

Cv 8311

COMPARAISON DES NIVEAUX GÉNÉTIQUES DES ÉLEVAGES DE SÉLECTION ET DES ÉLEVAGES DE PRODUCTION CHEZ LE PORC LARGE WHITE

J.P. RUNAVOT (1), P. SELLIER (2)

(1) *I.T.P. – Région Ouest – La Motte au Vicomte – B.P. n° 3 – 35650 LE RHEU*
(2) *I.N.R.A. – Station de Génétique quantitative et appliquée – 78350 JOUY-EN-JOSAS*

Avec la collaboration de J. BOULARD et J. GOGUE

INTRODUCTION

Les élevages commerciaux produisent une très faible proportion de porcs charcutiers de race pure. Une enquête récente auprès de 1 872 élevages de production suivis en « gestion technique » indique que respectivement 73 et 39 p. cent des truies et des verrats en service sont issus de croisement (KERISIT et RUNAVOT, 1982). Moyennant quelques hypothèses, cette enquête permet de considérer que seulement 6 % des porcs charcutiers produits en France sont de race pure, principalement de race Large White (LW).

Bien que la production de porcs commerciaux de race pure Large White soit devenue marginale, l'évaluation des performances d'engraissement et de carcasse de ces animaux présente un intérêt si on les compare avec :

1 – soit des produits terminaux des schémas de sélection et croisement. L'objet de la comparaison est alors de situer un système d'utilisation des reproducteurs en race pure – très développé dans le passé – par rapport aux différents systèmes d'utilisation des reproducteurs en croisement qui occupent actuellement une place prépondérante.

2 – soit des animaux de même race appartenant à l'étage de sélection. Le but de l'étude est alors de mesurer le décalage génétique entre l'étage de sélection et l'étage de production, en termes de générations et de performances, et d'en déduire, sous certaines hypothèses, une estimation ponctuelle du progrès génétique réalisé dans l'étage de sélection de la race Large White.

Lors des deux derniers tests de produits terminaux (ANONYME, 1981 ; ANONYME, 1982), qui se sont déroulés de 1980 à 1982, il a été tenté d'apporter une réponse à ces deux questions en incluant dans le dispositif expérimental un échantillon de porcs Large White provenant d'élevages de production, en plus des types génétiques habituels (produits terminaux des schémas de sélection et de croisement, animaux de race pure Large White et Landrace Français issus des troupeaux de sélection de l'UPRA).

Dans la présente étude, nous nous attacherons à analyser le point 2 en réalisant une synthèse des résultats obtenus, lors des tests de produits terminaux concernés, par les animaux Large White issus de troupeaux de sélection (échantillon appelé « Large White UPRA ») et par les animaux de même race provenant d'élevages de production (échantillon appelé « Large White Production »).

MATÉRIEL ET MÉTHODES

1 – Matériel animal et caractères étudiés

Le dispositif expérimental de l'étude est présenté dans le tableau 1. La comparaison, programmée sur deux tests de contrôle des produits terminaux (nos 8 et 9), a été réalisée dans trois stations différentes (Le Rheu, Le Deschaux et Le Transloy) et dans six bandes de contrôle : dans chaque bande, on dispose d'un échantillon d'animaux « LW UPRA » (LWS) et d'un échantillon d'animaux « LW Production » (LWP).

L'échantillon d'animaux LWP est issu d'élevages commerciaux qui utilisent des verrats Large White nés dans les élevages de sélection de l'UPRA porcine. Il a été constitué par un agent de l'I.T.P. avec le concours des E.D.E. et/ou des groupements de producteurs de l'Ouest de la France. Au total, 256 animaux provenant de 54 élevages et de 81 verrats-pères différents ont été ainsi collectés (tableau 2). La présente analyse a porté sur 230 individus LWP ayant terminé normalement le contrôle.

L'échantillon d'animaux LWS provient d'élevages de sélection des différents collèges de l'UPRA porcine. A la différence du précédent, il a été constitué à l'initiative des éleveurs-sélectionneurs qui participent, par la voie des stations de contrôle des descendance, à l'évaluation du niveau génétique de leur troupeau. Ce second échantillon, qui compte 193 animaux ayant terminé normalement le contrôle (sur 212 entrés en station), est issu de 54 élevages de sélection et de 88 verrats-pères (tableau 2). L'échantillon LWS a donc une structure très proche de l'échantillon LWP puisque les nombres d'animaux par élevage et par verrat-père sont similaires.

