

# Calcul des valeurs génétiques des populations porcines

- ▶ **Partenariats**  
 INRA (GABI, GenPhySE, CTIG),  
 OSP, CIA.
- ▶ **Financiers**  
 FranceAgriMer sur décision de la  
 Commission Nationale d'Amélioration  
 Génétique (CNAG), Organisations  
 de sélection porcine (ADN,  
 BPS, Choice Genetics France,  
 Gène+, Horizon+, Nucléus).
- ▶ **Contacts**  
 sandrine.schwob@ifip.asso.fr  
 alban.bouquet@ifip.asso.fr  
 marion.canaple@ifip.asso.fr

## CONTEXTE ET OBJECTIFS

La sélection génétique a pour but d'améliorer le niveau de performances moyennes des populations porcines sur des caractères d'intérêt économique. Le travail de sélection consiste à repérer les meilleurs individus d'une génération qui seront gardés comme reproducteurs. Pour cela, des modèles statistiques prédisent la valeur génétique (VG) des candidats à la sélection à partir de leurs performances propres et de celles de leurs apparentés et contemporains.

Chaque semaine, 6 populations porcines (4 collectives : Large White lignée Femelle, Landrace, Piétrain et Large White lignée Mâle, et 2 autonomes : Duroc ADN et Piétrain Horizon+) sont évaluées et les Valeurs Génétiques sont transmises aux sélectionneurs, organismes de sélection porcine (OSP), groupements d'éleveurs et centres d'insémination artificielle (CIA).

Les évolutions majeures initiées dans les chaînes d'évaluations génétiques en 2014 ont été poursuivies en 2015 avec l'évaluation de nouveaux critères de sélection et la mise en place de nouveaux objectifs de sélection dans la population Large White lignée Mâle. De plus, dans les populations Piétrain collectif et Duroc ADN, de nouvelles chaînes d'évaluations génétiques ont été développées pour évaluer des individus issus de la génétique française et exportés dans des élevages de sélection à l'étranger. Enfin, l'IFIP, accompagné par l'INRA, poursuit la démarche d'amélioration continue de la qualité des évaluations génétiques porcines initiée depuis 2 ans.

## PERSPECTIVES

L'estimation hebdomadaire de la valeur génétique des reproducteurs et candidats à la sélection permet de prendre en compte les performances les plus récentes. Cette stratégie a été retenue pour une meilleure efficacité du travail de sélection, et donc une accélération du progrès génétique.

La sélection génomique, méthode de sélection reposant sur les données moléculaires (génotypes) des individus, est très prometteuse pour augmenter la précision des VG estimées, et donc le progrès génétique. L'IFIP développe actuellement une chaîne d'évaluation génomique dans la population Landrace permettant d'intégrer l'information de nombreux marqueurs génétiques dans un modèle d'évaluation génomique.

## VALORISATION

### Formations et interventions

- Formation sur la conduite des élevages de sélection et de multiplication.
- Les objectifs de sélection : un processus collectif. SPACE 2015.
- Le dispositif collectif d'amélioration génétique des populations porcines françaises. Intervention 2015, réunion APRIVIS.

### Publications

- Le porc par les chiffres.
- Enquête annuelle de l'Agence de la Sélection Porcine (ASP).
- Estimation des valeurs génétiques polygéniques + effet Hal dans la population Piétrain. Rapport d'étude 2015.

### Autres transferts

- Appui aux OSP.
- Actualisation des cahiers des charges en relation avec la circulation des données génétiques, la réalisation des évaluations génétiques et l'évolution des chaînes d'évaluations génétiques.

## RÉSULTATS

Les généalogies des animaux et leurs performances enregistrées en élevage de sélection ou en station de contrôle sont centralisées dans la base nationale de données génétiques porcines (Banapog). Après plusieurs contrôles de cohérence de ces données brutes, les données validées sont extraites dans la base de données pour l'Indexation et la Recherche (BDIR), qui regroupe fin 2015 plus de 10,6 millions de données valides. Les valeurs génétiques (VG) et leur précision (CD) sont estimées à partir des données de la BDIR une fois par semaine, par l'IFIP, pour l'ensemble des candidats à la sélection et des reproducteurs. Ces valeurs sont transmises via des fichiers d'échange normalisés.

Schéma de circulation de l'information génétique

