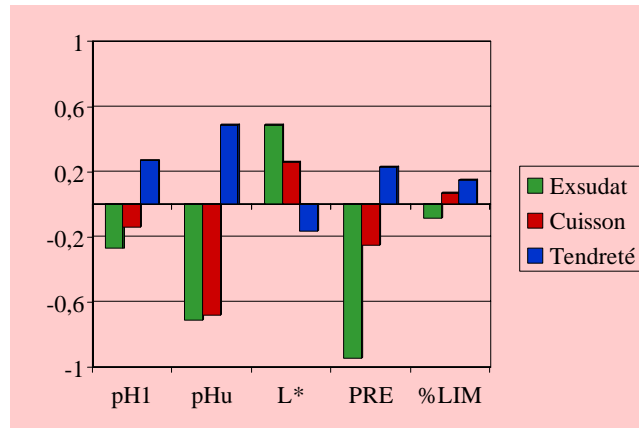
Paramètres génétiques



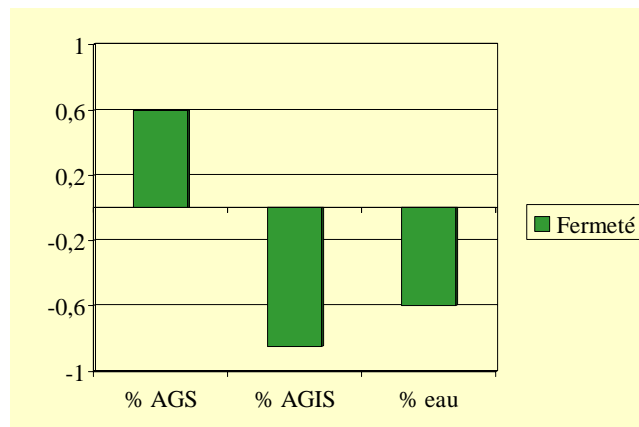
Héritabilités



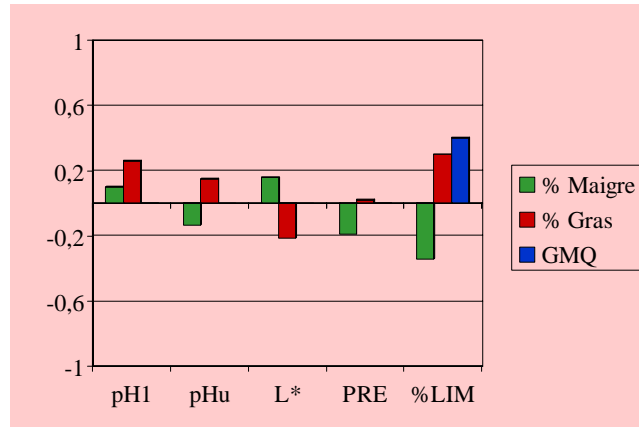
Corrélations génétiques entre critères (tissu maigre)



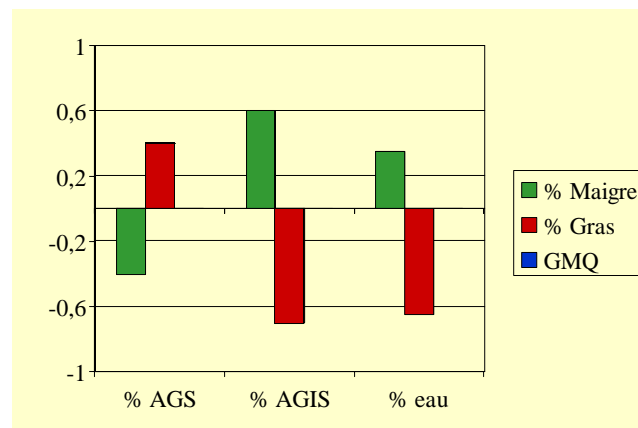
Corrélations génétiques entre critères (tissu gras)



Corrélations génétiques avec les caractères de croissance / carcasse (tissu maigre)



Corrélations génétiques avec les caractères de croissance / carcasse (tissu gras)



Conclusion

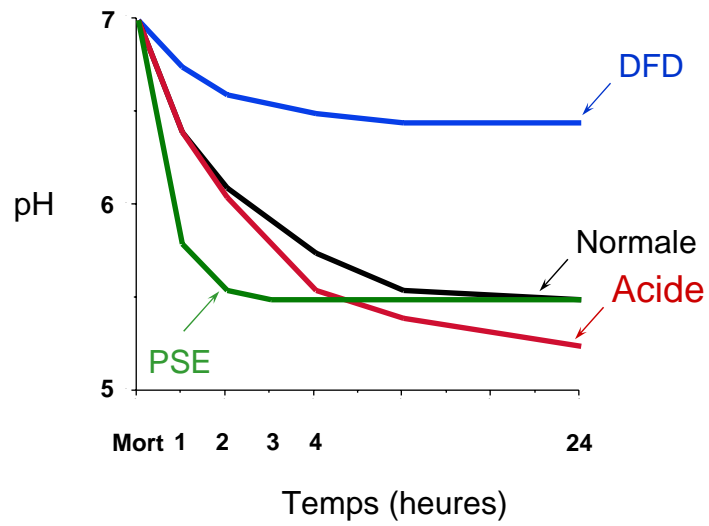
- * Les critères de qualité de la viande sont modérément (tissu maigre) à fortement (tissu gras) héritables
- * Le pH_u est un bon prédicteur « généraliste » de la qualité du tissu maigre
- * Il existe un antagonisme génétique qualité/quantité faible pour le tissu maigre mais fort pour le tissu gras
- * La sélection visant à augmenter le rapport gras/maigre dans la carcasse tend à dégrader légèrement la qualité du tissu maigre* et tend à dégrader plus fortement la qualité technologique du tissu gras (* mais la sélection sur la croissance tend à augmenter le taux de lipides intramusculaires)



Gènes majeurs et Quantitative Trait Loci (QTL)



Evolution du pH post mortem



DFD



Normal



PSE



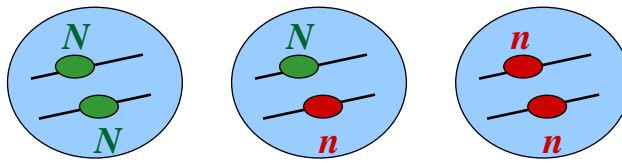
Le gène HAL

HAL = gène de la sensibilité à l'halothane

Allèle normal *N*

Allèle muté *n*

3 génotypes :



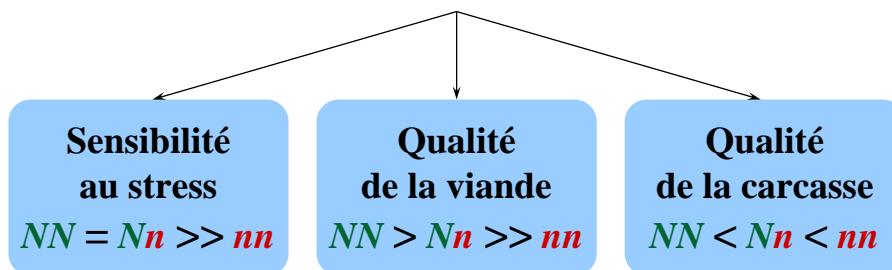
HAL est le locus RYR1 (chromosome 6)



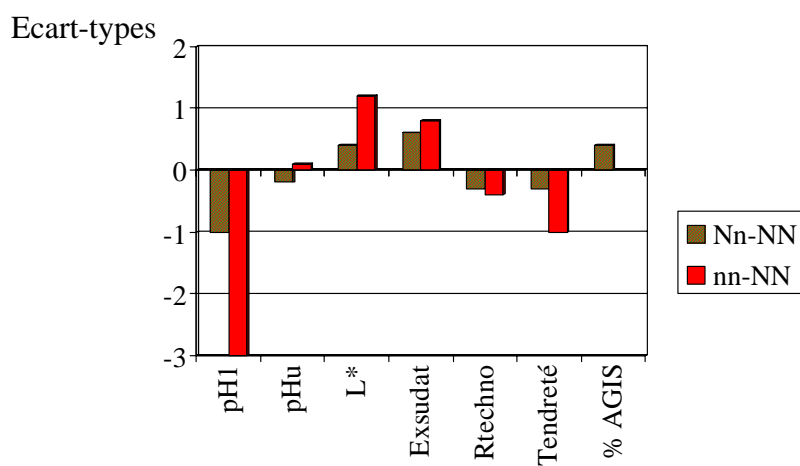
Effets du gène HAL

Allèle normal *N*

Allèle muté *n*



Effet du génotype HAL sur la qualité



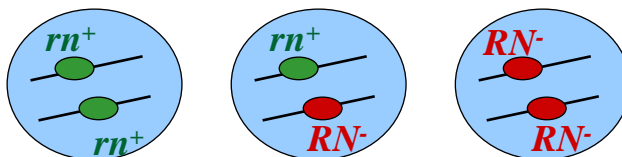
Le gène RN

RN = gène de la viande acide

Allèle normal *rn*⁺

Allèle muté *RN*⁻

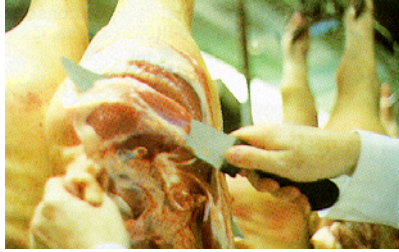
3 génotypes :



RN est le locus PRKAG3 (chromosome 15)



Le Rendement Technologique Napoléon



100 g de muscle SM



Jambon de Paris

$$\text{RTN} = \frac{\text{Poids cuit}}{\text{Poids cru}}$$



Effets du gène RN

Allèle normal *rn*⁺

Allèle muté *RN*⁻

Qualité
de la viande*

rn⁺*rn*⁺ >> *RN*⁻*rn*⁺ = *RN*⁻*RN*⁻

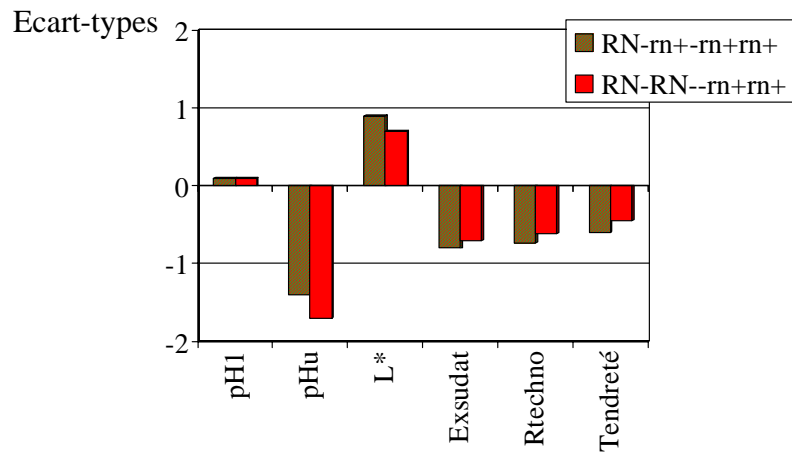
*sauf la flaveur

Qualité
de la carcasse

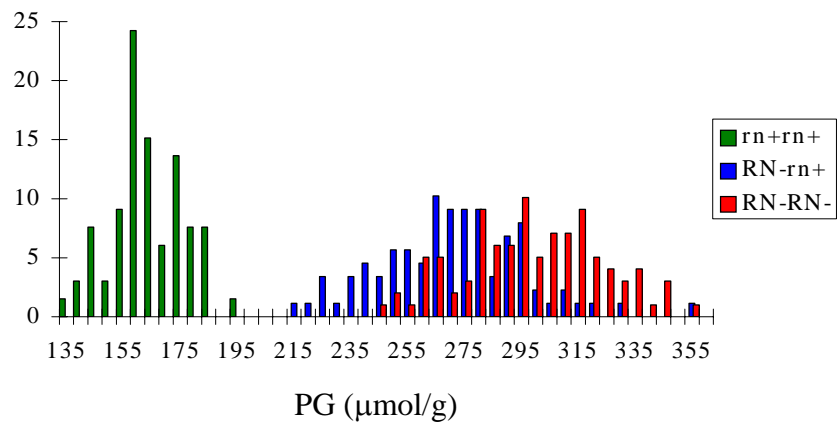
rn⁺*rn*⁺ < *RN*⁻*rn*⁺ < *RN*⁻*RN*⁻



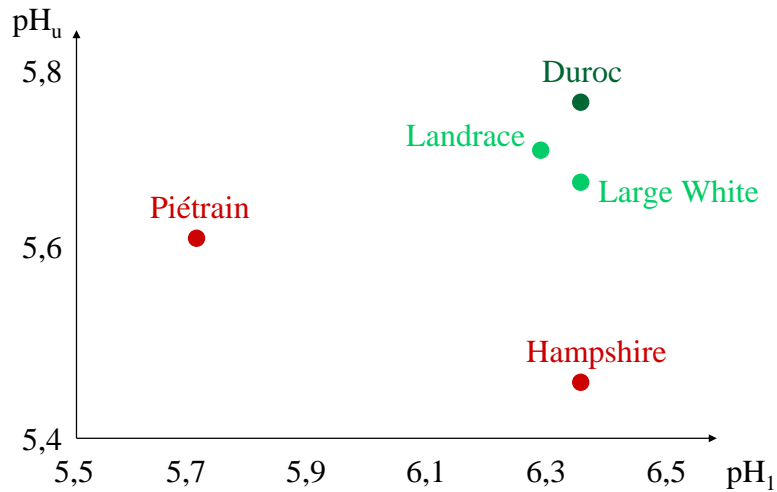
Effet du génotype RN sur la qualité



Distribution du PG en fonction du génotype RN



Variabilité entre races



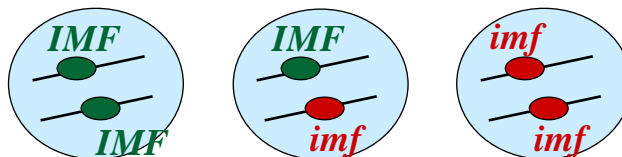
Le gène MI (Janss et al., 1994)

MI = « Meishan Intramuscular Fat »

Allèle normal *IMF*

Allèle muté *imf*

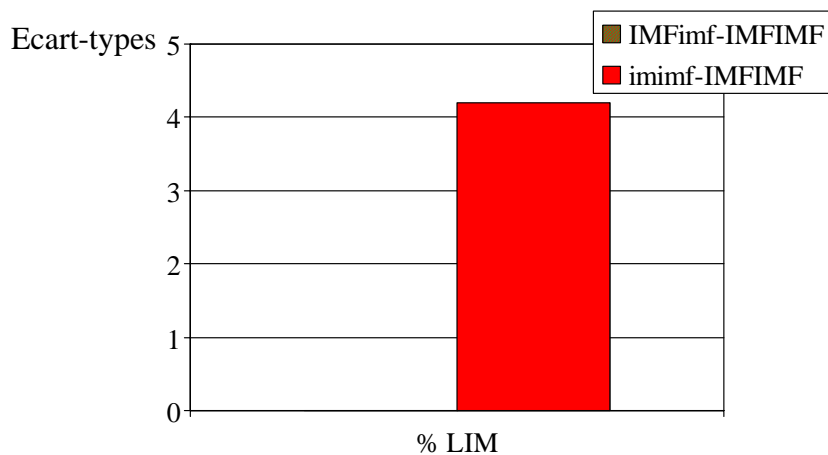
3 génotypes :



MI est un locus inconnu (chromosome 4, 6, 7 ?)



Effet du génotype IMF sur le taux de lipides intramusculaires



Effets attendus du gène MI

Allèle normal *IMF*

Allèle muté *imf*

Qualité
de la viande

IMFIMF = *imfIMF* < *imfimf*

Croissance
Carcasse

IMFIMF? *imfIMF*? *imfimf*

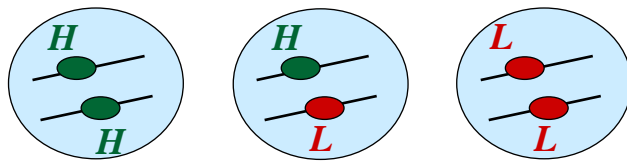


Un majeur majeur sur le taux d'androsténone (Fouilloux et al., 1997)

Allèle normal *H*

Allèle muté *L*

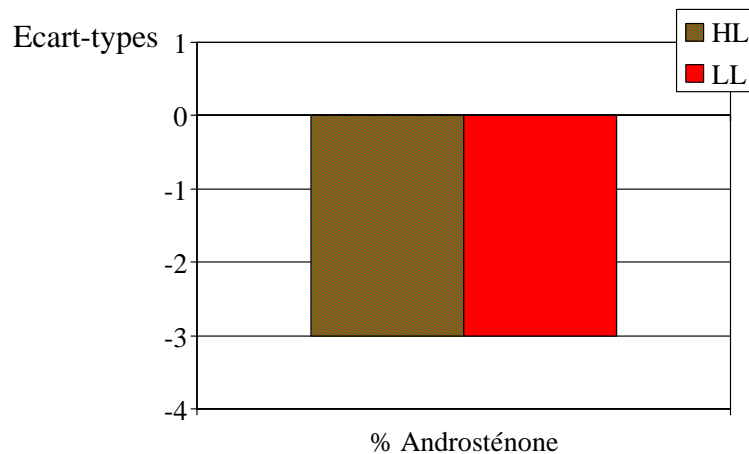
3 génotypes :



locus inconnu (chromosome 3, 4, 7 ?)



Effet du génotype {H,L} sur le taux d'androsténone



Effets attendus du gène

Allèle normal *H*

Allèle muté *L*

Qualité
du gras

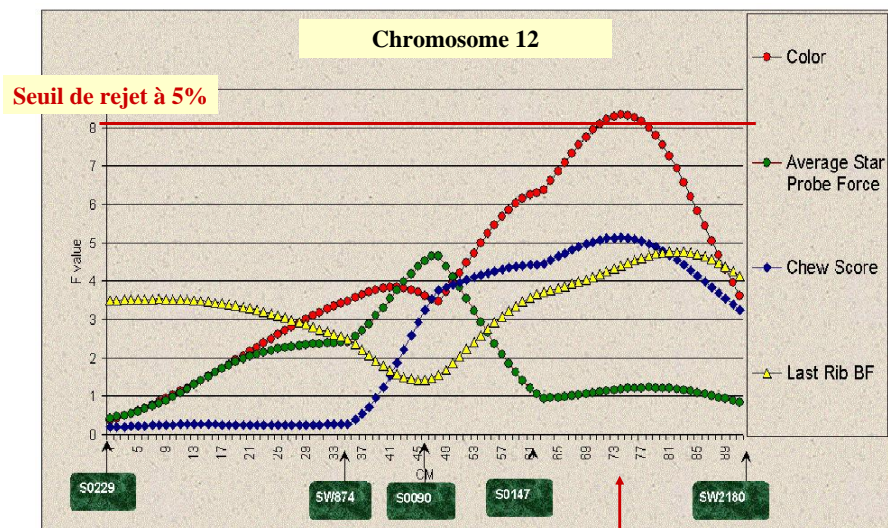
$HH < HL = LL$

Reproduction, Croissance,
Carcasse

$HH ? HL ? LL$



Etude de l'Université d'Iowa

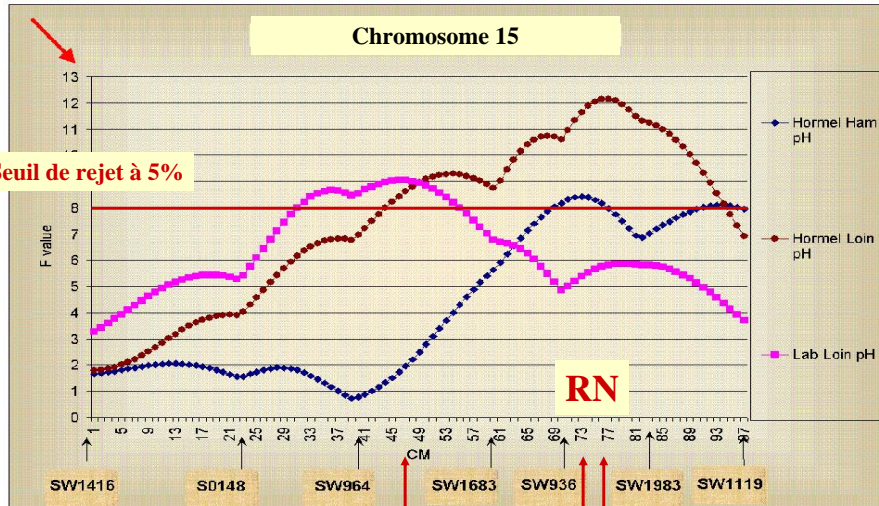


D'après Malek et al. (2000)

1 QTL affectant la couleur



Etude de l'Université d'Iowa

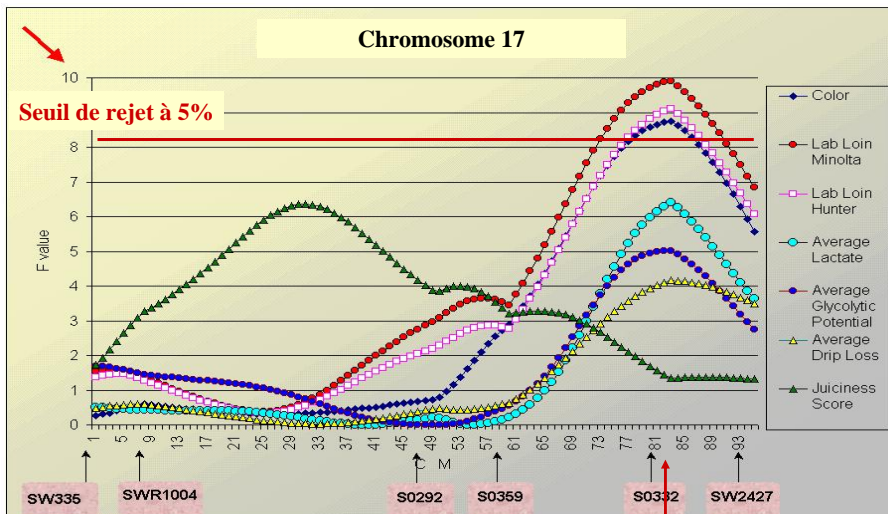


D'après Malek et al. (2000)

1 ou 2 ou 3 QTL affectant le pH



Etude de l'Université d'Iowa



D'après Malek et al. (2000)

1 QTL affectant la couleur



Perspectives



Critère de sélection

Les mesures de qualité sont pratiquées sur la carcasse
d'où une sélection indirecte (sur collatéraux)

1. Un critère mesurable *in vivo* permettrait une sélection
individuelle plus puissante

Le Potentiel Glycolytique

héritable ($h^2 \sim 0,30$)

corrélé avec le rendement technologique ($r \sim -0,50$)

... mais

corrélé défavorablement avec l'adiposité ($r \sim -0,30$)

nécessite une biopsie de muscle (bien-être ?)



Critère de sélection

2. La sélection assistée par marqueurs devrait être plus efficace que la sélection uniquement sur performances

* 2 gènes majeurs connus RN et HAL
avec sans doute d'autres allèles mutants que *RN* et *n*

* 1 gène majeur suspecté IMF
dont l'existence et la localisation reste à prouver

* quelques zones du génome affectant la couleur
ou le pH, mais peu de QTL ayant des effets importants



Objectif de sélection

Les qualités organoleptiques prennent de plus en plus d'importance (demande du consommateur)

* Le taux de gras intramusculaire peut être amélioré génétiquement (IMF, QTLs, sélection, croisement)

* Il faudra trouver le « bon » niveau pour conserver un aspect acceptable

* Une voie d'approche : le porc « lourd » (en fait âgé) existe mais a un coût important



Objectif de sélection

La qualité technologique du gras a dû se dégrader avec la sélection pratiquée contre l'adiposité

* Il existe de bons prédictors de la fermeté du gras mais pas de mesure « rapide » sur la chaîne d'abattage

* Les critères de qualité du gras sont fortement héritables mais aussi fortement corrélés à l'adiposité

* Il n'y a pas de gène ou QTL détectés pour ces caractères mais il est probable qu'il y en aura



**Cours Supérieur d 'Amélioration Génétique des animaux Domestiques
Cycle 2000/2001**

**7ème session
Amélioration génétique des porcs**

Rennes, 14-18 mai 2001

**Définition et déterminisme des caractères d 'intérêt
Autres caractères (adaptation, aplombs,...)**

J.P. BIDANEL
Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale
Station de génétique quantitative et appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex - France

tél: 01-34-65-22-84
E-mail: bidanel@dga.jouy.inra.fr
Web : <http://inra-sgqa.jouy.inra.fr>

Caractères évoqués

- ⌘ **Adaptation**
- ⌘ **Morphologie**
 - ☒ **Tétines : cf exposé de T Tribout**
 - ☒ **Qualité des aplombs**
- ⌘ **Résistance aux maladies**
- ⌘ **Longévité**
- ⌘ **Adaptation à la chaleur**

Caractères d'adaptation

⌘ Définition

⊠ Adaptation vis à vis :

⊠ des conditions de production

- Milieu de production
- Conditions économiques de la production
 - ⊠ cf suite de la session
- Perception du milieu de production (acceptabilité)
- Aspects réglementaires (bien être, suppression antibiotiques,...)

⊠ des conditions de marché

- Demande du marché (filière/consommateurs)

Caractères d'adaptation

⌘ Adaptation / milieu de production

⌘ Elevage « conventionnel »

⊠ Mode de production très standardisé en zone tempérée

⊠ « Adaptation » du milieu d'élevage

⊠ Les problèmes :

- Qualité des aplombs, longévité (cf plus loin)
- Aspects sanitaires (grandes épizooties, antibiotiques)

⊠ Cas particulier de l'élevage en plein air

- ⊠ Certaine « rusticité » demandée
- ⊠ Aspects sanitaires (résistance aux parasites, épizooties)

⊠ Situation particulière des zones « chaudes »

- ⊠ Le porc est mal adapté à la chaleur (cf plus loin)

Caractères d'adaptation

⌘ Adaptation / milieu de production

⌘ Autres systèmes de production

⊠ AOC / label

⊠ Dépend fortement du cahier des charges

- Type génétique imposé ou non (cf races locales)
- Conditions de production (ex: Corse : élevage très extensif)

⊠ De nombreux points restent souvent à préciser

- Relations systèmes de production / qualité des produits

⊠ Production de porcs lourds

⊠ Conditions non optimisée / porc lourd

⊠ Systèmes traditionnels

⊠ Cochon « tirelire »

- Adaptation à de fortes variations de la ration
- ex: cas du repeuplement porcin d'Haïti

Qualité des aplombs

⌘ Importance économique

⊠ 2e cause de réforme en élevage

(après les problèmes de reproduction)

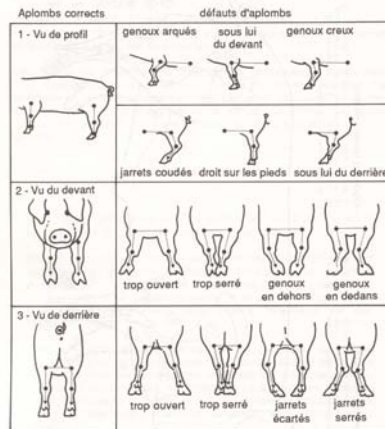
⊠ Quelques chiffres

- ⊠ 10% de verrats éliminés en fin de contrôle (Indiana)
- ⊠ 9,1% de verrats éliminés en fin de contrôle (Iowa)
- ⊠ 15% des réformes de truies dans les pays scandinaves
- ⊠ 18% des réformes de truies en Australie

Qualité des aplombs

⌘ Appréciation de la qualité des aplombs

☒ En général, grilles de notations visuelles (1-5 ou 1-9)



Qualité des aplombs

⌘ Variabilité génétique

☒ Variations entre races

☒ Différences non négligeables

☒ Variations intra-race

☒ Héritabilités : valeurs moyenne : 0,15 - 0,53

☒ Liaisons génétiques avec les autres caractères

☒ Croissance, composition corporelle:

☒ Liaisons faibles (<0,25), mais légèrement défavorables

☒ Longévité :

☒ Liaison (logiquement) favorable

☒ Autres caractères :

☒ Liaisons mal connues

Longévité des truies

⌘ Intérêt économique

- ⌘ Elevages de multiplication et de production
- ⌘ Truies plus productives que cochettes
- ⌘ > coûts de remplacement

⌘ Méthodes d'analyse

- ⌘ « stayability » = absence/présence à une période t
- ⌘ Techniques d'analyse de survie (longévité)

⌘ Variabilité génétique

- ⌘ « stayability » : estimations de h^2 de 0,02 à 0,11
- ⌘ longévité : estimations de h^2 de 0,11 à 0,31

⌘ liaisons avec autres caractères

- ⌘ Liaison défavorable avec composition corporelle (?)
- ⌘ Liaisons favorables avec qualité des aplombs

Génétique et résistance aux maladies chez le porc

📁 Le contexte

↗ fréquence des épizooties (SDRP, MAP,...)

- 👉 Problèmes d'élevage
- 👉 Plus grande sensibilité des animaux ?
- 👉 Existence de génotypes résistants (Pi et MAP) ?

📁 possibilités utilisation antibiotiques

- 👉 Elevage « intensif »
- 👉 Systèmes alternatifs (cahiers des charges plus stricts)

👉 Quelle place pour la génétique ?

Génétique et résistance aux maladies chez le porc

⌘ Résistance spécifique :

⌘ quelques résultats

☒ Approche polygénique:

☒ Il existe une certaine variabilité génétique

⌘ Sensibilité à la pneumonie : $h^2 = 0,14$

⌘ Sensibilité à la rhinite atrophique : $h^2 = 0,16$

⌘ Résistance à la leptospirose : $h^2 = 0,20-0,21$

⌘ des indications également pour la brucellose, la peste porcine africaine,...

⌘ Gènes identifiés

⌘ Willebrand, mélanome, athérosclérose, rachitisme, ... :

⌘ Intérêt biomédical, mais faible incidence

⌘ Collibacillose (rés. E coli K88, K99, F18)

⌘ Pb évolution population bactérienne

⌘ SLA

Génétique et résistance aux maladies chez le porc

⌘ Résistance spécifique :

⌘mais de nombreuses inconnues

⌘ Manque cruel d'information

⌘ Grandes épizooties (SDRP, MAP,...)

⌘ Résistance au parasitisme

⌘ Résistance/portage des salmonelles

☒ Mise en place d'un suivi épidémiologique nécessaire

⌘ Liaisons avec autres caractères d'intérêt

⌘ Liaisons phénotypiques probablement favorables

⌘ Liaisons génétiques très peu connues

Génétique et résistance aux maladies chez le porc

⌘ Résistance générale

⌘ Accroissement réponse immune (Mallard, Wilkie)

☒ expérience de sélection (Guelph):

- ☒ réponse anticorps et à médiation cellulaire
- ☒ faible (L) et forte (H) réponse immune
- ☒ H > R pour réponse vaccinale, GMQ, réponse à
- ☒ une infection par parvovirus, mais + inflammations

☒ QTL (Suède) : NGB (SSC1), réponse IgG (SSC1 et 6)

⌘ Réponse à la vaccination

⌘ Futur: approches de génomique fonctionnelle

Génétique et adaptation à la chaleur

⌘ Le porc peu adapté à la chaleur

⌘ faible hygrométrie : adaptation des bâtiments (« cooling »)

⌘ forte hygrométrie : peu de moyens d'action

⌘ Mais :

⌘ Enjeux importants pour l'avenir

⌘ Existence de populations adaptées

- ⌘ effets favorables d'une robe de couleur noire

⌘ Existence d'une variabilité importante intra-race

Conclusion



- ⌘ **Caractères secondaires ?**
 - ⌘ Dépend du milieu et des conditions de production
 - ⌘ Caractères d'intérêt croissant (longévité,...)
- ⌘ **Des enjeux importants**
 - ⌘ Résistance aux maladies
 - ⌘ Adaptation à la chaleur

**Cours Supérieur d 'Amélioration Génétique des animaux Domestiques
Cycle 2000/2001**

**7ème session
Amélioration génétique des porcs**

Rennes, 14-18 mai 2001

**La pondération des différentes aptitudes
dans les indices de sélection**

J.P. BIDANEL
Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale
Station de génétique quantitative et appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex - France
tél: 01-34-65-22-84
E-mail: bidanel@dga.jouy.inra.fr
Web : <http://inra-sgqa.jouy.inra.fr>

**Les objectifs de sélection chez le porc
- Établissement et évolution -**

⌘ Considérations préliminaires

⌘ Définition: un objectif de sélection est caractérisé par:

⌘ L'ensemble des caractères que l'on cherche à améliorer
ou dont on cherche à contrôler l'évolution génétique

⌘ Les pondérations relatives de ces caractères

☐ Dépasse le seul calcul d'une valeur génétique globale

**⌘ Importance d'une définition correcte de l'objectif de
sélection - Détermine:**

⌘ l'évolution future de la population

⌘ les structures et les outils de sélection

⌘ exemple: inclusion d'une contrainte de non évolution de l'IQV
dans l'objectif de sélection en France

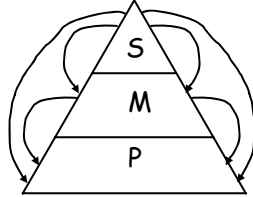
↓ Passage du contrôle individuel au contrôle combiné

Les objectifs de sélection chez le porc
- Établissement et évolution -

⌘ Quel intervalle de temps considérer ?

⌘ **Intervalle minimum**

⌘ Dépend de la structure de diffusion du progrès génétique



⌘ En général, 4 à 5 ans = retard génétique

⌘ + retard "économique" en situation de compétition

⌘ = temps nécessaire à la perception du changement par les acheteurs

Les objectifs de sélection chez le porc
- Établissement et évolution -

⌘ Quel intervalle de temps considérer ?

⌘ En situation de compétition, nécessité de rester sur le marché

Court terme + important que le long terme

De plus, pas de compensation parfaite entre:

faiblesse pour un caractère

force pour un autre caractère

⌘ Mais le long terme ne peut être ignoré

⌘ Conduirait à n'inclure que les caractères dont l'importance économique à court terme est la plus élevée

⌘ Conduirait à ignorer par exemple : qualité de la viande, appétit, environnement,...

⌘ Autres éléments à considérer

⌘ Non linéarité de l'objectif de sélection

⌘ Effets de seuil ou de rupture

Les objectifs de sélection chez le porc
- Établissement et évolution -

⌘ Autres aspects

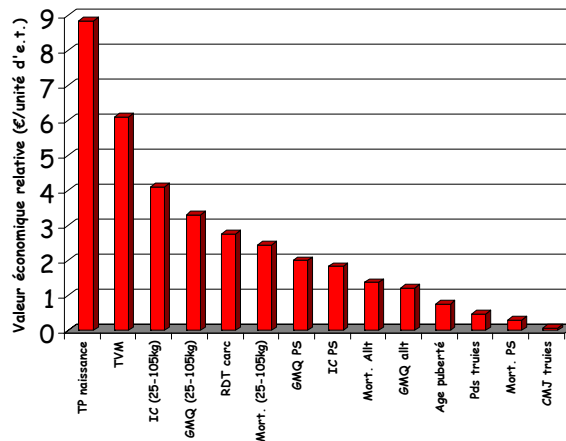
- ⌘ Cas des organisations s'adressant à plusieurs marchés
 - ⌘ interactions génotype x milieu (G xE)
 - ⌘ interactions poids économique x milieu
 - ⌘ Exemple: rapport croissance/carcasse en alimentation ad libitum vs rationnée
- ⌘ solution possible: Augmentation du nombre de lignées
 - ⌘ Conséquences
 - augmentation des coûts
 - diminution efficacité schéma (notamment int. sél.)
 - + accroissement diversité génétique
 - + augmentation possibilités de combinaison
- ⌘ Milieu de définition de l'objectif
- ⌘ Milieu de production en présence d'interactions G x E

Les objectifs de sélection chez le porc
- Établissement et évolution -

⌘ Choix des caractères rentrant dans l'objectif

- ⌘ Sélection de lignées spécialisées
 - ⌘ Lignées mâles OS = Production
 - ⌘ Lignées femelles OS = Production + reproduction
- ⌘ Approche économique
 - ⌘ Choix des caractères sur la base de $a \cdot H^2$
- ⌘ Approche biologique
 - ⌘ Amélioration efficacité des fonctions biologiques
 - ⌘ Ex: efficacité dépôt protéique
- ⌘ Gains désirés
 - ⌘ Non évolution de la QV ou de l'appétit
- ⌘ Sélection pour un optimum
 - ⌘ Sélection Canalisante

Les objectifs de sélection chez le porc - Importance économique relative des caractères -



Les objectifs de sélection chez le porc - Caractères considérés -

- ⌘ **Caractères les plus importants économiquement**
 - ⌘ **Taille de la portée**
 - ⌘ **Valeur de la carcasse**
 - ⌘ Teneur en viande maigre
 - ⌘ Rendement de carcasse
 - ⌘ **Coût de l'engraissement**
 - ⌘ Vitesse de croissance
 - ⌘ Indice de consommation
 - ⌘ Mortalité ignorée (sauf Hal) car peu héritable
 - ⌘ **Post - sevrage et allaitement ignorés**
 - ⌘ Importance économique moindre
- ⌘ **Qualité de la viande**
 - ⌘ Non payé à l'éleveur, mais importance stratégique pour la filière (coût et image)

Les objectifs de sélection chez le porc
- Établissement et évolution -

- ⌘ Calcul des pondérations - approche économique
- ⌘ Calcul des pondérations à partir d'une fonction économique $FE = f(x_1, x_2, \dots, x_n, z_1, \dots, z_p)$

- ⌘ x_1, \dots, x_p = variables liées aux caractéristiques des animaux
- ⌘ z_1, \dots, z_p = autres variables

- ⌘ Calcul des pondérations $a = \left(\frac{\partial FE}{\partial x_i} \right) \Delta x_i$

- ⌘ Calcul analytique, graphique ou par différences finies

Les objectifs de sélection chez le porc
- Établissement et évolution -

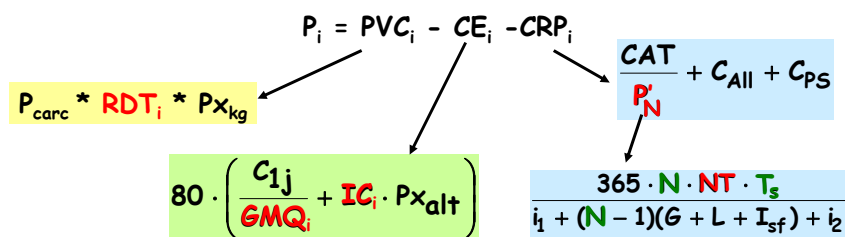
- ⌘ Fonction économique simple: le profit par porc engraisé

- ⌘ **Hypothèse 1**

- ⌘ Efficacité production porcine ~ profit annuel de l'éleveur PA

- ⌘ **Hypothèse 2**

$$PA = \sum_{i=1}^n P_i \quad \begin{array}{l} P_i = \text{marge brute/porc engraisé} \\ n = \text{nombre de porcs engraisés/an} \end{array}$$



Les objectifs de sélection chez le porc - Établissement et évolution -

⌘ Calcul des pondérations économiques

⌘ Pondération de l'IC

⌘ > d'un point d'IC de 25 à 105 kg = gain de 80 kg d'aliment

⌘ $a(IC) = 80 * P_{x_{alt}}$ (prix de l'aliment)

⌘ $a(IC) = - 16,62 \text{ €} (- 109 \text{ FF})$

⌘ Pondération du GMQ

⌘ Au voisinage de la moyenne: $PA - \bar{PA} = \frac{C_{1j}}{GMQ^2} (GMQ - \overline{GMQ}) + \varepsilon$

⌘ Ex : $\overline{GMQ} = 0,9 \text{ kg} / \text{j}$, $C_{1j} = 80 * 0,25 \text{ €}$

⌘ $a(GMQ) = 20 * 0,001 / (0,9)^2 = 0,025 \text{ €} (0,162 \text{ FF})$

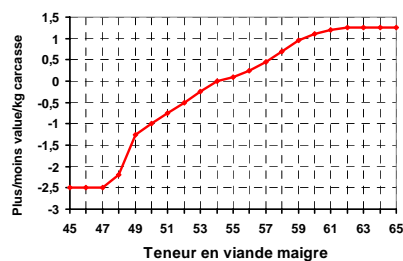
⌘ Actuellement : approche biologique (maintien de l'appétit)
(voir plus loin)

Les objectifs de sélection chez le porc - Établissement et évolution -

⌘ Pondération de la TVM

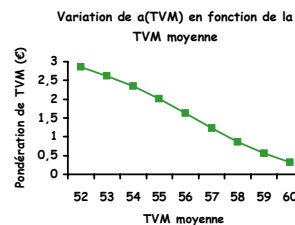
⌘ A partir de la grille de classement UNIPORC

Grille de classement Uniporc



$a(TVM) =$

$$\left[\sum_{i=1}^{nG} P_{r_i} \cdot PMV_i \right]_{\mu+\Delta} - \left[\sum_{i=1}^{nG} P_{r_i} \cdot PMV_i \right]_{\mu}$$



⌘ Fortes variations en fonction de la moyenne
→ Réactualisation périodique nécessaire

Les objectifs de sélection chez le porc - Établissement et évolution -

⌘ Pondération de la taille de la portée

⌘ Calcul de la pondération par différences finies

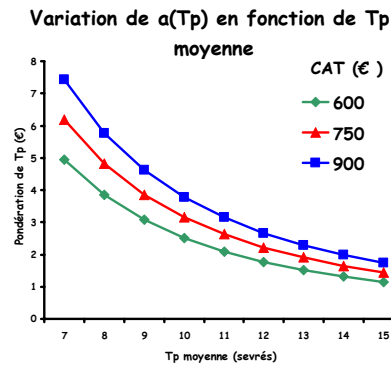
$$PA = MB - \frac{CAT}{P'_N} - cste$$

$$P'_N = \frac{365 \cdot N \cdot NT \cdot T_s}{i_1 + (N - 1)(G + L + I_{sf}) + i_2}$$

$$a(Tp) = [PA]_{\mu+\Delta} - [PA]_{\mu}$$

⊠ Fortes variations en fonction de la moyenne

→ Réactualisation périodique nécessaire



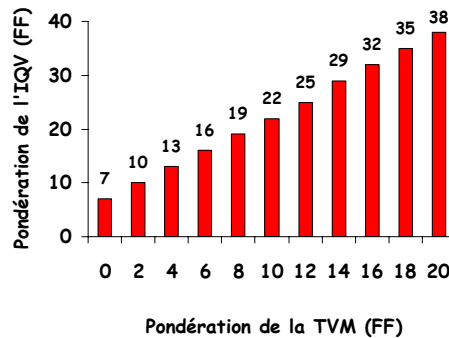
Les objectifs de sélection chez le porc - Établissement et évolution -

⌘ Pondération de l'IQV

⌘ Approche gain désiré : pas d'évolution de l'IQV

⌘ Connaissance des paramètres génétiques nécessaire

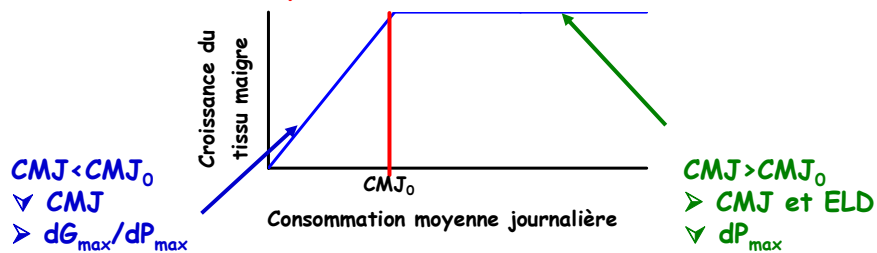
⌘ Pondération dépend de celle des autres caractères



Les objectifs de sélection chez le porc - Établissement et évolution -

⌘ Appétit et croissance

⌘ Conséquences de la diminution de l'appétit sous les effets de la sélection contre l'adiposité



⌘ Conséquences chez la truie reproductrice

- ⌘ Diminution appétit pendant l'allaitement ?
- ⌘ Diminution aptitudes maternelles et longévité de la truie ?

