

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. Chaque semaine, cinq populations porcines (4 collectives : Large White lignée femelle, Landrace français, Piétrain et Large White lignée mâle, et 1 autonome : Duroc Axiom) sont évaluées et les VG sont transmises aux sélectionneurs, organismes de sélection porcine (OSP), groupements d'éleveurs et centres d'insemination animale (CIA).

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 2017 11,5 millions d'individus avec des données valides. Les 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 aux différents opérateurs via des fichiers d'échange normalisés.

Après la mise en place d'une évaluation génomique dans la population Landrace français (LF) en 2016, la sélection génomique a été déployée en 2017 dans la population Large White lignée femelle (LWf). Chaque semaine, les meilleurs candidats sont génotypés sur puces ADN et l'information de leur génome est prise en compte dans l'évaluation génétique en plus des généalogies et des performances. Afin d'optimiser les coûts, les candidats sont génotypés sur puce basse densité, moins chère que la puce haute densité. Puis les génotypages haute densité sont reconstitués par imputation à partir des données de basse densité. Pour consolider les populations de référence, les reproducteurs les plus utilisés en sélection sont de nouveau génotypés sur puce haute densité. Fin 2017, 6 003 animaux LF et 1 912 animaux LWf étaient génotypés. Cette nouvelle méthode de sélection permet des gains de précisions d'estimation des VG de 30% à 50% selon les critères (Bouquet et al, 2017).

La mise en place des évaluations génomiques dans les lignées maternelles s'est accompagnée d'évolutions majeures :

- Définition de nouveaux modèles d'évaluation,
- Ajout de 2 critères d'anomalie : anomalies de coloration et hernies scrotales,
- Estimation de nouveaux paramètres génétiques,
- Mise à jour des objectifs de sélection.

Par ailleurs, la chaîne d'évaluation génétique de la population Piétrain a été modifiée en 2017 pour intégrer de nouveaux critères de qualité de la viande : le taux d'exsudat mesuré sur des candidats abattus et le pH ultime, mesuré 24h post mortem sur des animaux contrôlés en ferme et en station, considéré comme un caractère unique. Les paramètres génétiques ont été actualisés par la même occasion. Enfin, les chaînes d'évaluations génétiques ont été réorganisées sous forme d'applications pour gagner en flexibilité dans le lancement des calculs. Ce travail a été réalisé en collaboration avec le CTIG.

Perspectives

Les évaluations génomiques sont à présent opérationnelles en lignées femelles. Des développements sont en cours pour centraliser les données de génotypage dans une base dédiée et optimiser la gestion et la circulation des données génomiques. Les règles de gestion concernant l'intégration de ces données dans la BDIR génomique devront être définies. L'augmentation du nombre de génotypages conduit à une augmentation des temps de calcul qui deviennent limitants. C'est pourquoi, un travail d'optimisation des modèles d'évaluations génomiques va être mené en 2018 afin de réduire ces temps de calcul.

Partenariats

INRA GABI, INRA GenPhySE, INRA CTIG, Valogène, OSP, CIA

Financeurs

FranceAgriMer sur décision de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG), CASDAR, France Génétique Porc.

Contacts

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

Valorisation

Formations et interventions

- Formation sur la conduite des élevages de sélection et de multiplication.
- Formation sur la sélection porcine en France : organisation et méthodes.

Nombre d'animaux génotypés sur puce basse ou haute densité dans les lignées maternelles au 31/12/2017

Type de puce	Basse densité	Haute densité	Total
LF	2 004	3 999	6 003
LWf	306	1 606	1 912
Total	2 310	5 605	7 915