TABLEAU 1
DISPOSITIF EXPÉRIMENTAL ET EFFECTIFS DE PORCS CONTRÔLÉS

N° du test de produits terminaux	Bande de contrôle (1)	Nombre de porcs Large White		Effectif total par bande
		UPRA (LWS)	Production (LWP)	
8	80.66.13	39	36	75
	80.66.17	36	36	72
	80.88.20	36	41	77
9	81.66.11	40	37	77
	81.99.12	26	36	62
	81.88.18	16	44	60
Effectif total par étage d'origine		193	230	423

(1) Code station : 66 Le Rheu - 88 Le Deschaux - 99 Le Transloy.

TABLEAU 2
STRUCTURE DES ÉCHANTILLONS

Échantillon	LW UPRA	LW Production
Nombre d'élevages fournisseurs	54	54
Nombre de verrats-pères	88	81
Nombre de porcs entrés en station	212	256
Nombre de porcs mis en contrôle	204	251
Nombre de données traitées	193	230

L'ensemble de ces animaux (uniquement des femelles) a été soumis au protocole habituel des stations de contrôle de descendance (ANONYME, 1982). Les porcelets entrent en station, à un poids compris entre 22 et 28 kg, sur une période de 10 jours pour une bande donnée. Ils sont élevés par couples de pleines-sœurs dans des conditions d'alimentation à volonté. Le contrôle de croissance et de consommation alimentaire démarre lorsque le poids moyen du lot atteint ou dépasse 33 kg et s'achève lorsque celui-ci est égal ou supérieur à 98 kg. Le lendemain de l'abattage, la découpe parisienne normalisée d'une 1/2 carcasse est pratiquée, ainsi que la mesure de critères prédictifs de la qualité technologique des viandes.

2 – Méthodes d'analyse

a) Évaluation des différences entre « LW Production » et « LW UPRA »

Les données relatives aux 423 porcs de la comparaison ont été analysées par la méthode des moindres carrés appliquée à un modèle d'analyse de variance à effets fixés. Pour les caractères d'engraissement et de composition corporelle, le modèle comprend les facteurs « étage d'origine » (2 niveaux : sélection et production), « bande de contrôle » (6 niveaux) et la régression linéaire sur le poids de début de contrôle (caractères de croissance) ou le poids vif d'abattage (caractères de composition corporelle). Pour les critères de qualité de viande, le modèle d'analyse comprend les facteurs « étage d'origine », « station de contrôle » (3 niveaux) et « date d'abattage intra-station » (40 niveaux), ainsi que la régression linéaire sur le poids vif d'abattage.

b) Calcul du retard génétique attendu

Le méthode décrite par GUEBLEZ et OLLIVIER (1982) a été utilisée pour calculer le retard génétique attendu de l'étage de production sur l'étage de sélection. Ces deux auteurs ont montré que, pour un tel calcul, il suffit de connaître les taux de migration entre les étages sélection (S), multiplication (M) et production (P) de la pyramide de diffusion des reproducteurs et les supériorités génétiques résultant des sélections internes pratiquées dans chaque étage. Ainsi, considérons la population S soumise à sélection et dont le renouvellement est purement interne (ici LWS) et la population commerciale P (ici LWP) liée à l'étage de sélection à la fois directement (migration de S vers P) et par l'intermédiaire de l'étage de multiplication M (supposé recevoir tous ses reproducteurs de S). Le retard génétique de P sur S, exprimé en génération, est défini par la relation suivante :

$$(1) \quad R = \frac{(1 + b)\Delta G_S - b\Delta G_M - \Delta G_P}{(1 - c)\Delta G_S}$$

où b et c sont respectivement les proportions des gènes de l'étage de production reçues de l'étage de multiplication (migration de M vers P) et de l'étage de production lui-même (autorenouvellement), ΔG_S , ΔG_M et ΔG_P sont les supériorités génétiques dues aux sélections internes effectuées dans les trois étages S, M et P (dans le cas de P, la sélection peut concerner aussi bien les reproducteurs issus de l'autorenouvellement que les immigrants en provenance de S et M).