Les objectifs de sélection chez le porc - Établissement et évolution -

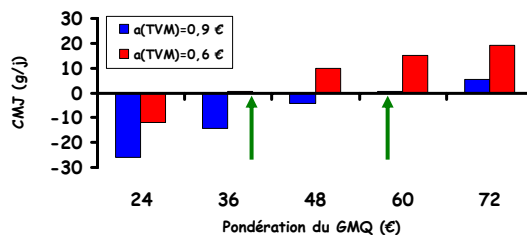
⌘ Appétit et croissance

⌘ Objectif: maintien de l'appétit chez le porc en croissance

⌘ Corrélations génétiques avec la CMJ (Labroue et al, 1997)

Car.	GMQ	ELD	IC	RDT	TVM	IQV
Rg(CMJ)	0,87	0,35	0,11	-0,20	-0,30	0,00

⌘ en agissant sur les pondérations de la TVM et du GMQ



Les objectifs de sélection chez le porc
- Pondérations des caractères (€ (FF))-

	LWF	LWM	LF	PI
GMQ	0,037 (0,243)	0,037 (0,243)	0,037 (0,243)	0,037 (0,243)
IC	-16,6 (-109)	-16,6 (-109)	-16,6 (-109)	-16,6 (-109)
RDT	1,98 (13)	1,98 (13)	1,98 (13)	1,98 (13)
TVM	0,6 (4)	1,8 (12)	0,6 (4)	0,6 (4)
IQV	1,98 (13)	3,81 (25)	1,98 (13)	1,98 (13)
Tp	4,57 (30)	-	4,57 (30)	-

- ⌘ Absence de l'allèle de sensibilité à l'halothane
 - ⌘ LWF, LWM, LF
- ⌘ Contraintes sur IQV et CMJ (les 4 populations)
 - ⌘ Surpondération du GMQ

LES OUTILS DE LA SÉLECTION PORCINE

Ronan GUÉBLEZ
INSTITUT TECHNIQUE DU PORC
BP 3
35651 LE RHEU CEDEX
Tél : 02.99.60.98.20
Fax : 02.99.60.93.55

I. INTRODUCTION

Autrefois :

Sélection "inconsciente"

- pas d'objectif défini
- critères visuels

Depuis 1950 (en France) :

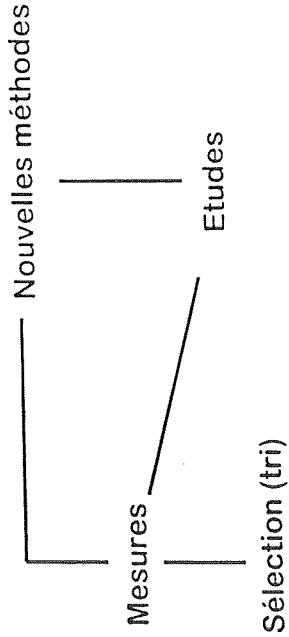
- objectifs clairs
- critères précis

Mesures de performances

- sélection : activités à quantifier

*(recherche du progrès génétique maximum
par unité de temps)*

II. FAIRE DES MESURES POUR UNE SELECTION SUR PERFORMANCES...



- > Partie "active" : dans les élevages de sélection
- > Partie "prospective"

NB: "mesures" = ETAT CIVIL + Performances

- nécessité d'accumuler ces "mesures"
- encore plus vrai aujourd'hui
(BLUP => accumulation en temps réel)

...DES MESURES POUR ESTIMER LA VALEUR GENETIQUE

- > OBJECTIFS DE SELECTION :
 - DE PLUS EN PLUS NOMBREUX
 - DIFFERENTS DESORMAIS DANS LES LIGNEES MALES OU FEMELLES
- > INFORMATION DISPONIBLE :
 - SUR LES CANDIDATS
 - SUR LES APPARENTES
- > JUSQU'EN 1995 → INDICES CLASSIQUES :
 - CONTROLE DE DESCENDANCE AVANT 1966
 - CONTROLE INDIVIDUEL 1966-1986
 - CONTROLE COMBINE APRES 1986
- > DEPUIS 1995 → INDICES BLUP :
 - PRECISION VARIABLE
 - MEILLEURE COMPARABILITE
 - MEILLEURE EFFICACITE QUAND L'HERITABILITE EST FAIBLE
→ PERMET L'INCLUSION DE LA TAILLE DE PORTEE PARMIS LES OBJECTIFS

III. LES STATIONS DE CONTRÔLE DE PERFORMANCES

Principe :

Porcelets issus de différents élevages de sélection, contrôlés ensemble jusqu'à 100 kg selon un protocole très précis.

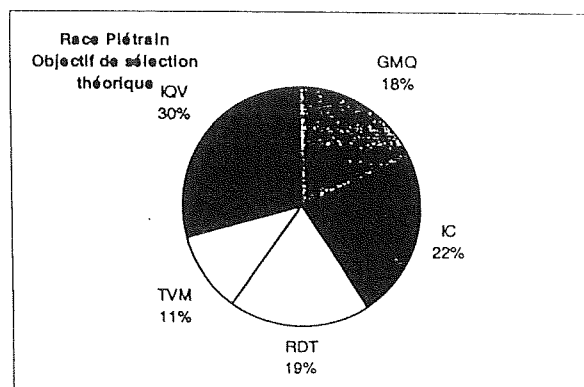
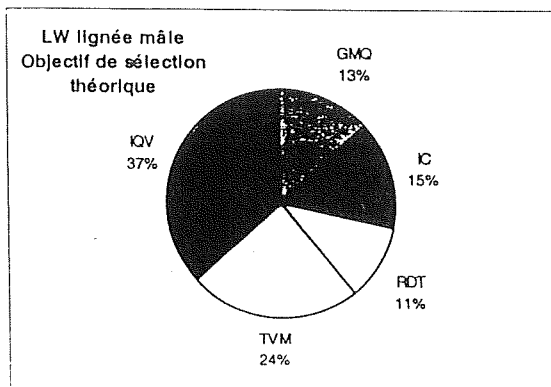
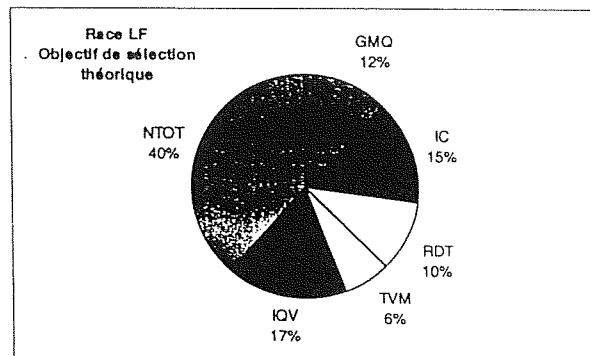
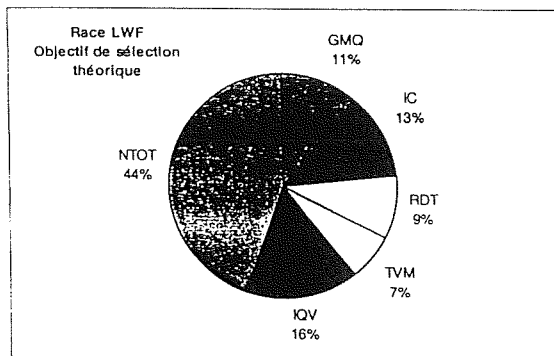
1. Les moyens

- ↳ 3 stations, capacité : 4 000 porcs/an
 - > Mauron (56)
 - > Le Rheu (35)
 - > Argentré (53)
- ↳ Alimentation électronique ACEMA 48
- ↳ Protocole de mesures complet
 - > consommation individuelle
 - > composition corporelle
 - > qualité de viande

Les stations sont l'endroit où l'on concentre toutes les mesures non généralisables à l'ensemble des élevages de sélection

ITP

Les objectifs de sélection



PERFORMANCES

& SELECTION



Numéro : 2000-06

STATIONS DE SELECTION

ITP - INRA

2. Les objectifs

- ↳ Contribuer à détecter une élite de verrats
- ↳ Assurer les connexions entre les participants au BLUP
- ↳ Suivre les conséquences de la sélection :
 - > sur les caractères sélectionnés
 - > sur d'autres caractères
- ↳ Recherche appliquée dans le domaine de la génétique

3. Les caractères mesurés

- ↳ Engraissement 35 – 100 kg : GMQ, IC
- ↳ Rendement de carcasse (poids froid / poids vif avant chargement
- ↳ Découpe normalisée de la carcasse → poids des pièces jambon, longe, bardière, épaule, poitrine
→ *Teneur en Viande Maigre estimée*
- ↳ Mesures de qualité de viande : pH 24 (demi-membraneux), réflectance et temps d'inhibition (fessier superficiel)
→ *Indice de Qualité de Viande*

NB : mesures complémentaires pour le contrôle des produits terminaux : *exsudat noix de côtelette, indice de bicolore, teneur en gras intramusculaire.*

IV. CONTRÔLE EN FERME

Principe :

Élevage de sélection = Élevage fermé

=> Contrôle sur l'élevage indispensable :

- pour la sélection sur voie femelle
- sur voie mâle aussi car usage de l'IA limité en ferme pendant longtemps... et car il n'y a plus de verrats en stations de contrôle !

Mesures :

Comme en station, mais en plus simple !

exemple : pas d'IC

- âge à 100 kg
- épaisseur de lard à 100 kg
- dans les lignées mâles : épaisseur de la noix de côtelette à 100kg

Une évidence : les caractères de reproduction sont mesurés en ferme !

- nés totaux
- tétines
- qualités maternelles

CONTROLE DE CROISSANCE ET DE CARCASSE

tation : Le Rheu

Bande : 2000/07

Race : Large White

Sexe : Castrats

	GMQ (g)	I.C. (kg)	TVM (%)	RDT (%)	IQV (pt)
Moyenne	886	2.59	54.9	78.1	9.5
Ec.Type	96	0.24	3.3	1.2	2.1

Moy. VG BLUP Globale lignée Femelle = 125
 Moy. VG BLUP Globale lignée Mâle = 116

Nombre d'animaux
 - Mis en contrôle : 103
 - Contrôlés : 91

N° ANIMAL	PERFORMANCES INDIVIDUELLES					VALEURS GENETIQUES BLUP				VALEUR GENETIQUE GLOBALE			NAISSEUR	
	GMQ	I.C.	TVM	RDT	IQV	ENG	CAR	IQV	REPRO	GENE	CD	RANG	PERE	NAISSEUR
Lignée Femelle														
22XPX 001781	57+	0.03-	1.8-	0.8+	0.0-	89	92	96	0.7	107	0.34	46	353AS980261	NUCLEUS-DARTOIS
22XPX 001903	108+	0.21-	7.0-	0.7-	0.7+	78	68	110	0.6	95	0.32	52	353AS980261	NUCLEUS-DARTOIS
22XPX 001809	51-	0.15+	1.1-	2.9-	2.6-	103	78	79	0.6	100	0.33	50	353AS990156	NUCLEUS-DARTOIS
22XPX 001971	22-	0.06-	2.8-	2.6-	3.8+	91	59	115	(1.4)	115	0.31	36	44UJS982313	NUCLEUS-DARTOIS
29GKA 000030	23-	0.44-	4.0-	2.4-	1.5+	76	63	115	0.6	93	0.38	54	16HAC980356	GENE+ - BARIOU
29GKA 000058	77-	0.08-	0.4+	2.7-	1.9-	105	78	89	0.9	110	0.36	41	35HJ3983179	GENE+ - BARIOU
29GKA 000060	85+	0.01-	0.4-	0.0-	0.6-	112	88	96	0.9	120	0.36	31	35HJ3983179	GENE+ - BARIOU
29GKA 000135	236+	0.02+	1.2+	0.5+	1.9-	140	99	92	0.4	125	0.33	27	35HJ3983179	GENE+ - BARIOU
29GKA 000151	53+	0.07+	2.8-	0.6+	0.1-	117	89	92	0.2	106	0.34	47	35HJ3983179	GENE+ - BARIOU
29GKA 000081	19-	0.25-	3.9-	0.5+	0.9-	80	98	74	1.0	104	0.37	48	44UPS983450	GENE+ - BARIOU
29GKA 000018	41+	0.13-	1.1+	0.3-	3.8+	109	100	128	0.7	130	0.36	19	79KVS980502	GENE+ - BARIOU
29JEA 003474	126+	0.10+	3.5-	0.9-	0.3-	110	88	110	1.1	127	0.35	25	29JEA988647	A.D.N - SCUILLER
29JEA 003399	40-	0.47-	4.3-	1.4+	1.4+	71	92	111	0.9	108	0.34	44	29JEA988647	A.D.N - SCUILLER
29JEA 003450	176+	0.04+	5.5-	1.1+	1.3+	106	98	113	0.9	126	0.34	26	29JEA988647	A.D.N - SCUILLER
29JEA 003451	113+	0.29+	3.0+	1.0+	0.6-	138	128	93	0.9	146	0.34	8	29JEA988647	A.D.N - SCUILLER
29JEA 003364	73-	0.04+	2.1+	0.6+	3.4-	99	123	75	1.1	124	0.37	29	44MPS983450	A.D.N - SCUILLER
29JEA 003499	178-	0.00+	3.0+	0.6-	1.1-	95	118	78	1.0	120	0.35	31	44MPS983450	A.D.N - SCUILLER
29NE1 001664	128-	0.02-	1.3+	0.8-	0.6+	97	104	96	1.7	136	0.32	15	79QEK986761	A.D.N - LE MAO
29NE1 001678	141-	0.13-	2.3+	0.0+	0.4-	91	109	89	1.8	135	0.34	17	79QEK986761	A.D.N - LE MAO
29NE1 001679	87-	0.06-	1.2+	0.4-	3.1-	92	103	88	1.8	133	0.34	18	79QEK986761	A.D.N - LE MAO



COMMENT MAXIMISER LE PROGRES GENETIQUE DANS UN ELEVAGE DE SELECTION ?

➤ REPOSE ANNUELLE =

$$R = \frac{i}{L} h^2 \sigma_p$$

• h^2 : MILIEU HOMOGENE
 • σ_p : TAILLE DES BANDES
 (15-20 PORTEES MINIMUM) } CONCEPTION DE L'ELEVAGE

• i/L : MAXIMUM SI ROTATION RAPIDE DES ANIMAUX :

- 70 % RENOUELEMENT ANNUEL DES TRUIES
- 6-8 MOIS D'UTILISATION POUR LES VERRATS D'ELEVAGE
- 1 AN POUR LES VERRATS D'IA

NB : AVEC LE BLUP, RISQUE DE PERTE DE VARIABILITE GENETIQUE
 SI ON UTILISE TROP LONGTEMPS LES MEILLEURS VERRATS D'IA
 (EXEMPLE : IGNACE !)

➤ UN ELEVAGE DE SELECTION EST AVANT TOUT UN ATELIER N-E DE RACE PURE BIEN TENU

➤ PROBLEMES ZOOTECHNIQUES :

- SELECTION MOINS EFFICACE
- MOINS DE VENTE...

➤ SURCOUT DE LA SELECTION :

- INVESTISSEMENT (1M²/PORC - CLOTURE)
- TEMPS DE TRAVAIL : ELEVEUR, TECHNICIEN, VETERINAIRE
tatouages, ultrasons, tris, saisie des données...
- MOINS-VALUE A L'ABATTOIR

➤ CE SURCOUT EST COMPENSE PAR UNE "PRIME GENETIQUE"
 PAR ANIMAL VENDU

➤ MULTIPLICATION VERRATS = IDEM SELECTION
 MULTIPLICATION COCHETTES = MOINS DE CONTRAINTES

Critères d'entrée en CIA

- . Agrément sanitaire
 - . Agrément zootechnique
 - o Haute valeur génétique
 - o Caryotype si taille de portée inférieure à un seuil
 - . Lignées femelle : typage Hal
- NB : pas de typage RN, les lignées LGPC étant a priori indemnes du gène RN⁺ ; screening prévu en 2001
- . Contrôle de filiation à partir de 2001

VI. SELECTION COLLECTIVE / FIRMES DE SELECTION

↳ Méthodes de sélection (critères, évaluation) : pas de différence systématique

↳ Organisation

Des différences qui s'atténuent :

- LGPC : le nombre d'élevage de sélection diminue mais leur taille grossit
- Firmes : réseau de stations de sélection reliées par IA

↳ Les différences essentielles :

Ce sont des éleveurs qui investissent dans la base de sélection (élevages, cheptels)
→ avantages et inconvénients ...

↳ Les spécificités de la sélection collective française

- Elevages spécialisés, ne détenant qu'un seul type génétique de truies
- Elevages totalement déchargés de la commercialisation, assurée par les OSP et les groupements de producteurs

↳ Autres

- mesures des évolutions génétiques sur une longue période (semence congelée, voire embryons congelés) : c'est l'une des possibilités offertes par la cryobanque nationale

VII. AUTRES OUTILS

Outils de contrôle à posteriori

↳ Contrôle de produits terminaux

- Maître d'œuvre : Agence de la Sélection Porcine
- 7 types génétiques de produits terminaux issus chacun d'un plan de croisement précis
- Dispositif : blocs incomplets équilibrés avec témoin Large White améliorant les connexions entre bandes
- Chaque participant
 - fournit environ 150 animaux
 - issus de plus de 50 verrats et d'une vingtaine d'élevages
 - contrôlés sur 3 bandes
- Environ 1 test par an ; résultats publiés (23^e test publié en 2000)

↳ Productivité des truies parentales

- Maître d'œuvre : Agence de la Sélection Porcine
- Références obtenues à partir de la GTT – publication restreinte

Banque d'ADN

Stockage systématique de l'ADN des verrats entrant en service dans les 4 PAS des LGPC

- d'abord verrot d'IA
- à partir de 2001, verrats de contrôle en ferme
- but à court terme : contrôle de filiation (de paternité) à cibler sur les verrats entrant en CIA. 1^{er} jeu de 8 marqueurs, à affiner
- but à long terme : recherche de QTL



7ème session
Amélioration génétique des porcs

Rennes, 14-18 mai 2001

Circulation de l'information zootechnique

T. Tribout
Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale
Station de génétique quantitative et appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex - France

E-mail: tribout@dga.jouy.inra.fr
Web : <http://inra-sgqa.jouy.inra.fr>

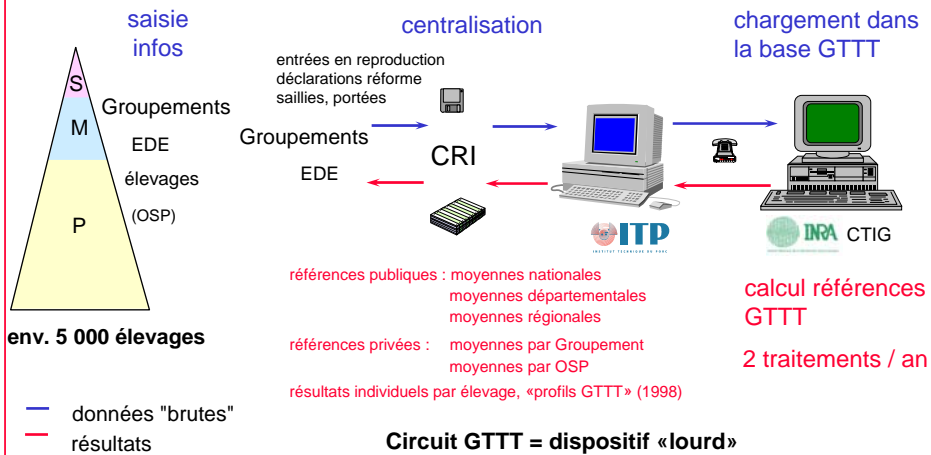
CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session



Circulation de l'information zootechnique



Information GTTT en 1993



env. 5 000 élevages

CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session

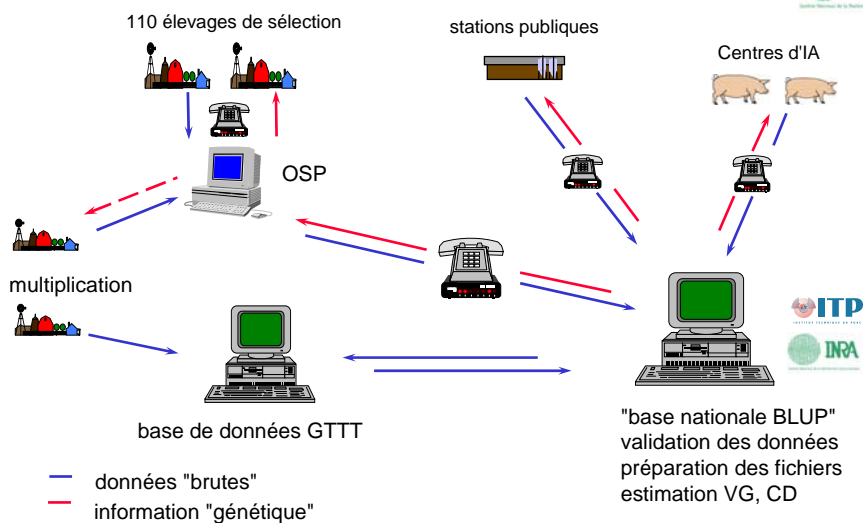
Besoins liés à l'évaluation nationale

- échanges d'informations **fréquents** (mensuels, hebdomadaires)
- échanges d'informations **rapides**, «**ascendants**» et «**descendants**»
 - délai entre mesure performance et chargement base minimum
 - nombre d'intermédiaires réduit (OSP)
 - informatisation des élevages, échanges par voie télématique
- remontée d'**informations supplémentaires** :
 - contrôle en ferme, contrôle en station, entrées en CIA et réformes
- **information** (généalogique) **de qualité**



création d'un nouveau circuit et d'une base de donnée « BLUP »

CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session



CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session

Qualité de l'information

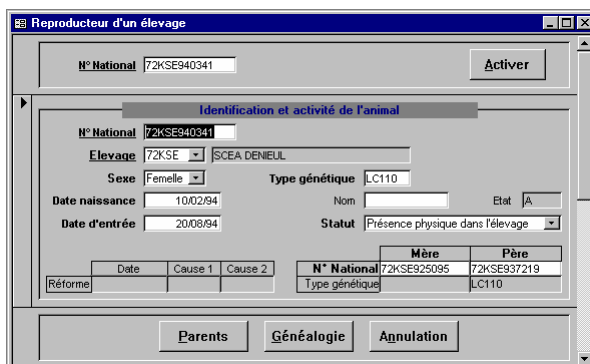
BLUP - modèle animal :

- **estimation de valeurs génétiques plus précises** grâce à l'utilisation des performances de l'ensemble des apparentés
- **meilleure dissociation des effets de milieu et des effets génétiques**

Condition nécessaire :

disposer de **pedigrees** et de **performances de qualité**tout au long de la chaîne, **procédures de contrôle de l'information**

CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session

Qualité de l'information à la saisie

Date	Cause 1	Cause 2	N° National	Type génétique
			72KSE925095	LC110

Utilisation en **élevage** et en **station de contrôle de logiciels** conçus pour limiter au maximum les erreurs de saisie

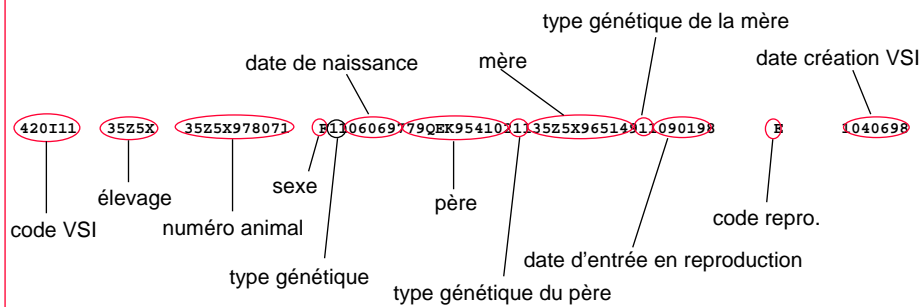
- contrôle des **performances** saisies (bornes de cohérence)
- contrôle des **dates d'évènements** saisies (âges)
- contrôle de l'**identité** et du **pedigree** des individus } **cohérence par rapport aux données de l'élevage**

CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session

L'information circule sous forme de « VSI »

VSI = vecteur standard d'information = fichier de format standardisé
une ligne du fichier correspond à un événement codé

exemple : VSI I11 (déclaration d'entrée en reproduction / réforme)



CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session

Qualité de l'information transmise

A la réception des VSI par l'ITP :

- vérification de l'intégrité des fichiers transmis
 - présence dans chaque fichier de codes «début» et «fin d'envoi»,
d'une date d'émission, et du nombre de VSI contenus dans le fichier
- vérification de la forme des données
 - champs non renseignés, recherche élevages inconnus, syntaxes incorrectes ...
- contrôles sur la fréquence des envois
 - bilan par élevage des volumes et de la fréquence des émissions
 - détection «d'oublis» de transmission possible

CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session



Circulation de l'information zootechnique



Qualité de l'information transmise

Chargement dans la base du CTIG :

- **vérification intégrale de la forme des données**
 - champs non renseignés, recherche élevages inconnus, syntaxes incorrectes ...
- **contrôle de la cohérence interne du VSI**
 - cohérence des performances, dates d'évènements (entrée repro. / date naiss.)
type génétique individu / type génétique parents, ...
- **contrôle de la cohérence de l'apport par rapport aux données de l'ensemble de la base**
 - date de portée / date de saillie, date naissance individu / date mise bas mère, ...
 - pedigree individu, ... (intérêt « redondances » informations entre VSI)
 - ...



incohérences renvoyées aux OSP pour vérification et correction

CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session



Circulation de l'information zootechnique



Qualité de l'information transmise

- **création automatique des fichiers utilisés pour l'évaluation**
- **mise en forme automatique des résultats de l'évaluation**
- **mise en place de procédures de validation des résultats de l'évaluation**
 - **corrélations entre résultats d'évaluations consécutives**
 - **évolution de la précision d'estimation des valeurs génétiques**

CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session



Circulation de l'information zootechnique



Volumes d'informations transmis

Année 2000

- 110 000 saillies
- 85 000 portées (1/3 en sélection 2/3 multiplication)
- 490 000 individus tatoués
- 121 000 individus contrôlés en ferme
- 3 200 individus contrôlés en station

CSAGAD Cycle 2000/2001 6ème session

Évaluation génétique pour les caractères de production

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

Évaluation génétique caractères de production

- Évaluation "**combinée**" ferme - station depuis 1996
- Évaluation **multicaractère** (9 caractères)
- Fréquence **mensuelle**
- Collaboration INRA - ITP - CTIG
- Utilisation du logiciel **PEST**
- Races concernées : **Large White, Landrace Français, Piétrain**
- **Objectif** : fournir des Valeurs Génétiques BLUP pour les reproducteurs actifs (en élevage et en CIA) et les candidats à la sélection.

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

contrôle en ferme

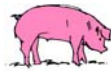
Mâles et femelles candidats à la sélection



Age à 100 kg
Épaisseur de lard à 100 kg
(Épaisseur de noix
de côtelette)
(Qualité de Viande)

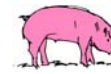
contrôle en station

jeunes mâles candidats (avt. 97)



GMQ
ELD
IC

collatéraux abattus



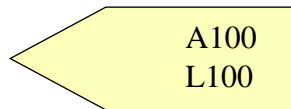
GMQ
IC



RDT
TVM
IQV

Les caractères mesurés

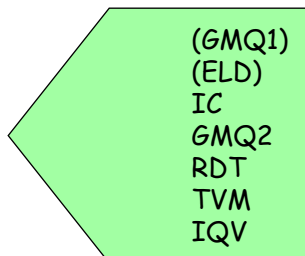
Contrôle en ferme



A100
L100

~100 000 animaux /an

Contrôle en station



(GMQ1)
(ELD)
IC
GMQ2
RDT
TVM
IQV

~ 3500 animaux /an

Large White

	GMQ1	ELD	IC	GMQ2	RDT	TVM	IQV	A100	ELD100
GMQ1	0.30	0.27	0.02	0.89	-0.25	-0.22	0.11	-0.65	0.22
ELD	0.25	0.73	0.74	-0.11	0.20	-0.79	0.23	0.05	0.85
IC	0.01	0.40	0.41	-0.36	0.07	-0.78	0.22	0.16	0.55
GMQ2	0.27	-0.05	-0.41	0.30	-0.31	0.12	0.07	-0.80	-0.06
RDT	-0.09	0.11	0.10	-0.09	0.40	-0.02	-0.10	0.30	-0.03
TVM	-0.10	-0.54	-0.47	-0.03	0.02	0.63	-0.22	0.01	-0.85
IQV	0.03	0.09	0.08	0.00	-0.04	-0.07	0.21	0.00	0.13
A100								0.19	-0.09
L100									0.42

sur la diagonale : hérabilités

au-dessus de la diagonale : corrélations génétiques

au-dessous de la diagonale : corrélations phénotypiques

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

Landrace Français

	GMQ1	ELD	IC	GMQ2	RDT	TVM	IQV	A100	ELD100
GMQ1	0.43	0.14	-0.28	0.83	-0.33	-0.08	0.14	-0.75	-0.05
ELD	0.15	0.53	0.63	-0.21	0.06	-0.71	0.45	-0.05	0.86
IC	-0.10	0.26	0.33	-0.41	0.04	-0.72	0.06	0.07	0.58
GMQ2	0.29	-0.08	-0.40	0.29	-0.34	0.03	-0.20	-0.72	-0.15
RDT	-0.12	0.02	0.14	-0.09	0.33	0.15	0.14	0.45	0.22
TVM	-0.04	-0.38	-0.52	-0.05	0.00	0.54	-0.01	0.18	-0.77
IQV	0.03	0.12	0.06	0.00	0.01	-0.02	0.13	-0.03	0.26
A100								0.38	0.09
L100									0.52

sur la diagonale : hérabilités

au-dessus de la diagonale : corrélations génétiques

au-dessous de la diagonale : corrélations phénotypiques

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

Piétrain

	GMQ1	ELD	IC	GMQ2	RDT	TVM	IQV	A100	ELD100
GMQ1	0.31	0.41	-0.57	0.81	-0.04	-0.16	0.05	-0.76	0.24
ELD	0.19	0.53	0.16	0.38	-0.14	-0.73	0.02	-0.34	0.79
IC	-0.67	0.10	0.34	-0.50	-0.15	-0.21	0.17	0.36	0.41
GMQ2	0.41	0.21	-0.27	0.47	-0.17	-0.29	-0.03	-0.50	0.16
RDT	-0.04	-0.09	-0.01	-0.25	0.27	0.32	0.07	0.04	0.00
TVM	-0.08	-0.50	-0.12	-0.20	0.19	0.88	0.07	0.27	-0.72
IQV	0.01	0.04	0.00	-0.07	-0.05	-0.12	0.20	0.02	0.16
A100								0.30	-0.30
L100									0.45



sur la diagonale : héritabilités

au-dessus de la diagonale : corrélations génétiques

au-dessous de la diagonale : corrélations phénotypiques

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

	 GMQ1	ELD	IC	 GMQ2	RDT	TVM	IQV	A100	L100
année*station*bande	x	x	x	x	x	x			
élev*année*bande*sexe								x	x
groupe de p. inconnus	x	x	x	x	x	x	x	x	x
poids initial			x	x					
poids d'abattage					x	x	x		
portée	x	x	x	x	x	x	x	x	x
animal	x	x	x	x	x	x	x	x	x

fixé

covariable

randomisé

aléatoire

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

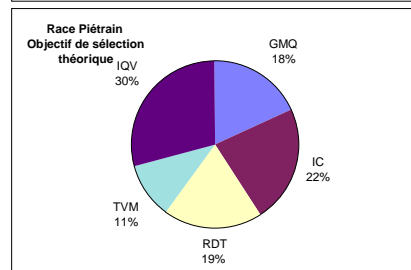
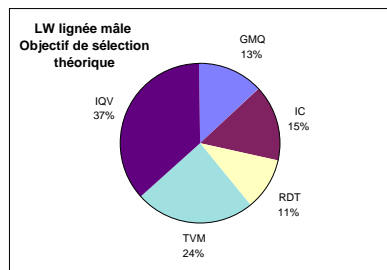
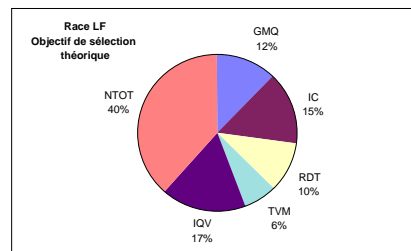
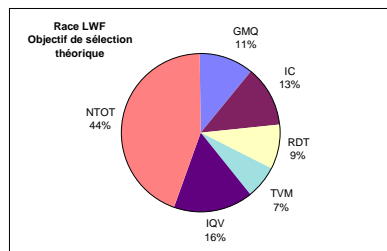
Évaluation « Combinée » Ferme - Station

	LW	LF	PP
fichier « Performances »	414 000	217 000	39 800
<i>dont CS</i>	14 000	7 000	1 800
<i>dont CF</i>	400 000	210 000	38 000
fichier « Pedigree »	450 000	250 000	45 000
Niveaux d'effets portée	85 000	45 000	7500
Niveaux d'effets « ANSTABA »	130	100	30
Niveaux d'effets « EDANBAS »	8000	4400	750
Nombre d'équations	4 900 000	2 700 000	480 000
Temps de calcul	3h30	2h	20 min

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

objectifs de sélection



Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

objectif de sélection

= Combinaison linéaire des caractères que l'on souhaite améliorer

	GMQ (g/j)	IC (kg/kg)	RENDT (%)	TVM (%)	IQV (pts)	NTOT
LWf, LF	0,243	-109	13	4	13	30
Piétrain	0,243	-109	13	4	13	-
LWm	0,243	-109	13	12	25	-

(poids économiques en francs par unité de caractère)

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

Mise en forme des résultats(1)

Pour chaque individu (jeune candidat, collatéral, reproducteur), on dispose de valeurs génétiques estimées pour chaque caractère de l'objectif global :

$$VGE_{GMQ} \quad VGE_{IC} \quad VGE_{REND} \quad VGE_{TVM} \quad VGE_{IQV} \quad VGE_{REPRO}$$

On combine ces valeurs génétiques élémentaires :

$$VGE_{CROIS} = 0.243 VGE_{GMQ} - 109 VGE_{IC}$$

$$VGE_{CARC} = 13 VGE_{REND} + 4 VGE_{TVM}$$

$$VGE_{PROD} = 0.243 VGE_{GMQ} - 109 VGE_{IC} + 13 VGE_{REND} + 4 VGE_{TVM} + 13 VGE_{IQV}$$

$$VGE_{GLOB} = 0.243 VGE_{GMQ} - 109 VGE_{IC} + 13 VGE_{REND} + 4 VGE_{TVM} + 13 VGE_{IQV} + 30 VGE_{REPRO}$$

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

Exemple numérique

animal : 35ABC972170 VGE «brutes»

$VE_{GMQ} = +59.92 \text{ g/j}$
 $VE_{IC} = -0.096 \text{ kg/kg}$
 $VE_{REND} = -1.56 \text{ pt \%}$
 $VE_{TVM} = +0.99 \text{ pt \%}$
 $VE_{IQV} = -0.127 \text{ pt}$
 $VE_{REPRO} = +1.78 \text{ porcelets}$

$$VE_{CROIS} = (0.243 * 59.92) + (-109 * (-0.096)) = +25.02$$

$$VE_{CARC} = (13 * (-1.56)) + (4 * 0.99) = -16.32$$

$$VE_{IQV} = (13 * (-0.127)) = -1.65$$

$$VE_{PROD} = (0.243 * 59.92) + (-109 * (-0.096)) + (13 * (-1.56)) + (4 * 0.99) + (13 * (-0.127)) = +7.05$$

$$VE_{GLOB} = (0.243 * 59.92) + (-109 * (-0.096)) + (13 * (-1.56)) + (4 * 0.99) + (13 * (-0.127)) + (30 * 1.78) = +60.453$$

VG BLUP "production" exprimées en écart à une base de référence

base de référence = individus contrôlés en ferme ou en station nés au cours des trois années précédant l'année de naissance des individus contrôlés actuellement

ex. : pour l'évaluation de fin avril 2001,
base = indiv. nés du 01.05.1997 au 30.04.2000
(glissement de la base chaque mois)

VG BLUP : 100 = moyenne base de référence
30 points = 1 écart type génétique

VG BLUP "reproduction" exprimées :

- en nombre de nés totaux par portée
- en écart à une **base de référence**

base de référence = truies en sélection nées au cours des trois années précédant l'année de naissance des plus jeunes truies

ex. : por l'évaluation de fin avril 2001,
base = truies nées du 01.05.1996 au 30.04.1999
(glissement de la base chaque année fin juin)

animal : 29UBP972170 $VGE_{\text{GLOB}} = +60.45$ $VGE_{\text{REPRO}} = +1.78$

moyenne VGE_{GLOB} candidats nés en 1995, 1996, 1997 = 19.71

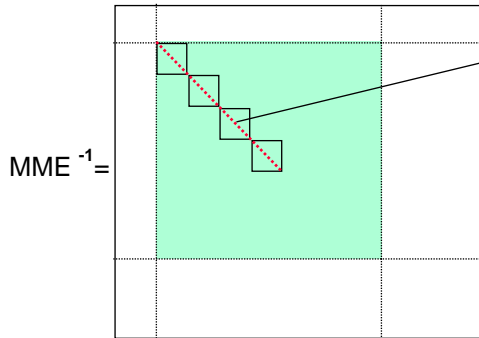
$$VGE_{\text{GLOB}} \text{ «standardisée»} = 100 + 30 \left(\frac{VGE_{\text{GLOB}} - MOY_{\text{«base»}}(VGE_{\text{GLOB}})}{\text{écart type génétique objectif global}} \right)$$

$$= 100 + 30 \left(\frac{60.45 - 19.71}{42.92} \right) = 128.5$$

moyenne VGE_{REPRO} truies nées en 1994, 1995, 1996 = 0.44

$VGE_{\text{REPRO}} \text{ «standardisée»} = VGE_{\text{REPRO}} - MOY_{\text{«base»}}(VGE_{\text{REPRO}}) = 1.78 - 0.44 = 1.34$

