

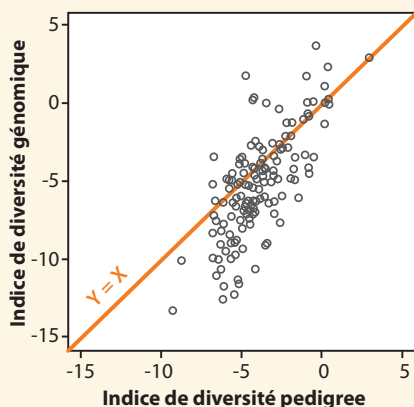
Gestion de la diversité génétique des races porcines sélectionnées

Contexte et objectifs

Dans un schéma de sélection, la création de progrès génétique suppose d'utiliser les meilleurs reproducteurs à chaque génération. Toutefois, une utilisation non raisonnée des reproducteurs est susceptible d'entraîner, à terme, une augmentation importante de la consanguinité dans la population. Des problèmes liés à cette augmentation de consanguinité peuvent alors apparaître : baisse des performances de production et de reproduction, apparition d'anomalies congénitales, etc. Des mesures sont appliquées dans les schémas de sélection pour gérer au mieux la diversité génétique des populations porcines sélectionnées et un bilan annuel est réalisé par l'IFIP pour évaluer l'efficacité des mesures. De nouvelles approches ont été développées pour mieux gérer la diversité génétique dans les populations sélectionnées. Parmi elles, la méthode des contributions génétiques optimales (ou OCS) fait consensus pour concilier efficacement progrès génétique et gestion de la diversité génétique (Meuwissen, 1997). Cette méthode permet d'optimiser le choix des reproducteurs et de moduler leur utilisation pour créer le progrès génétique en utilisant au mieux les ressources génétiques disponibles. La disponibilité de données génomiques collectées en routine sur l'ensemble des reproducteurs est une opportunité pour gérer de façon plus fine la diversité génétique des populations.

Résultats

La gestion de la diversité dépend des choix réalisés à deux principales étapes du schéma de sélection : au moment du choix des candidats pour renouveler la population de reproducteurs et des choix réalisés pour



Distribution des indices de diversité estimés à partir d'information généalogique ou génomique

Fiche 67

Partenariats :
Entreprises de sélection

Financeur :
FranceAgrimer sur décision de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG)

Contact :
alban.bouquet@ifip.asso.fr

Valorisation

- JRP 2020
- Rapport de stage ESA



l'accouplement entre verrats et truies. Il est important d'intégrer des indicateurs de diversité génétique aux éleveurs et aux techniciens pour réaliser des choix avisés à ces deux étapes. Il a été choisi d'étudier la Note d'Intérêt Génétique (ou NIG) proposée par l'Ifip en 2006. L'objectif de la NIG est de pouvoir mesurer l'originalité d'un individu en regard de ses contemporains et des reproducteurs présents dans le schéma de sélection. L'utilisation de données génomiques permet de décrire plus finement l'originalité d'un individu. Toutefois, la corrélation entre NIG calculées sur la base des informations généalogiques et génomiques est élevée (0,80). Les NIG généalogiques et génomiques discriminent de la même manière les individus les plus extrêmes. L'intérêt de l'utilisation de la méthode des contributions optimales a été évalué dans le cas de la population Landrace Nucléus ainsi que l'intérêt d'y intégrer des données génomiques. Les calculs ont été réalisés avec le logiciel Optisel. L'étude a montré que l'utilisation de la méthode OCS pour le choix et l'utilisation des reproducteurs pourrait permettre de diminuer l'augmentation de la consanguinité en conservant le rythme de progrès génétique réalisé actuellement. L'OCS limite l'utilisation des familles les plus exploitées dans le schéma au profit de familles plus originales. Enfin, l'intégration de données génomiques pour optimiser l'utilisation des reproducteurs change marginalement les préconisations de reproducteurs. Dans le cas de la population Landrace Nucléus, 83% des accouplements préconisés sont identiques entre les deux optimisations faisant intervenir l'information généalogique ou génomique.

Perspectives

Des outils de calcul d'indicateurs de diversité génétique ont été développés et sont utilisés en routine dans les schémas de sélection des principales races sélectionnées. L'OCS est une méthode intéressante pour optimiser le choix et l'utilisation des reproducteurs dans les schémas de sélection. Toutefois, les préconisations émises par l'OCS sont sensibles aux paramètres utilisés. Au contraire, l'utilisation de données génomiques impacte à la marge les recommandations d'utilisation des reproducteurs.