Le retard génétique exprimé dans l'unité du caractère considéré (R') est obtenu en multipliant R par le progrès génétique réalisé par génération dans l'étage S :

$$R' = R \times \Delta G_S$$

Le retard génétique exprimé en année (R'') s'obtient en multipliant le retard exprimé en génération par l'intervalle de génération (L) :

$$R'' = R \times L$$

Ce type de calcul repose sur un certain nombre d'hypothèses. En particulier, il est supposé que le progrès génétique par génération dans l'étage de sélection (ΔG_S) ne varie pas dans le temps et que les intervalles de génération sont constants et égaux dans les différents étages. En outre, la relation (1) correspond à l'état d'équilibre du système, atteint au bout de quelques géné-

TABLEAU 3
PERFORMANCES D'ENGRAISSEMENT ET DE CARCASSE DES PORCS
« LW UPRA » ET « LW PRODUCTION »

Caractère	LW UPRA 9 = 193)	LW Production (n = 230)	d ± s _d (1)	Signification de la différence (2)	Écart-type du caractère (3)	
Age au début du contrôle (j) . . .	88,8	90,1	1,3 ± 0,6	*	6,1	
Age à 100 kg (j)	167	170	3 ± 1	**	11	
Gain moyen quotidien (g) 35-100 kg	844	826	- 18 ± 10	■	99	
Indice de consommation 35-100 kg (kg/kg)	2,98	3,06	0,075 ± 0,026	**	0,27	
Poids net sans tête (kg)	73,8	73,5	- 0,31 ± 0,15	*	1,5	
Poids de demi-carcasse découpée (kg)	36,4	36,2	- 0,16 ± 0,08	*	0,8	
Poids de (par 1/2 carcasse)	jambon (kg)	8,78	8,71	- 0,07 ± 0,04	NS	0,44
	longe (kg)	12,15	11,82	- 0,33 ± 0,07	***	0,68
	hachage (kg)	5,35	5,31	- 0,04 ± 0,03	NS	0,30
	poitrine (kg)	3,96	4,01	0,05 ± 0,03	■	0,31
	bardière (kg)	4,40	4,60	0,20 ± 0,08	*	0,82
	panne (kg)	0,60	0,64	0,04 ± 0,02	*	0,18
	pieds (kg)	0,98	0,98	0,00 ± 0,01	NS	0,07
Longueur de carcasse (cm) . . .	101,2	101,0	- 0,2 ± 0,3	NS	2,7	
Épaisseur de lard (mm)	rein (R)	21,4	22,3	0,9 ± 0,5	■	5,0
	dos (D)	20,8	21,5	0,7 ± 0,4	NS	4,1
	cou	38,5	40,4	1,9 ± 0,6	**	5,7
	(R + D)/2	21,1	21,9	0,8 ± 0,4	■	4,3
Longe/bardière	2,87	2,68	- 0,19 ± 0,07	**	0,66	
% muscle (4)	52,3	51,2	- 1,1 ± 0,3	***	3,5	
% gras (4)	26,3	27,6	1,3 ± 0,4	**	4,2	
Note subjective de qualité de viande (point)	13,6	14,2	0,6 ± 0,2	*	2,3	
pH ultime (x ₁)	5,85	5,87	0,02 ± 0,03	NS	0,26	
Réflectance (x ₂)	595	569	- 26 ± 9	**	81	
Temps d'imbibition (x ₃) (dizaines de secondes)	13,9	15,0	1,1 ± 0,5	*	4,5	
Indice de qualité de viande (IQV, point) (5)	9,96	10,25	0,29 ± 0,12	*	1,14	

(1) d = LW Production - LW UPRA ; s_d = erreur-standard de σ.

(2) NS P > 0,10 ; ■ P < 0,10 ; * P < 0,05 ; ** P < 0,01 ; *** P < 0,001.

(3) Écart-type résiduel de l'analyse de variance.

(4) Pourcentages de muscle et de gras dans la carcasse avec tête estimés par les équations suivantes :

$$\% \text{ muscle} = 16,56 + (71,6 J + 83,0 L - 76,2 B)/D$$

$$\% \text{ gras} = 43,70 + (127,5 B - 31,9 J - 75,3 L)/D,$$

où D, J, L et B sont respectivement les poids (en kg) de la demi-carcasse découpée, du jambon, de la longe et de la bardière.