$\hat{V}G_{BLUP}$ = estimation de la valeur génétique vraie d'un individu, réalisée avec une certaine imprécision : «VEP»



variance d'erreur de prédiction

$$CD = 1 - \frac{VEP}{\sigma^2_g}$$

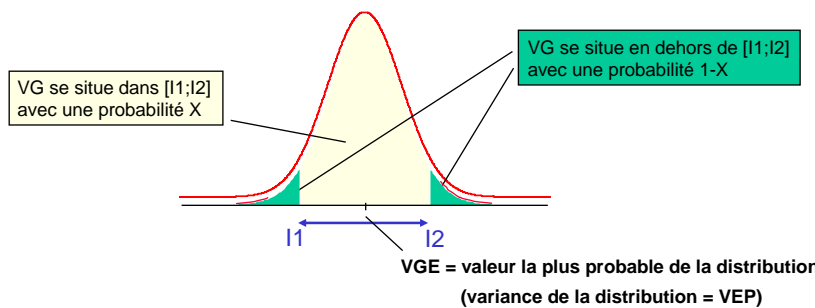
$$0 < VEP < \sigma^2_g$$

CD = coefficient de détermination

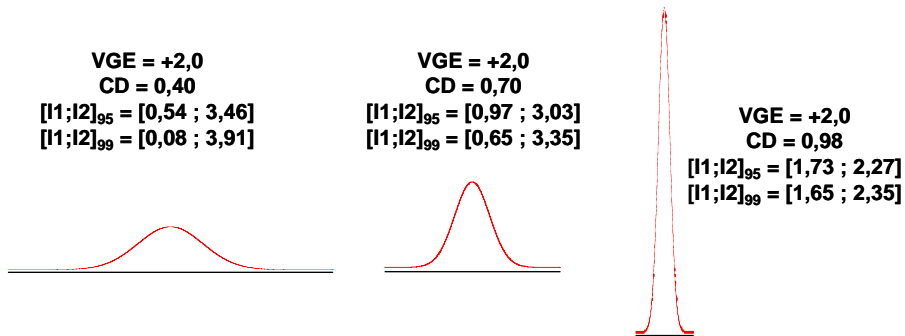
Signification du CD d'une Valeur Génétique Estimée

Le CD est relié à la quantité d'information utilisée pour estimer la VG

- beaucoup d'information (individus, apparentés, ...) : CD élevé
- peu d'information : CD faible



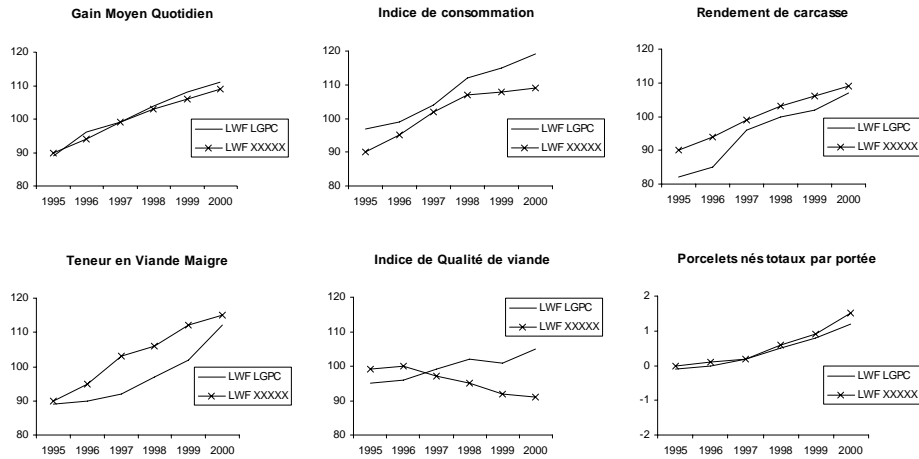
Signification du CD d'une VGE
exemple : reproduction $\sigma^2_g = 0,92$



- * *après chaque évaluation* :
 - valeurs génétiques estimées (VGE) et précisions (CD)
 - de l'ensemble des reproducteurs des élevages de sélection
 - de l'ensemble des verrats d'IA de race pure
 - de l'ensemble des jeunes candidats contrôlés en ferme
- * *tous les trois mois* :
 - évolutions génétiques annuelles : par race, élevage, sexe
 - VGE et CD des reproducteurs de multiplication
- * *tous les six mois* :
 - bilan génétique par élevage, OSP

Evolution comparative des Valeurs Génétiques BLUP de 1995 à 2000

BILAN GÉNÉTIQUE SEMESTRIEL
1ER SEMESTRE 2001



Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

Objectif

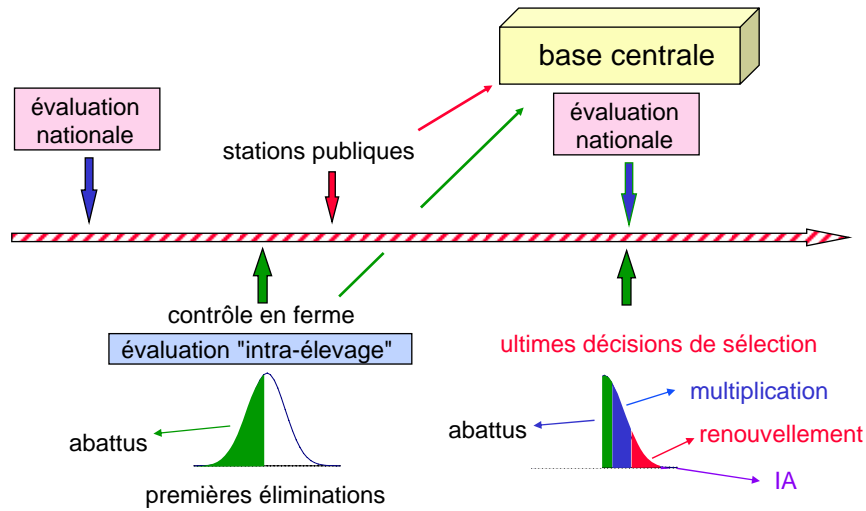
Posséder une estimation de la valeur génétique des candidats à la sélection dès leur sortie de contrôle (sans attendre l'évaluation nationale suivante)

Principe

Combiner les performances propres de l'individu et les valeurs génétiques des parents de l'individu lors de la dernière évaluation nationale

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001



Calcul des valeurs génétiques intra - élevage

$$\hat{VG}_{intra} = \frac{1 - CD_{ind}}{1 - CD_{ind} CD_{asc}} \hat{VG}_{asc} + \frac{1 - CD_{asc}}{1 - CD_{ind} CD_{asc}} Ind\ Sél_{ind}$$

avec

$$\hat{VG}_{asc} = \frac{\hat{VG}_{père} + \hat{VG}_{mère}}{2} \quad CD_{asc} = \frac{CD_{père} + CD_{mère}}{4}$$

$$Ind\ Sél_{ind} = b_1 (AGE100^*) + b_2 (ELD100^*) \quad CD_{ind} = \text{constante}$$

Évaluation intra - élevage

• limites par rapport à l'évaluation nationale

1. les performances des germains et demi-germains contemporains ne sont pas prises en compte dans l'estimation de V_{Gintra}

⇒ important lorsque les parents sont jeunes ($CDasc$ faible)

2. l'effet du milieu est estimé de manière imprécise (performance moyenne de la bande de contrôle)

• intérêts de l'évaluation intra-élevage

1. corrélations de rang très fortes avec les résultats de l'évaluation nationale (env. 0,94) (corrélation $V_{G_{BLUP}}$ / Indices classiques = 0,60)

2. $V_{G_{intra}}$ disponibles dès la fin du contrôle de la bande

Détection des verrats porteurs d'anomalies chromosomiques

• Animaux porteurs d'anomalies chromosomiques (translocations réciproques, inversions... : fréquence de 1 à 2 % dans les populations françaises).



gamètes porteurs de déséquilibres chromosomiques



réduction des tailles de portée des conjointes

Détection des verrats porteurs d'anomalies chromosomiques

Utilisation du système d'information BLUP

Equipe des indexateurs
INRA-ITP



effets "verrats" calculés lors de
l'indexation reproduction

Laboratoire de
Cytogénétique (INRA-ENVT)



demandes de
prélèvements

prélèvements de sang
des verrats suspects

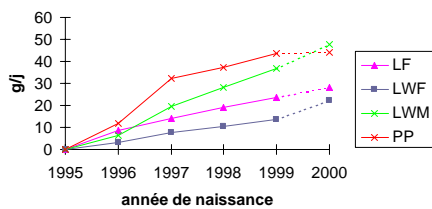
OSP

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

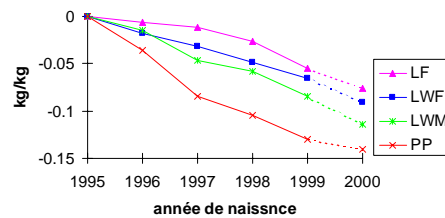
Rennes, 14-18 mai 2001

Évolutions génétiques LGPC

Gain moyen quotidien

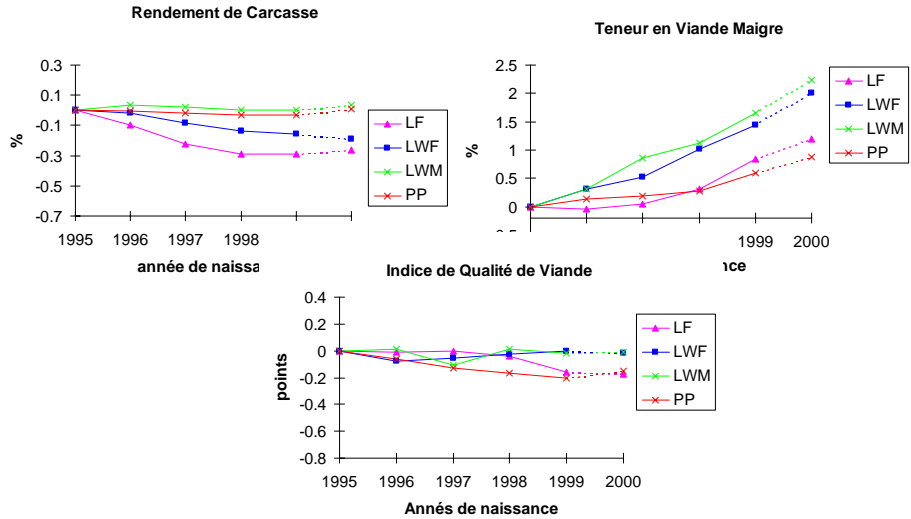


Indice de consommation



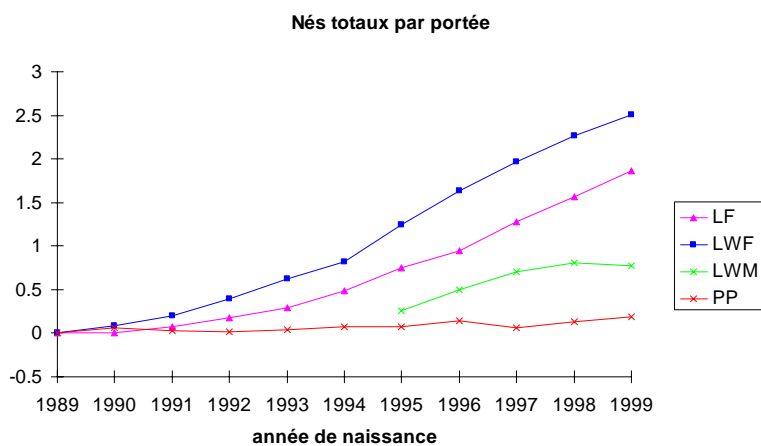
Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001



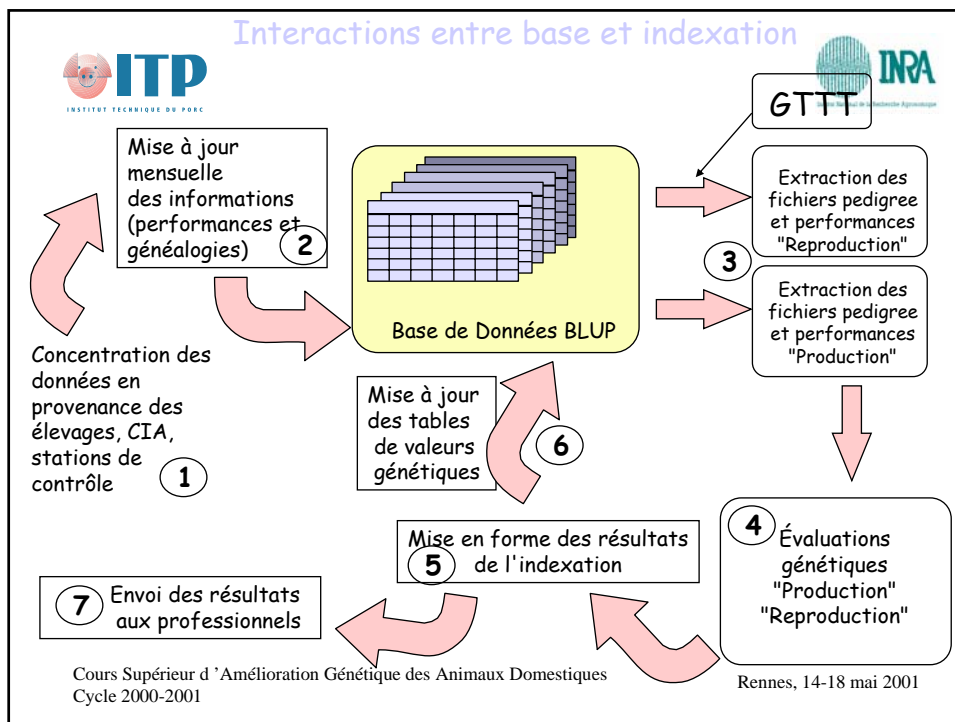
Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001



Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001



Conclusions - Perspectives

- BLUP INRA-ITP en place depuis 1995 (reproduction)
- Progrès notables permis par cette méthodologie
- Circuit de l'information en constante évolution, surtout grâce aux échanges par Internet.
- Puissances de calcul de plus en plus fortes
- Ouverture vers de nouveaux caractères à évaluer (nombre de tétines, épaisseur de noix de côtelette, qualités maternelles ...)
- Base de sélection large, politique commune de sélection

Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001



Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des animaux Domestiques
Cycle 2000/2001



7ème session
Amélioration génétique des porcs

Rennes, 14-18 mai 2001

Evaluation génétique pour les caractères de reproduction

T. Tribout
Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale
Station de génétique quantitative et appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex - France

E-mail: tribout@dga.jouy.inra.fr
Web : <http://inra-sgqa.jouy.inra.fr>

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



Evaluation génétique nationale
Evaluation génétique «reproduction»



- mise en place en **janvier 1995**
 - en races **Large White** et **Landrace Français**
 - caractère considéré **indépendant des caractères de production**
 - fréquence mensuelle / évaluation menée dans **chaque race séparément**
 - utilisation du **logiciel PEST**
 - performances de toutes les **truies de race pure (sélection + multiplication)**
- ➔ environ 40 000 (LF) et 70 000 (LW) performances chaque année
(\approx 1/3 sélection - 2/3 multiplication)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



Evaluation génétique nationale
Evaluation génétique «reproduction»



10 années de performances
5 générations d'ascendants | **prises en compte dans l'évaluation**

portées prises en compte : 742 000 en race Large White

452 000 en race Landrace Français

nombre d'individus évalués : 244 000 en race Large White

142 000 en race Landrace Français

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



Evaluation génétique nationale
Evaluation génétique «reproduction»



• **plusieurs caractères sont enregistrés :**

nombre de nés totaux par portée

nombre de nés vivants

nombre de sevrés par la truie

nombre de sevrés de la truie

• **caractère économiquement intéressant = nombre de porcelets sevrés**

mais : adoptions → qualité des enregistrements ?

amélioration en augmentant la taille de portée à la naissance

amélioration en diminuant la mortalité

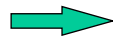


Caractère retenu : nombre de nés totaux par portée

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Nombre de nés totaux par portée :

- caractère faiblement héritable ($h^2 \approx 0.11$)
- performances fortement influencées par le milieu
- caractère mesurable tardivement et dans un seul sexe



gain attendu par l'utilisation d'une évaluation
BLUP - modèle animal très important

choix d'un modèle d'analyse adéquat ?

Modèle multicaractère / modèle à répétabilité

Modèle multicaractère : la performance à chaque parité est considérée
comme un caractère différent

Modèle à répétabilité : les performances aux différentes parités sont
considérées comme des répétitions d'un même
caractère

- corrélations très fortes entre les performances aux différentes parités
- estimation des paramètres génétiques entre portées ?
- multicaractère : diminution de la taille des cellules d'effets
- temps de calculs modèle à répétabilité << multicaractère

Modèle multicaractère / modèle à répétabilité

Le choix de nos voisins (en 1999) ...

1. Modèle à répétabilité :

Danemark, Autriche, Bavière, Suisse, Suède, Norvège, Canada

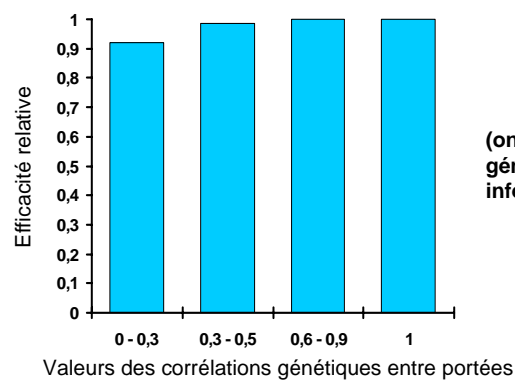
2. Modèle multicaractère :

(parité 1 = caract 1 ; parités ≥ 2 = caract 2 / répétabilité)

Rép. Tchèque, Saxe, Westphalie

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Perte d'efficacité de la sélection liée à l'utilisation
d'un modèle à répétabilité



(on suppose que les corrélations
génétiques entre portées sont
inférieures à 1)

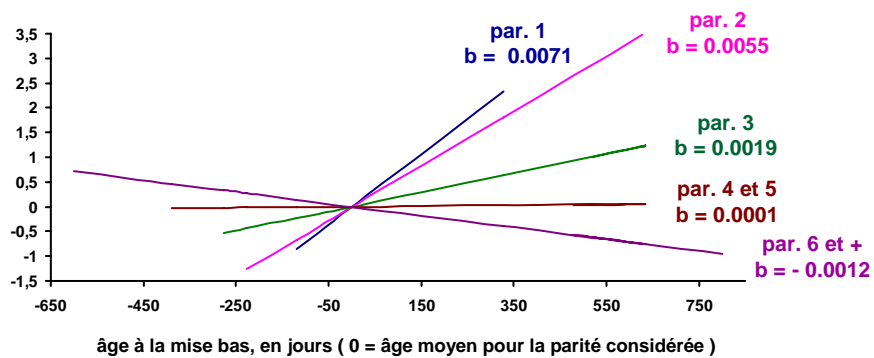
(Tartar et Bolet, 1984)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Modèle animal à répétabilité

- covariable âge à la mise bas intra rang de portée
- effets fixes élevage x année x type de fertilisation
 mois de mise bas
 rang de portée
 groupe de parents inconnus
- effets aléatoires environnement permanent de la truie
 valeur génétique additive
 verrat père de la portée

Covariable «âge à la mise bas intra rang de portée»



Existence d'interactions entre **élevage**, **année**, **type de fertilisation** et **saison**.

- exemples :**
- une année donnée, maîtrise différente de l'IA entre élevages
 - pour un élevage donné, évolution de la maîtrise de l'IA

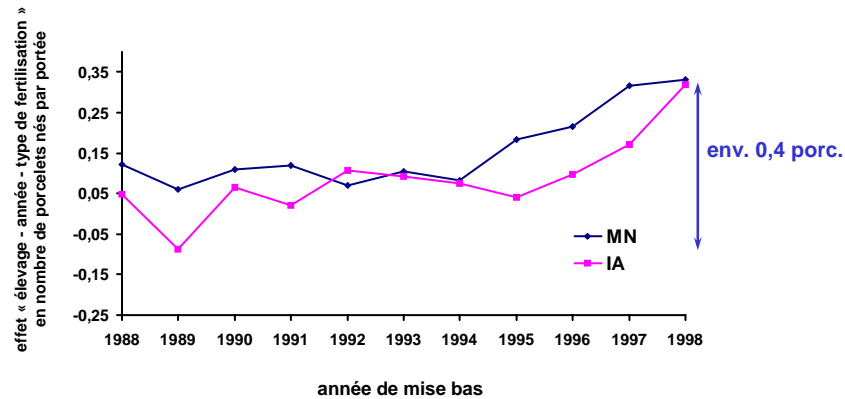
→ combinaison [**élevage * année * saison * type de fertilisation**]

Problème : effectifs très faibles dans chaque cellule → **effet aléatoire ?**

Répartition non aléatoire des verrats dans les différentes cellules d'effets → **biais dans l'évaluation des valeurs génétiques**

Solution : on considère deux effets fixes [**élevage - année - type de fertilisation**] et [**mois de mise bas**] sans interaction

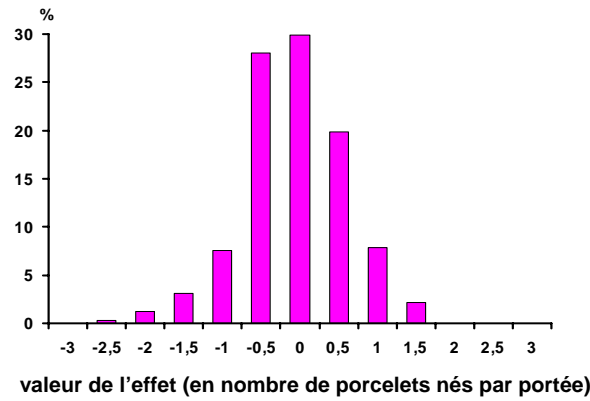
moyennes annuelles des effets « élevage - année - type de fertilisation » (LW)



Evaluation génétique «reproduction»

Effet « élevage - année - type de fertilisation »

distribution de l'effet « élevage » (année 1997, insémination artificielle) (LW)



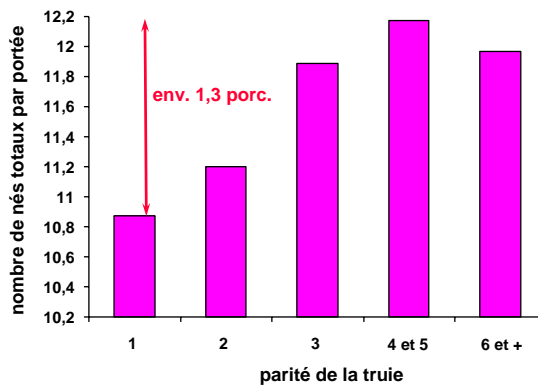
CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Evaluation génétique «reproduction»

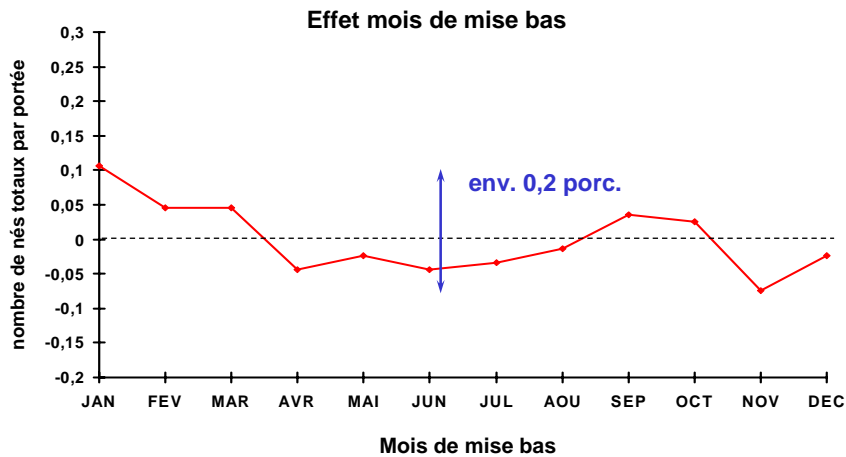
Effet rang de portée de la truie

5 niveaux d'effet considérés :

- parité 1
- parité 2
- parité 3
- parités 4 et 5
- parités 6 et +



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Effet « groupes de parents inconnus »

Une partie des propriétés du BLUP - modèle animal suppose qu'on remonte jusqu'à la population de base non sélectionnée

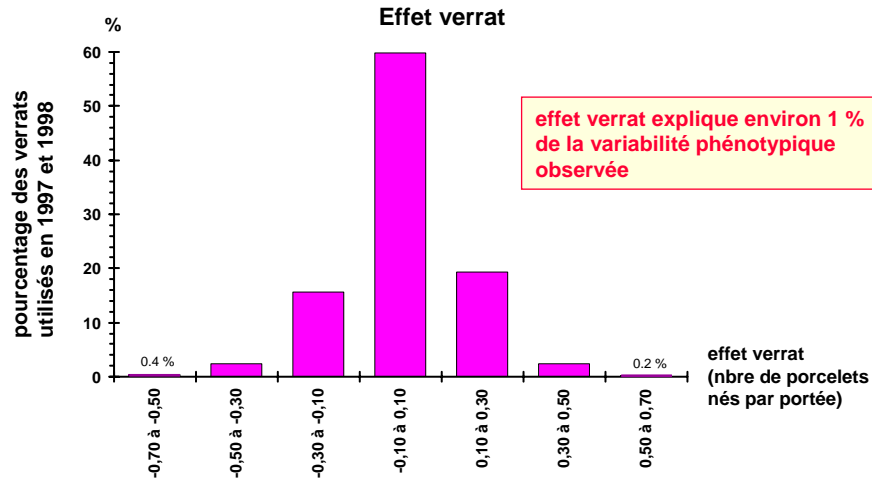
MAIS importations de semence ou d'individus
 nombre variable de générations d'ascendants connus

➡ **on doit considérer qu'il existe plusieurs populations de base**

groupes de parents inconnus : origine géographique * année de naissance

> 50 individus par groupe 23 groupes en race LF
 27 groupes en race LW

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Détection de verrats « hypoprolifiques »

Verrats porteurs d'anomalies chromosomiques → faible TP

1. Utilisation des fichiers nationaux GTTT :

recherche de verrats pères de « petites portées »

2. Utilisation des effets verrats de l'évaluation « BLUP repro » :

estimation plus précise que par GTTT

correction pour effets élevages, VG de la truie ...

évaluation mensuelle : détection du verrat avant sa réforme

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



Evaluation génétique nationale



Mise en forme des résultats

VG BLUP "reproduction" exprimées :

- en nombre de nés totaux par portée
- en écart à une **base de référence**

base de référence = truies en sélection nées au cours des trois années précédant l'année de naissance des plus jeunes truies

ex. : éval avril 2001, base = truies nées entre 01/04/96 et 01/04/99
(glissement de la base à chaque évaluation)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



Evaluation génétique nationale



Evaluation génétique «reproduction»

Améliorations possibles du modèle utilisé ?

- **pas d'effet sensible des caractéristiques de la portée de naissance de la truie**
- **effet des caractéristiques de la précédente portée de la truie :**
 - **corrélation favorable avec la durée de lactation**
lactations courtes = NTOT plus faibles
 - **intervalle sevrage - saillie fécondante :**
NTOT saillie sur 2ème oestrus > saillie sur 1er oestrus

(Bauvois et al, 1997)

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Changement prochain de l'objectif de sélection repro :

nbre nés totaux par portée → **nbre nés vivants par portée**

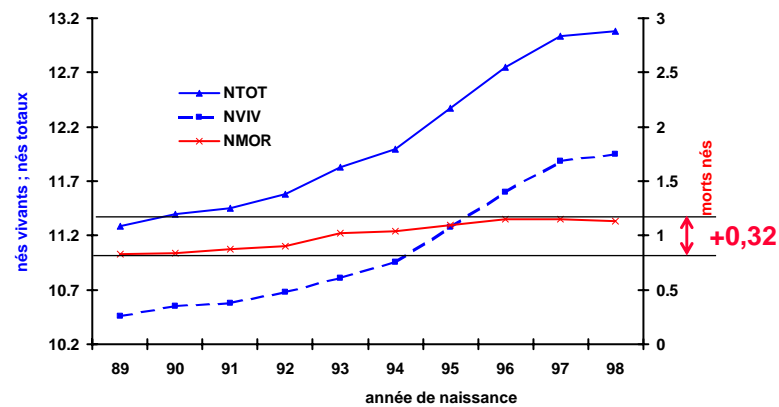
Choix initial : **NTOT** car un peu plus héritable que **NVIV**

MAIS : corrélation défavorable entre **NTOT** et **nbre morts nés**

→ **risque d'augmentation de la mortalité à la naissance**

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

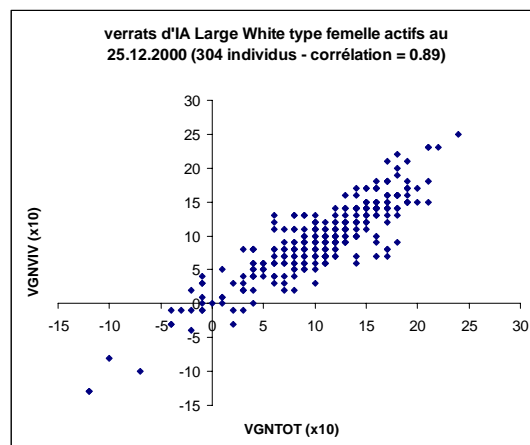
Evolution par année de naissance des performances moyennes nés vivants, nés totaux, morts nés, des truies Large White (fem) nées en élevage de sélection



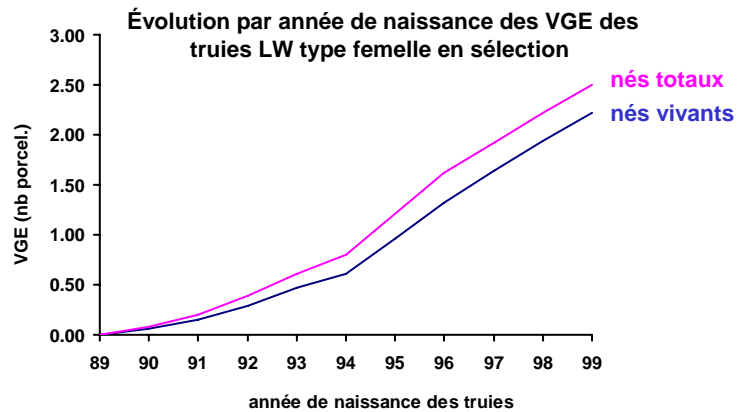
CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

- évolution du nombre de morts nés, mais faible
- corrélation génétique entre NTOT et NVIV élevée (0,91)
 - ➡ sélection sur NTOT améliore également NVIV
- MAIS, pour certains individus, changements de classement
 - ➡ sélection directe sur NVIV est plus efficace
- meilleure image de la sélection ?

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session



CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

Autres évolutions ?

Sélection sur la survie naissance - sevrage ?

- adoptions → caractère difficile à apprécier
- héritabilité faible

Évaluation « nombre de tétines fonctionnelles » :

- caractère héritable
- nécessité d'améliorer les aptitudes maternelles

Amélioration de l'aptitude laitière (pesée des portées au sevrage) ?

CSAGAD Cycle 2000/2001 7ème session

**Cours Supérieur d 'Amélioration Génétique des animaux Domestiques
Cycle 2000/2001**

**7ème session
Amélioration génétique des porcs**

Rennes, 14-18 mai 2001

**Intégration des outils dans un programme
d'amélioration génétique**

J.P. BIDANEL
Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale
Station de génétique quantitative et appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex - France

tél: 01-34-65-22-84
E-mail: bidanel@dga.jouy.inra.fr
Web : <http://inra-sgqa.jouy.inra.fr>

**Impact des caractéristiques biologiques de l'espèce
porcine sur les programmes d'amélioration génétique**

⌘ Les atouts

⊗ Grande efficacité reproductive

- ⊗ Nombre élevé de descendants par femelle

Bovins
4,8 veaux/vache
 $4,8 * 0,5 * 0,8$
 $\approx 1,9$ Filles /mère
/mère

Porc
4,6 portées/truie
 $4,6 * 0,5 * 5$
 $\approx 11,5$ Filles

- ⊗ Utilisation généralisée du croisement

⊗ Développement de l'IA

- ⊗ Essentiellement semence fraîche
⊗ Progrès récents de la congélation

Impact des caractéristiques biologiques de l'espèce porcine sur les programmes d'amélioration génétique

⌘ Les atouts

- ⊟ Faible intervalle de génération
- ⊟ Caractères (de croissance - carcasse)
 - ⊟ héritables
 - ⊟ Mesurables précocement
 - ⊟ Mesurables sur l'ensemble des candidats des 2 sexes
- ⊟ Homogénéité des conditions de production
 - ⊟ (élevage conventionnel)
- ⊟ Homogénéité du produit abattu
 - ⊟ (porc de 105 - 110 kg de poids vif)

Impact des caractéristiques biologiques de l'espèce porcine sur les programmes d'amélioration génétique

⌘ Les contraintes

- ⊟ Contraintes sanitaires
 - ⊟ Diffusion « verticale » des animaux : un seul fournisseur
 - ⊟ Pas de reproducteur en station de contrôle
- ⊟ Diversité des produits
 - ⊟ Viande fraîche
 - ⊟ Produits transformés
 - jambon cuit / cru
 - charcuterie

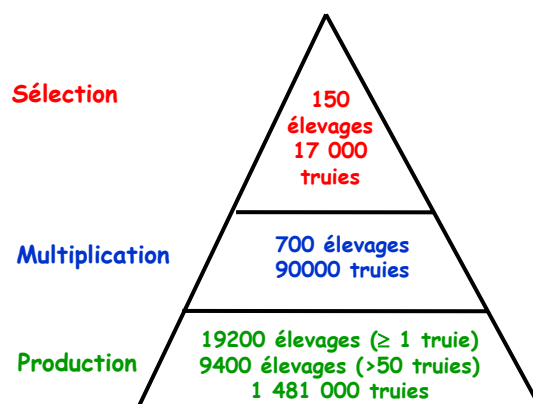
Impact des caractéristiques biologiques de l'espèce porcine sur les programmes d'amélioration génétique

⌘ Les contraintes (2)

- ⊠ **Rapidité et décentralisation des décisions de sélection**
 - ⊠ Circuit très rapide de l'information nécessaire
- ⊠ **Nouveaux caractères moins aisés à sélectionner**
 - ⊠ Reproduction : mesure tardive dans un seul sexe
 - ⊠ Qualité de la viande : abattage nécessaire
- ⊠ **Développement de l'IA**
 - ⊠ Effets défavorables sur la variabilité génétique

Les schémas d'amélioration génétique du porc Les principales caractéristiques

⌘ Structure pyramidale



Intérêt des noyaux de sélection chez le porc

Exemple (Smith, 1959, Anim Prod, 1, 113-121)

⌘ Hypothèses: 5000 candidats mesurés, 1000 reproducteurs nécessaires

	Système ouvert	Noyau de sélection
Animaux sélectionnés	1000	20 (50 desc. Chacun)
ΔG	$1,36 h^2 \sigma_P$	$2,70 h^2 \sigma_P$
Génération 0	0	0
1	Contr. Cand. + sél. $0,68 h^2 \sigma_P$	0
2	$1,36 h^2 \sigma_P$	0
3	$2,04 h^2 \sigma_P$	$1,35 h^2 \sigma_P$
4	$2,72 h^2 \sigma_P$	$2,70 h^2 \sigma_P$
5	$3,40 h^2 \sigma_P$	$4,05 h^2 \sigma_P$

Les schémas d'amélioration génétique du porc

Les principales caractéristiques

⌘ Importance relative de la sélection publique et privée

Pays	Sélection privée	Sélection publique
France	2/3	1/3
Royaume-Uni	~100%	~0%
Danemark	~0%	~100%

Les schémas d'amélioration génétique du porc

Les principales caractéristiques

- ⌘ Structure bien adaptée au développement de plans de croisement complexes
- ⌘ En sélection, priorité mise sur un renouvellement rapide des générations
 - ☒ Pas de CD, mais CI ou CC

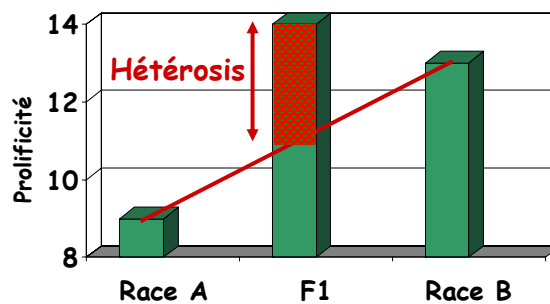
Les objectifs du croisement

- ⌘ 1 - Exploitation du phénomène d'hétérosis
- ⌘ 2 - Utilisation de l'effet de complémentarité
- ⌘ 3 - Utilisation des différences additives entre races
- ⌘ 4 - Accroissement de la variabilité génétique
- ⌘ 5 - Utilisation de gènes majeurs

Le phénomène d'hétérosis

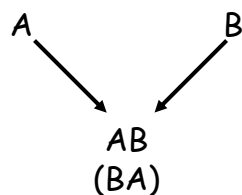
⌘ Définition (chez les animaux)

☒ Écart moyen, pour un caractère, entre la valeur des croisés F1 et la moyenne des races pures



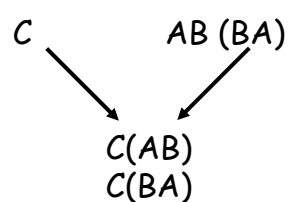
Hétérosis direct et maternel

⌘ Hétérosis direct



Écart entre la performance moyenne des F1 $(AB+BA)/2$ et la moyenne des races pures $(A+B)/2$

Hétérosis maternel



Écart entre la performance moyenne des animaux de mère F1 $[C(AB)+C(BA)]/2$ et celle des animaux de mère de race pure $(CA+CB)/2$

Valeurs moyennes des effets d'hétérosis pour les principaux caractères d'intérêt chez le porc

Caractère	Hétérosis	
	Direct	Maternel
Age au 1 ^{er} oestrus (j)	-12 (6%)	0
Nés totaux/portée	+0,25 (2%)	+0,66 (6%)
Sevrés/portée	+0,49 (4%)	+0,84 (8%)
Poids porcelet au sevrage (kg)	+0,5 (5%)	0,23 (2%)
Gain moyen quotidien (g/j)	+37 (6%)	0
Indice de consommation	-0,11 (4%)	0
Composition corporelle	0	0
Qualité de la viande	0	0

L'effet de complémentarité

⌘ Définition

- ☒ Consiste à tirer parti d'aptitudes complémentaires présentes soit dans une race, soit dans l'autre, mais difficiles à réunir par sélection dans une seule race

⌘ Exemple

- ☒ Cas de la production de viande

Race paternelle
à fort potentiel
de croissance
musculaire

x

Race maternelle
avec de bonnes
performances d'élevage
et de reproduction

Utilisation de l'effet de complémentarité chez le porc

⌘ Lié au mode d'expression du bénéfice : $B = ME - CT/P_N$

	Race A	Race B
Coût annuel d'une truie (€)	700	700
Marge en engraissement	77	70
Productivité numérique	20	25
Bénéfice/porc	$77 - (700/20)$ = 42	$70 - (700/25)$ = 42

⌘ Croisement A x B : $B = 73,5 - (700/25) = 45,5$

⌘ Gain lié à l'utilisation de lignées spécialisées = 3,5 €

⌘ = COMPLEMENTARITE

Utilisation des différences additives entre races

⌘ Croisement d'absorption

- ☒ Remplacement d'une population par une population plus performante
- ☒ Exemple: quasi-absorption de la population Piétrain française par la population Piétrain allemande

⌘ Croisement d'amélioration

- ☒ Introduction limitée de gènes d'une population amélioratrice
- ☒ Exemple : introduction de Large White anglais dans les années 1970

Valorisation de gènes majeurs en croisement: exemple du gène de sensibilité à l'halothane

Génotype	NN	Ns	ss
Viabilité	++	++	--
Quantité de muscle	0	+	++
Qualité de la viande	++	+(+)	--
Prolificité	0	0	0
Indice de consommation	0	0	0

☞ Le génotype hétérozygote réunit le maximum d'avantages

Valorisation de gènes majeurs en croisement: exemple du gène de sensibilité à l'halothane

