

# Outils de suivi de l'efficacité des schémas de sélection

- Partenariats**  
Institut de l'Élevage, entreprises de sélection porcine
- Finaceur**  
France Agrimer sur décision de la Commission Nationale d'amélioration génétique (CNAG).
- Contact**  
alban.bouquet@ifip.asso.fr

## VALORISATION

- Publications**
  - Poster JRP 2014 : Evaluation de la connexion génétique entre élevages dans les populations porcines collectives françaises
  - TechPorc n°17 De nouveaux objectifs de sélection en lignée collective Piétrain
- Autre transfert** : expertise et appui aux entreprises de sélection porcine



## CONTEXTE ET OBJECTIFS

Les étapes de sélection mises en place dans les schémas de sélection ont pour but de faire progresser le niveau génétique des populations sur un ensemble de caractères d'intérêt économique. L'efficacité des étapes de sélection est évaluée à l'aune de modélisation des schémas de sélection qui permettent de prédire le progrès génétique attendu sur un ensemble de caractères. Le progrès génétique attendu doit se traduire aussi par l'augmentation des performances des animaux sur les dits caractères. Il est donc important de disposer d'outils pour s'assurer de la **cohérence entre le progrès génétique espéré, prédit à l'aide du modèle, et le progrès génétique réalisé**. L'objectif de cette action était d'identifier ou de concevoir des outils pertinents pour réaliser ce travail de **modélisation** et de suivi des schémas de sélection.

## RÉSULTATS

- Plusieurs axes ont été privilégiés en 2013 pour mener cette action :
- 1) le **choix d'outils fiables** pour la modélisation des schémas de sélection,
  - 2) la mise en place d'un **outil de mesure des connexions génétiques entre élevages**,
  - 3) le **transfert d'expertise et l'accompagnement des entreprises de sélection**.

### Outils de modélisation

La première étape de ce projet a été de recenser les outils de modélisation des schémas de sélection existants et de comparer leurs fonctionnalités. Le logiciel ZPlan+ a été retenu pour sa polyvalence. Il permet de modéliser la majorité des configurations de schémas rencontrés dans l'espèce porcine. Cet outil a été utilisé pour définir les objectifs de sélection des lignées collectives.

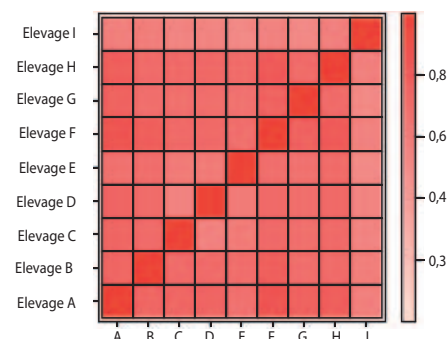
### Calcul de la connexion entre élevages

L'efficacité des étapes de sélection dépend en grande partie de la précision des index de valeur génétique utilisés pour choisir les reproducteurs. Toutefois, pour garantir une fiabilité maximale de ces index, les élevages doivent présenter des connexions génétiques entre eux. Ces connexions se créent par **l'utilisation commune de certains verrats ou de verrats apparentés**. L'utilisation de semences de verrats hébergés dans les **centres d'insémination** facilite la création de connexions génétiques entre élevages. Une nouvelle méthode de calcul des connexions génétiques a été mise en place dans les 4 lignées porcines collectives. Cette méthode a permis d'évaluer que les connexions génétiques sont élevées entre les élevages des noyaux de sélection. Ce niveau de connexion est favorable à l'estimation de valeurs génétiques **fiables et comparables** entre élevages.

### Transfert d'expertise et accompagnement

L'utilisation des outils présentés nécessite l'acquisition de concepts et de méthodes pour comprendre leur fonctionnement et être capable d'interpréter les résultats avec pertinence. Ces outils ont été mis en place pour évaluer l'efficacité des schémas de sélection des lignées collectives. Un travail de **transfert d'expertise et d'accompagnement** a été également réalisé auprès des entreprises de sélection pour l'utilisation de ces outils sur leurs populations autonomes.

Matrice des connexions entre élevages de la lignée LWM (8 élevages ; 1 = connexion très élevée)



Représentation schématique du fonctionnement d'un schéma de sélection