(5) IQV = 2,54 + 2,1466 x₁ - 0,0088 x₂ + 0,0071 x₃.

rations, c'est-à-dire à la situation où, sous l'hypothèse d'égalité des intervalles de génération, les étages P et S évoluent génétiquement à la même vitesse. La quantité R, constante dans le temps, mesure donc la différence de niveau génétique entre les individus de l'étage P et les individus contemporains de l'étage S.

RÉSULTATS

1 – Différences observées entre « Large White UPRA » et « Large White Production »

Les estimées des différences entre les porcs LWS et LWP pour 26 caractères d'engraissement et de carcasse sont rapportées dans le tableau 3, ainsi que l'erreur-standard et le degré de signification statistique de ces différences. Les estimées des moyennes des moindres carrés des deux populations et les écarts-type des caractères sont également donnés dans le tableau 3.

Des différences significatives sont mises en évidence pour trois variables d'engraissement : âge au début du contrôle ($P < 0,05$), âge à l'abattage ($P < 0,01$) et indice de consommation ($P < 0,01$). En ce qui concerne le gain moyen quotidien entre 35 et 100 kg, on approche le seuil de signification $P < 0,05$. L'indice de consommation des porcs LWP dépasse de 0,075 point celui des porcs LWS, d'où une consommation d'aliment supérieure d'environ 5,6 kg sur la période d'engraissement 25-100 kg. L'âge à 100 kg est plus élevé de 3 jours chez les porcs LWP, du fait d'un âge à la mise en contrôle supérieur de 1,3 jour et d'une durée d'engraissement plus longue de 1,7 jour. La vitesse de croissance des porcs LWP tend à être plus faible ($- 18 \text{ g/j}$; $P < 0,10$) que celle des porcs LWS. En termes économiques, le retard de la population commerciale (LWP) sur la population de sélection (LWS) atteint 11 francs pour le coût d'engraissement par porc entre 25 et 100 kg, en retenant comme pondérations économiques $- 116$ francs pour le point d'indice de consommation et $0,135$ franc pour le gramme de gain moyen quotidien (ANONYME, 1982).

Les différences entre LWS et LWP sont statistiquement significatives pour la majorité des caractères de composition corporelle, en particulier le poids de longe et le pourcentage estimé de tissu maigre dans la carcasse ($P < 0,001$), le rapport longe/bardière, le pourcentage estimé de gras dans la carcasse et l'épaisseur de lard au cou ($P < 0,01$), le poids net sans tête, le poids de la demi-carcasse découpée et les poids de bardière et de panne ($P < 0,05$). Ces différences significatives, de même que les tendances observées pour l'épaisseur de lard au rein et le poids de poitrine ($P < 0,10$), traduisent toutes le même phénomène, à savoir une moins bonne composition corporelle des animaux LWP par rapport aux animaux LWS : le rendement en carcasse est plus faible de 0,3 point de pourcentage et la composition tissulaire de la carcasse est moins favorable (respectivement $- 1,1$ et $+ 1,3$ point pour les pourcentages estimés de muscle et de gras dans la carcasse). Sur la base d'une pondération économique de 8 francs pour le kg de muscle produit par porc (ANONYME, 1982), le retard du « Large White Production » sur le « Large White UPRA » du point de vue de la valeur commerciale de la carcasse peut être évalué à 8,2 francs environ.

En matière de qualité de viande, on enregistre des différences significatives à l'avantage des porcs LWP, sauf pour le pH ultime de la viande : la viande des porcs LWP est plus colorée ($P < 0,01$), a un pouvoir de rétention d'eau plus élevé ($P < 0,05$) et reçoit une meilleure note subjective ($P < 0,05$). Pour l'indice de qualité de viande (IQV), qui est une combinaison linéaire de trois mesures, l'avantage des porcs LWP sur les porcs LWS se chiffre à 0,29 point ($P < 0,05$), soit un quart d'écart-type de l'indice IQV.

2 – Estimation du retard génétique attendu

Comme indiqué précédemment, le calcul du retard génétique de l'étage P sur l'étage S implique la connaissance des taux de migration entre les différents étages de la pyramide de diffusion des gènes et des intensités de sélection pratiquées dans chaque étage. Les taux de migration relatifs à l'étage de production ont été déterminés en recherchant d'où viennent les gènes du

« Large White Production », à la fois par la voie femelle et par la voie mâle ; dans le cas présent, tous les verrats utilisés dans les élevages de production concernés viennent de l'étage de sélection, comme cela a été précisé à propos du mode de constitution de l'échantillon LWP. Les valeurs $a = 0,625$, $b = 0,025$ et $c = 0,35$ ont été obtenues (tableau 4).