Type génétique paternel
avec une fréquence élevée
de l'allèle s



Sélection classique
pour les performances
de production

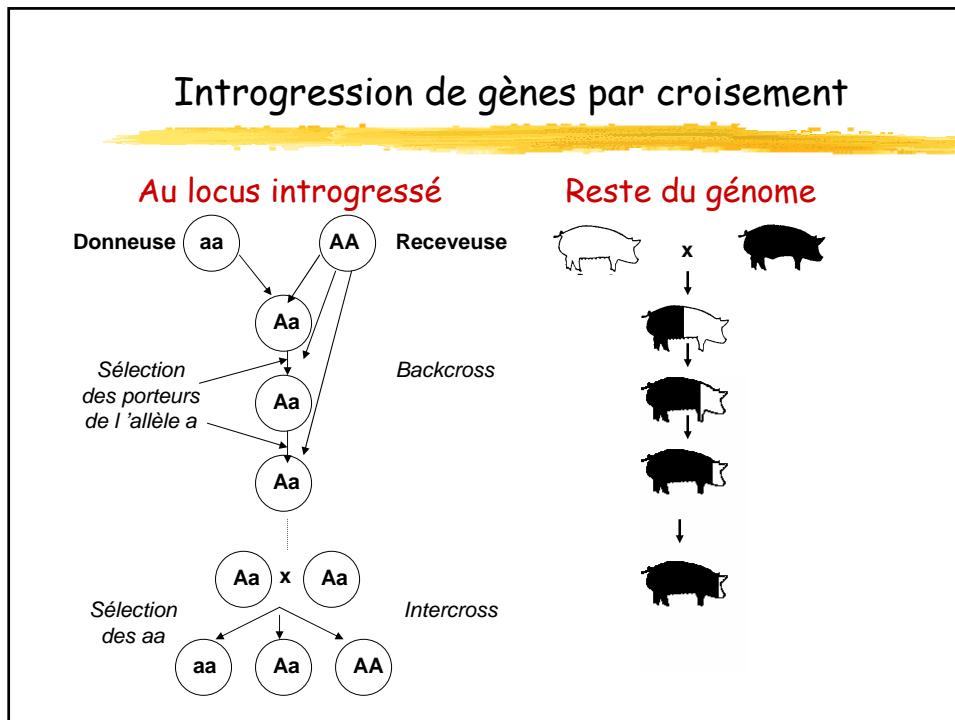
X

Type génétique maternel
indemne de l'allèle s

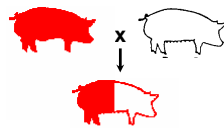


Sélection pour les performances
de production et de reproduction
Élimination de l'allèle s
(Test Hal, PHI-PGD,
sonde moléculaire)

Introgression de gènes par croisement



Intérêt comparé des plans de croisement chez le porc - Le croisement simple -



⌘ Permet d'utiliser les effets d'hétérosis direct sur :

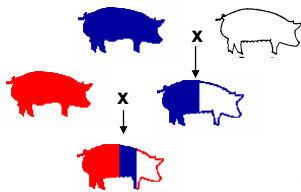
Sur la croissance	+37g	+0,80 €
Sur l'indice de consommation	-0,11	+1,40 €
Sur la taille de portée au sevrage	+0,5	+1,25 €
Total		+3,45 €

⌘ + Utilisation du gène Hal

⌘ + Utilisation de la complémentarité

⌘ - Les effets d'hétérosis maternel ne sont pas exploités

Intérêt comparé des plans de croisement chez le porc - Le croisement triple -



⌘ Utilisation des effets d'hétérosis direct :

Sur la croissance	+37g	+0,80 €
Sur l'IC	-0,11	+1,40 €
Sur TP au sevrage	+0,5	+1,25 €

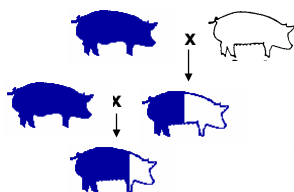
⌘ Utilisation des effets d'hétérosis liés à la truie:

Sur TP au sevrage	+0,84	+2,10 €
Sur Préc. sexuelle	-12	+0,10 €
TOTAL		+5,65 €

⌘ + Utilisation du gène Hal

⌘ + Utilisation de la complémentarité +3,50 €

Intérêt comparé des plans de croisement chez le porc - Le croisement en retour -



⌘ Utilisation d'1/2 effets d'hétérosis direct:

Sur la croissance	+18g	+0,40 €
Sur l'IC	-0,05	+0,70 €
Sur TP au sevrage	+0,25	+0,68 €

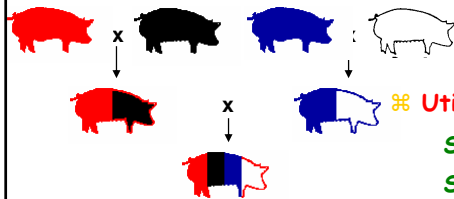
⌘ Utilisation des effets d'hétérosis liés à la truie:

Sur TP au sevrage	+0,84	+2,10 €
Sur Préc. sexuelle	-12	+0,10 €
TOTAL		+3,98 €

⌘ - pas d'utilisation du gène Hal

⌘ - pas d'utilisation de la complémentarité

Intérêt comparé des plans de croisement chez le porc - Le croisement à 4 voies -



⌘ Utilisation des effets d'hétérosis direct :

Sur la croissance	+37g	+0,80 €
Sur l'IC	-0,11	+1,40 €
Sur TP au sevrage	+0,5	+1,25 €

⌘ Utilisation des effets d'hétérosis liés à la truie:

Sur TP au sevrage	+0,84	+2,10 €
Sur Préc. sexuelle	-12	+0,10 €
TOTAL		+5,65 €

⌘ + Utilisation (partielle) du gène Hal

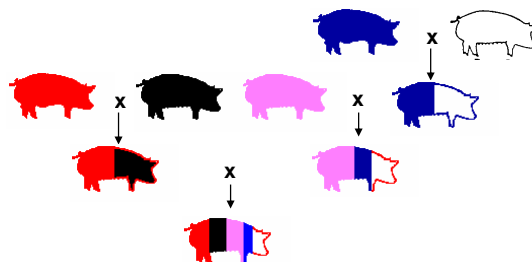
⌘ + Utilisation de la complémentarité

€

⌘ + Hétérosis sur les aptitudes reproductives du verrat

+3,50

Intérêt comparé des plans de croisement chez le porc - Les plans de croisement à trois étages -



⌘ Permet de bénéficier des mêmes avantages que le plan de croisement à 4 voies (mais avec un délai plus important de diffusion du progrès génétique côté maternel)

⌘ Permet également de garder plus aisément la propriété génétique des lignées maternelles (nombre limité d'élevages de multiplication)

Optimisation d'un plan de sélection - Facteurs à prendre en compte -

⌘ 1) Facteurs génétiques

⌘ maximiser $\Delta G_a = \frac{i\rho\sigma_a}{t}$

⌘ 2) Facteurs économiques

⌘ Coût de la sélection

⌘ Max(ΔG) pour une capacité de contrôle donnée

⌘ 3) Facteurs techniques

⌘ Techniques de mesures

⌘ Traitement de l'information

Optimisation d'un plan de sélection - Facteurs génétiques -

⌘ Sélection pour les performances de production :
quelques résultats classiques

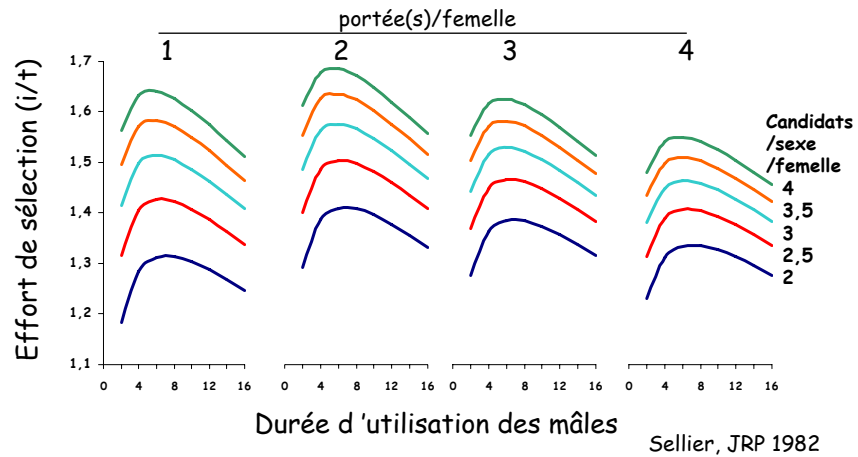
Méthode	ρ_{IH}	P	t_{min}	i (K=20)	$DG_a(K=20)$
I	0,6	1/K	1 an	2,063	1,24
2 PF	0,49	2/K	1 an	1,755	0,86
8 desc.	0,73	8/K	2 ans	0,966	0,35
I+2 PF*	0,71	1,66/K	1 an	1,842	1,31

K = nombre de candidats/verrat sélectionné

* 3I + 2PF contrôlés / portée

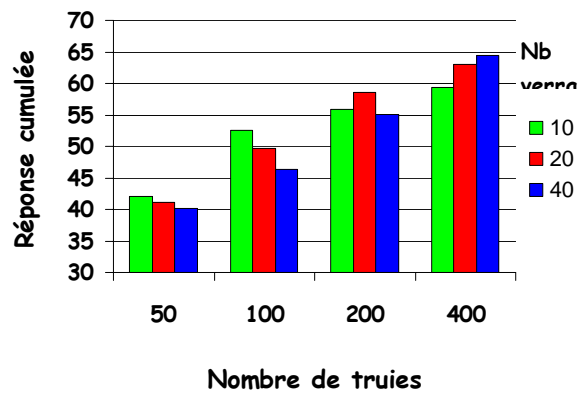
Optimisation d'un plan de sélection - Facteurs génétiques -

Variation du rapport i/t en fonction de la politique de la durée d'utilisation des mâles et des femelles



Optimisation d'un plan de sélection - Facteurs génétiques -

⌘ Effet de la taille de la population sur l'efficacité de la sélection : cas d'une lignée maternelle (de Vries, 1989)



Optimisation d'un plan de sélection - Facteurs génétiques -

⌘ Sélection à l'aide du BLUP - MA

⌘ Permet la comparaison d'animaux non contemporains

☐ On n'a théoriquement plus besoin d'avoir de règle d'âge à la réforme, les candidats reproducteurs pouvant être directement comparés aux reproducteurs en activité

↓ Ceci permet notamment de réaliser une sélection séquentielle des truies, qui conduit à une légère augmentation du progrès génétique réalisé (3 à 4 %)

↓ Sélection séquentielle possible également chez les verrats, mais peut conduire à une sur-utilisation des meilleurs verrats

↓ Plus grande souplesse, mais les grandes règles établies avec les indices de sélection restent valables

Optimisation d'un plan de sélection - Facteurs techniques -

⌘ Prise en compte de la qualité de la viande comme critère de sélection

⌘ Objectif : non détérioration de l'IQV

⌘ Pb : IQV non mesurable sur l'animal vivant

☒ Peut-on atteindre l'objectif fixé en jouant sur les pondérations des caractères déjà mesurés ?

☒ L'IQV est faiblement, mais défavorablement corrélé aux caractères de croissance - carcasse (CC)

☐ Quelles que soient les pondérations des caractères de CC, on aboutit à une détérioration de l'IQV

☐ Seule une inclusion de l'IQV dans l'indice de sélection global permettra de maintenir l'IQV à un niveau constant

↓ Passage du contrôle individuel au contrôle combiné

Croisement et sélection

- ⌘ 1 - Effets de la sélection sur la variabilité entre races
 - ⌘ Y a-t-il identité entre les performances en race pure et en croisement ?
 - ⌘ Effets de la sélection sur l'hétérosis
- ⌘ 2 - Spécialisation des objectifs de sélection
- ⌘ 3 - Sélection pour la performance en croisement
 - ⌘ Sélection Récurrente : les candidats à la sélection sont évalués à partir des performances de leurs descendants croisés
 - ⌘ Peu utilisé jusqu'à présent chez les animaux d'élevage
 - ⌘ Intérêt des marqueurs génétiques

Croisement et sélection

Performances en race pure et en croisement

- ⌘ Estimations d'héritabilité (h^2) aux différents étages d'un plan de croisement

h^2	LR	LW	DU	F1	PT
GMQ	0,21	0,23	0,20	0,31	0,33
ELD	0,52	0,46	0,36	0,26	0,39

- ⌘ Corrélations génétiques entre les mesures de GMQ et d'ELD entre les étages d'un plan de croisement



Les schémas d'amélioration génétique porcins Gestion des risques sanitaires

- ⌘ Risques sanitaires importants
 - ⌘ Maladies légalement contagieuses
 - ⌘ Peste porcine, fièvre aphteuse, Aujeszky
 - ⌘ Principales autres épizooties
 - ⌘ Rhinite, SDRP, MAP,...
 - ⌘ Importance cruciale de la structure pyramidale
 - ⌘ Diffusion à la fois:
 - ⌘ du progrès génétique
 - ⌘ d'un bon niveau sanitaire
 - ⌘ Condition : niveau sanitaire irréprochable
 - ⌘ des élevages de sélection
 - ⌘ des CIA
- ☑ **NORMES SANITAIRES TRES STRICTES**

Les schémas d'amélioration génétique porcins Gestion des risques sanitaires

- ⌘ Normes sanitaires
 - ⌘ CIA
 - ⌘ Quarantaine à l'entrée
 - ⌘ Contrôles sérologiques rigoureux
 - ⌘ Élevages de sélection - multiplication
 - ⌘ Pas d'introduction physique d'animaux
 - ⌘ Visite trimestrielle d'un vétérinaire
 - ⌘ Examens sérologiques réguliers(Aujeszky, PP, ...)
- ⌘ Répartition des risques
 - ⌘ une lignée doit être présente sur au moins 2 sites
 - ⌘ Cryopréservation (semence, bientôt embryons)

Les schémas d'amélioration génétique porcins en France

⌘ Les acteurs de la sélection

⌘ Eleveurs individuels

- ⌘ En diminution (qqes centaines de truies)
- ⌘ Beaucoup de multiplication de race pure

⌘ Structures organisées

⌘ Structures « ouvertes »

- ⌘ participation au schéma national
- ⌘ Echange de gènes
- ⌘ Environ 10 000 truies en sélection

⌘ Structures fermées

- ⌘ Entreprises privées
- ⌘ Pas d'échange de gènes
- ⌘ Environ 5 500 truies en sélection

Le schéma national d'amélioration génétique du porc en France

⌘ Concerne les 4 populations Large White femelle et mâle, Landrace Français et Piétrain

⌘ Implication du Ministère de l'Agriculture

⌘ Rôle fédérateur joué par:

- ⌘ le développement de l'IA
- ⌘ les programmes « hyperprolifiques »
- ⌘ Le BLUP - modèle animal

⌘ Rôle des stations publiques de contrôle de performances

- ⌘ Rôle central dans la sélection des reproducteurs d'élite
- ⌘ Mesure de caractères non mesurable en élevage

⌘ Mise en commun des données pour l'évaluation génétique

⌘ Mise en commun des gènes

- ⌘ facilitée par l'IA
- ⌘ Accroît l'efficacité du dispositif (connexion)

Les schémas d'amélioration génétique porcins en France

⌘ Les races sélectionnées (chiffres 1999)

Race	Nb truies	% total
Large White femelle	5258	31,6
Landrace Français	3440	20,7
Large White mâle	884	5,3
Piétrain	628	3,8
Autres PAS		
Lignées femelles	4661	28,1
Lignées mâles	1751	10,5

Le schéma national d'amélioration génétique du porc en France

⌘ Les contrôles de performance

⌘ Le contrôle en station

⌘ 3 stations publiques

⌘ 2941 collatéraux contrôlés en 1999

Race	LWf	LF	PI
Effectif	1968	887	86

⌘ Caractères mesurés: GMQ, CMJ, IC, RDT, TVM, IQV

⌘ Le contrôle en ferme

⌘ > 105 000 animaux mesurés (1/4 mâles)

⌘ Caractères mesurés : AGE100, ELD100, (pH), reproduction

Le schéma national d'amélioration génétique du porc en France

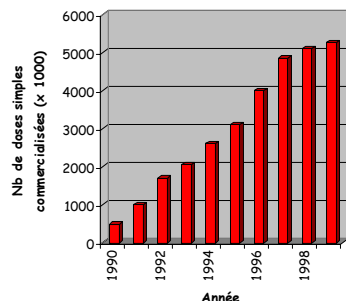
⌘ Les structures d'encadrement

- ⌘ **Les Livres généalogiques porcins collectifs**
 - ⌘ Identification - filiation - Orientation de la race
- ⌘ **Le Ministère de l'Agriculture**
 - ⌘ Maître d'ouvrage
- ⌘ **INRA - ITP**
 - ⌘ Évaluation génétique - Gestion base de données nationale
 - ⌘ Expertise - Encadrement
- ⌘ **Agence de la sélection porcine**
 - ⌘ Contrôle produits terminaux - Suivi réglementation
 - ⌘ Expertise - concertation
- ⌘ **Organisations de Sélection Porcine**
 - ⌘ Maîtres d'œuvre
- ⌘ **Les CIA**
 - ⌘ Diffusion du progrès génétique

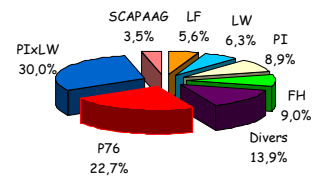
Le schéma national d'amélioration génétique du porc en France

⌘ L'insémination artificielle

Évolution de l'activité des CIA



Répartition par type génétique des verrats en CIA au 31/12/99

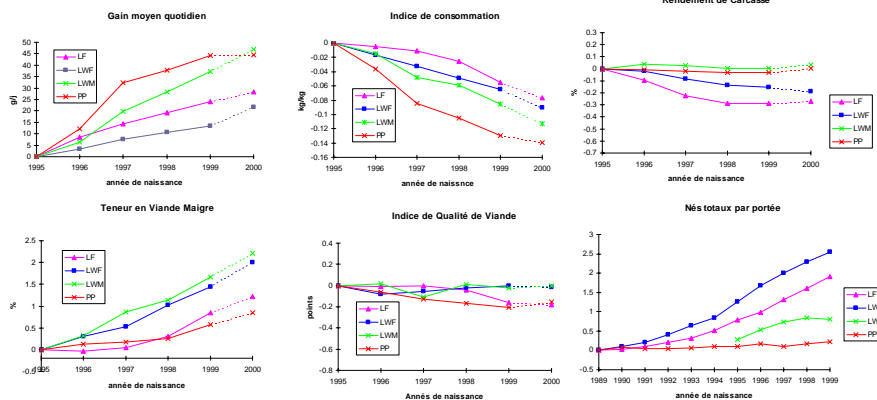


Contrôle de l'efficacité des schémas d'amélioration génétique

- ⌘ **Contrôle des pressions de sélection**
- ⌘ **Contrôle du niveau génétique des élevages**
 - ⌘ Animaux en station
 - ⌘ BLUP - modèle animal
- ⌘ **Estimation a posteriori du progrès génétique**
 - ⌘ BLUP - modèle animal
 - ⌘ Semence congelée
- ⌘ **Contrôle des produits terminaux**

Contrôle de l'efficacité des schémas d'amélioration génétique

⌘ Bilan évolution génétique

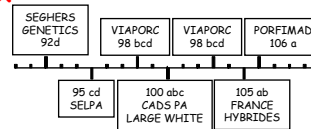


Contrôle de l'efficacité des schémas d'amélioration génétique

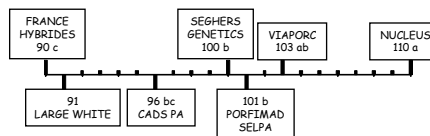
⌘ Contrôle des produits terminaux

⌘ Ex: Résultats du 23e test

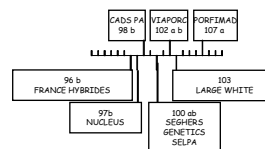
Indice de croissance (1pt = 1,50 F/porc)



Indice de carcasse (1pt = 1,80 F/porc)



Indice de QV (1pt = 0,74 F/porc)





Résultats du 23^{ème} test de contrôle des produits terminaux

issus de différentes combinaisons de types génétiques de truies et de verrats parentaux agréés par le Ministère de l'Agriculture

Avant-propos du Ministère de l'Agriculture

Les épreuves de contrôle des produits terminaux sont conduites sous l'autorité du Ministère de l'Agriculture en application de la réglementation sur l'agrément des Organisations de Sélection Porcine. Les résultats de ces épreuves sont des résultats officiels obtenus selon un protocole approuvé par le Comité consultatif porcin de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG) et selon une procédure de validation rigoureuse. Ces tests sont destinés à fournir des informations objectives sur les mérites respectifs de différentes combinaisons des types génétiques parentaux produits par les Organisations de Sélection Porcine agréées par les Pouvoirs Publics.

Les résultats de ce vingt-troisième test ont été présentés à l'ensemble des maîtres d'œuvre concernés, par l'Agence de la Sélection Porcine, l'INRA et l'ITP, au cours d'une réunion tenue le 5 juillet 2000 sous la présidence du représentant du Bureau de la Génétique animale du Ministère de l'Agriculture. Lors de cette réunion, le Ministère de l'Agriculture a enregistré l'accord des maîtres d'œuvre concernés sur les termes du rapport ci-après et a ensuite demandé à l'ITP d'en assurer la diffusion par le canal de la revue Techni-Porc.

Le Ministère de l'Agriculture rappelle au lecteur que ce test ne prend pas en compte la productivité numérique des truies qui est un élément déterminant de la rentabilité de l'élevage, de même que d'autres critères de choix des reproducteurs comme leur qualité sanitaire ou l'encadrement technique fourni par le maître d'œuvre à l'usager. Ce vingt troisième test comporte, comme les précédents, des informations complémentaires sur la qualité de la viande, notamment sur différents aspects de la qualité de la viande en frais et de la qualité du gras.

Introduction

En application de l'Arrêté du 7 mars 1994 relatif aux Organisations de Sélection Porcine (OSP) et aux Livres Généalogiques et Registres Zootechniques qu'elles tiennent, de nouvelles modalités d'agrément ont été mises en place.

Le contrôle des produits terminaux a désormais pour but de fournir des références officielles sur les performances de croissance, de carcasse et de qualité de la viande des produits terminaux issus de différentes combinaisons de types génétiques de truies et de verrats parentaux agréés.

Résumé

Le vingt troisième test met en évidence des différences importantes de mérite économique global entre les produits terminaux des sept maîtres d'œuvre mis en comparaison. Ces différences sont particulièrement élevées pour les indices de croissance et surtout de carcasse. Des écarts statistiquement significatifs sont observés entre les maîtres d'œuvre extrêmes pour la totalité des indices économiques, y compris l'indice économique de qualité de la viande. Cette situation est due à des différences très importantes entre maîtres d'œuvre pour certains caractères de croissance (gain moyen quotidien) ou de composition corporelle (rendement de carcasse, teneur en viande maigre), ainsi qu'à des différences notables pour les caractères de qualité de la viande (rendement technologique estimé et perte d'exsudat).



Tout type génétique parental (en général hybride) se définissant par son appartenance à un Registre Zootechnique, les références obtenues sur chaque combinaison de types génétiques concernent donc désormais :

- soit l'OSP agréée pour tenir à la fois les Registres de la truie parentale et du verrat terminal,
- soit les deux OSP agréées pour tenir respectivement les Regis-

tres de la truie parentale et du verrat terminal.

Dans ce dernier cas, et pour des raisons pratiques liées à l'échantillonnage des porcelets, c'est l'OSP qui tient le Registre Zootechnique de la truie parentale qui est considérée comme le maître d'œuvre effectif du test des terminaux (voir ci-dessous).

Les sept combinaisons de types génétiques évaluées lors du vingt troisième test sont présentées au tableau 1. Il précise le nombre de types génétiques agréés diffusés en 1999 par les OSP, pour les truies parentales d'une part et pour les verrats terminaux d'autre part. Dans le cas des OSP qui en diffusent plusieurs, la représentativité du type génétique truie parentale ou verrat terminal retenu pour le test a été

Les maîtres d'œuvre de ce vingt troisième test, qui s'est déroulé de septembre 1998 à mars 2000, sont les suivants :

- **CADS PA**, BP 28202, 72008 Le MANS cedex,
- **FRANCE HYBRIDES**, 100 rue Denis Papin, 45808 St Jean en Braye cedex,
- **NUCLEUS**, BP 4, Les Ruralies, 79230 Vouillé,
- **PORFIMAD**, ZI du Fromeur, BP 119, 29404 Landivisiau cedex,
- **SEGHERS GENETICS FRANCE**, 8 rue du M^e de Lattre de Tassigny, 59800 Lille,
- **SELPA**, Isle et Bardais, 03360 St Bonnet Tronçais,
- **VIAPORC**, ZI de Kerlois, BP 24, 29290 St Renan.

Depuis le seizième test, cinq de ces sept maîtres d'œuvre ont déjà participé au contrôle des produits terminaux, comme il est indiqué ci-après :

Maître d'œuvre	Tests précédents
CADS PA	19, 16
FRANCE HYBRIDES	20, 17
NUCLEUS	20
SELPA	19, 16
VIAPORC	18

Les maîtres d'œuvre CADS PA, FRANCE HYBRIDES et SELPA ont participé au vingt-troisième test et aux tests précédents avec le même type génétique verrat terminal. Dans le cas de NUCLEUS et de VIAPORC, deux types génétiques de verrat terminal étaient représentés dans les échantillons du test précédent.

Le type génétique des truies parentales n'était pas précisé antérieurement au vingt et unième test.



estimée à partir de la diffusion relative des différents types génétiques en 1999. Cette représentativité varie de manière considérable.

Méthodologie

Dispositif expérimental et structure des échantillons

Le dispositif expérimental et la structure des échantillons du vingt troisième test sont présentés aux tableaux 2 et 3. Les sept bandes du test ont été contrôlées à la station du Rheu (Ille-et-Vilaine). Chaque bande est constituée de trois échantillons de produits terminaux issus de trois maîtres d'œuvre différents ainsi que d'un échantillon d'animaux témoins Large White dont les données ont été prises en considération dans l'analyse afin d'accroître la précision de la comparaison. Les produits terminaux d'un maître d'œuvre proviennent d'élevages de production qui détiennent des truies parentales et utilisent des verrats terminaux dont les types génétiques correspondent à ceux retenus pour le test. Les échantillons de porcs Large White lignée femelle proviennent des élevages de sélection de l'Association des Livres Généalogiques Porcins Collectifs (LGPC).

Sur l'ensemble du test, chaque maître d'œuvre est représenté dans trois bandes avec un effectif total à l'entrée en station très proche ou égal à l'objectif de 156 animaux fixé par le protocole, à l'exception d'un maître d'œuvre. Les animaux témoins Large White lignée femelle sont entrés en station au nombre de 222. Le nombre de porcs mis en contrôle varie modérément pour les sept maîtres d'œuvre (de 141 à 155) et s'établit à 210 pour le témoin Large White. Le nombre de porcs ayant terminé le contrôle varie peu pour cinq maîtres

d'œuvre (141 à 147) mais se trouve sensiblement réduit pour les maîtres d'œuvre SELPA et SEGHERS GENETICS (129 et 121 respectivement). Il s'établit à 183 pour le témoin Large White. Au total, des données de croissance, de carcasse et de qualité de viande ont été obtenues sur 1152 porcs au cours de ce vingt troisième test. Toutefois, certaines variables de qualité de la viande et du gras, dont la liste est précisée plus loin, n'ont été mesurées que sur des sous échantillons de 40 porcs par type génétique. Ces sous échantillons ont été constitués en retenant un seul animal par verrat père.

Les échantillons de produits terminaux sont constitués de lots de 2 animaux de même portée : un castrat et une femelle. Les échantillons de Large White lignée femelle ne sont constitués que de castrats. Le nombre de lots en provenance d'un même élevage est plafonné à 6. Afin d'assurer une bonne représentativité des échantillons, le nombre maximum de lots par verrat père est fixé à 2 dans les cas de monte naturelle ou de prélèvement de semence à la ferme et à 3 dans le cas d'utilisation de verrats de CIA. Les échantillons de produits terminaux de chaque maître d'œuvre doivent donc, lorsqu'ils sont complets, provenir d'au moins 13 élevages et être issus de 78 mères différentes et d'un nombre minimum de pères variant entre 26 et 39 selon la proportion de produits terminaux issus d'IA. Cette proportion est fixée à 55 % par le protocole mais peut être réévaluée à la demande d'un maître d'œuvre, sur présentation de justificatifs. Elle s'établit à 63 % en moyenne pour le vingt troisième test, mais varie de 34 à 92 % selon les maîtres d'œuvre. Le tableau 3 précise le nombre d'élevages fournisseurs et le nombre de verrats pères pour chaque type

génétique. Pour les sept maîtres d'œuvre du test, le nombre de verrats pères est compris entre 42 et 62 et le nombre d'élevages fournisseurs entre 15 et 22. Les règles d'échantillonnage retenues pour le programme d'évaluation des produits terminaux ont donc été respectées en ce qui concerne le nombre moyen de descendants contrôlés par verrat père (2,6 pour l'ensemble des maîtres d'œuvre) et par élevage fournisseur (7,6 pour l'ensemble des maîtres d'œuvre).

Modalités de contrôles et caractères mesurés

Déroulement des contrôles et mesures effectuées en station

Les produits terminaux sont soumis au protocole de contrôle habituel des stations publiques de contrôle de performances. Les porcelets entrent en station dans un bâtiment de post-sevrage à un poids supérieur à 7 kg et à un âge inférieur à 35 jours. Le transfert dans le bâtiment de contrôle a lieu vers 70-75 jours d'âge.

Pendant la phase de contrôle, les animaux sont élevés par loges de 2 individus de même type génétique et de même sexe. Le contrôle de croissance et de consommation d'aliment démarre quand le poids moyen des animaux d'une même loge atteint ou dépasse 33 kg. Les animaux sont nourris à volonté. L'indice de consommation est calculé par loge (consommation totale pendant la période de contrôle / gain de poids total).

Les deux animaux d'une même loge sont abattus le même jour quand leur poids vif moyen atteint ou dépasse 103 kg, ceci après une mise à jeun de 18 heures. Pour l'ensemble des porcs de ce vingt troisième test, les moyennes du poids de début de contrôle et du





pois d'abattage sont respectivement de 35,0 et 105,5 kg.

Mesures effectuées à l'abattoir

Le lendemain de l'abattage sont mesurés : le poids net avec tête correspondant à la présentation de carcasse en vigueur depuis le 16 juin 1997 (sans panne, rognons et diaphragme) ; la longueur de la carcasse (atlas-pubis) ; les épaisseurs de lard dorsal au niveau de la dernière vertèbre lombaire (rein), de la dernière vertèbre dorsale (dos) et de la dernière vertèbre cervicale (cou). Une demi-carcasse est soumise à la nouvelle découpe normalisée décrite par METAYER et DAUMAS (1998). Les poids des morceaux (jambon, longe, bardière, épaupe, poitrine) sont enregistrés.

Des échantillons de muscle long dorsal et de gras dorsal sont prélevés à hauteur des sixième-septième vertèbres dorsales (entre le "carré" et l'échine) sur le sous échantillon de 40 porcs par type génétique évalué.

Des mesures de qualité de la viande sont effectuées 24 heures après l'abattage. Les six mesures suivantes portent sur la totalité des animaux contrôlés :

- le pH ultime du muscle Demi-membraneux du jambon ;
- la réflectance du muscle Fessier superficiel du jambon mesurée à l'aide du chromamètre Minolta CR-300 (indice de clarté L*) ;
- l'indice bicolore visant à évaluer le caractère bicolore des muscles du jambon et obtenu par différence entre les réflectances des muscles Fessier superficiel et Fessier moyen fournies par le chromamètre Minolta CR-300 ;
- la capacité de rétention d'eau du muscle Fessier superficiel

appréciée par le temps d'imbibition d'un papier pH appliqué sur la surface du muscle (observation limitée à 3 minutes) ;

- la note de couleur du muscle Fessier superficiel déterminée à l'aide de l'échelle japonaise à 6 classes (1 = viande très pâle, 6 = viande très colorée) ;
- la note de tenue de la viande attribuée après une appréciation subjective de la tenue des muscles lors de la coupe du jambon (1 = flasque, 5 = ferme).

En complément, cinq mesures ou déterminations sont réalisées sur le sous échantillon de 40 porcs par type génétique évalué :

- la réflectance du muscle Long dorsal à hauteur de la sixième vertèbre dorsale mesurée à l'aide du chromamètre Minolta CR-300 ;
- la mesure de la perte d'exsudat effectuée sur un échantillon de muscle Long dorsal d'environ 130 g, prélevé à hauteur de la sixième vertèbre dorsale et stocké à 4°C pendant 72 heures en barquette polystyrène recouverte d'un film plastique ;
- la mesure de la teneur en gras intramusculaire déterminée à partir d'un échantillon de muscle Long dorsal prélevé à hauteur de la septième vertèbre dorsale ;
- la mesure de la teneur en eau d'un échantillon de gras de bardière prélevé à hauteur de la septième vertèbre dorsale ;
- la composition en acides gras de ce même échantillon de gras de bardière, permettant de calculer le coefficient d'insaturation des lipides (nombre moyen de doubles liaisons des acides gras insaturés) et l'indice de consistance du gras (défini par le rapport $\% (C16:0 + C18:0) / \% (C16:1 + C18:1 + C18:2)$). Les mesures h, i et j ont été réalisées selon le protocole présenté

en détail dans l'annexe du compte rendu du dix neuvième test de contrôle des produits terminaux (Techni-Porc, 1995). La méthode de détermination des teneurs en acides gras figure en annexe du compte rendu du vingt deuxième test (Techni-Porc, 1999).

Les trois dernières mesures ou déterminations ont été réalisées à la Station de Recherches Porcines INRA de Saint Gilles.

Analyse statistique

Variables de croissance, de carcasse et de qualité de la viande

Pour ces variables, les performances de chaque type génétique ont été estimées par la méthode des moindres carrés, appliquée à un modèle additif à effets fixes et avec co variable.

a) Pour un premier groupe de variables, les trois effets fixes considérés dans le modèle d'analyse sont la bande de contrôle (7 niveaux), le type génétique (8 niveaux) et le sexe (2 niveaux). L'hypothèse est faite que la performance d'un animal contrôlé dans la bande i, de sexe j et de type génétique k résulte de l'addition des effets b_i de sa bande, s_j de son sexe et g_k de son type génétique.

Ce premier groupe de variables comprend :

- trois variables de croissance : le gain moyen quotidien, l'indice de consommation et la consommation journalière d'aliment. Pour ces trois variables, la régression linéaire sur le poids initial du contrôle de croissance et de consommation a été considérée dans le modèle d'analyse ;



- dix mesures de carcasse : le rendement de carcasse avec tête, la longueur de la carcasse, les trois épaisseurs de lard dorsal (rein, dos, cou) et le poids des cinq morceaux de la découpe normalisée. Pour ces variables, le poids vif d'abattage a été inclus comme co variable dans le modèle d'analyse ;
- un critère synthétique de composition corporelle, à savoir la teneur en viande maigre dans la carcasse avec tête estimée à l'aide de l'équation obtenue dans l'expérience de dissection partielle OFIVAL - ITP de 1997 :

$$\text{TVM2} = 5,684 + 1,197 J + 1,076 L - 1,059 B$$

(R = 0,91 avec la teneur en viande maigre disséquée, écart type résiduel = 1,39)

où J, L et B sont respectivement les pourcentages de jambon, longe et bardière dans la demi-carcasse reconstituée avec tête et sans langue (METAYER et DAUMAS, 1998). L'équation TVM2 est actuellement la meilleure équation disponible pour évaluer les différences de composition corporelle entre animaux à partir des mesures réalisées dans les stations publiques de contrôle de performances. Le terme constant de l'équation TVM2 a été modifié pour obtenir des teneurs en viande maigre TVM2' comparables en moyenne aux TVME (Teneur en Viande Maigre Estimée) des machines à classer en service dans les abattoirs. Le poids vif d'abattage a été inclus comme co variable dans le modèle d'analyse ;

- La TVME mesurée en abattoir a été ajoutée à titre d'information. Le poids vif d'abattage a été inclus comme co variable dans le modèle d'analyse.

b) Pour l'ensemble des variables de qualité de la viande, un autre modèle d'analyse des données a été utilisé afin de tenir compte de l'influence bien connue de la date d'abattage sur la qualité de la viande. Les effets du modèle sont le sexe (2 niveaux), le type génétique (8 niveaux), la bande de contrôle (7 niveaux), la date d'abattage intra bande (33 niveaux pour les variables mesurées sur tous les animaux et 24 niveaux pour les variables mesurées sur le sous échantillon de 40 animaux par type génétique évalué) et la régression linéaire sur le poids vif d'abattage.

Le rendement technologique (RT), qui est un critère synthétique de qualité technologique de la viande, a été estimé d'après l'équation de prédiction établie par GUÉBLEZ et al. (1990) :

$$\text{RT} = 34 + 11,04 X_1 + 0,105 X_2 - 0,231 X_3$$

où X_1 , X_2 , X_3 sont respectivement le pH ultime du muscle Demi-membraneux, le temps d'imbibition du muscle Fessier superficiel (exprimé en dizaines de secondes) et la réflectance du muscle Fessier superficiel (valeur L^* , échelle 0-100). Cette combinaison de variables est le meilleur prédicteur possible du rendement technologique de la fabrication du jambon cuit à partir des mesures réalisées dans les stations de contrôle de performances (R = 0,74). Au terme constant près, RT a la même forme que l'indice IQV (Indice de Qualité de la Viande) actuellement utilisé dans les stations publiques de contrôle de performances.

Ce test comporte également deux indices de qualité de la viande introduits depuis le dix neuvième test :

- l'indice de qualité de la viande fraîche (IVF) exprimé sous la forme d'un indice standardisé de moyenne 100 et d'écart type 20, à partir de la relation de base :

$$\text{IVF} = - X_1 - X_2 - 2X_3$$

où X_1 , X_2 , X_3 sont respectivement les valeurs, exprimées en écarts réduits, de la réflectance du muscle Long dorsal, de l'indice bicolore des muscles du jambon et de la perte d'exsudat du muscle Long dorsal.

Cet indice IVF est un indicateur synthétique de l'aspect visuel de la viande fraîche tel qu'il peut être perçu par le consommateur.

- l'indice de qualité du gras (I_G) exprimé également sous la forme d'un indice standardisé de moyenne 100 et d'écart type 20, à partir de la relation de base :

$$I_G = - X_1 - X_2$$

où X_1 et X_2 sont respectivement les valeurs, exprimées en écarts réduits, du coefficient d'insaturation des lipides et de la teneur en eau du gras de bardière.

Cet indice I_G est un indicateur synthétique de l'aptitude à la transformation et à la conservation du tissu adipeux.

Pour ces deux indices, la procédure de standardisation utilisée est identique à celle décrite de manière détaillée au paragraphe suivant.

Indices économiques

Des indices de la valeur économique globale, du coût de l'engraissement, de la valeur commerciale de la carcasse et de la valeur économique de la qualité de la viande ont été calculés à partir de fonctions économiques.





Dans la suite du texte, ces indices sont appelés respectivement l'indice économique global (I_1), l'indice de croissance (I_2), l'indice de carcasse (I_3) et l'indice économique de qualité de la viande (I_4).

Ces indices économiques sont exprimés sous la forme d'indices standardisés de moyenne 100 et d'écart type 20. L'indice I d'un maître d'œuvre pour une fonction économique donnée a été calculé de la façon suivante :

$$I = 100 + 20 (M - \bar{M}) / \sigma$$

où : M est la valeur moyenne obtenue par le maître d'œuvre pour la fonction économique, \bar{M} est la moyenne des sept maîtres d'œuvre pour la fonction économique, σ est l'écart type de la fonction économique chez des porcs de même type génétique, de même sexe et contrôlés dans la même bande.

La fonction "coût de l'engraissement" qui est à la base de l'indice de croissance est obtenue en accordant des pondérations économiques de - 77,60 francs au point d'indice de consommation et de 0,133 franc au gramme de gain moyen quotidien. Cette dernière pondération a été établie à partir de la structure du coût de production du porc charcutier telle que réactualisée par l'ITP - Pôle économie (SALAÛN, 2000, communication personnelle). Ces chiffres correspondent à l'intervalle de poids 32-110 kg et, comme les résultats portent ici sur l'intervalle 35-105 kg, il a été supposé que les différences observées entre maîtres d'œuvre sont les mêmes pour les deux intervalles.

La fonction "valeur commerciale de la carcasse" est établie à partir du poids de carcasse froide avec

tête correspondant à la nouvelle présentation (ajusté au poids vif de 105 kg) et du prix du kilo de carcasse. Pour calculer le prix au kilo de carcasse d'un animal donné, la classe de TVME a été déterminée sur la base de la teneur en viande maigre TVM2 précédemment définie, et la plus-value relative à cette classe de TVME a été obtenue d'après la grille de paiement des carcasses en vigueur depuis le 16 juin 1997 dans la zone d'intervention d'Uniporc Ouest. Le prix de base moyen à 54% de TVME s'établit à 6,35 francs/kg sur la période du test (SALAÛN, 2000, communication personnelle).

