

# Evaluations génétiques et génomiques des populations porcines

## Contexte et objectifs

Le travail de sélection a pour but d'améliorer le niveau moyen des performances des populations porcines sur des caractères d'intérêt économique pour l'ensemble de la filière porcine française. Ce travail d'amélioration génétique consiste à repérer les meilleurs individus d'une génération pour les garder 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. L'information du génome des animaux est également prise en compte dans les lignées femelles Large White (LW) et Landrace français (LF). Chaque semaine, les meilleurs candidats LW et LF sont génotypés sur puces ADN basse densité. Puis les génotypes haute densité sont reconstitués par imputation, permettant ainsi d'optimiser les coûts. Pour consolider les populations de référence, les reproducteurs les plus utilisés en sélection sont de nouveau génotypés sur puce haute densité.

## Résultats

Les généalogies des animaux et leurs performances enregistrées en élevage de sélection, de multiplication 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, seules les données validées sont conservées dans la base de données pour l'indexation et la recherche (BDIR), qui regroupe fin 2018 plus de 12 millions d'individus avec des données valides. Trois populations porcines (2 lignées femelles : Large White et Landrace français et 1 lignée mâle : Piétrain) sont évaluées toutes les semaines. Les VG et leur précision (CD) sont estimées par l'IFIP pour l'ensemble des candidats à la sélection et des reproducteurs, à partir des données de la BDIR et des résultats de génotypage envoyés par les laboratoires. Ces valeurs sont transmises via des fichiers d'échange normalisés aux différents opérateurs : éleveurs sélectionneurs, établissements de sélection (ES), groupements de pro-

ducteurs et centres d'insémination animale (CIA).

Fin 2018, 9 383 animaux LF et 5 423 animaux LW étaient génotypés. Ce nombre a presque doublé en un an, témoignant de l'intérêt fort de cette méthode de sélection qui permet d'accroître la précision des VG, donc d'accélérer le progrès génétique.

Pour faire face à la quantité croissante de données génomiques les chaînes d'évaluation génomiques ont été adaptées pour réduire les temps de calcul et résoudre des problèmes calculatoires.

Par ailleurs, la chaîne d'évaluation génétique de la population Piétrain a été modifiée en 2018. L'indice de consommation et la consommation moyenne journalière sont à présent calculés entre des bornes de poids 40-100kg à la fois pour les candidats et les collatéraux. Le taux de muscle des pièces estimé par Uniporc lors du classement des carcasses à l'abattoir a été ajouté. Les paramètres génétiques ont été actualisés et un nouvel objectif de sélection a été défini, accordant plus de poids à l'efficacité alimentaire.

Enfin, l'ES Choice a confié à l'IFIP l'évaluation génomique de sa lignée sino-européenne. La nouvelle chaîne d'évaluation génomique, développée en 2018, sera opérationnelle au 1<sup>er</sup> semestre 2019.

## Perspectives

L'augmentation du nombre de génotypes conduit à une augmentation des temps de calcul qui deviennent limitants. C'est pourquoi, un travail d'optimisation des modèles d'évaluations génomiques, démarré en 2018, sera poursuivi en 2019 afin de réduire les temps de calcul et améliorer la stabilité et la fiabilité des évaluations génomiques.

Enfin, des développements informatiques sont en cours pour automatiser les échanges avec les laboratoires d'analyse et centraliser les résultats de génotypage dans la base de données spécifique appelée « SIGENOP », permettant une valorisation en routine de ces données à des fins d'indexation ou de recherche. Ces travaux d'optimisation de la circulation des données génomiques seront réalisés en 2019 en collaboration avec le CTIG et le service informatique de l'IFIP.

### Partenariats :

INRA : CTIG GenPhySE, Gènes Diffusion, Axiom, Choice, Nucléus, CIA.

### Financeurs :

Axiom, Choice, Nucléus, France AgriMer sur décision Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG), CASDAR.

### Contacts :

sandrine.schwob@ifip.asso.fr ;  
alban.bouquet@ifip.asso.fr ;  
pauline.brenaut@ifip.asso.fr

## Valorisation

### Interventions

- Formations auprès de techniciens, éleveurs et étudiants sur l'organisation de la sélection porcine en France et la conduite des élevages de sélection et de multiplication.
- Journée technique IFIP-INRA, janv. 2018.
- AG IFIP, déc. 2018

### Publications

- Evolutions génétiques entre 2013 et 2017 des populations collectives. Porc par les chiffres, Ed. 2018-2019.
- 50 années d'amélioration génétique du porc en France. JRP 2018.
- Using 1K SNP panel for genomic selection in 3 French pig breeds. WCGALP 2018.
- Building and evaluation of SNPs panels for parentage tests issue in swine. WCGALP 2018.

### Autre transfert

- Appui aux établissements de sélection.



Type de puce	Basse densité	Haute densité	Total
LF	4 959	4 424	9 383
LW	3 334	2 089	5 423
Total	8 293	6 513	14 806

Nombre d'animaux génotypés sur puce basse ou haute densité dans les lignées maternelles au 31/12/2018