Notons à ce stade que, si on néglige provisoirement les termes $b\Delta G_M$ et ΔG_P de la relation (1), le retard génétique de P sur S s'écrit simplement :

$$(2) \quad R_1 = (1 + b) / (1 - c)$$

d'où $R_1 = 1,58$ génération.

TABLEAU 4
VALEURS DES TAUX DE MIGRATION RELATIFS A L'ÉTAGE DE PRODUCTION

Étage de provenance des reproducteurs introduits	Taux de migration (p. cent)		
	Voie femelle	Voie mâle	Ensemble des gènes reçus (1)
Sélection S	25	100	62,5 (a)
Multiplication M	5	0	2,5 (b)
Production P (autorenouvellement)	70	0	35 (c)

(1) Entre parenthèses, symboles utilisés dans le texte (voir GUEBLEZ et OLLIVIER, 1982).

L'hypothèse $\Delta G_M = 0$ peut être considérée comme vérifiée à cause des conditions de fonctionnement spécifiques de l'étage de multiplication en race pure (en fait un seul élevage) dont sont issues quelques truies en service dans l'étage de production. De toute façon, dans notre cas particulier, le terme $b\Delta G_M$ de la relation (1) est négligeable, quel que soit ΔG_M , du fait de la contribution très modeste de l'étage M aux gènes de l'étage P ($b = 0,025$).

Le cas du terme ΔG_P de la relation (1) mérite quelques commentaires car il ne peut être tenu pour nul. On peut certes considérer qu'il n'y a pas de sélection par la voie femelle dans l'étage P, qu'il s'agisse des femelles immigrantes en provenance de S et M ou des femelles provenant de l'autorenouvellement dans l'étage de production : en d'autres termes, les truies en service dans l'étage P sont prises comme égales en valeur génétique à la moyenne des femelles contemporaines de leur étage d'origine ($i_f = 0$). Par contre, les verrats originaires de l'étage de sélection et introduits dans les troupeaux de production n'ont pas un niveau génétique égal au niveau génétique moyen de leurs contemporains de l'étage de sélection. Leur supériorité génétique a pu être estimée de façon approximative. Parmi les verrats en service dans les élevages de production considérés ici, 39 p. cent ont été soumis à un contrôle en ferme avec un indice moyen de 112 points, 11 p. cent proviennent de stations publiques de contrôle individuel avec un indice moyen de 121 points et 50 p. cent n'ont pas de références connues de contrôle de performance. En supposant que ces derniers sont d'un niveau génétique égal à la moyenne (100) et en négligeant la différence de précision des indices de contrôle individuel en station et en ferme, la supériorité génétique moyenne des verrats introduits dans l'étage de production est égale à $(12 \times 0,39 + 21 \times 0,11) = 7$ points d'indice standard (écart-type : 20 points), d'où $i_m \simeq 0,35$.

On a donc : $i = (i_f + i_m) / 2 \simeq 0,175$, puisque $i_f = 0$.

Le retard génétique de P sur S s'écrit alors, en supposant que $\Delta G_P = i\Delta G_S$:

$$(3) \quad R_2 = (1 + b - i) / (1 - c)$$

soit $R_2 \simeq 1,31$ génération.

Le fait de tenir compte de ce que les verrats transférés de l'étage S à l'étage P soient l'objet d'une sélection, pourtant peu intense, réduit donc de façon non négligeable le retard de P sur S.

Un correctif doit toutefois être apporté à la relation (1). Écrire cette relation suppose, comme indiqué précédemment, que les intervalles de génération sont égaux dans les différents étages de la pyramide. Cette hypothèse n'est pas vérifiée dans le cas présent. Dans les troupeaux de sélection de la race Large White, l'âge moyen des verrats et des truies à la naissance de leurs descendants est de 18,0 et 21,6 mois respectivement, soit un intervalle de génération L_S de 1,65 an. Dans les troupeaux de production, d'après l'enquête de LE DENMAT *et al.* (1980), l'âge moyen des verrats et des truies à la naissance de leurs descendants est de 23,4 et 26,6 mois, soit un intervalle de génération L_P de 2,04 ans. Pour tenir compte de cette différence d'intervalle de génération entre les étages S et P, OLLIVIER et GUEBLEZ (1982, communication personnelle) proposent de l'assimiler à une infériorité (ou éventuellement une supériorité) des reproducteurs introduits dans l'étage P. La relation (3) s'écrit alors de façon approchée :

$$(4) \quad R_3 \simeq \frac{1 + b - i + d}{1 - c}$$

où $d = (L_P - L_S) / L_S$.