La fonction "valeur économique de la qualité de la viande" est obtenue en accordant une pondération de 4,5 francs au point de pourcentage de rendement technologique estimé et de -4 francs au point de pourcentage de perte d'exsudat. Cette fonction exprime les conséquences économiques des variations des qualités technologiques de la viande.

La fonction "valeur économique globale" est définie comme la somme des fonctions "coût de l'engraissement", "valeur commerciale de la carcasse" et "valeur économique de la qualité de la viande".

Pour les quatre indices économiques, la signification statistique des différences entre les maîtres d'œuvre pris deux à deux a été établie à l'aide du test de Bonferroni en retenant un seuil global de 5%.

Résultats

Les estimées des moyennes de chacun des sept maîtres d'œuvre et du Large White lignée femelle LGPC sont données dans le tableau 4 pour le gain moyen

quotidien, l'indice de consommation et la consommation journalière d'aliment, dans les tableaux 5 et 6 pour les mesures de carcasse et le critère synthétique de composition corporelle, dans le tableau 7 pour le rendement technologique estimé et ses trois variables prédictrices, dans le tableau 8 pour les variables qui contribuent principalement à décrire les caractéristiques de la viande fraîche et dans le tableau 9 pour les variables de qualité du gras. En bas des tableaux sont données la moyenne des sept maîtres d'œuvre du test et l'erreur standard des moyennes de maître d'œuvre. Pour chaque variable, l'écart type résiduel est donné pour faire apparaître de façon plus claire l'amplitude relative de la variation entre maîtres d'œuvre pour les différents caractères.

Le tableau 7 est complété par la représentation graphique (figure 1) des fréquences des classes de pH24 du muscle Demi-membraneux pour chacun des types génétiques.

Les résultats concernant les quatre indices économiques exprimés en écart à la moyenne des sept maîtres d'œuvre participant au test sont présentés sous forme graphique (figures 2 et 3). Des différences significatives au seuil de 5% entre les résultats des maîtres d'œuvre pris deux à deux sont observées pour chaque indice économique, y compris l'indice de valeur économique globale contrairement au vingt deuxième test.

Enfin, nous rapportons graphiquement l'évolution depuis le seizième test des performances moyennes de cinq maîtres d'œuvre pour six caractères : le gain moyen quotidien et l'indice de consommation (figure 4), le rendement de car-





casse et le critère synthétique de composition corporelle (figure 5), le rendement technologique estimé et la perte d'exsudat (figure 6). Pour cette dernière mesure, qui n'a été mise en œuvre qu'à partir du dix neuvième test, quatre maîtres d'œuvre seulement sont concernés.

Des variations sont intervenues à partir du vingt-deuxième test dans les modalités d'estimation du rendement de carcasse (changement de présentation de la carcasse) et du critère synthétique de composition corporelle (remplacement du taux de muscle par la teneur en viande maigre). Toutefois, les performances moyennes des maîtres d'œuvre étant exprimées, dans chaque test, en écart à une valeur de référence qui est la moyenne des porcs contemporains Large White lignée femelle, les biais générés par ces changements de modalités peuvent être considérés comme négligeables.

Discussion

Amplitude des variations observées entre maîtres d'œuvre

L'amplitude des écarts entre les maîtres d'œuvre extrêmes est plus importante que celle constatée lors des deux tests précédents. Elle est de 0,65 écart type (contre 0,35 au vingt deuxième test) pour l'indice de valeur économique globale mais varie selon ses composantes : de 0,55 écart type pour l'indice économique de qualité de la viande à 1,00 écart type pour l'indice de carcasse. Les écarts entre maîtres d'œuvre extrêmes sont particulièrement élevés (supérieurs à un écart type) pour certaines composantes des indices de croissance et de carcasse, tels le GMQ, le rendement de carcasse et la teneur en viande maigre. Des

écarts importants apparaissent également pour les composantes de l'indice économique de qualité de la viande, en particulier le rendement technologique estimé pour lequel les différences entre maîtres d'œuvre avaient tendance à se réduire lors des tests précédents.

L'amplitude des écarts entre extrêmes s'est réduite par rapport au vingt deuxième test pour les nouvelles variables de qualité de la viande : un demi écart type environ pour l'indice de qualité de la viande fraîche et le taux de lipides intramusculaires. Elle reste par contre élevée (0,85 écart type) pour l'indice de qualité du gras. Il est rappelé que ces variables, introduites depuis le dix neuvième test, ne sont mesurées que sur un sous échantillon de 40 porcs par type génétique.

Résultats des maîtres d'œuvre

NUCLEUS arrive en tête pour l'indice économique global ($I_1 = 108$) grâce à un résultat très favorable pour l'indice de carcasse ($I_3 = 110$) conforté par un indice de croissance ($I_2 = 103$) supérieur à la moyenne. Les carcasses se distinguent par un important avantage pour la teneur en viande maigre (+ 2,1 points) expliqué par un poids plus élevé des pièces maigres (+ 0,24 et + 0,30 kg pour le jambon et la longe, respectivement) et un poids plus faible des pièces grasses (- 0,26 et - 0,12 kg pour la bardière et la poitrine, respectivement). La vitesse de croissance des produits terminaux NUCLEUS est également supérieure à la moyenne (+ 22 g/j). Ces résultats sont tempérés par une position légèrement défavorable pour l'indice économique de qualité de la viande ($I_4 = 97$), due pour l'essentiel à une capacité de

rétenion d'eau inférieure à la moyenne (+ 0,5 point de perte d'exsudat du Long dorsal). Les indices de qualité de la viande fraîche ($I_{vf} = 95$) et des gras ($I_g = 97$) s'établissent également à un niveau inférieur ou légèrement inférieur à la moyenne.

PORFIMAD occupe la seconde place, légèrement en retrait, pour l'indice économique global ($I_1 = 106$). Elle est due à des résultats favorables pour l'indice de croissance ($I_2 = 106$) et l'indice économique de qualité de la viande ($I_4 = 107$), l'indice de carcasse ($I_3 = 101$) étant très proche de la moyenne. Les produits terminaux PORFIMAD se caractérisent par des performances sensiblement supérieures à la moyenne pour la vitesse de croissance (+ 33 g/j) et l'indice de consommation (- 0,07 kg/kg). Par contre, le rendement de carcasse (- 0,4 point) est inférieur à la moyenne, alors que la diminution du poids de bardière (- 0,11 kg) est contrebalancée par celle du jambon (- 0,15 kg). La position favorable pour l'indice économique de qualité de la viande résulte à la fois d'un meilleur rendement technologique estimé (+ 0,8 point) et d'une moindre perte d'exsudat du Long dorsal (- 0,5 point). L'indice de qualité de la viande fraîche ($I_{vf} = 105$) s'établit également à un niveau supérieur à la moyenne. Par contre, PORFIMAD occupe une position très défavorable pour l'indice de qualité du gras ($I_g = 91$), du fait de valeurs élevées du coefficient d'insaturation des lipides et de la teneur en eau du gras de bardière.

VIAPORC obtient un résultat très légèrement supérieur à la moyenne pour l'indice économique global ($I_1 = 101$). C'est pour l'indice de carcasse ($I_3 = 103$) que les produits terminaux VIAPORC se clas-



sent le mieux, l'ensemble des performances qui contribuent à cet indice étant toujours extrêmement proches de la moyenne des maîtres d'œuvre. Seule la longueur des carcasses (+ 13 mm) diffère notablement. L'indice de croissance ($I_2 = 98$) s'établit à un niveau légèrement inférieur à la moyenne des maîtres d'œuvre. L'indice économique de qualité de la viande ($I_4 = 102$) légèrement supérieur à la moyenne est dû à un rendement technologique estimé légèrement supérieur (+ 0,4 point). L'indice de qualité de la viande fraîche ($I_{vf} = 97$) s'établit à un niveau inférieur à la moyenne, contrairement à l'indice de qualité du gras ($I_g = 104$).

SELPA occupe une position légèrement en retrait de la moyenne des maîtres d'œuvre pour l'indice économique global ($I_1 = 98$). L'indice de carcasse ($I_3 = 101$) des produits terminaux SELPA s'explique par des résultats supérieurs à la moyenne pour le rendement de carcasse (+ 0,3 point) et le poids de jambon (+ 0,13 kg). Leurs résultats sont par contre inférieurs à la moyenne pour la vitesse de croissance (- 25 g/j) et l'indice de consommation (+ 0,054 kg/kg) et pénalisent l'indice de croissance ($I_2 = 95$). L'indice économique de qualité de la viande s'établit à un niveau médian ($I_4 = 100$), l'ensemble des performances qui contribuent à cet indice étant toujours extrêmement proches de la moyenne des maîtres d'œuvre. L'indice de qualité de la viande fraîche ($I_{vf} = 105$) est supérieur à la moyenne, de même que le taux de gras intramusculaire (+ 0,19 point). Par contre, l'indice de qualité du gras ($I_g = 98$) reste un peu en deçà de la moyenne.

Les produits terminaux CADS PA affichent un léger retard pour l'indice économique global ($I_1 = 97$).

L'indice de croissance ($I_2 = 100$) s'établit à un niveau médian, mais les produits terminaux CADS PA occupent une position en retrait pour l'indice de carcasse ($I_3 = 96$). La teneur en viande maigre est légèrement inférieure à la moyenne (- 0,4 point) du fait d'une très légère réduction du poids des pièces maigres et d'une très légère augmentation du poids des pièces grasses. La position en léger retrait de la moyenne pour l'indice économique de qualité de la viande ($I_4 = 98$) s'explique par un rendement technologique estimé un peu inférieur (- 0,5 point). Les indices de qualité de la viande fraîche ($I_{vf} = 100$) et du gras ($I_g = 101$) s'établissent à un niveau égal ou très légèrement supérieur à la moyenne.

Les maîtres d'œuvre FRANCE HYBRIDES et SEGHERS GENETICS, présentés ci-après dans l'ordre alphabétique, occupent une position identique en retrait de la moyenne pour l'indice économique global ($I_1 = 95$).

C'est l'indice de carcasse ($I_3 = 90$) qui pénalise le plus les animaux FRANCE HYBRIDES. Les carcasses se caractérisent par un rendement (- 0,8 point) et une teneur en viande maigre (- 1,2 point) notablement inférieurs à la moyenne. Il en va de même pour les poids de jambon (- 0,20 kg) et surtout de longe (- 0,43 kg). FRANCE HYBRIDES occupe par contre une position favorable pour l'indice de croissance ($I_2 = 105$), le gain moyen quotidien (+ 46 g/j) de ses produits terminaux étant très supérieur à la moyenne des maîtres d'œuvre. L'indice économique de qualité de la viande ($I_4 = 96$) est en retrait de la moyenne, la moindre perte d'exsudat (-0,4 point) ne suffisant pas à compenser un rendement technologique estimé notablement infé-

rieur à la moyenne (- 1,0 point). Celui-ci résulte d'un pH ultime plus faible (-0,06 point) et d'une couleur plus pâle (réflectance = + 1,2) de la viande. Cependant, les indices de qualité de la viande fraîche ($I_{vf} = 102$) ainsi que du gras ($I_g = 102$) s'établissent à un niveau légèrement supérieur à la moyenne.

Les performances de croissance constituent le principal handicap des produits terminaux SEGHERS GENETICS ($I_2 = 92$), en particulier le gain moyen quotidien (- 72 g/j) qui s'établit à un niveau très inférieur à la moyenne des maîtres d'œuvre. Un écart de moindre ampleur est également observé pour l'indice de consommation (+ 0,041 kg/kg). Par contre, SEGHERS GENETICS obtient un résultat médian pour l'indice de carcasse ($I_3 = 100$). Il résulte d'un rendement de carcasse (+ 1,0 point) très supérieur à la moyenne, compensé par une teneur en viande maigre (- 0,5 point) légèrement inférieure. Ce dernier écart s'explique par l'accroissement du poids de bardière (+ 0,33 kg) qui contrebalance largement celui de la longe (+ 0,25 kg). Par ailleurs, les carcasses sont courtes (- 10 mm). La valeur médiane de l'indice économique de qualité de la viande ($I_4 = 100$) résulte de la combinaison d'un effet favorable pour le rendement technologique estimé (+ 0,4 point, du fait notamment d'une couleur plus foncée de la viande) et d'un effet défavorable pour la perte d'exsudat du Long dorsal (+ 0,4 point). L'indice de qualité de la viande fraîche ($I_{vf} = 95$) est en retrait de la moyenne, de même que la teneur en gras intramusculaire (- 0,14 point). SEGHERS GENETICS occupe par contre une position très favorable pour l'indice de qualité du gras



($I_g = 108$), grâce à une teneur en eau et un coefficient d'insaturation des lipides inférieurs à la moyenne.

Évolution dans le temps des performances des maîtres d'œuvre

Comme lors des tests précédents, l'évolution dans le temps des performances des maîtres d'œuvre ayant participé, dans un passé récent, au contrôle des produits terminaux est analysée en écart au Large White lignée femelle (figures 4, 5 et 6). Cinq maîtres d'œuvre sont concernés sur les sept ayant pris part au vingt troisième test : CADS PA, FRANCE HYBRIDES, NUCLEUS, SELPA et VIAPORC. Comme il a été rappelé dans l'introduction, des changements sont intervenus dans les types génétiques de verrats parentaux de deux de ces maîtres d'œuvre. Les évolutions rapportées ci-après doivent donc parfois être relativisées, d'autant que des modifications sont également intervenues pour un autre maître d'œuvre au niveau du type génétique des truies parentales.

La figure 4 montre des évolutions diversifiées pour les performances de croissance. Selon les cas, les écarts de GMQ par rapport au Large White restent pratiquement stables (CADS PA, SELPA et

VIAPORC) s'accroissent notablement (FRANCE HYBRIDES), ou changent de signe (NUCLEUS). La dispersion des écarts au Large White s'en trouve maintenue, mais on note une légère augmentation de l'écart moyen en faveur des produits terminaux. La position relative des maîtres d'œuvre reste inchangée, sauf pour NUCLEUS dont les produits terminaux rejoignent le groupe de ceux dont la croissance est supérieure au Large White (avec FRANCE HYBRIDES et CADS PA). Les écarts d'indice de consommation par rapport au Large White montrent des évolutions assez disparates. La tendance la plus remarquable est la très forte réduction des écarts entre maîtres d'œuvre, le niveau moyen des produits terminaux devenant par ailleurs très proche de celui du Large White.

La figure 5, relative aux performances de carcasse, montre des tendances du même type que la précédente, avec toutefois plusieurs nuances. Pour le rendement de carcasse, les écarts par rapport au Large White tendent à s'atténuer légèrement au cours des derniers tests pour la plupart des maîtres d'œuvre (CADS PA, NUCLEUS, SELPA et VIAPORC) tout en restant à un niveau très supérieur à celui du Large White. Les produits terminaux FRANCE

HYBRIDES se maintiennent par contre à un niveau inférieur. L'avantage des produits terminaux par rapport au Large White pour la teneur en viande maigre s'est réduit d'une manière plus régulière et aussi plus marquée pour la plupart des maîtres d'œuvre (CADS PA, FRANCE HYBRIDES et SELPA), exception faite de NUCLEUS qui se maintient à un niveau très supérieur.

La figure 6, relative à la qualité de la viande, traduit la supériorité habituelle du témoin Large White sur les produits terminaux pour le rendement technologique estimé. Contrairement aux tests précédents, elle montre un léger accroissement des écarts entre maîtres d'œuvre, avec une tendance à la dégradation pour trois d'entre eux (CADS PA, FRANCE HYBRIDES et NUCLEUS). La mesure de la perte d'exsudat du muscle Long dorsal n'a été introduite qu'au dix neuvième test. L'évolution des écarts par rapport au Large White concerne quatre maîtres d'œuvre et montre une amélioration notable de la position des produits terminaux de l'ensemble des maîtres d'œuvre. Pour trois d'entre eux (CADS PA, FRANCE HYBRIDES et SELPA) ce vingt troisième test indique un pouvoir de rétention d'eau égal ou supérieur à celui du Large White, NUCLEUS se maintenant à un niveau inférieur. ■



Références bibliographiques

- GUEBLEZ R., LE MAITRE C., JACQUET B., ZERT P., 1990. Journées Rech. Porcine en France, 22, 89-96.
- METAYER A., DAUMAS G., 1998. Journées Rech. Porcine en France, 30, 7-11.
- TECHNI-PORC, 1995, 18(4), 15-31.
- TECHNI-PORC, 1999, 22(2), 5-22.

Contact :

agence.selection.porcine@asp.asso.fr



Tableau 1 : Types génétiques des truies et verrats parentaux et maîtrise d'œuvre du test

Truies parentales		Verrats terminaux		Maîtres d'œuvre
Type génétique évalué	Nb de T.G. diffusés ⁽¹⁾	Type génétique évalué	Nb de T.G. diffusés ⁽¹⁾	
Représentativité ⁽²⁾	Registre zootechnique ⁽³⁾	Représentativité ⁽²⁾	Registre zootechnique ⁽³⁾	
Alfa + CADS (LW x LF)	1	Défi + (LW x P)	1	CADS PA
100 %	CADS PA	100 %	GENE +	
FH 300 (FH 012 x FH 025)	1	FH 304 (FH 016 x FH 019)	1	FRANCE HYBRIDES
100 %	FRANCE HYBRIDES	100%	FRANCE HYBRIDES	
Truie NUCLEUS (LW x LF)	1	Piétrain (4)	3	NUCLEUS
100%	NUCLEUS	6%	(LGPC)	
Porfi 12 (LW x LF)	2	P 76 PEN AR LAN (Laconie x Panshire)	1	PORFIMAD
49%	PORFIMAD	100%	PEN AR LAN	
Truie SEGHERS (GP SEGHERS x lignée 15)	1	Verrat IK (lignée 33 x lignée 21)	1	SEGHERS GENETICS FRANCE
100%	SEGHERS GENETICS FRANCE	100%	SEGHERS GENETICS FRANCE	
Gena (GP LRD x LW)	2	Duca (Duroc SELPA x P)	1	SELPA
75%	SELPA	100%	SELPA	
Adénia VIAPORC (LW x LF)	1	ADN (LW x P)	2	VIAPORC
100%	VIAPORC	70 %	ADN	

(1) Nombre de types génétiques parentaux agréés diffusés en 1999 par l'OSP (dont Piétrain)

(2) Diffusion 1999 du type génétique évalué / Diffusion 1999 de l'ensemble des types génétiques parentaux agréés

(3) OSP tenant le Registre zootechnique du type génétique évalué

(4) Provenant des élevages de sélection NUCLEUS

Tableau 2 : Dispositif expérimental et effectif de porcs ayant terminé le contrôle

Bande de contrôle	Maîtres d'œuvre représentés (Nb de porcs contrôlés)			Large White LGPC	Effectif par bande
	1	2	3		
98-22	CADS PA (48)	FRANCE HYBRIDES (48)	NUCLEUS (48)	30	174
99-01	CADS PA (48)	SEGHERS GENETICS (50)	VIAPORC (47)	28	173
99-06	FRANCE HYBRIDES (47)	PORFIMAD (51)	SEGHERS GENETICS (29)	30	157
99-11	FRANCE HYBRIDES (52)	SELPA (44)	VIAPORC (49)	28	173
99-16	NUCLEUS (50)	PORFIMAD (49)	VIAPORC (45)	23	167
99-21	CADS PA (46)	PORFIMAD (42)	SELPA (49)	22	159
99-26	NUCLEUS (49)	SEGHERS GENETICS (42)	SELPA (36)	22	149

Tableau 3 : Structure des échantillons

	CADS PA	FRANCE HYBRIDES	NUCLEUS	PORFIMAD	SEGHERS GENETICS	SELPA	VIAPORC	Large White LGPC
Nb élevages fournisseurs	21	15	15	19	22	22	18	16
Nb verrats pères	52	62	42	59	48	52	57	92
Nb porcs								
- entrés en station	156	156	156	156	155	147	156	222
- mis en contrôle	155	155	153	154	147	141	152	210
Nb données traitées								
- castrats	72	73	71	70	64	65	70	183
- femelles	70	74	76	72	57	64	71	-
- total	142	147	147	142	121	129	141	183



Tableau 4 : Caractères de croissance

	Gain moyen quotidien (g/j)	Indice de consommation (kg/kg)	Consommation moyenne journalière (kg/j)
Moyenne générale des moindres carrés	929	2,723	2,51
Écart type résiduel	97	0,262	0,22
Large White lignée femelle LGPC	925	2,725	2,51
CADS PA	937	2,731	2,54
FRANCE HYBRIDES	975	2,701	2,62
NUCLEUS	951	2,695	2,55
PORFIMAD	962	2,656	2,54
SEGHERS GENETICS	857	2,763	2,36
SELPA	904	2,776	2,50
VIAPORC	917	2,736	2,50
Moyenne des 7 maîtres d'œuvre	929	2,722	2,51
Erreur standard de la moyenne d'un M.O.	9	0,024	0,02

M.O. = Maître d'Œuvre

Tableau 5 : Caractères de carcasse : rendement, mesures linéaires et teneur en viande maigre

	Rendement avec tête (%)	Longueur (mm)	Épaisseur de lard			TVME abattoir (kg/q)	Teneur en viande maigre calculée (kg/q)
			rein (mm)	dos (mm)	cou (mm)		
Moyenne générale des moindres carrés	79,0	1009	15,8	16,3	33,7	60,4	60,4
Ecart type résiduel	1,3	24	3,3	3,0	4,4	2,3	2,9
Large White lignée femelle LGPC	78,4	1026	15,9	15,5	33,6	60,2	59,5
CADS PA	79,0	1005	16,3	16,6	33,4	60,1	60,1
FRANCE HYBRIDES	78,3	1003	15,5	15,9	34,4	59,7	59,3
NUCLEUS	79,2	1005	14,5	15,6	32,3	62,1	62,6
PORFIMAD	78,7	1010	15,0	15,3	32,2	60,5	60,7
SEGHERS GENETICS	80,1	997	17,5	18,6	36,1	60,0	60,0
SELPA	79,4	1008	15,8	16,5	34,0	60,2	60,5
VIAPORC	79,2	1020	15,6	16,1	33,4	60,4	60,4
Moyenne des 7 maîtres d'œuvre	79,1	1007	15,7	16,4	33,7	60,4	60,5
Erreur standard de la moyenne d'un M.O.	0,13	2,3	0,31	0,28	0,41	0,22	0,27

TVME = Teneur en Viande Maigre Estimée

Tableau 6 : Caractères de carcasse : poids en kg des morceaux de la découpe normalisée

	Jambon	Longe	Bardière	Épaule	Poitrine
Moyenne générale des moindres carrés	10,11	11,08	3,20	9,19	4,74
Ecart type résiduel	0,44	0,58	0,52	0,36	0,37
Large White lignée femelle LGPC	9,74	10,99	3,19	9,24	4,71
CADS PA	10,10	11,02	3,25	9,16	4,80
FRANCE HYBRIDES	9,95	10,67	3,24	9,24	4,81
NUCLEUS	10,39	11,40	2,94	9,16	4,63
PORFIMAD	10,00	11,13	3,09	9,22	4,73
SEGHERS GENETICS	10,23	11,35	3,53	9,08	4,73
SELPA	10,28	11,00	3,19	9,24	4,69
VIAPORC	10,13	11,11	3,17	9,21	4,83
Moyenne des 7 maîtres d'œuvre	10,15	11,10	3,20	9,19	4,75
Erreur standard de la moyenne d'un M.O.	0,041	0,054	0,048	0,034	0,035



Tableau 7 : Caractères de qualité technologique de la viande

	pH 24 demi- membraneux	Réflectance Fessier superficiel ⁽¹⁾	Rétention d'eau Fessier superficiel ⁽²⁾	Rendement technologique estimé (%)
Moyenne générale des moindres carrés	5,67	50,3	5,9	85,6
Écart type résiduel	0,16	3,2	4,6	2,4
Large White lignée femelle LGPC	5,69	49,7	7,8	86,1
CADS PA	5,65	51,0	4,8	85,0
FRANCE HYBRIDES	5,61	51,6	5,0	84,5
NUCLEUS	5,68	50,5	4,2	85,4
PORFIMAD	5,70	50,3	8,9	86,3
SEGHERS GENETICS	5,69	49,3	4,9	85,9
SELPA	5,67	50,3	5,4	85,6
VIAPORC	5,69	49,6	6,0	85,9
Moyenne des 7 maîtres d'œuvre	5,67	50,4	5,6	85,5
Erreur standard de la moyenne d'un M.O.	0,016	0,34	0,48	0,25

⁽¹⁾ Une valeur plus élevée est l'indication d'une viande plus pâle.

⁽²⁾ Temps d'imbibition, en dizaines de secondes.

Tableau 8 : Caractères de qualité de la viande fraîche

	Perte d'exsudat Long dorsal (%)*	Réflectance Long dorsal (1)*	Indice bicolore (2)	Indice qualité viande fraîche standardisé (lvf)	Note de couleur Fessier superficiel(3)	Note de tenue jambon (4)	Taux de lipides intramusculaires Long dorsal (%)*
Moyenne générale des moindres carrés	3,4	55,8	7,9	100	3,5	3,1	2,15
Écart type résiduel	1,6	3,9	3,3	20	0,6	0,7	0,62
Large White lignée femelle LGPC	3,4	55,3	8,3	99	3,7	3,0	2,16
CADS PA	3,3	56,0	8,9	100	3,4	3,1	2,08
FRANCE HYBRIDES	3,0	57,2	6,8	102	3,4	2,8	2,23
NUCLEUS	3,9	55,9	8,0	95	3,4	2,9	2,18
PORFIMAD	2,9	55,5	7,6	105	3,6	3,3	2,12
SEGHERS GENETICS	3,8	55,1	8,8	95	3,7	3,2	2,01
SELPA	3,4	55,2	7,3	105	3,5	3,2	2,34
VIAPORC	3,5	55,9	7,4	97	3,5	3,1	2,11
Moyenne des 7 maîtres d'œuvre	3,4	55,8	7,8	100	3,5	3,1	2,15
Erreur standard de la moyenne d'un M.O.	0,32	0,78	0,34	4,0	0,07	0,08	0,111

*sur un sous-échantillon de 40 porcs par type génétique

⁽¹⁾ une valeur plus élevée est l'indication d'une viande plus pâle

⁽²⁾ Réflectance du Fessier superficiel - réflectance du Fessier moyen

⁽³⁾ Selon l'échelle japonaise : 1 = viande pâle ; 6 = viande sombre

⁽⁴⁾ 1 = viande flasque ; 5 = viande ferme



Tableau 9 : Caractères de qualité du gras de bardière*

	Coefficient d'insaturation du gras (1)	Indice de consistance du gras	Teneur en eau (%)	Indice de qualité du gras standardisé (lg)
Moyenne générale des moindres carrés	1,261	0,697	11,2	100
Écart type résiduel	0,020	0,063	1,9	20
Large White lignée femelle LGPC	1,263	0,696	10,7	102
CADS PA	1,257	0,693	11,5	101
FRANCE HYBRIDES	1,254	0,704	11,6	102
NUCLEUS	1,267	0,682	11,1	97
PORFIMAD	1,266	0,699	12,2	91
SEGHERS GENETICS	1,256	0,720	10,4	108
SELPA	1,266	0,669	11,1	98
VIAPORC	1,258	0,713	11,0	104
Moyenne des 7 maîtres d'œuvre	1,261	0,697	11,3	100
Erreur standard de la moyenne d'un M.O.	0,004	0,011	0,34	3,6

*sur un sous-échantillon de 40 porcs par type génétique

⁽¹⁾ Une valeur plus élevée est l'indication d'une plus grande insaturation des graisses (risque de gras mou)





Figure 1 : Distribution de fréquence du pH 24 du muscle Demi-membraneux, pour chacun des types génétiques

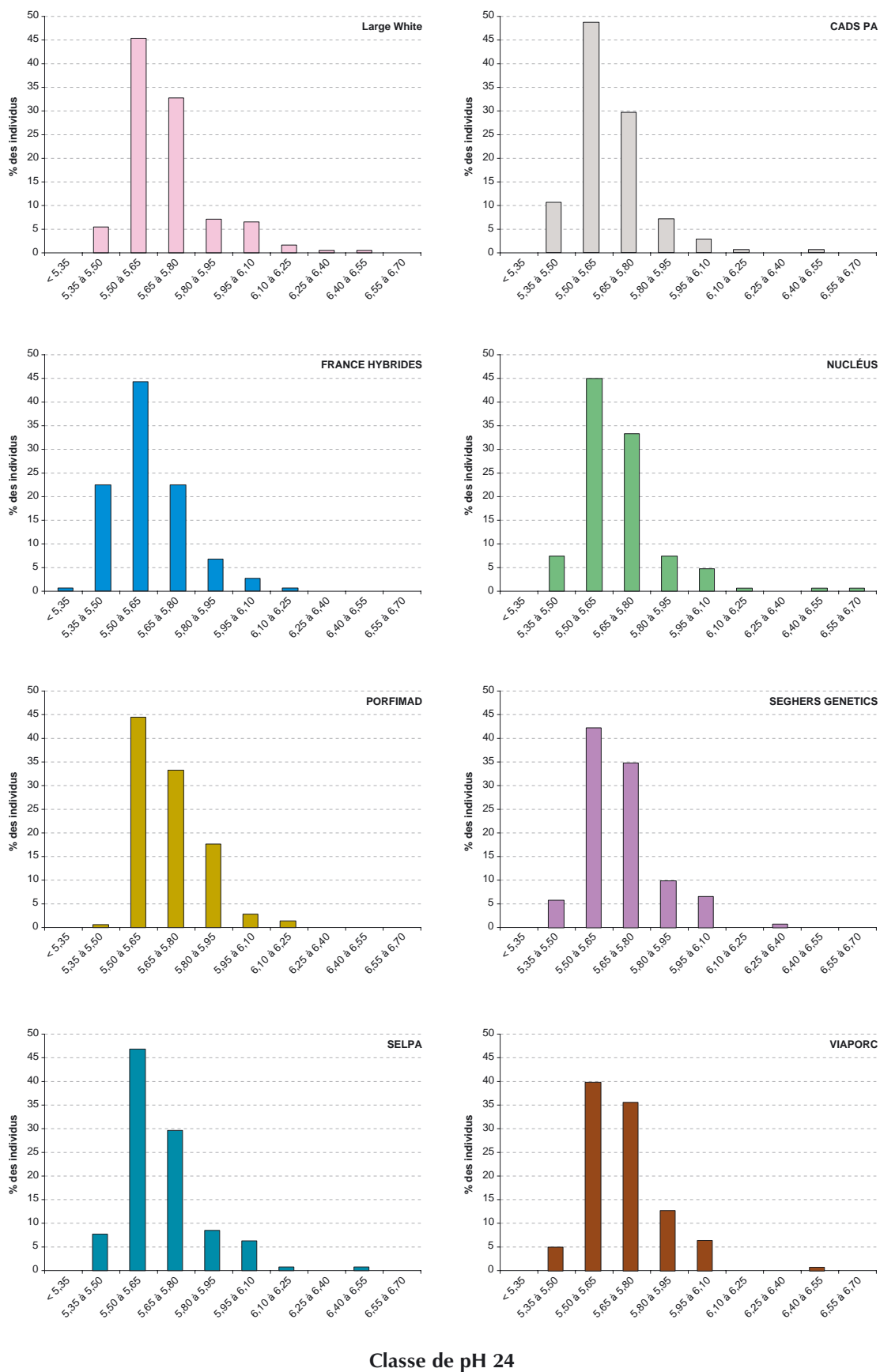
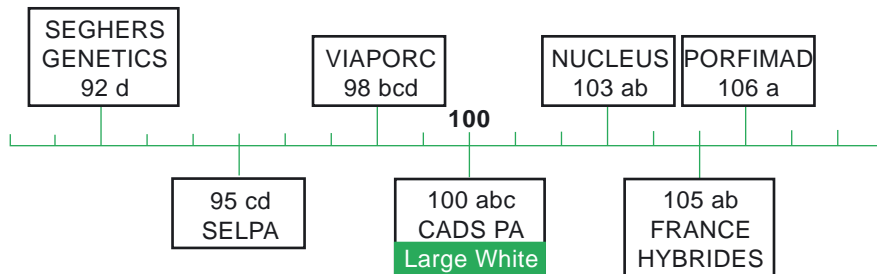


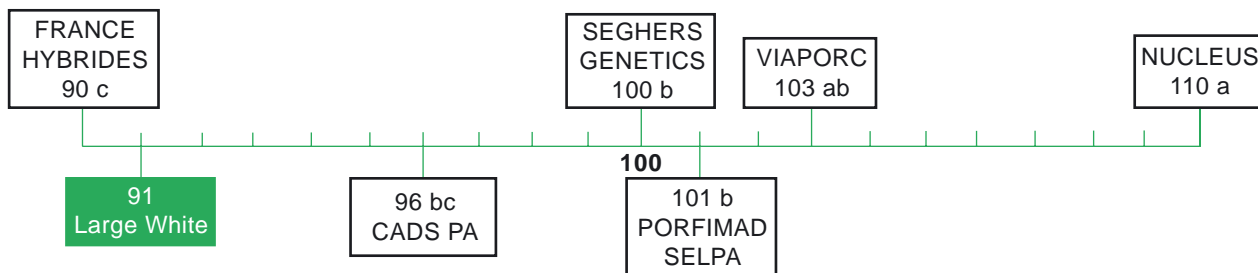


Figure 2 : Représentation graphique des moyennes des 7 maîtres d'œuvre pour l'indice du coût de l'engraissement, l'indice de valeur commerciale de la carcasse et l'indice économique de qualité de la viande

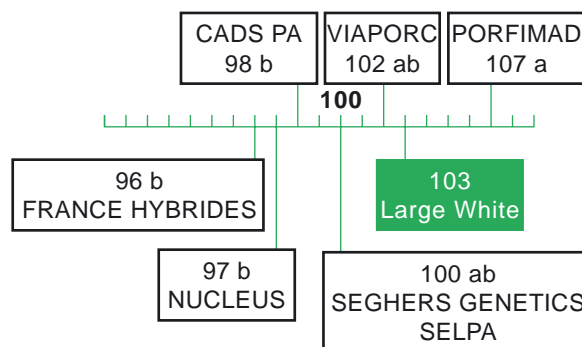
Indice de croissance (I₂) : 1 point d'indice = 1,50 F/porc



Indice de carcasse (I₃) : 1 point d'indice = 1,80 F/porc



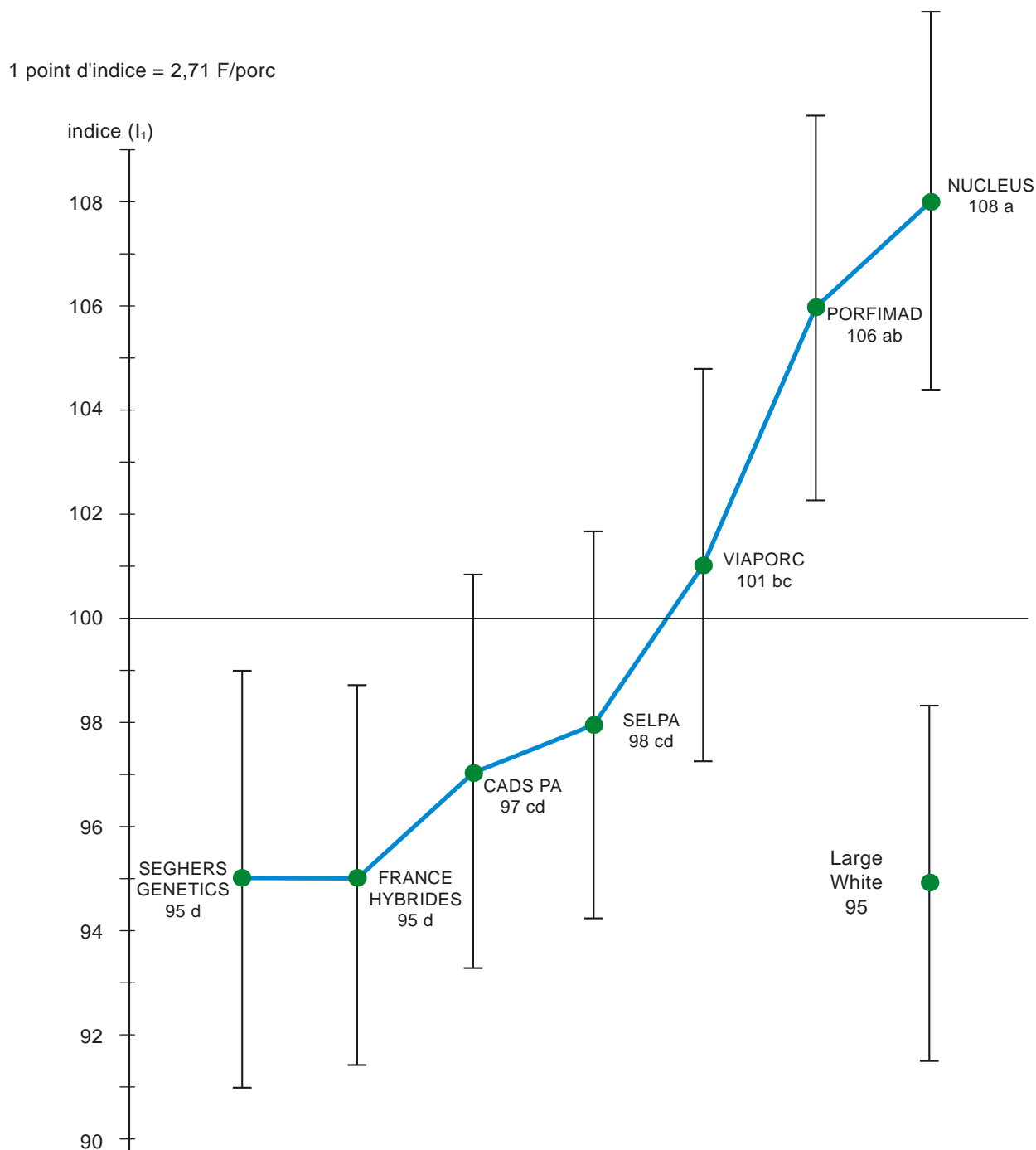
Indice économique de qualité de la viande (I₄) : 1 point d'indice = 0,74 F/porc



Remarque : Pour chaque indice, des lettres identiques (a, b, ...) ont été attribuées aux maîtres d'œuvre dont la valeur de l'indice ne diffère pas significativement au seuil global de 5 % pour l'ensemble des comparaisons. Ainsi (a) diffère significativement de (b), mais (a) ou (b) ne diffère pas significativement de (ab).



Figure 3 : Représentation graphique des moyennes des 7 maîtres d'œuvre pour l'indice économique global (I_1), avec indication des bornes correspondant à ± 2 erreurs standard de la moyenne de chaque maître d'œuvre (moyenne des 7 maîtres d'œuvre = 100)



Remarque : Pour chaque indice, des lettres identiques (a,b,...) ont été attribuées aux maîtres d'œuvre dont la valeur de l'indice ne diffère pas significativement au seuil global de 5 % pour l'ensemble des comparaisons. Ainsi (a) diffère significativement de (b), mais (a) ou (b) ne diffère pas significativement de (ab).



