

# 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/génomique (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 maternelles Large White (LW) et Landrace (LR). Chaque semaine, les meilleurs candidats de ces populations sont génotypés sur puces ADN basse ou haute densité. Puis les génotypes haute densité sont reconstitués par imputation, pour tous les animaux évalués.

## Résultats

Les généalogies des animaux et leurs performances enregistrées en élevage de sélection, de multiplication, en station de contrôle ou à l'abattoir 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 regroupait fin 2019 plus de 12,5 millions d'individus avec des données valides.

Sept populations porcines (2 lignées LW, 3 lignées LR et 2 lignées Piétrain) sont évaluées chaque semaine pour les établissements de sélection porcine (ESP) français Axiom, Choice et Nucléus. 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, ESP, groupements de producteurs et centres d'insémination animale (CIA). Fin 2019, 15 230 animaux LR et 11 522 animaux LW étaient génotypés. Comme l'an dernier, ce nombre a presque doublé en un an, témoignant de l'intérêt fort de cette méthode de sélection génomique 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 programmes d'évaluation ont été adaptés pour optimiser les données de génotypages prises en compte dans les évaluations génomiques, et ainsi réduire les temps de calcul et ré-

## Fiche 64

### Partenariats :

INRAE CTIG, INRAE GenPhySE, Gènes Diffusion, LABOGENA, Axiom, Choice, Nucléus, CIA.

### Financiers :

Axiom, Choice, Nucléus, FranceAgriMer sur décision de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG), CASDAR.

### Contacts :

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

## Valorisation

- Formations auprès de publics variés de techniciens, d'éleveurs et d'étudiants sur l'organisation de la sélection porcine en France et la conduite des élevages de sélection et de multiplication.
- Evolutions génétiques entre 2014 et 2018 des populations collectives. Le porc par les chiffres, Ed. 2019-2020.
- Adiposité et amélioration génétique chez le porc : état des lieux et nouveaux enjeux pour la qualité des produits. JRP 2019.
- Sélectionner sur l'adiposité pour améliorer la qualité. Réussir Porc/TechPorc, n°268 mai 2019, p. 44-46.
- Importance du phénotypage pour maintenir la précision des prédictions génomiques des caractères mesurés en station. JRP 2020.
- Utilisation d'une puce très basse densité (1 100 SNP) pour la sélection génomique chez 3 races de porcs françaises. JRP 2020.
- Appui aux ESP.



Type de puce	Basse densité	Haute densité	Total
LR	8 212	7 018	15 230
LW	7 399	4 123	11 522
<b>Total</b>	<b>15 611</b>	<b>11 141</b>	<b>26 752</b>

*Nombre d'animaux génotypés sur puce basse ou haute densité dans les lignées maternelles au 31/12/2019*

soudre des problèmes calculatoires. Par ailleurs, Choice a confié à l'IFIP l'évaluation génomique de sa lignée Landrace. La nouvelle chaîne d'évaluation génomique, développée en 2018 et testée au 1<sup>er</sup> semestre 2019, est opérationnelle depuis l'été 2019 à un rythme bihebdomadaire. Enfin, un travail important a été réalisé par l'IFIP pour privatiser les chaînes d'évaluation génétiques et génomiques et répondre ainsi aux attentes des ESP Axiom et Nucléus. Ces évolutions permettront de définir, au cours de l'année 2020, des objectifs de sélection personnalisés basés sur des critères de sélection propres à chaque entreprise.

## Perspectives

Suite à la privatisation des chaînes d'évaluation génétiques et génomiques, de nouveaux objectifs de sélection, propres à

chaque ESP, seront définis en 2020 dans les lignées maternelles pour intégrer de nouveaux critères de qualités maternelles, tels que le comportement et l'agressivité des truies à la mise-bas. La mise en place de la sélection génomique dans la lignée Large White de Choice est également programmée en 2020. L'augmentation du nombre de génotypages conduit à une augmentation des temps de calcul qui deviennent limitants. C'est pourquoi, un travail de comparaison de nouveaux logiciels d'estimation des valeurs génomiques est en cours et devrait aboutir, en 2020, à l'implémentation d'un nouveau logiciel 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, initiés en 2019, seront poursuivis en 2020 en collaboration avec le CTIG et le service informatique de l'IFIP.