En définitive, comme $d = 0,24$, le retard génétique attendu de P sur S peut être pris égal dans le cas présent à :

$$R_3 \simeq 1,68 \text{ génération.}$$

3 – Estimation des évolutions génétiques annuelles

En prenant $R = 1,68$ génération comme retard génétique attendu de P sur S et en considérant que le retard observé est de $11 + 8,2 = 19,2$ francs pour la valeur économique globale (engraissement et carcasse mais sans la qualité de la viande), on en déduit que le progrès génétique dans l'étage S, par génération de sélection, est approximativement :

$$\Delta G_S \simeq 19,2/1,68 \simeq 11,4 \text{ francs.}$$

L'intervalle de génération dans l'étage de sélection étant pris égal à $L = 1,65$ année, le progrès génétique annuel dans les troupeaux de sélection est approximativement :

$$\Delta G_{S_a} \simeq 11,4/1,65 \simeq 7 \text{ francs.}$$

On peut suivre une démarche du même type pour chacun des caractères considérés ici, bien qu'elle soit moins rigoureuse puisque les supériorités génétiques ΔG_P relatives à chaque caractère sont inconnues. À l'exception de l'indice de qualité de la viande, les évolutions génétiques sont favorables. On obtient, à titre indicatif, les ordres de grandeur suivants pour les évolutions génétiques annuelles dans l'étage de sélection sur la courte période considérée :

	En unité du caractère	En unité d'écart-type du caractère
Gain moyen quotidien (g/j)	6 à 7	0,06 à 0,07
Indice de consommation (point)	- 0,026 à - 0,030	- 0,10 à - 0,11
Épaisseur de lard dorsal $\frac{R + D}{2}$ (mm)	- 0,28 à - 0,31	- 0,06 à - 0,07
Rendement en carcasse (p. cent)	0,11 à 0,12	0,07 à 0,08
Pourcentage de tissu maigre dans la carcasse	0,38 à 0,43	0,11 à 0,12
Pourcentage de gras dans la carcasse	- 0,45 à - 0,51	- 0,11 à - 0,12
Indice de qualité de viande (IQV)	- 0,10 à - 0,11	- 0,09 à - 0,10

DISCUSSION

En premier lieu, nous analyserons quelques sources de biais qui sont susceptibles d'affecter notre estimation de la différence de niveau génétique entre élevages de sélection et élevages de production de la race Large White. L'une des sources de biais éventuelles se rapporte aux modes de constitution des échantillons LWP et LWS. Les animaux « Large White Production » ont été choisis au hasard, tandis que les animaux « Large White UPRA » ont été placés en station à l'initiative des éleveurs-sélectionneurs. Ces derniers ayant une plus grande pratique des contrôles de performance en station et une meilleure connaissance des reproducteurs présents dans leur troupeau, il est possible que notre échantillon de porcs LWS ne soit pas parfaitement représentatif de l'ensemble des porcs nés dans l'étage de sélection du Large White à l'époque de l'étude : les différences observées entre LWS et LWP pourraient donc s'en trouver surestimées pour certaines variables. En fait, les règles de choix des porcelets envoyés en station étant très diversifiées et propres à chaque élevage de sélection, cette source de biais a vraisemblablement une portée très limitée pour la moyenne des performances d'un échantillon de porcs provenant de 54 élevages différents. Par ailleurs, il est supposé implicitement que les différences trouvées entre les deux populations reflètent bien des différences de niveau génétique et ne sont pas partiellement la conséquence d'éventuelles différences de « milieu pré-contrôle » entre élevages de sélection et élevages de production.