Figure 4. Évolution du 16^{ème} au 23^{ème} test des résultats de 5 maîtres d'œuvre pour le gain moyen quotidien et l'indice de consommation exprimés en écart au témoin Large White lignée femelle

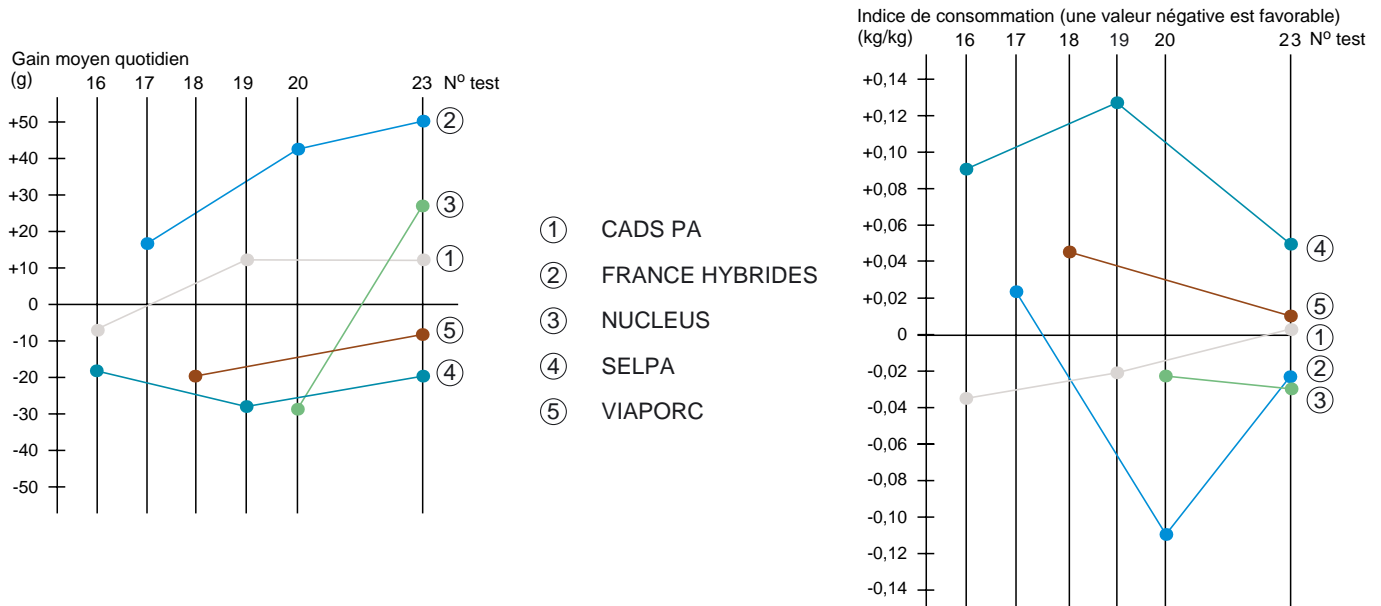


Figure 5. Évolution du 16^{ème} au 23^{ème} test des résultats de 5 maîtres d'œuvre pour le rendement de carcasse et le critère synthétique de composition corporelle (taux de muscle puis TVM) exprimés en écart au témoin Large White lignée femelle

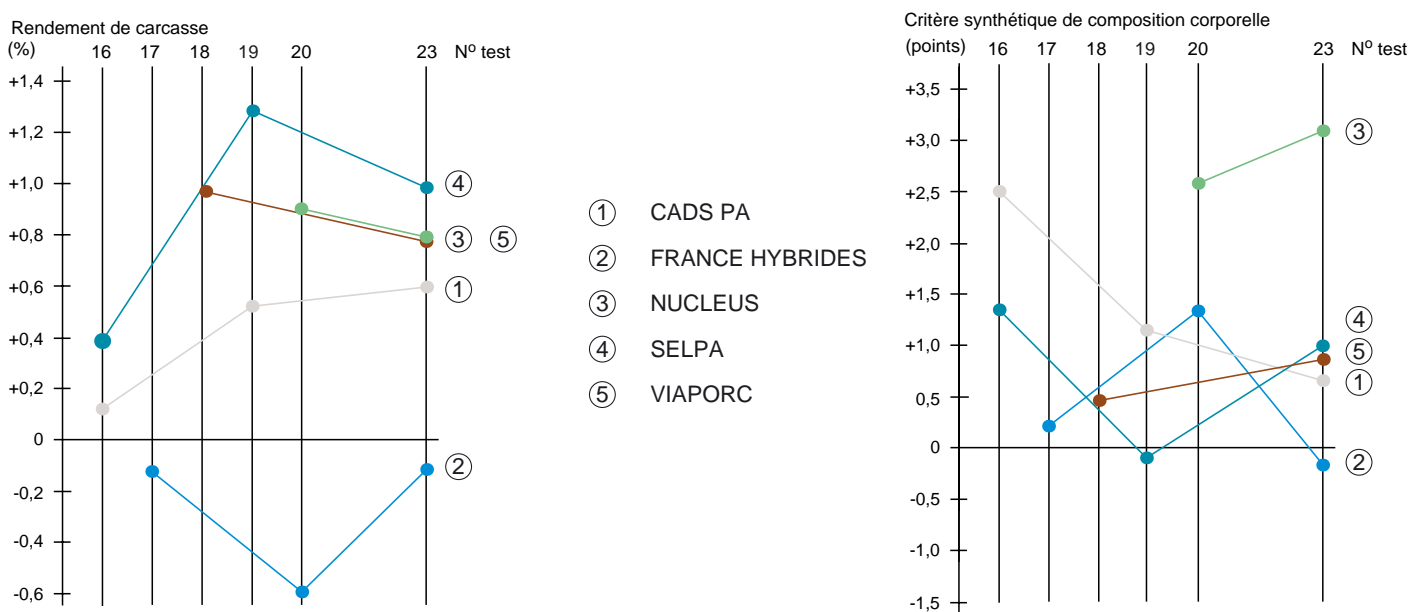
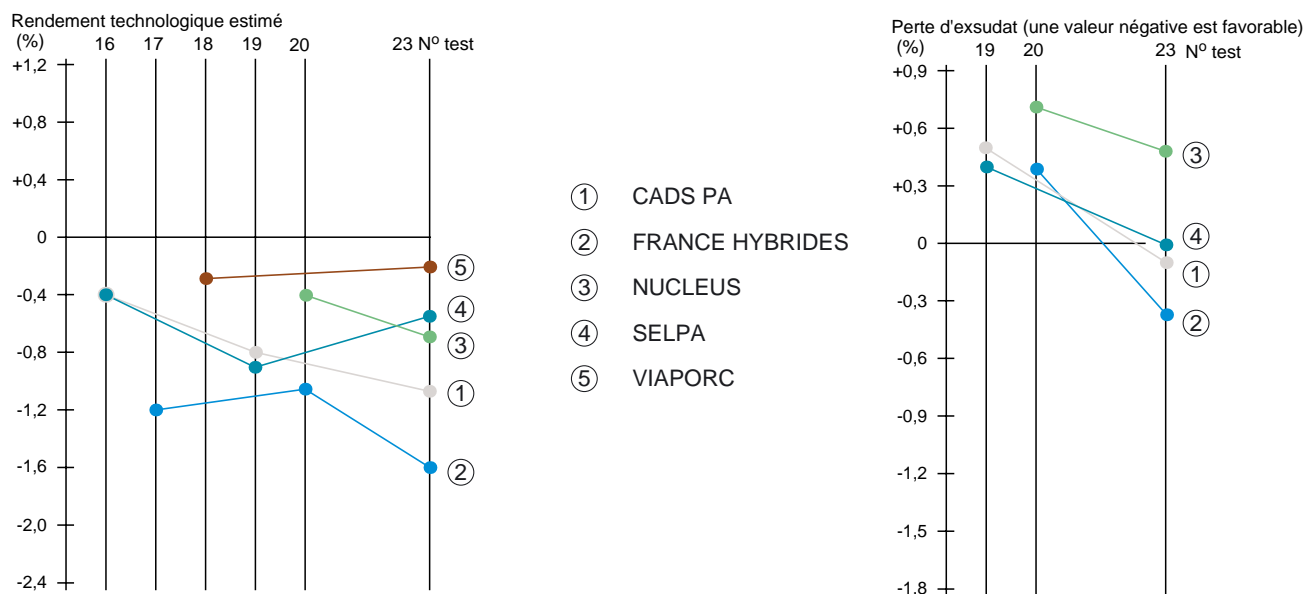




Figure 6. Évolution du 16^{ème} au 23^{ème} test des résultats de 5 maîtres d'œuvre pour le rendement technologique estimé et évolution du 19^{ème} au 23^{ème} test des résultats de 4 maîtres d'œuvre pour la perte d'exsudat exprimés en écart au témoin Large White lignée femelle



Quelques caractéristiques des PAS agréées au 31/12/99

1. Orientation

Nombre de PAS	Lignées mâles	Lignées femelles
Races	2	2
Variétés	8	12
Composites	6	3
Total	16	17

2. Ancienneté

Ancienneté des PAS	Moyenne	Extrêmes
Races (HB)	41	4 - 73
Variétés	20	1 - 37
Composites	21	11 - 28

Exprimé en années par référence à 1999

Europe : Europe EURIS - (L, P, G) + CH

Lignées : Lignées

• Nationalités pas sélectionnées : LW et LR jointement

• Origine : B, D, DK, S, DU en UK, F + (E, NL, D, I)

• Nationalités pas sélectionnées : L, UK, A = D

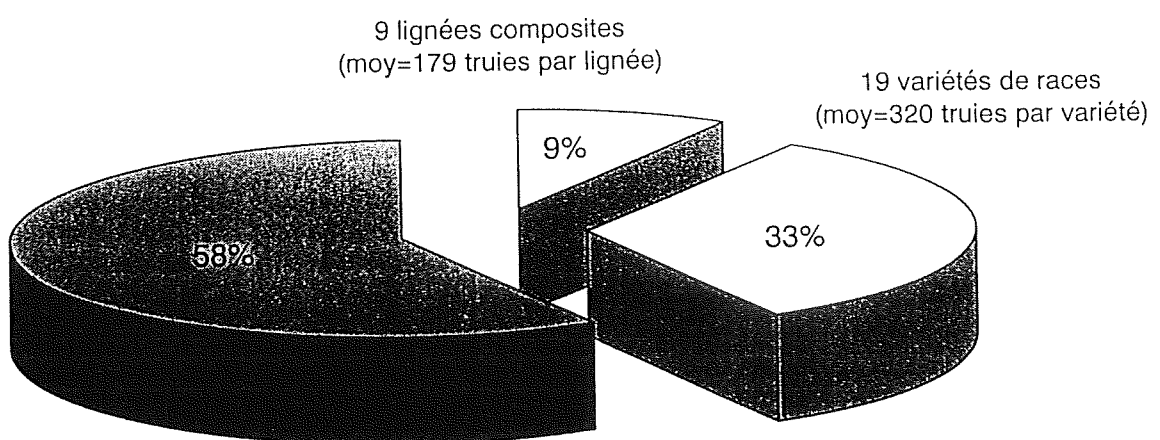
• Nationalités pas sélectionnées : L, UK, A = D

• Nationalités pas sélectionnées : L, UK, A = D

• Nationalités pas sélectionnées : L, UK, A = D

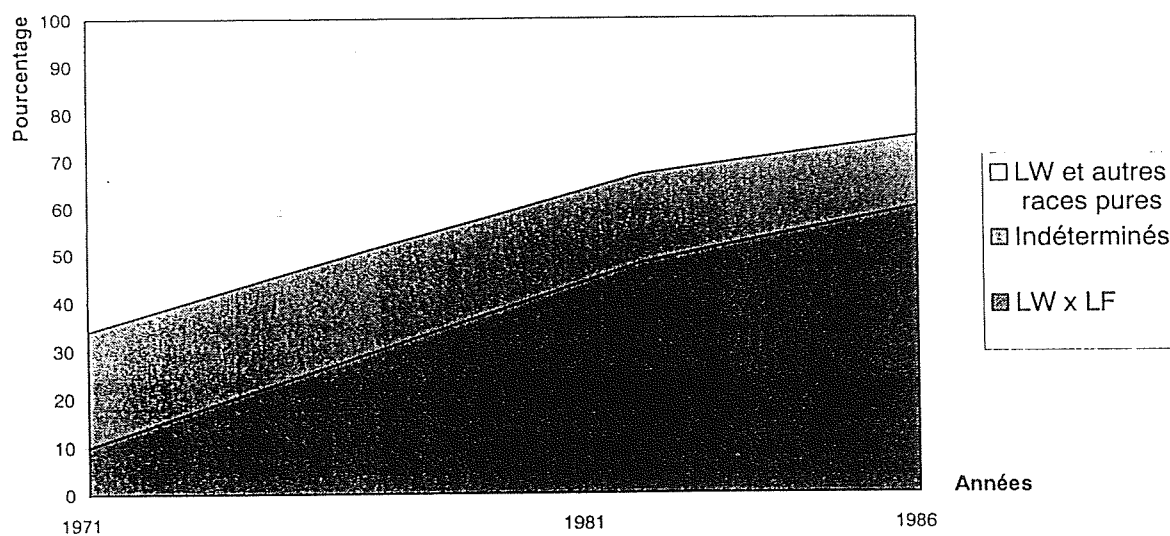
• Nationalités pas sélectionnées : L, UK, A = D

Effectifs des truies en sélection par type de PAS au 31/12/99



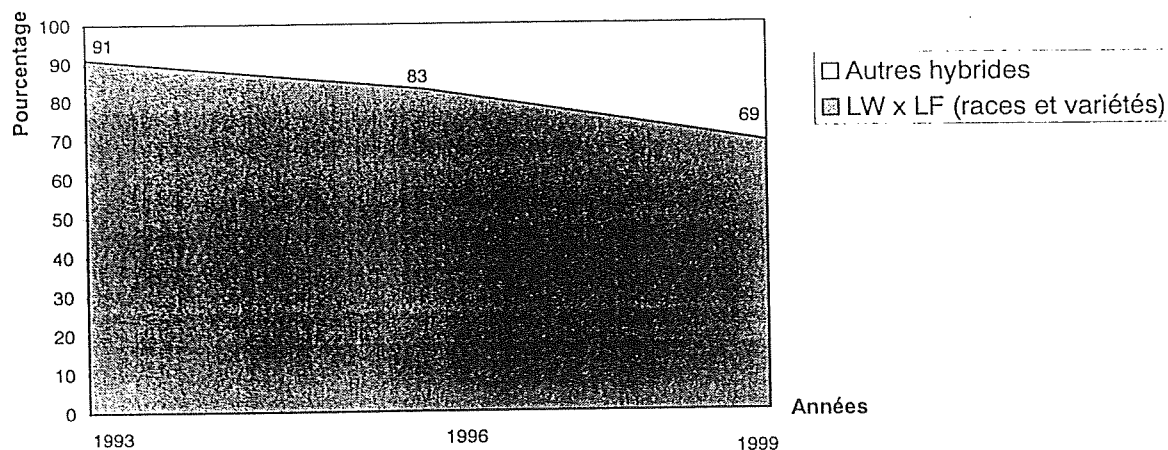
La multiplication de race pure (soit 7% des effectifs) a été intégrée à la sélection

Evolution dans le temps de la répartition des truies du cheptel français par catégorie de type génétique (terminologie SCEES)



Source SCEES pour les années 1971, 1981 et 1986

Evolution récente de la répartition du cheptel de truies en multiplication de truies parentales



Le croisement à 3 voies

1. - Plan de croisement le plus répandu

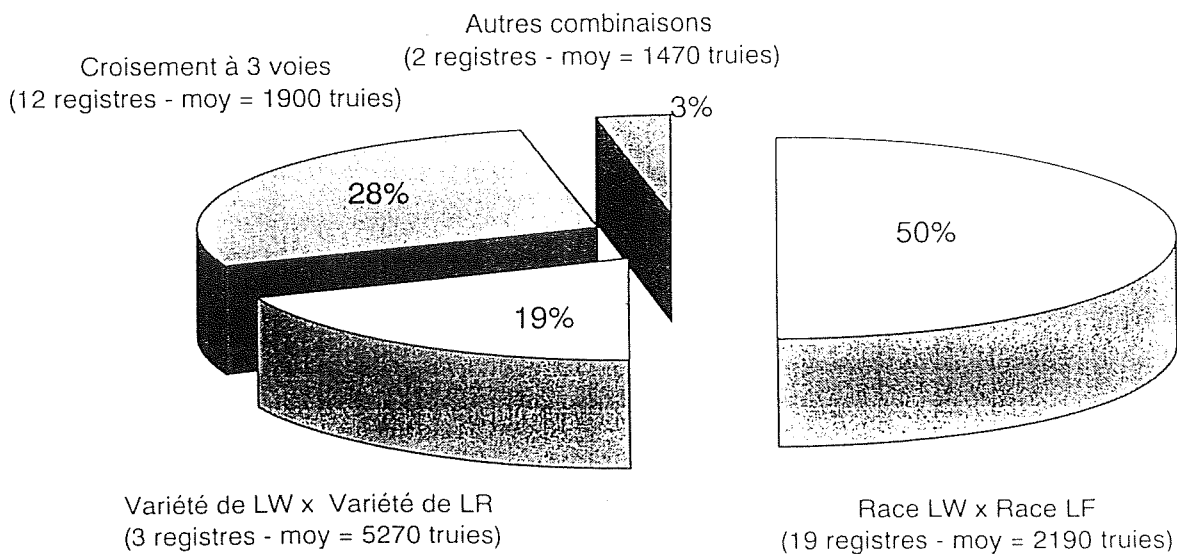


2. - Effectifs de truies en multiplication impliquées dans des croisements à trois voies.

Nbre de truies en multiplication	12/95	12/97	12/99
Grand parentale	1.376	2.657	3.618
Parentale	6.394	12.531	22.825

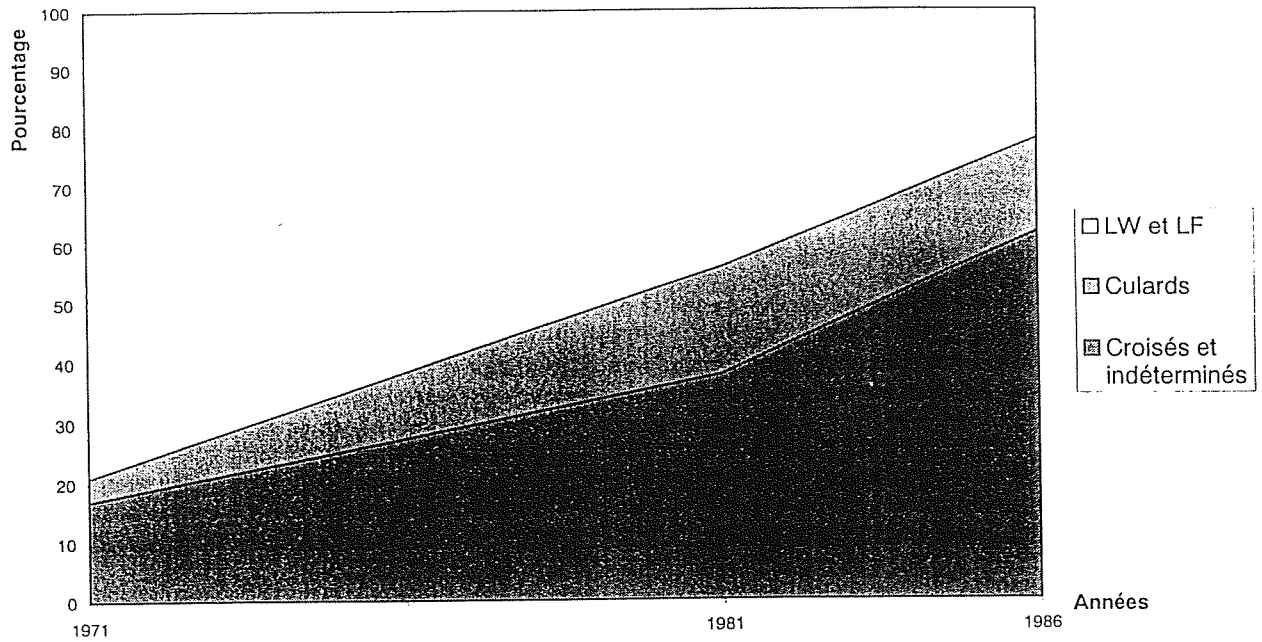
(voie femelle uniquement)

Effectifs de truies en multiplication de truies parentales au 31/12/1999 par catégorie de types génétiques produits

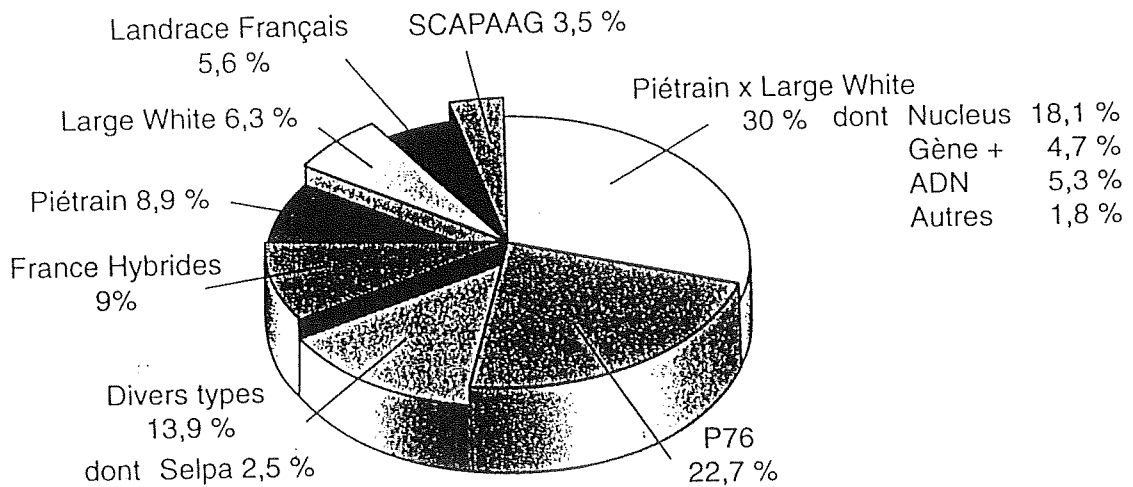




Evolution dans le temps de la répartition des verrats du cheptel français par catégorie de type génétique (terminologie SCEES)

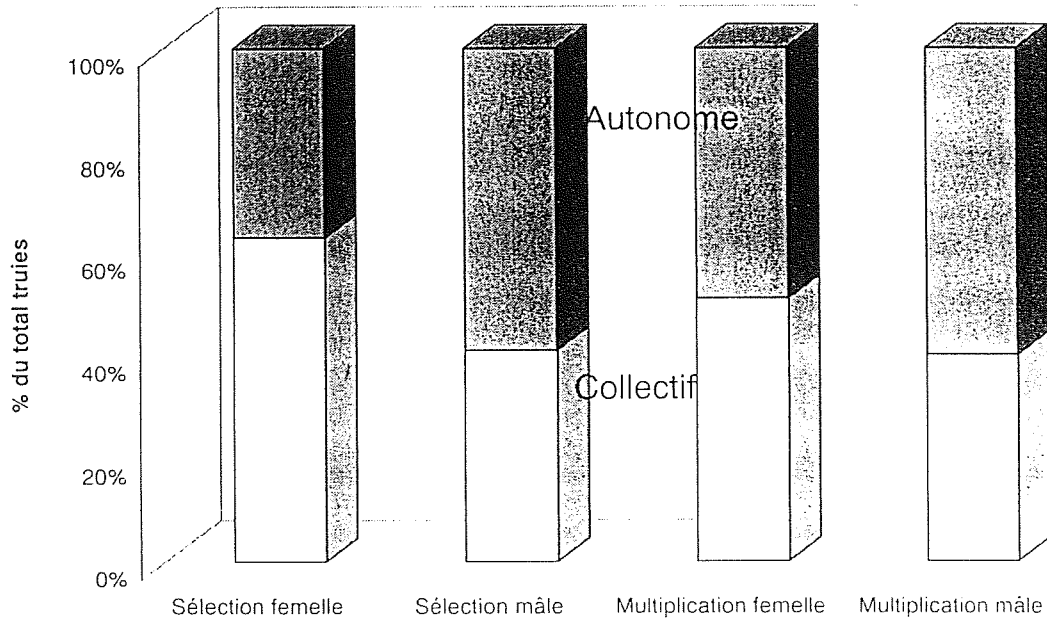


Répartition par type génétique des verrats présents dans les CIA au 31/12/99 (n = 4118)





Part respective de la sélection collective et de la sélection autonome



En Europe - Truies parentales -

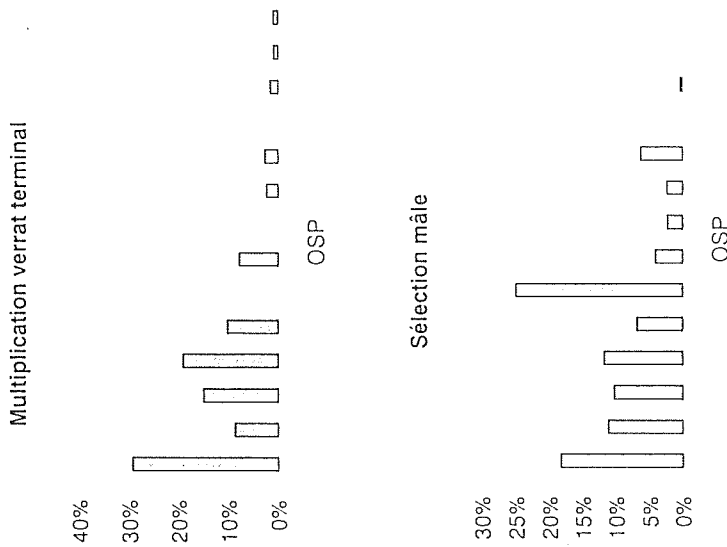
100% collectif : Finlande, Suède, Suisse

Majoritaire collectif, avec auto-renouvellement : DK, I, B

Majoritaire auto : NL, E, UK (31%), Belgique & France (45-50%)

Taille des OSP par type d'activité au 31/12/99

En % du total truies



Concentration des OSP selon le type de sélection

Sélection lignée femelle

Type de sélection	Nb d'OSP		Truies/OSP	
	1989	1999	1989	1999
Collective	41	15	242	608
Autonome	7	5	567	1.074

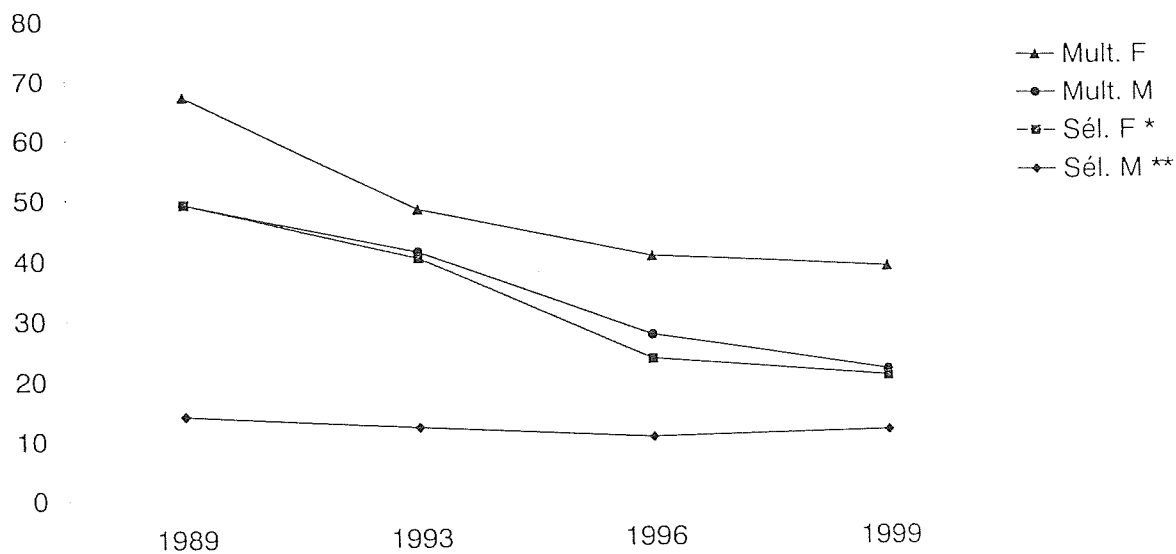
Multiplication de truies parentales

Type de Sélection	Nb d'OSP		Truies/OSP	
	1989	1999	1989	1999
Collective	57	26	790	1.693 *
Autonome	9	17	2.038	2.393*

* 5 OSP multiplient à la fois un type génétique de la sélection autonome et de la sélection collective :

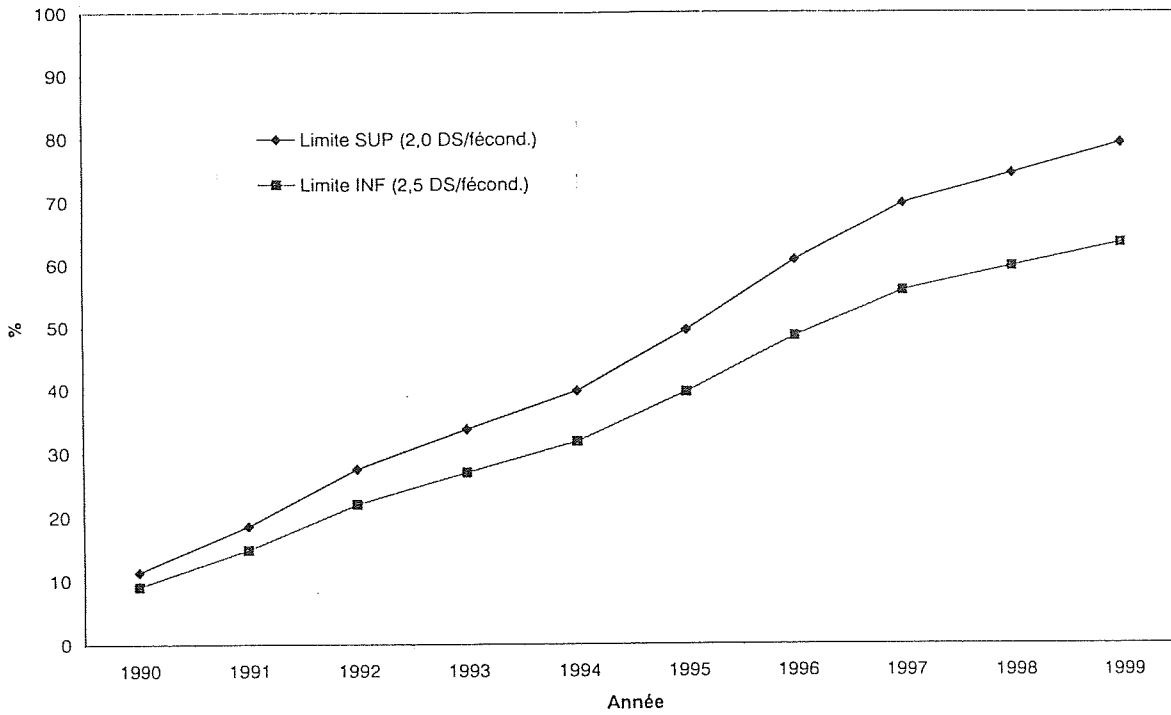
- Elles sont décomptées deux fois.
- Leurs effectifs ont été répartis dans les deux catégories.

Evolution dans le temps du nombre d'OSP pratiquant différents types d'activité

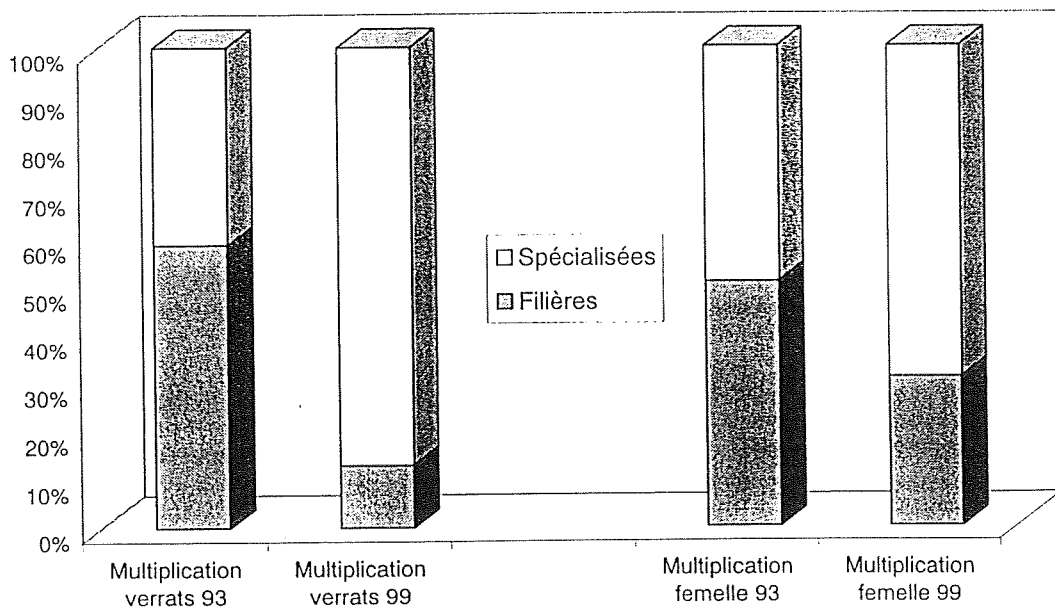


* réduit à 13 depuis ** réduit à 10 depuis

Evolution du pourcentage de fécondations par IA



Evolution récente de la spécialisation des OSP



OSP "filière" = OSP liée à un seul GPP
 OSP "spécialisée" = OSP liée à plusieurs GPP

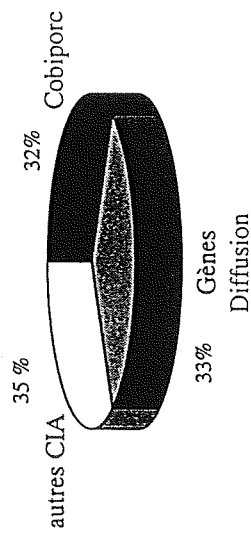
Evolution récente des structures de l'IA Porcine

	12/95	12/97	12/99
Nbr de CIA agréés	15	15	15
Nbre de dépôts de repros.	32	35	33
Nbre de verrats	2.968	4.021	4.202
Nbre de verrat/dépôt	93	115	127

Le rôle des CIA dans la filière génétique porcine

1. - Mise à disposition des meilleurs verrats des PAS pour les sélectionneurs :
 - ◆ Création de connexions génétiques entre élevage.
2. - Mise à disposition de verrats de PAS pour les multiplicateurs :
 - ◆ Gain de valeur génétique.
 - ◆ Réalisation de plans croisement avec des PAS non détenues par l'OSP.
3. - Mise à disposition de verrats terminaux de qualité pour les producteurs
 - ◆ Verteur de diffusion du progrès génétique du haut au bas de la pyramide.

Répartition des verrats présents au 31/12/1999



Aperçu sur la génétique porcine en Europe

Plan de l'exposé

1. - Génétique collective et génétique autonome
 - ◆ Le problème de l'accès à l'information.
 - ◆ Etat des lieux.
2. - Types génétiques utilisés en sélection
 - 2.1. - Races pures et variétés
 - ◆ La voie femelle.
 - ◆ La voie mâle.
 - 2.2. - Les contrôles de performances
 - ◆ Performances de reproduction
 - ◆ Contrôles en stations publiques.
 - ◆ Contrôles en élevages.
 - 2.3. - Type de testage
3. - Types génétiques utilisés en production
 - 3.1. - Rappels sur l'enquête 1992
 - 3.2. - Types génétiques parentaux actuels
 - ◆ Truies parentales.
 - ◆ Verrats terminaux.

Le problème de l'accès à l'information

Pays	Organisme fédérateur	Organismes de sélection collective	Entreprises privées (dont principales)
Allemagne	ZDS	14 organisations régionales	10 (BHZP ; PIC ; Schaumann)
Belgique	-	BEVA	? (Seghers ; Hypor ; PIC)
Danemark	-	Danske Slagterier	1 (PIC)
Espagne	-	ANPS	?
Finlande	-	FABA	-
France	ASP	LGPC (7 OSP)	7
Italie	ANAS	ANAS	7 + 15
Pays Bas	-	Stamboeke *	7 (Dumeco ; Dalland* ; Fomeva*)
Royaume Uni	-	BPA	? (PIC)
Suède	-	Swedish Pig Association	-
Suisse	-	Suisag (dont schémas adhérents)	1 (ANICOM)

* Regroupés dans Topigs.

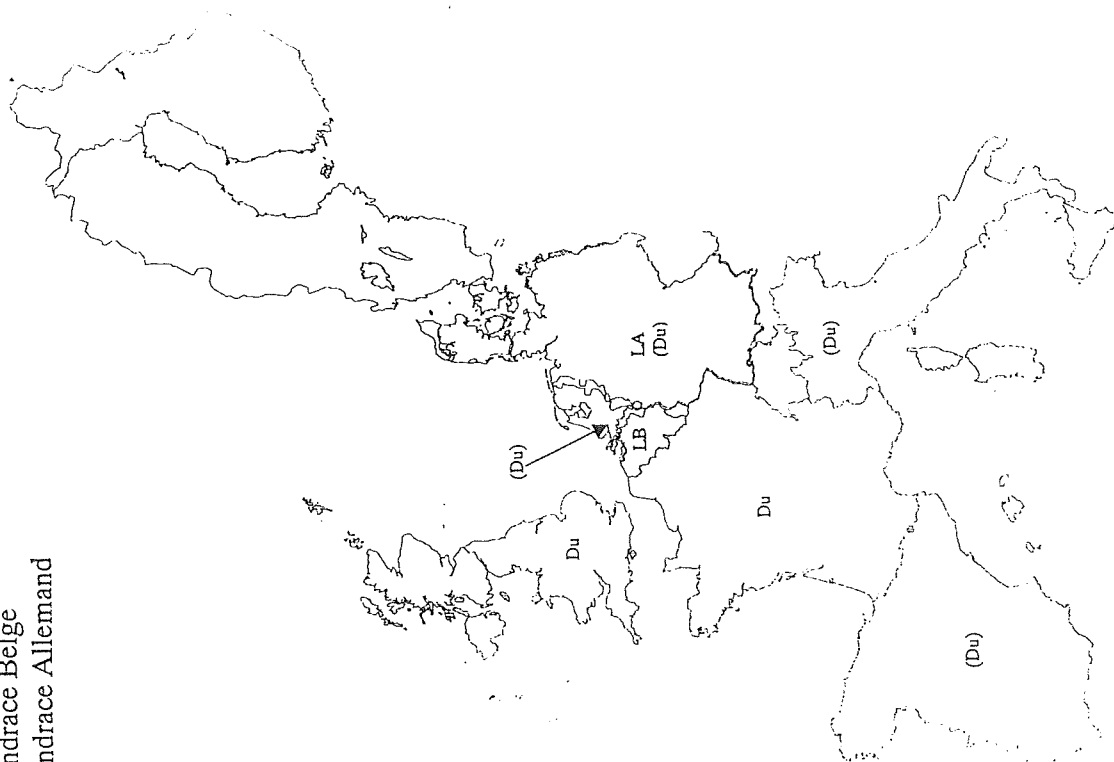
Les races pures de la voie femelle en Europe

□ Avec LW et LR (tous)

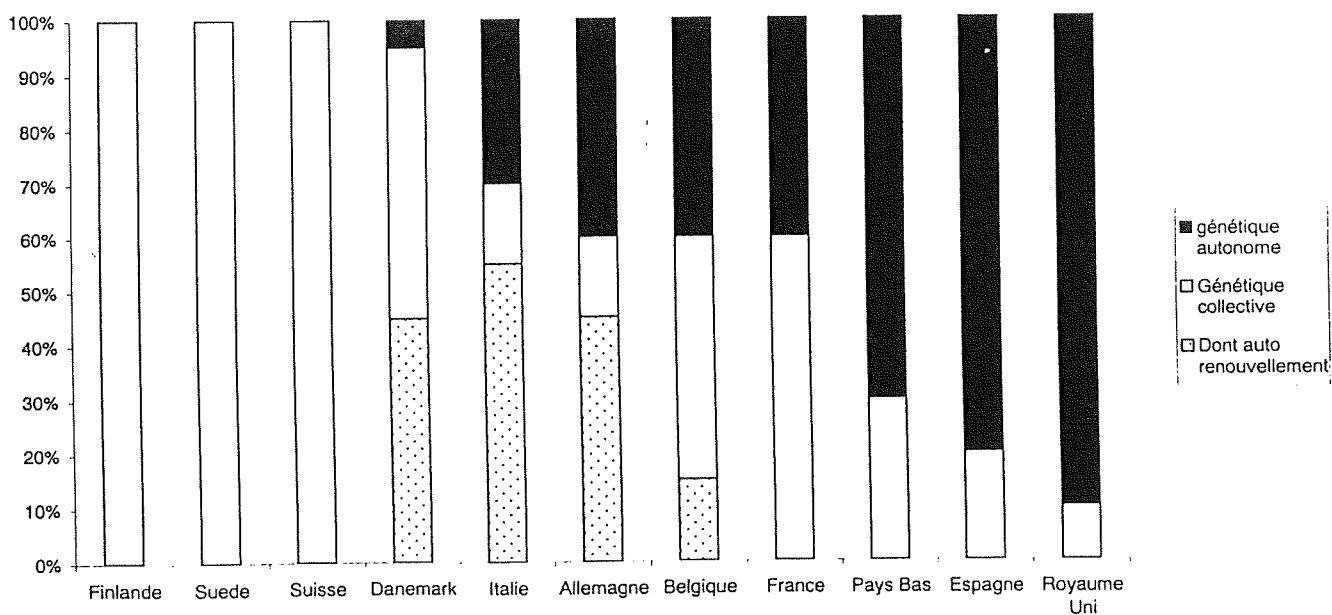
Du = Duroc

LB = Landrace Belge

LA = Landrace Allemand



Part respective de la génétique collective et de la génétique autonome dans la fourniture de truies parentales en Europe (approximations parfois grossières)



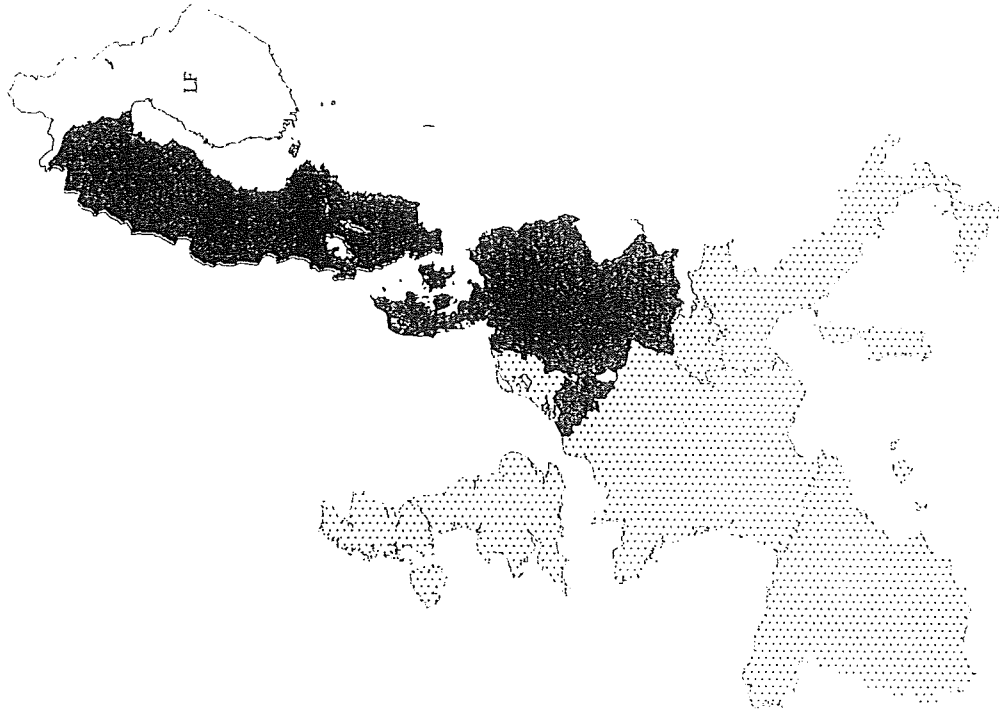


Les races pures de la voie mâle en Europe

1- Races mixtes et leurs variétés "Mâles"

- Avec LW mixte
- Avec LW mâle
- Sans

LF = Landrace Finlandais

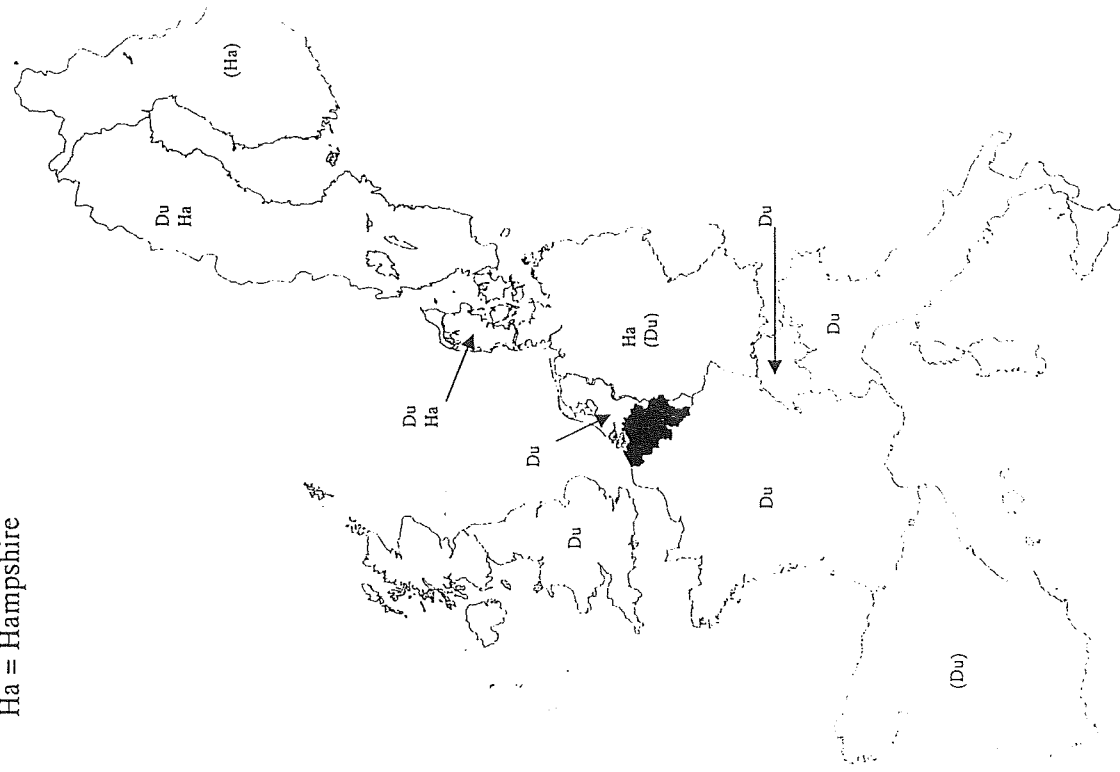


Les races pures de la voie mâle en Europe :

2 - Races mâles non sensibles (Hal)

- Avec
- Sans

Du = Duroc
 Ha = Hampshire



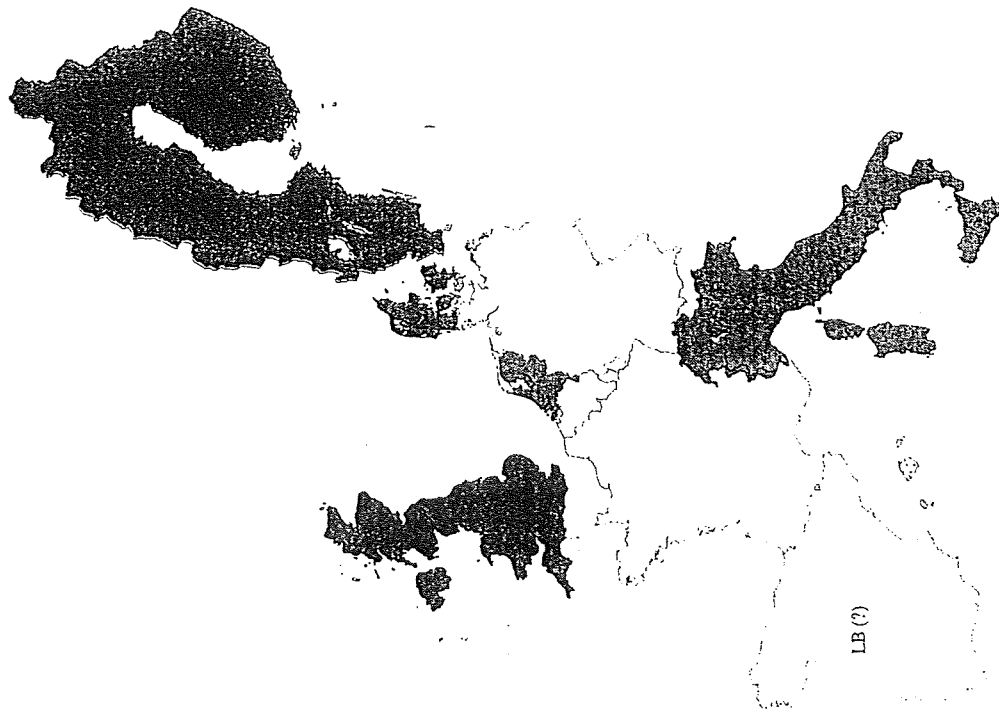
Les races pures de la voie mâle en Europe

3 - Races mâles sensibles (Hal)

Avec Piétrain

Sans

LB = Landrace Belge



Contrôle des performances de reproduction en Europe

PAYS	PROFICITE	AUTRE	REMARQUE
ALLEMAGNE	NV		Bavière, Saxe
BELGIQUE			
DANEMARK	NT	TS, ISS	
ESPAGNE			
FINLANDE	NT, S		
FRANCE	NT		
ITALIE	NV1		
PAYS BAS	NV	TS	
ROYAUME UNI			
SUEDE	NV	IMB	
SUISSE	NV	ISS	

Concerne a priori la sélection collective

NT = Nés totaux
 NV = Nés vivants
 NV1 = Nés vivants à la 1^{ère} portée
 S = Sevrés

IMB = Intervalle entre mises bas
 ISS = Intervalle sevrage 1^{ère} saillie

IT = Taux de survie avant sevrage

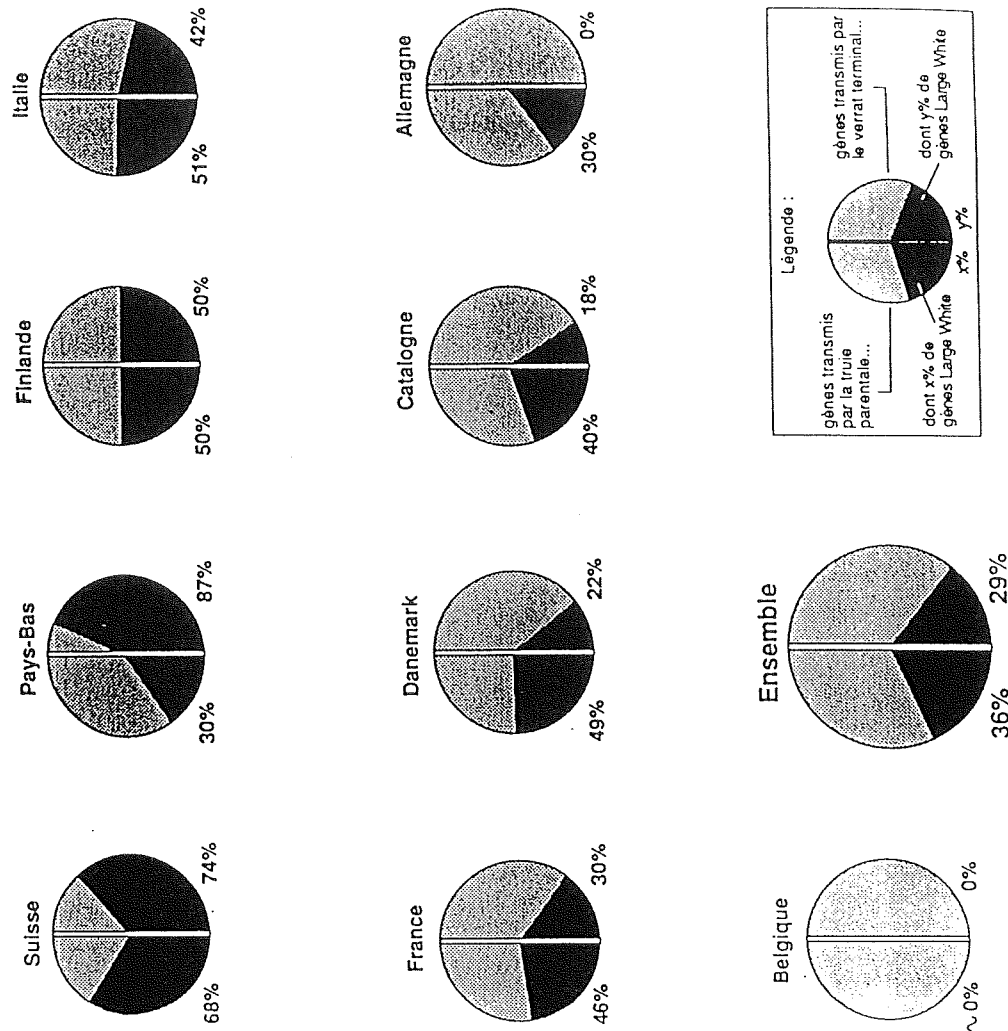
Le contrôle des performances de production en Europe
(concerne a priori la sélection collective)

Actualisation des données	Pays	Verrats contrôlés en stations publiques			Animaux abattus en stations publiques				Animaux contrôlés en ferme		
		Croissance	Efficacité alimentaire	Adiposité	Croissance	Efficacité alimentaire	Composition corporelle	Qualité de viande	Croissance	Efficacité alimentaire	Adiposité
Récente	ALLEMAGNE				GMQ	IC	DC NOIX	COND 45 COND 24 REFL	GMQ		EL
Récente	BELGIQUE				GMQ	IC	(QUAB)	PH 24 COND 24	GMQ		EL EM
Récente	DANEMARK	GMQ	IC	EL	GMQ	IC	RDT DC	PH 24	gmq GMQ		EL CONF
1992	ESPAGNE	GMQ	IC	EL					GMQ	(IC)	EL
Récente	FINLANDE	GMQ	IC	EL	GMQ	IC	DC	PH 24 REFL	AA		EL
Récente	FRANCE				GMQ	IC	RDT DC	PH 24 RE REFL	AA		EL
Récente	ITALIE				GMQ	IC	EL DC	CALO			
Récente	PAYS BAS	GMQ	IC	EL EM					GMQ	(IC)	EL
1992	ROYAUME UNI								GMQ	(IC)	EL
1992	SUEDE				GMQ	IC	DC	PH 24 REFL	GMQ		EL
Récente	SUISSE				GMQ	IC	DC	PH 45 REFL GIM	GMQ		EL

Lexique

- AA = Age ajusté (à poids fixe)
- CALO = Perte de poids du jambon après 1^{er} salage (Italie)
- COND24 = Conductibilité de la viande à 24 h
- COND45 = Conductibilité de la viande à 45 mn
- CONF = Note de conformation (Danemark)
- DC = Découpe de la carcasse
- EL = Epaisseur de lard
- EM = Epaisseur de muscle
- GIM = Gras intramusculaire
- GMQ = Gain moyen quotidien (test ou vie)
- gmq = Gain moyen quotidien de 0 à 30 Kg
- IC = Indice de consommation
- NOIX = Surface de la noix (Allemagne)
- QUAB = Qualité d'abattage (Belgique)
- RDT = Rendement d'abattage
- RE = Rétention d'eau de la viande
- REFL = Réflectance de la viande

Présentation graphique de l'impact de la race Large White dans certains pays d'Europe en 1992



Source : ITP - UPRA Porcine

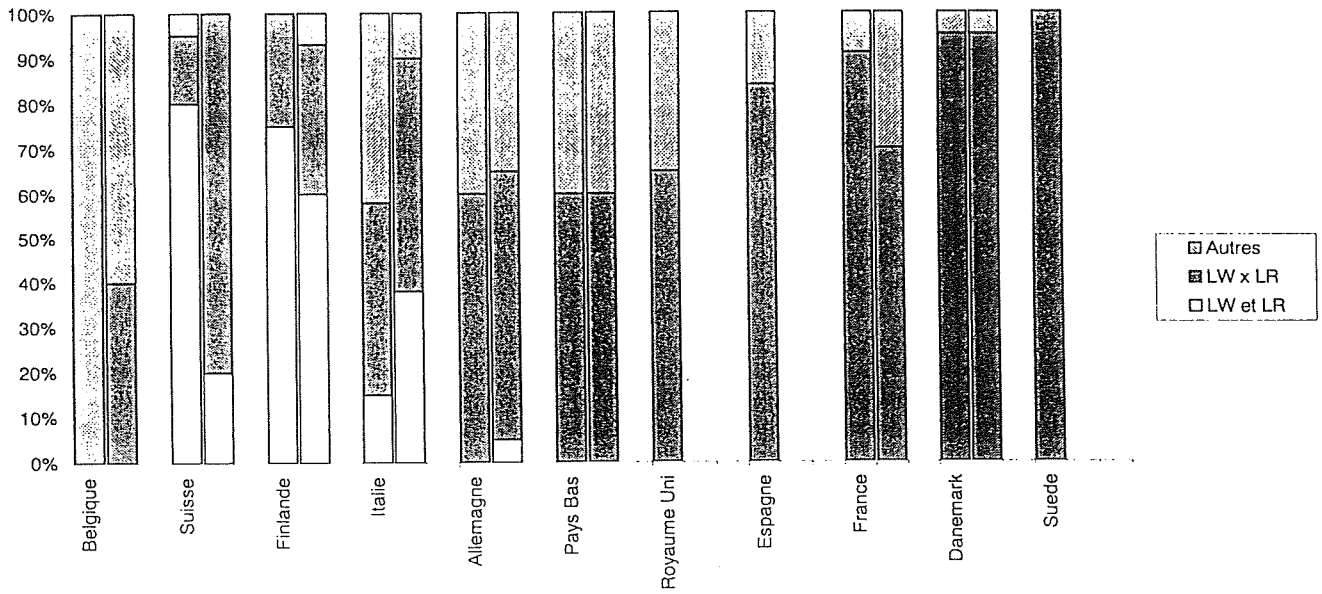
Combinaison des différents types de contrôles pour l'accès des verrats à l'IA en Europe

Pays	Contrôle en ferme	Verrats en station	Collatéraux en station	Type de testage
<i>Espagne, Pays Bas</i>		X		Individuel
Royaume Uni, <i>Espagne, Pays Bas</i>	X			
Danemark		X	X	Combiné
France, Suède, Suisse	X		X	
Allemagne, Belgique, <i>Finlande</i>	X		X	« progeny test » (parents testés sur descendance)
<i>Finlande</i>		X	X	
Italie			X	Sib-test

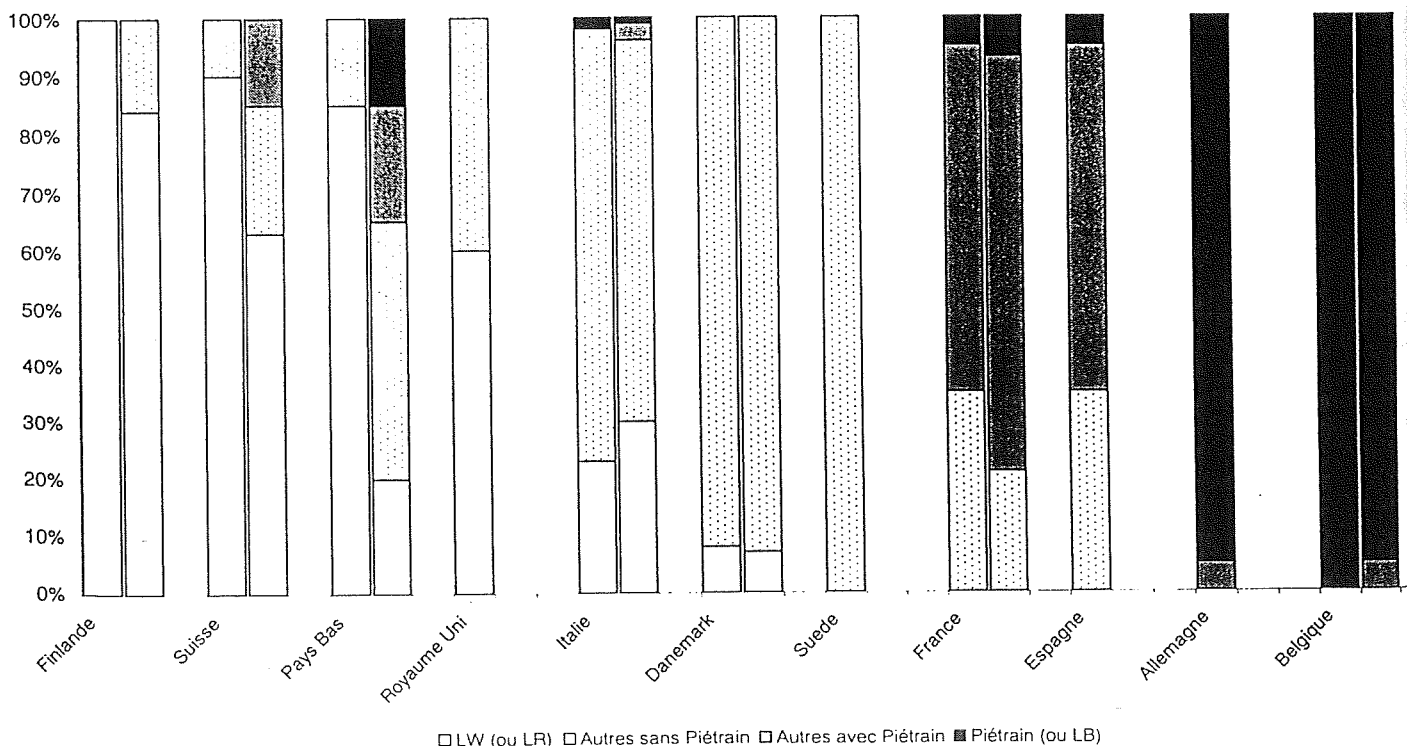
Concerne a priori la sélection collective



Evolution de la part respective des différents types génétiques de truies parentales en Europe depuis 1992



Evolution de la part respective des différents types génétiques de verrats terminaux en Europe depuis 1992 (approximation)



Les apports des biotechnologies

Pascale Le Roy

INRA, Département de Génétique Animale
Station de Génétique Quantitative et Appliquée
78352 Jouy en Josas cedex
leroy@dga.jouy.inra.fr

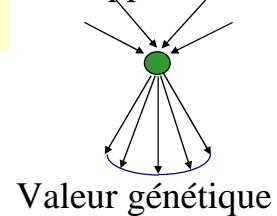


Génétique quantitative

génom

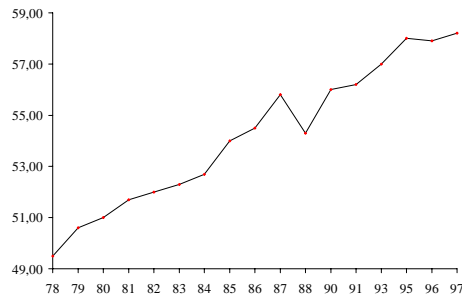
génétique = 1/2

phénotypes
d'apparentés

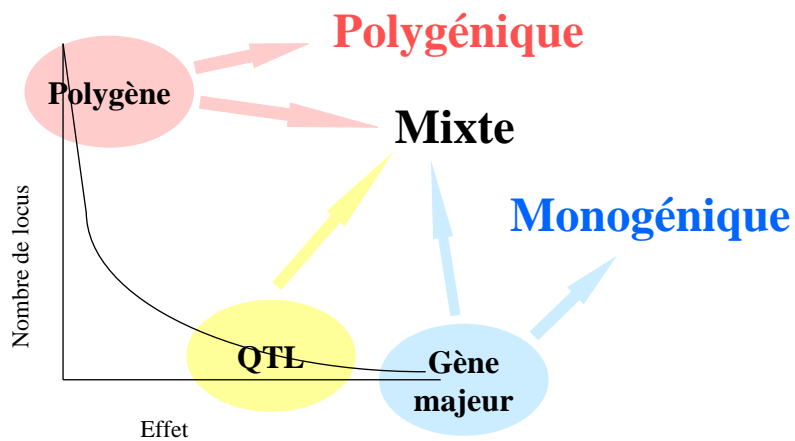


La sélection a été très efficace

Exemple : Evolution du taux de muscle (test des produits terminaux)



Déterminisme génétique



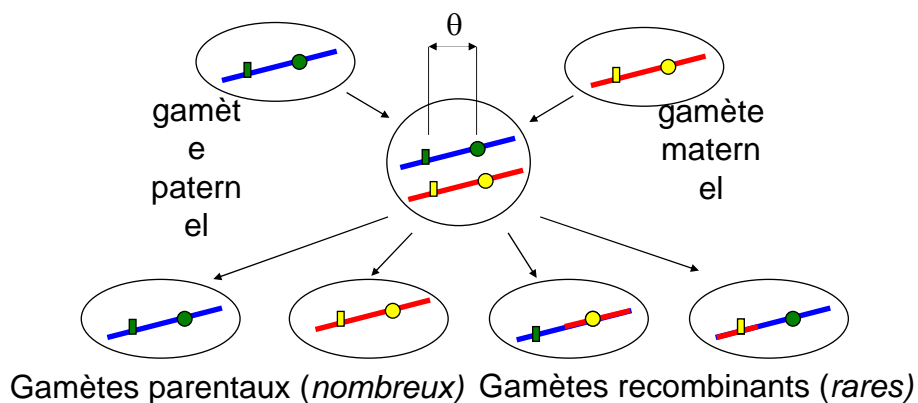
Utilisation des gènes à effet majeur

HAL	porc	sélection (pour N , contre n) utilisation en croisement de n introgression de N
RN	porc	sélection (pour $rn+$, contre $RN-$)
Culard	bovin	utilisation en croisement de mh
Caséine	chèvre	sélection (pour A , contre F)
Nanisme	poule	utilisation en croisement de dw
Cou nu	poule	sélection (pour Na)
Booroola	ovin	introgression de $FecB$
PrP	ovin	sélection (pour ARR , contre VRQ)

➤ applications variées



Liaison génétique



Détection de QTL

= détection des zones chromosomiques portant les gènes influençant les caractères

La détection de la liaison (estimation et test) est plus difficile car le génotype des animaux au QTL n'est pas visible

⇒ Principe : chercher si le génotype au locus marqueur a un effet sur le caractère quantitatif



Principe

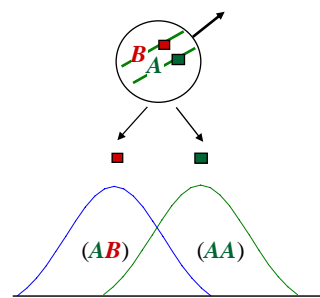
Si un QTL existe près de m et si le père est double hétérozygote

(dans la famille)

- est associé à de basses valeurs
- est associé à de hautes valeurs

Soit une famille de père ■/■ en m

Si | ■ est associé à de basses valeurs
■ est associé à de hautes valeurs
(dans la famille)



On rejette l'hypothèse « il n'y a pas de QTL près de m »



Principaux programmes de détection de QTL chez le porc

I - Croisements entre races extrêmes

Pays - Institution	Population	Effectifs	Caractères étudiés
Allemagne - Hohenheim	PI x (SA ou MS) (F2)	605	Crois, Carc, QV
Ecosse - Roslin Institute	MS x LW (F2)	390	Crois, Carc
France - INRA	MS x LW (F2)	1100	Crois, Carc, QV, Repro, Comp,...
Japon	MS x porcs miniatures (F2)	215	Crois, Carc
Pays-Bas - Wageningen	MS x LW (F2)	800	Crois, Carc, QV
USA - Un. d'Iowa	(MS, MZ, FJ) x (DU, LR, HA) (F2)	294	Crois, Carc, QV
USA - Un. d'Iowa	BE x YO	525	Crois, carc, QV
USA - Un. Du Minnesota	MS x LW (F2)	298	Crois, Carc
USA - USDA	MS x LC (BC)	540	Crois, Carc
Espagne - INIA, IRTA,...	LR x IB (F2)	500	Crois, Carc, QV
Suède - Un. Uppsala	SA x LW (F2, F3...)	191	Crois, Carc, QV, Rmal



II - Autres croisements

Pays - Institution	Population	Effectifs	Caractères étudiés
Belgique - Liège	LW x PI	1032	Crois, Carc
Danemark	LW x LR	?	Crois
USA - Un. Nebraska	LTO x LC (F2)	306	Repro
USA - Un. Wisconsin	LCR x LC (F2)	240	Crois

III - Programmes intra-population

Pays - Institution	Population	Effectifs	Caractères étudiés
France - INRA, ITP, LGPC	LW, LR	6 GP, 180 P	Crois, QV, Repro
Australie - Consortium	Lignées comm.	4 P, 473 D	Crois, QV

IV - Divergences entre lignées sélectionnées

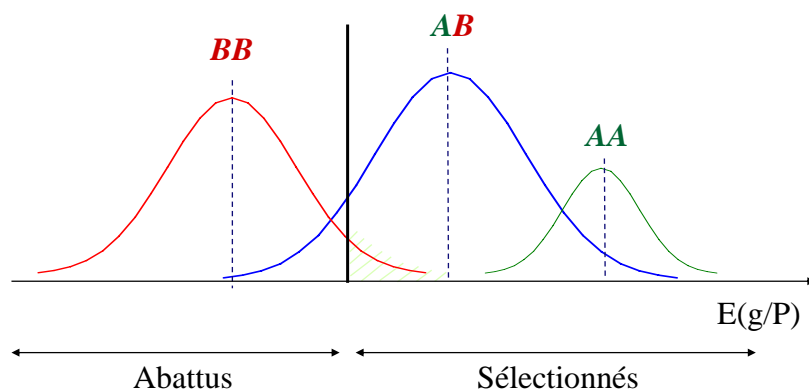
Pays - Institution	Population	Effectifs	Caractères étudiés
France - INRA	LW Hyper	20 Gén. Sél.	Repro
France - INRA	Lignées TO+	6 Gén. Sél.	Repro



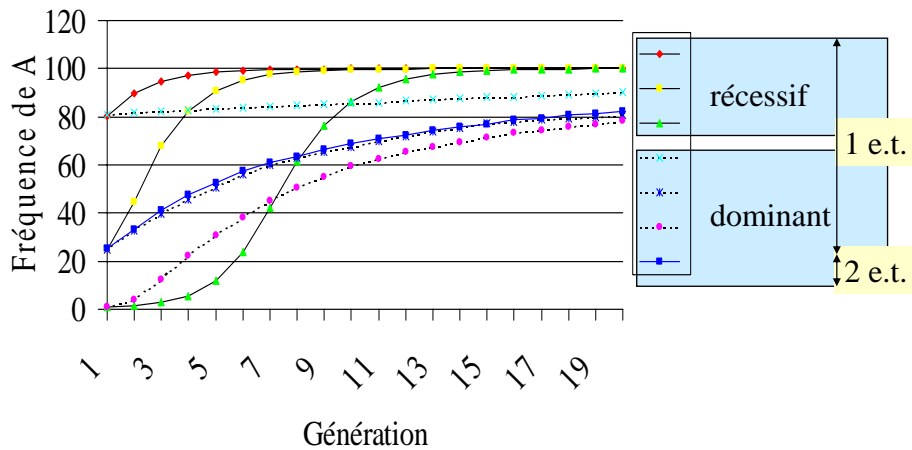
Utilisation d'un gène intra-race



Intra-race : sélection



Evolution de la fréquence de **A**



D 'après Larzul et al. (1997)



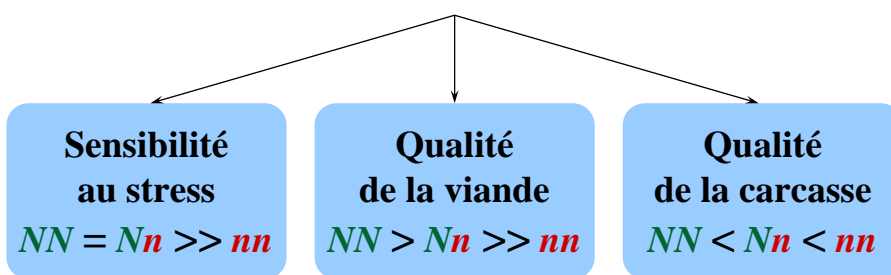
A sera difficile à fixer si

- * La mutation est récente (allèle rare)
- * L 'effet est dominant et / ou faible
- * Le caractère est difficile à mesurer
- * **A** a des effets pléiotropiques défavorables

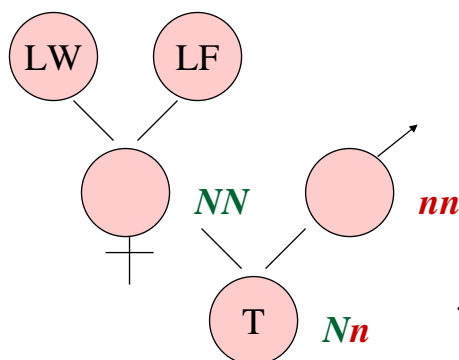


Effets du gène HAL

Allèle normal N
Allèle muté n



Utilisation du gène HAL



En 1980 :
 $f(n / LW) \sim 0$
 $f(n / LF) \sim 0,40$

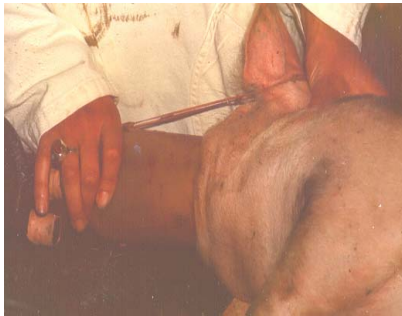
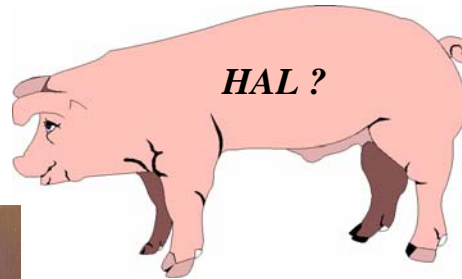
Eradication
de n
en LF



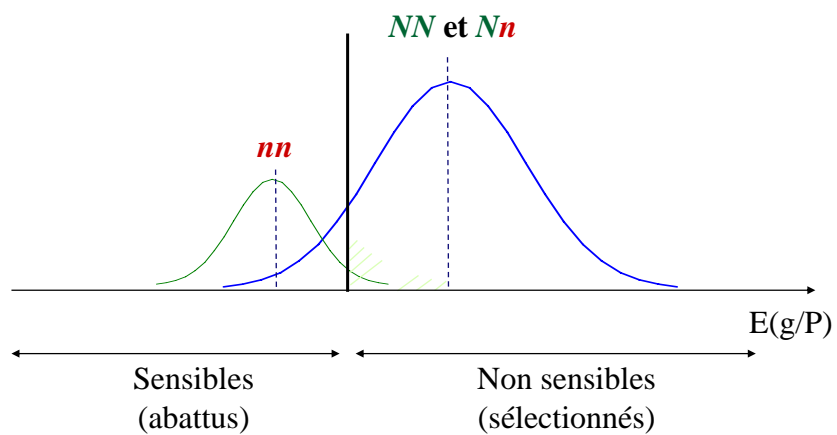
Génotypage

1980

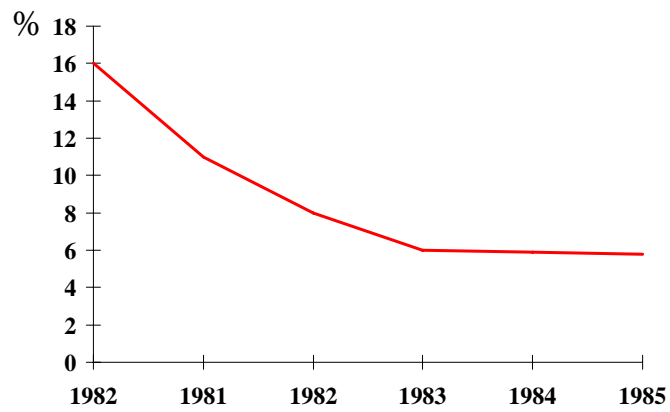
Test à l'halothane



Tri sur la sensibilité à l'halothane

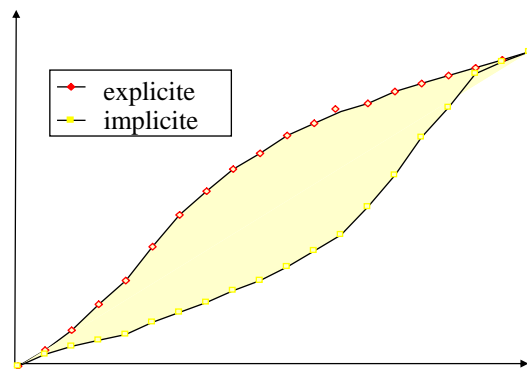


Fréquence de sensibles parmi les verrats LF contrôlés en station



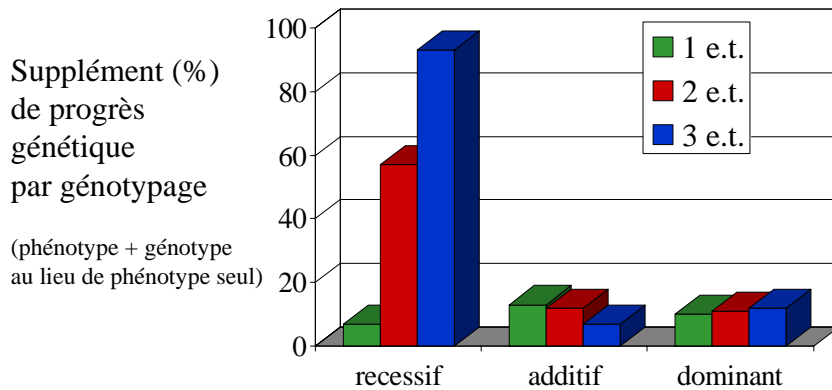
Peux t'on aller plus vite ?