En ce qui concerne le retard génétique attendu de l'étage de production sur l'étage de sélection, nous avons rappelé plus haut les hypothèses très restrictives qui sont à la base de son calcul. L'un des écarts aux hypothèses de validité de la relation (1) concerne la non-égalité des intervalles de génération dans les étages S et P : il en a été tenu compte à l'aide de la procédure qui nous a été suggérée par OLLIVIER et GUEBLEZ (1982, communication personnelle) et qui donne, d'après ces auteurs, les mêmes résultats que la méthode décrite par GUY et SMITH (1981). D'autre part, l'interprétation génétique que nous avons faite des différences observées entre LWS et LWP repose évidemment sur l'hypothèse que les deux échantillons comparés appartiennent à la même pyramide de diffusion des reproducteurs. Seul un dispositif expérimental spécifique aurait permis de réaliser une « connexion » rigoureuse en faisant en sorte, par exemple, que les animaux des deux étages S et P de la pyramide soient issus de reproducteurs représentant les mêmes élevages de sélection. Dans le cas présent, 24 p. cent des élevages de sélection représentés dans l'échantillon LWS ont aussi contribué à l'échantillon LWP. Un autre élément important est que les élevages de sélection Large White sont interdépendants dans une large mesure du point de vue génétique : selon un bilan effectué en 1981, 48 p. cent en moyenne des saillies (ou inséminations) dans un élevage donné sont effectuées par des verrats nés dans d'autres élevages. On peut considérer que l'hypothèse de l'unicité de la pyramide de diffusion est convenablement respectée, puisque l'échantillon LWS est représentatif de l'ensemble des élevages de sélection de la race et que les verrats-pères présents dans les élevages de production sont représentatifs de la population Large White (81 verrats nés dans 40 élevages différents).

Ces quelques éléments de discussion sur la validité de notre comparaison étant apportés, il vaut d'être noté que le chiffre approximatif trouvé pour l'évolution génétique annuelle de la valeur économique globale (7 francs) sur la courte période (2 à 3 ans) considérée ici est parfaitement concordant avec le chiffre correspondant trouvé sur une période antérieure pour l'étage de sélection de cette même race Large White (HOUIX *et al.*, 1978). Il y a aussi concordance entre les deux études en ce qui concerne l'évolution génétique défavorable de la qualité technologique des viandes.

CONCLUSION

Cette étude a mis en évidence une différence de niveau génétique notable entre les élevages de sélection et les élevages de production dans la race Large White. L'existence d'un retard génétique de l'étage de production sur l'étage de sélection est l'indice d'un progrès génétique réalisé dans l'étage de sélection pour les caractères de croissance et de composition corporelle : considérant que le retard théorique est de l'ordre de 2 ans et demi, les évolutions génétiques

annuelles favorables ont été chiffrées de façon approximative pour ces caractères. Par contre, pour les critères de qualité technologique de la viande, l'étage de sélection obtient de moins bons résultats que l'étage de production, ce qui est le signe d'une évolution génétique défavorable de ces critères. Cette étude illustre également l'une des nombreuses possibilités d'utilisation des stations publiques de contrôle de performances et confirme tout l'intérêt qu'il y a à évaluer les différents types génétiques exploités en France et leurs évolutions génétiques respectives dans le temps.

REMERCIEMENTS

La réalisation de cette étude, dont le principe a été arrêté par la CNAG, a bénéficié de la collaboration des Directeurs des stations de contrôle de descendance de Le Transloy, Le Rheu et Le Deschaux ainsi que de la participation de nombreux agents d'E.D.E. et de groupements de producteurs de l'Ouest de la France. Nous les en remercions vivement. Nous remercions également L. OLLIVIER et R. GUEBLEZ (I.N.R.A., Jouy-en-Josas) pour l'aide méthodologique apportée dans l'élaboration de cet article.

BIBLIOGRAPHIE

- ANONYME, 1981. *Techni-Porc*, 4 (6), 49-65.
- ANONYME, 1982. *Techni-Porc*, 5 (5), 55-72.
- GUEBLEZ R., OLLIVIER L., 1982. *Journées Rech. Porcine en France*, 14, 151-158.
- GUY D.R., SMITH C., 1981. *Anim. Prod.*, 32, 333-336.
- HOUIX Y., DANDO P., SELLIER P., 1978. *Ann. Génét. Sél. anim.*, 10, 557-568.
- KERISIT R., RUNAVOT J.P., 1982. L'évolution des méthodes et des structures de sélection au cours des dernières années. *Réflexions et perspectives. Journée « Sélection porcine », F.N.C.B.V., Reims, 9 juin 1982, 9 pp. (ronéoté).*
- LE DENMAT M., RUNAVOT J.P., ALBAR J., 1980. *Techni-Porc*, 3 (5), 41-49.