L'important n'est pas le point d'arrivée mais le chemin



Progrès génétique

1. Le génotypage permet un gain de progrès génétique

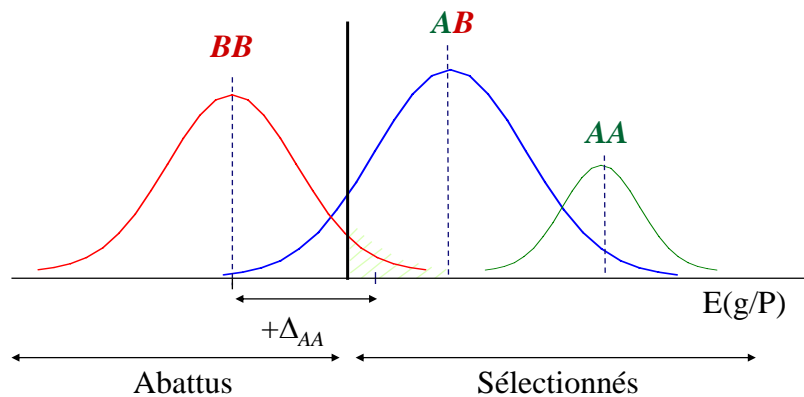


D'après Larzul et al. (1997)

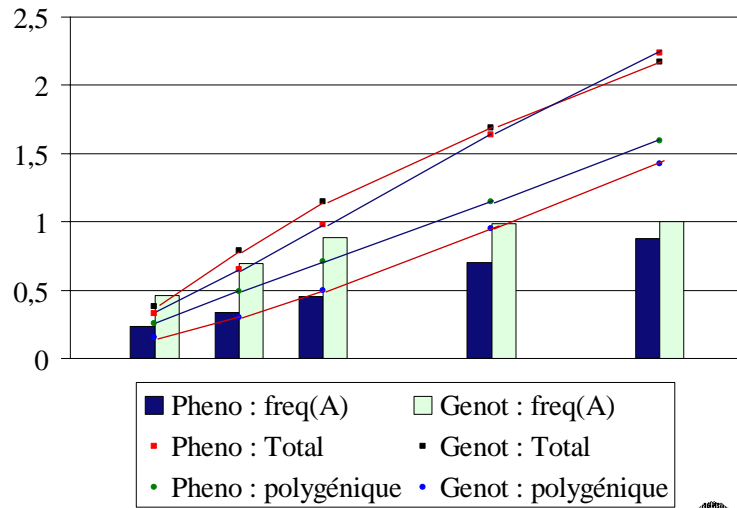


Progrès génétique

2. L'autosélection d'un allèle favorable en un gène majeur ralentit le progrès génétique



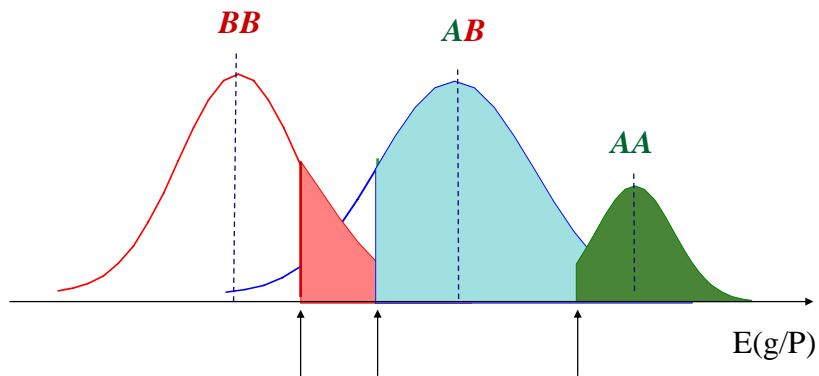
Moindre efficacité sur le long terme de la sélection "génotypique"



Pong Wong et Woolliams (1998)



Optimisation "dynamique" de la sélection



Exemple de sélection dynamique

Sélection sur le génotype caséine $\alpha 1$ chez la chèvre (A=**A** et F=**B**)

Gène	Schéma	Fréquence des			Moyenne polygénique	Gain total
		AA	AF	FF		
fort (4 e.t.)	Classique	88	12	0	100	100
	Optimisé	89	11	0	121	109
faible (1 e.t.)	Classique	37	49	14	100	100
	Optimisé	65	66	2	100	106

Manfredi et al. (1998)



Conclusion

La sélection classique autosélectionne l'allèle favorable plus ou moins efficacement

Si les génotypes au gène majeur sont connus le plan de sélection peut-être aménagé pour :

- * moduler le taux de sélection selon les génotypes
- * sélectionner des animaux sans phénotypes
- * choisir les accouplements



En pratique

Encore peu de gènes majeurs identifiés
chez les animaux domestiques :

- hypertrophie musculaire chez le porc
- hypertrophie musculaire chez le bovin
- rendement technologique chez le porc
- nanisme chez la poule
- taux protéique chez la chèvre
- taux d'ovulation chez la brebis
- résistance à la tremblante chez le mouton

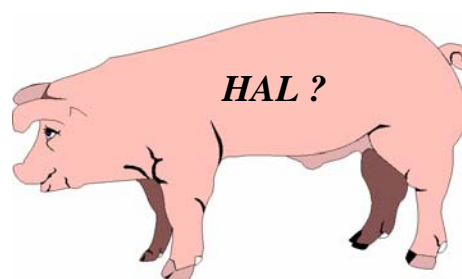
Potentiellement beaucoup de gènes ou QTL liés à des marqueurs
et utilisables grâce au déséquilibre de liaison



Génotypage

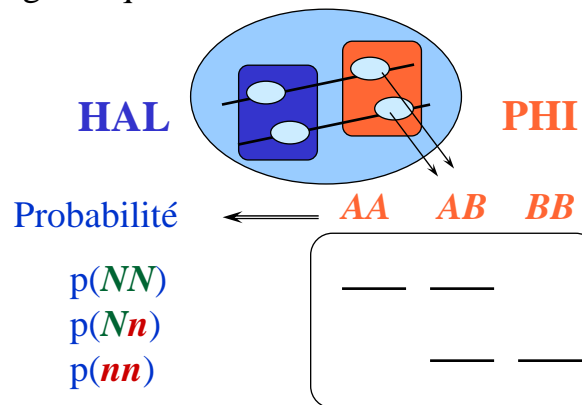
1985

Marqueurs sanguins
PHI et PGD



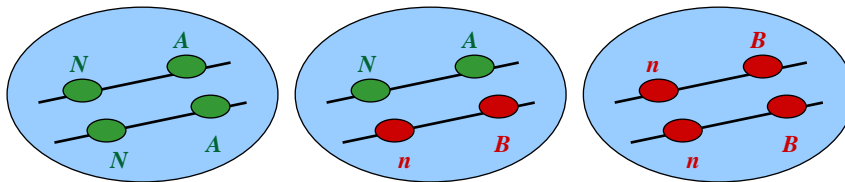
Utilisation de gènes marqueurs

Liaison génétique :



Cas du Landrace Français

Déséquilibre de liaison =
 Déséquilibre d'association gamétique

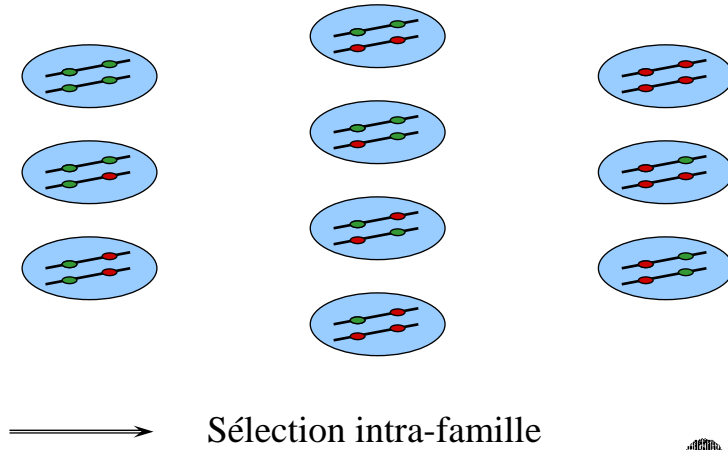


→ Sélection intra-population
 (utilisation d'un déséquilibre de liaison global)

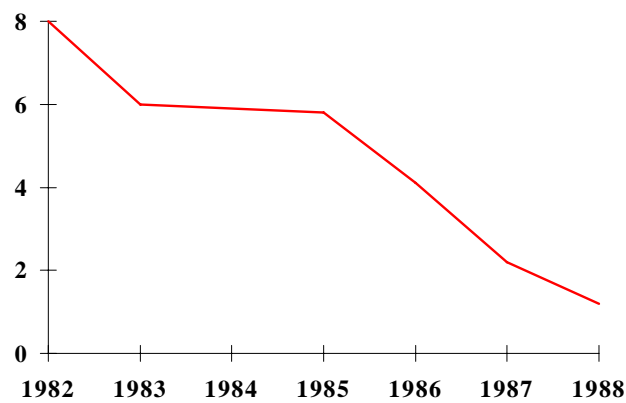


Cas de la lignée Laconie

Equilibre d'association gamétique



Fréquence de sensibles parmi les verrats LF contrôlés en station



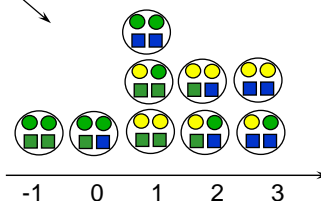
Cas de plusieurs gènes : la SAM

Un cycle comprend 2 étapes :

Etape 1 (génération 1) :
évaluation de l'effet apparent des
marqueurs sur le caractère quantitatif

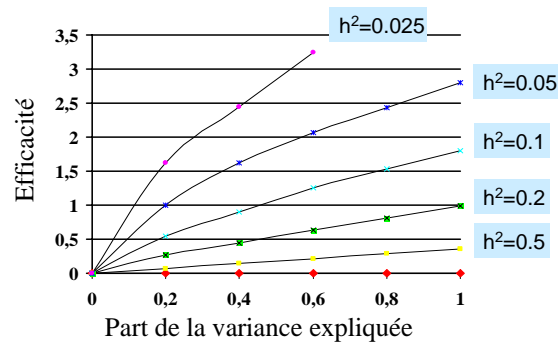
Etape 2 (génération 1 à n) :
sélection sur cette valeur apparente

Locus A			Locus B		
Génotype		Valeur	Génotype		Valeur
AA	■ ■	-1	PP	● ●	0
AB	■ ■	0	PQ	● ●	2
BB	■ ■	1	QQ	● ●	2



Le gain peut être très important

Sélection massale



et d'autant plus que

- * l'héritabilité est faible
- * la part de variance expliquée par les marqueurs élevée

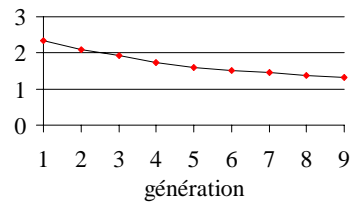
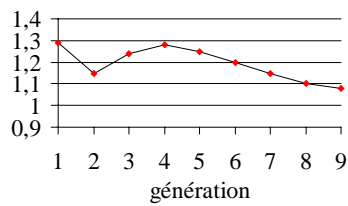
Lande et Thompspon (1990)



Disparition du déséquilibre de liaison

Progrès par SAM / Progrès standard

Sélection sur phénotype propre
(Gimelfald et Lande)

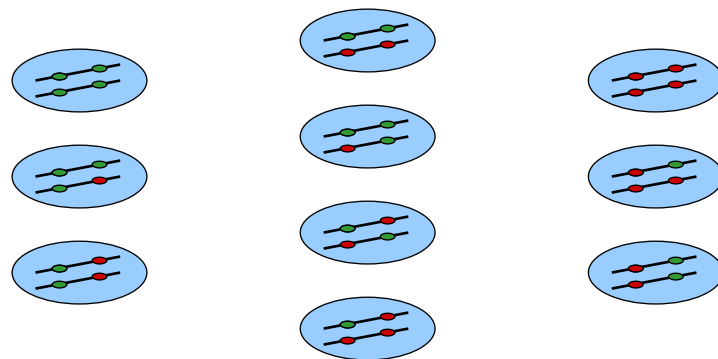


Sélection sur BLUP-MA
(Zhang et Smith)



Cas de la lignée Laconie

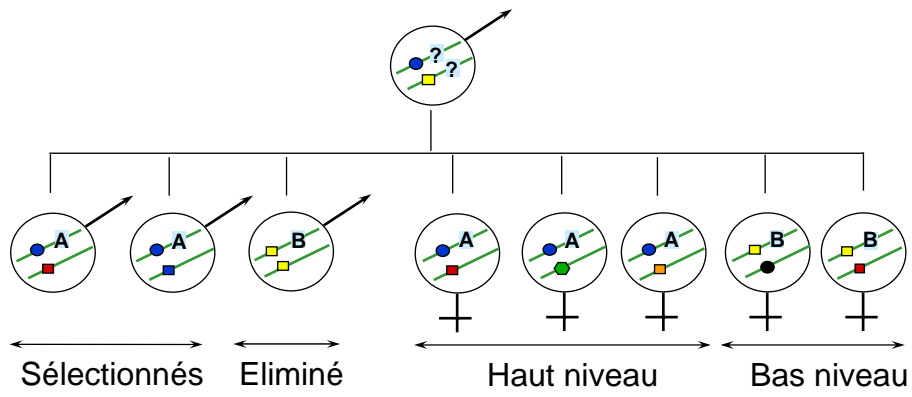
Equilibre d'association gamétique



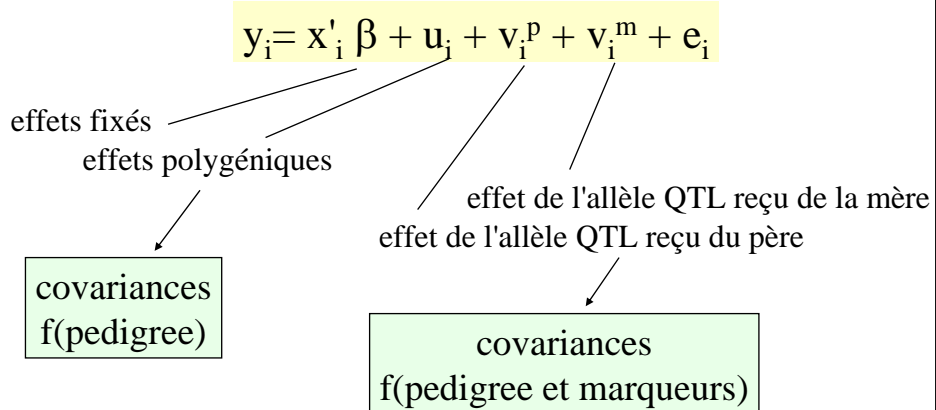
Sélection intra-famille



Utilisation d'un déséquilibre de liaison intra famille



Evaluation des valeurs génétiques assistée par marqueurs



Application directe

QTL var.	génération				
	1	2	3	4	5
12.5	100.6	101.0	100.7	100.1	99.8
25.0	102.4	101.0	100.7	99.3	99.3

Apport de la SAM (1 QTL additif à 10cM)
(Ruane et Colleau)

L'utilisation des marqueurs ne peut pas se réduire
à une généralisation du BLUP modèle animal



Efficacité de la SAM

Encore mal évaluée

De 0 à 25 pcent de gain
selon les auteurs

Doit toujours être
utilisée avec
la sélection classique

Héritabilité faible
Caractère femelle
Mesure de carcasse
Dominance

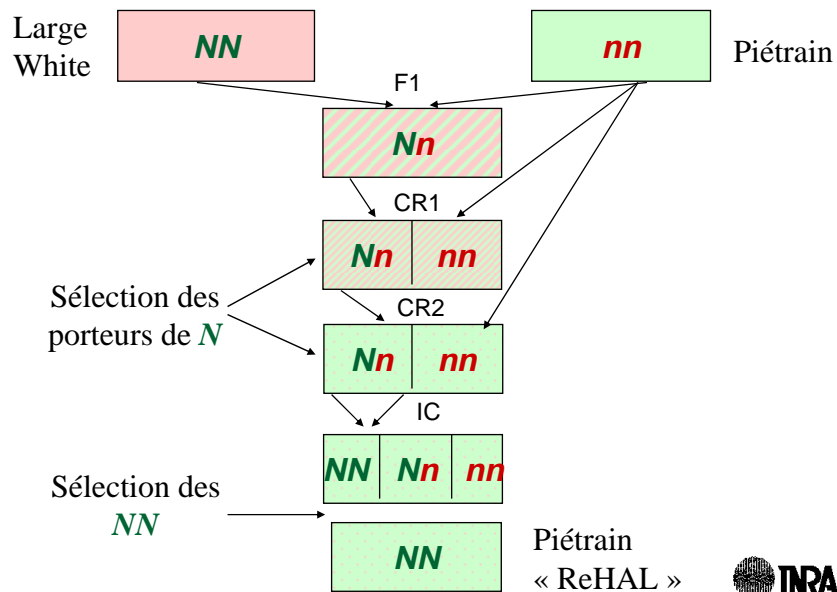
Efficace essentiellement
quand les observations phénotypiques
informent peu sur la valeur génétique



Utilisation d 'un gène entre races



Introgression d 'un allèle



Introgression d'un allèle

Les marqueurs génétiques peuvent faciliter :

- * Le génotypage pour le gène à introgresser (CR et IC)
- * Le recouvrement du génome receveur



Génotypage

Les marqueurs sont utiles si :

- Le caractère est mesuré dans un seul sexe (ovulation)
- Le caractère est exprimé tardivement (longévité)
- La mesure détruit l'animal (qualité de la carcasse)
- Des erreurs de typage sont possibles

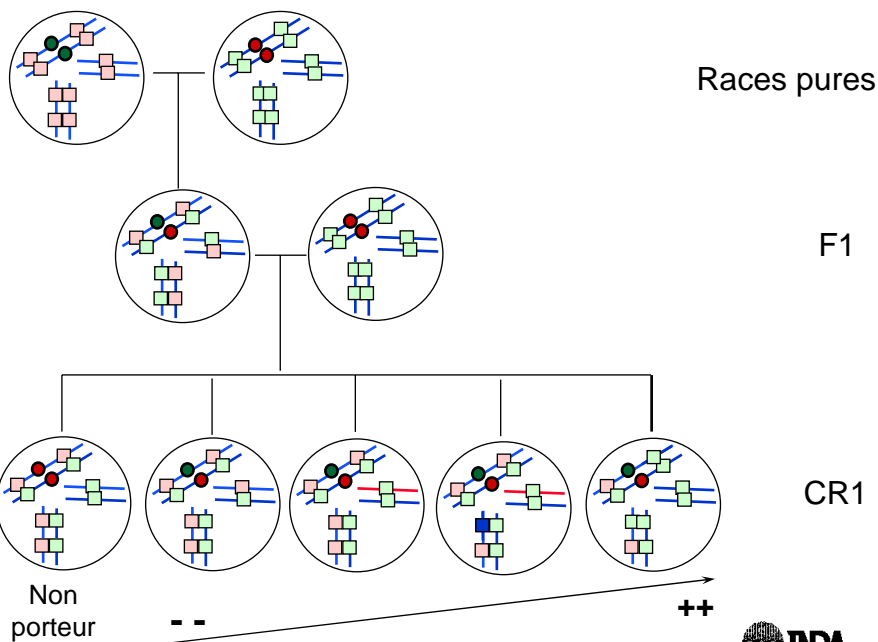
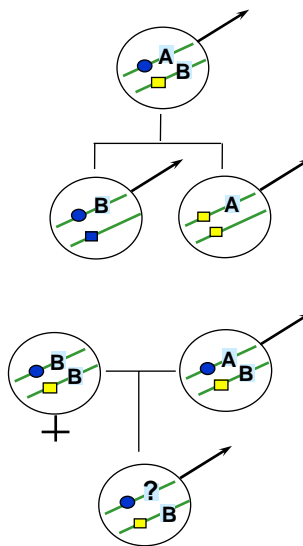
Partout où le génotype est peu ou in-visible



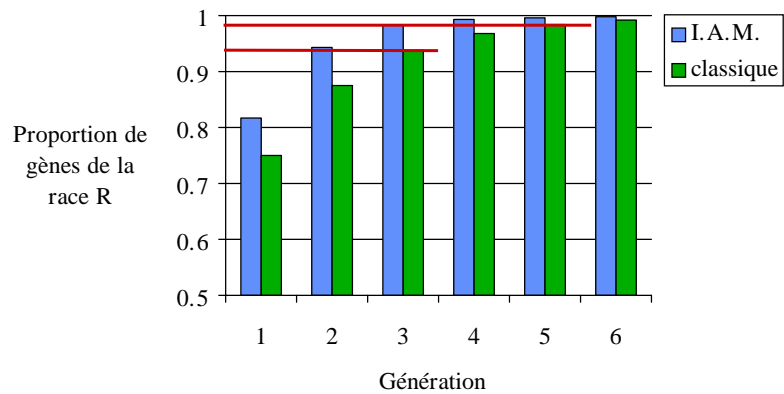
Limites

Des recombinaisons entre le locus marqueur et le locus majeur sont possibles

Manque de polymorphisme du locus marqueur



Efficacité de l'introgession assistée par marqueurs



Peu d'exemples en animaux

Création d'une lignée Piétrain sans allèle n (gène HAL)

Introgession de l'allèle $FecB$ (gène Booroola)
Mérinos d'Arles
Romanov

Introgession de l'allèle dw (gène de nanisme)
diverses lignées de poulet



Conclusions

- ne pas abandonner les méthodes biométriques
- marqueurs inutiles si le génotype est "visible"
- créneau d'utilisation des marqueurs :
 - caractères difficiles à mesurer
 - résistance aux maladies
 - comportement
 - efficacité alimentaire
 - composition corporelle
 - introgression
- évaluation coût/bénéfice à faire



Gestion de la diversité génétique

Gestion de la diversité génétique

- Caractérisation de la variabilité génétique : quelles méthodes ?
- BLUP, IA et variabilité génétique
- Situation dans les populations porcines
- La gestion de la diversité génétique : quels moyens ?



Gestion de la diversité génétique



Charte Nationale pour la Gestion des Ressources Génétiques

- Créée à l'initiative du Bureau des Ressources Génétiques
- s'applique à toutes les ressources génétiques dont la responsabilité de conservation incombe à la France pour les espèces animales, végétales et microbiennes d'intérêt agricole, industriel, économique, scientifique, social et culturel, gérées et exploitées par l'homme.
- Actions de concertation au niveau national, transferts de connaissances, sensibilisation aux plans national et international
- Promotion d'actions de recherche dans le domaine des ressources génétiques



Gestion de la diversité génétique



Nomenclature : classification évolutive des ressources génétiques

On distingue 4 catégories de populations animales (selon le gradient de domestication) :

- pop. Sauvages
- pop. Primaires (dérivent des pop. Primaires par une accumulation de mutations visibles)
- races standardisées
- lignées sélectionnées

Gestion « sur pied » de la diversité des races à grands effectifs

- sélection intensive à partir d'objectifs très convergents (aptitudes à la production)
- efforts dirigés sur un nombre limité de races
- au sein des races, concentration du choix des reproducteurs
- phénotypes extrêmes éliminés
- Progrès génétique à court terme / variabilité à long terme ?

Gestion « sur pied » de la diversité des races à petits et très petits effectifs

- attention particulière pour limiter les effets de la dérive génétique et de la consanguinité
- mise en place de programmes de gestion génétique : connaissance des animaux et de leur généalogie, maintien d'un nombre élevé de reproducteurs, maîtrise de l'utilisation des reproducteurs mâles, effectif de descendance le plus régulier possible
- animation et suivi technique quand la population est dispersée dans de nombreux élevages

Objectifs

- limiter les inconvénients zootechniques liés à l'appauvrissement de la variabilité (dépression de consanguinité, tares récessives,...)
- préservation d'une variabilité « patrimoine »
- Gestion du long terme
- possibilités de réorientation des populations, d'adaptation à des changements d'environnement
- condition du progrès génétique $R=i\sigma_a/L$
- sécurité vis-à-vis de gènes non désirables

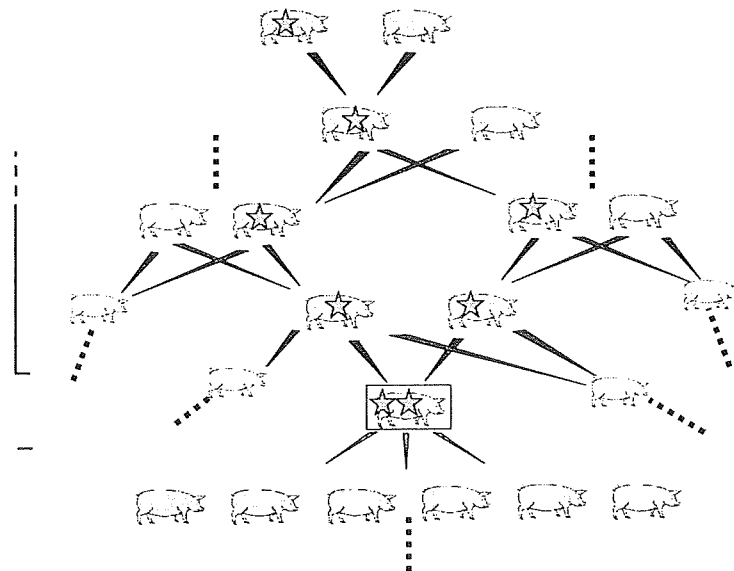
Risques de réduction de la variabilité génétique

- petites populations : dérive génétique, hausse de l'homozygotie (en fonction de l'effectif génétique)
- populations en sélection : la sélection, en particulier le BLUP, accentue le phénomène de dérive : tailles de descendance déséquilibrées, risque de perte d'allèles accru.

Méthodes de mesure

- analyse des phénotypes et des performances (variabilité)
- analyse des paramètres démographiques
- analyse des pedigrees (approches probabilistes)
- analyse des informations moléculaires

Analyses généalogiques





Gestion de la diversité génétique
Analyses généalogiques



Critères de mesure :

- consanguinité : valeur absolue, évolution
- parenté : intra-race, intra-zone, intra-élevage
- probabilités d'origine de gènes : fondateurs, ancêtres importants, origines étrangères

Approche probabiliste

Facteur capital : connaissance des généalogies !!



Analyses généalogiques



Individus apparentés : s'ils ont au moins un ancêtre commun dans leur pedigree (possibilité d'avoir reçu chacun de cet ancêtre une copie du même gène)

Coefficient de parenté entre 2 individus i et j : probabilité pour qu'un gène tiré au hasard chez i , en un locus quelconque, soit identique à un gène tiré au même locus, chez j (Malécot, 1948)

Exemples : coefficient de parenté entre :

- un individu et lui-même : $1/4$
- parent-descendant direct : $1/4$
- des pleins frères : $1/4$
- des demi-frères : $1/8$
- des cousins germains : $1/16$

Animal consanguin : issu de parents apparentés

Coefficient de parenté (F) : probabilité pour qu'en un locus pris au hasard, les deux gènes soient identiques = coefficient de parenté entre les deux parents.

Hausse de la consanguinité → Baisse de l'hétérozygotie

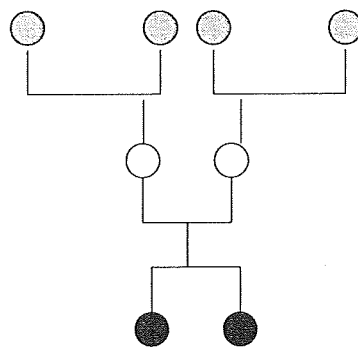


Baisse de la variabilité intra-famille

Consanguinité proche / consanguinité éloignée

Relation entre consanguinité et variabilité génétique : dépend de la structure de la population

Probabilités d'origine de gènes



À chaque génération, probabilité de transmission d'un gène quelconque à son descendant direct = $1/2$

Contributions des ancêtres au pool génétique d'une population donnée

Détection des ancêtres les plus influents (origines, élevages, ...)

Effectifs d'ancêtres efficaces

Analyse des informations moléculaires

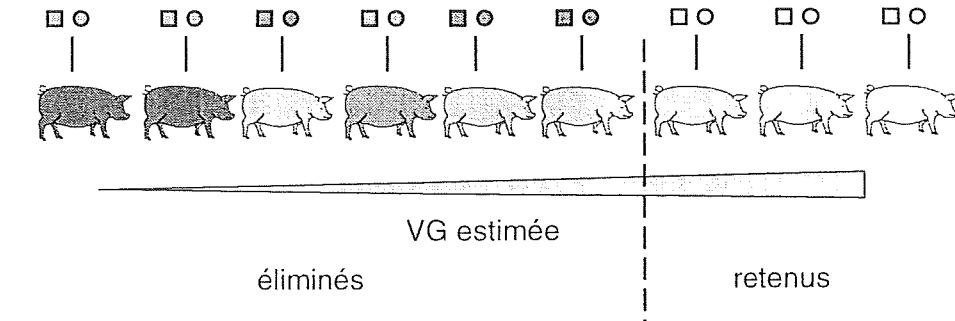
- Accès à la « véritable » diversité génétique.
- Possibilité d'estimer une **variabilité entre races** : calcul de distances entre populations (distance de Nei, distance de Reynolds, distance de Rogers, etc etc...) à partir des fréquences alléliques mesurées dans chaque population.
 - construction d'arbres phylogénétiques
- Estimation de la variabilité intra-population :
 - hétérozygotie aux locus concernés
 - richesse allélique (nb d'allèles recensés par locus)

Sélection porcine caractérisée par :

- la généralisation de l'évaluation des reproducteurs selon la méthodologie BLUP-modèle animal : permet de repérer les individus améliorateurs
- l'utilisation massive de l'insémination artificielle : accès pour tous de ces animaux améliorateurs

Ces deux outils complémentaires aboutissent à un progrès génétique plus rapide, mais contribuent également à la diminution de la variabilité génétique des populations sélectionnées

Sélection sur VG BLUP - modèle animal



performances se ressemblent
même information sur ascendance

} corrélations entre indices
de sélection des apparentés

L'insémination artificielle

- utilisation de plus en plus importante

en sélection :	Large White	52 % des portées
(2000)	Landrace Français	56 % des portées
	Piétrain	51 % des portées
- permet l'accès de la semence des meilleurs verrats à tous
 ➡ tous les élevages progressent
- augmente considérablement la taille de descendance de certains verrats

"Le cas IGNACE"

sur-utilisation de
quelques verrats d'IA



"goulots d'étranglement"

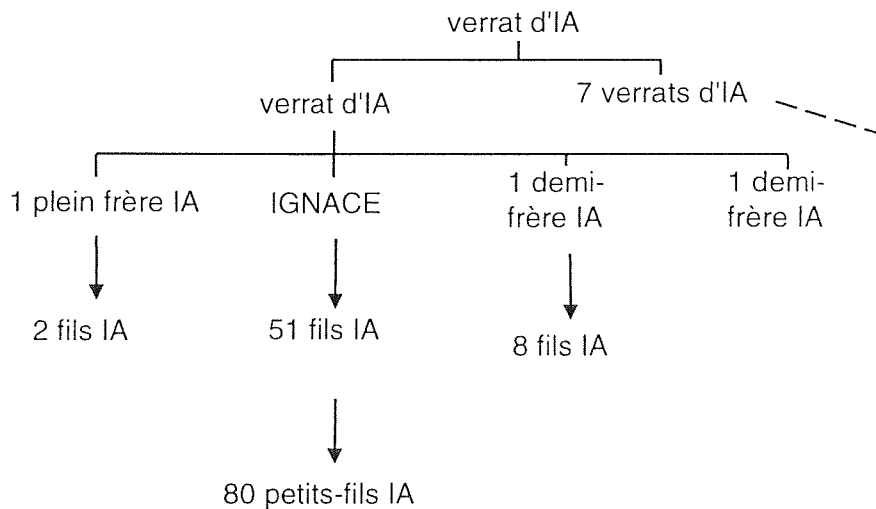
Exemple :

IGNACE (LW)
86001934716

né en 1993
actif du 07.12.1993
au 25.03.1998

CROIS	CARC	IQV	REPRO	GLOBAL
102 (0.93)	85 (0.94)	116 (0.84)	+2.5 (0.97)	149 (0.95)

"Le cas IGNACE"



- perte de variabilité génétique
→ à long terme, diminution du progrès génétique réalisé
- disparition de gènes potentiellement intéressants
- diffusion dans la population de gènes non désirables ?

précautions : test Halothane

caryotype des verrats entrant en CIA

MAIS, tares inconnues (ex. bovins BLAD) ?

diffusion



travail important d'éradication

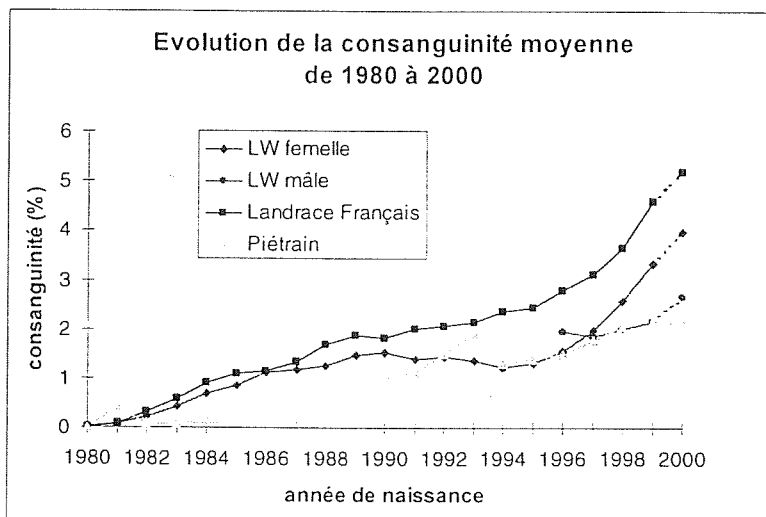
retard génétique

nouveaux goulots d'étranglement

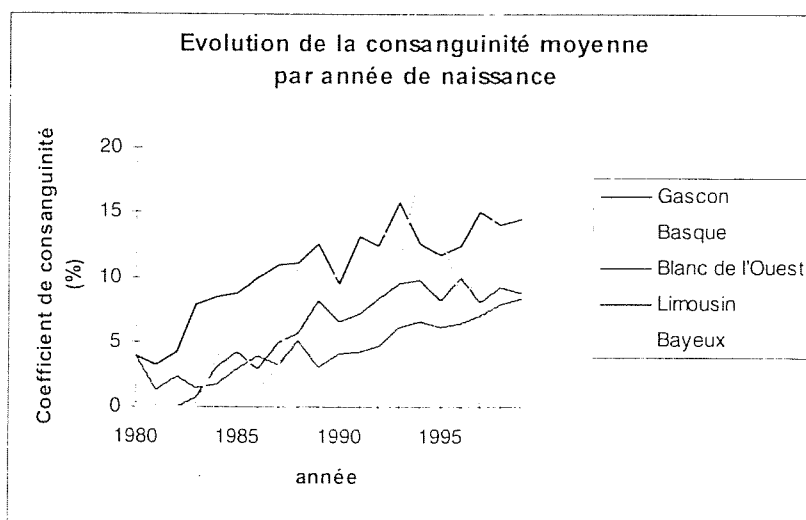
Quelles mesures à prendre ?

- limitation de l'utilisation des verrats (en sélection) après un certain nombre de portées
- limitation du nombre de fils par père pouvant entrer en CIA (facilité par le contrôle de paternité)
- intégration dans les indices de sélection de critères de variabilité génétique ?

Races en sélection



Races en conservation



Origines de gènes

Population	Nb femelles nées en 1999	effectif d'ancêtres efficaces
LWF	70551	31
LWM	10888	75
LF	40037	32
PP	6551	64
<i>Gascon</i>	836	13
<i>Basque</i>	771	10
<i>BO</i>	140	13
<i>Limousin</i>	264	9
<i>Bayeux</i>	81	7

 Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
 Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

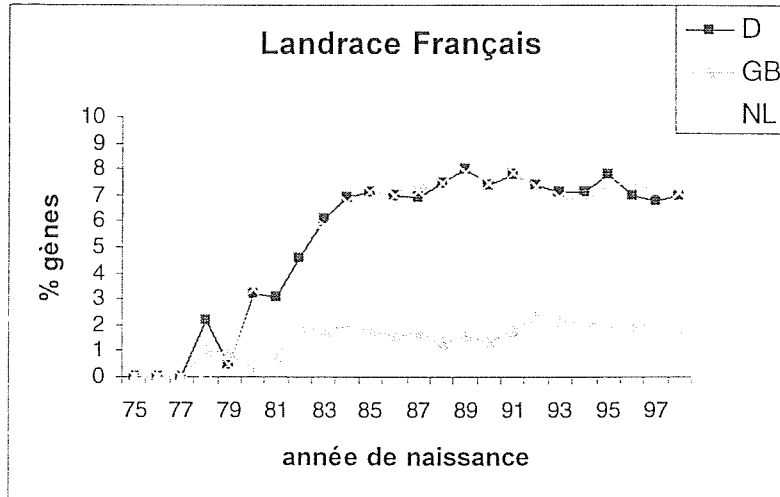
Origines de gènes

Population	Nb femelles nées en 1999	Contribution des n 1ers ancêtres		
		1	5	10
LWF	70551	13.9	31	41
LWM	10888	4.2	18.7	28.7
LF	40037	9.7	31.9	47.6
PP	6551	6.1	20.7	32
<i>Gascon</i>	836	14	52.5	76.6
<i>Basque</i>	771	20.6	63.9	83.3
<i>BO</i>	140	15.7	52.9	76.2
<i>Limousin</i>	264		20.7	68.3
	84.3			
<i>Bayeux</i>	81	24.1	71.9	96.5

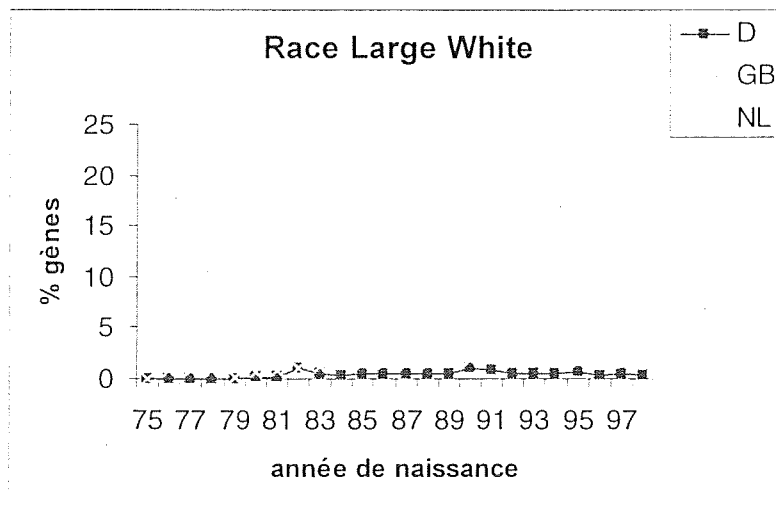
 Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques
 Cycle 2000-2001

Rennes, 14-18 mai 2001

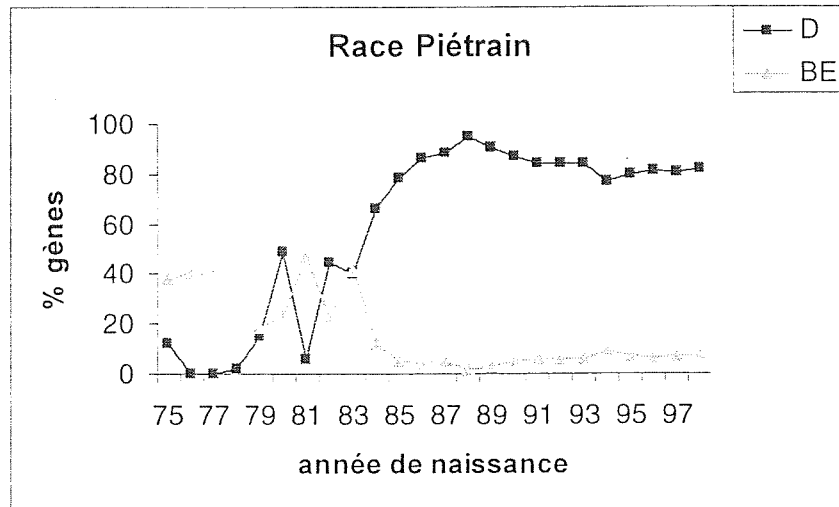
Pourcentage de gènes étrangers



Pourcentage de gènes étrangers



Pourcentage de gènes étrangers



Projet Européen : Biodiversité porcine

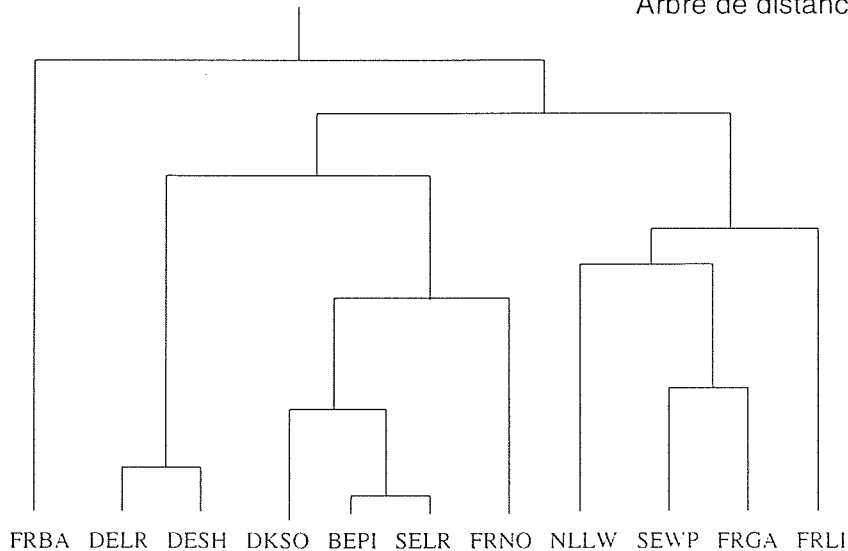
Projet pilote : 11 races européennes typées pour 18 marqueurs microsatellites

Projet en cours : 59 races, issues de 13 pays, typées pour 50 marqueurs

Objectifs :

- mesure de la diversité intra-race (hétérozygotie, richesse allélique)
- mesure de la diversité entre types génétiques (distances génétiques)
- réalisation d'arbres phylogénétiques
- affectation des individus dans une race
- mesure de la diversité globale pour la conservation des races

Arbre de distances



Diversité intra-race

Races locales : programmes de conservation basé sur l'encadrement, les enregistrements, la gestion raisonnée des accouplements (à partir de familles de lignées de verrats et de familles de truies), éventuellement en incluant des informations moléculaires.

Races en sélection : nécessité de trouver un compromis entre maximisation du progrès génétique et variabilité (utilisation des verrats, plans d'accouplement, bilans réguliers, etc...) dans les petites comme dans les grandes populations.

Diversité globale : passe par le maintien de toutes les populations existantes

PLAN D'ACCOUPEMENT

Elevage 20HR3 BOZEC

Type génétique LC30

Option Piétoiseau

Information 1 VG croissance

Information 2 VG carcasse

Information 3 VG reproduction

Inform

True	Verrats									
	20HR3 004343	20HR3 004466	20HR3 003056	20HR3 003007	FAP1 43A5T 007026	PHOTO 43A5T 007753	FALANXIN 72E#3 007065	PARADIS 72E#3 007728	PARADIS 766KV 002327	PARADIS
N° National	20HR3 120 118 1.4 140	20HR3 130 100 0.9 133	20HR3 123 87 0.7 117	20HR3 121 111 1.7 146	CE1FG 108 105 1.8 144	CE1FG 121 98 0.9 123	CE5CP 113 114 1.5 135	CE0G 103 106 1.4 128	CE1FG 108 105 1.3 133	
20HR3004030 126 111 0.5 129 63	**16**	**34**	**16**	**24**	**25**	128 104 0.7 126	**8**	*A* 119 108 0.65 128	**12**	
20HR3005674 131 111 0.8 138 63	*A* 125 114 1.1 139	*A* 130 105 0.85 136	*A* 127 98 0.75 127	*A* 126 111 1.25 141	119 108 1.3 141	126 104 0.85 130	*A* 122 112 1.15 137	117 108 1.1 133	*A* 119 108 1.05 135	
20HR3005698 130 121 0.8 138 63	**12**	**16**	*A* 126 104 0.75 128	**12**	**25**	125 109 0.85 131	**12**	*A* 119 113 1.1 133	*A* 119 113 1.05 136	
20HR3005745 114 109 1.5 140 63	**12**	**9**	*A* 118 98 1.15 128	**31**	*A* 111 107 1.7 142	**13**	**11**	**25**	*A* 111 107 1.45 139	
20HR3005788 120 110 1.3 137 63	**13**	**13**	**15**	**13**	*A* 114 107 1.55 140	**16**	**13**	111 108 1.35 132	**13**	
20HR3005990 124 102 1.6 145 63	**13**	**26**	**26**	**50**	*A* 116 103 1.7 143	**16**	**12**	113 104 1.5 136	**13**	
20HR3006030 126 95 1.4 137 63	**13**	**26**	**26**	**26**	*A* 116 95 1.6 140	**16**	**12**	116 95 1.4 132	**13**	
20HR3006040 131 111 1.3 143 63	**13**	**13**	**13**	**13**	*A* 119 108 1.55 145	**16**	**13**	117 108 1.35 136	**13**	
20HR3006062 130 86 1.5 141 63	**13**	**26**	**50**	**26**	*A* 119 95 1.65 142	**16**	**13**	116 95 1.45 134	**13**	

- Différentes méthodes d'analyse de la variabilité génétique complémentaires (descriptives, probabilistes,...)
- Bases de données de plus en plus nombreuses et documentées
- Apports importants attendus avec la biologie moléculaire
- Projets en cours : congélation de semence, cryoconservation d'embryons
- gestion « sur pied » = base des programmes de conservation
- nécessité de maintenir cette gestion au sein des programmes de sélection (optimisation des programmes d'accouplements, adaptation des indices de sélection) pour maintenir la diversité.