

68602

ÉVOLUTIONS GÉNÉTIQUES DES PERFORMANCES DE CROISSANCE ET DE CARCASSE DANS LES RACES PORCINES LARGE WHITE, LANDRACE FRANÇAIS ET LANDRACE BELGE

Michèle TIXIER, P. SELLIER

I.N.R.A. – Station de Génétique quantitative et appliquée – 78350 JOUY-EN-JOSAS

Avec la collaboration de C. FELGINES, Geneviève LE HENAFF et H. JOUET

INTRODUCTION

Avec la mise en place à partir de 1966 des stations publiques de contrôle individuel, la sélection massale est devenue le principal outil de sélection des verrats de race pure, remplaçant progressivement la sélection sur descendance instituée en 1953 (OLLIVIER *et al.*, 1978). La connaissance des paramètres génétiques des caractères de croissance et de composition corporelle, d'une part, de la pression de sélection et de l'intervalle de génération, d'autre part, permet de prédire les évolutions génétiques de la population sélectionnée (TIBAU i FONT et OLLIVIER, 1984). Cependant, l'importance de l'effort de sélection effectivement appliqué est difficile à évaluer dans une population nationale, aussi est-il nécessaire d'estimer a posteriori le progrès génétique effectivement réalisé. La simple observation de l'évolution des moyennes annuelles dans les stations traduit non seulement la réponse à la sélection mais aussi l'évolution des conditions du milieu de contrôle en station. L'estimation de la part génétique dans l'évolution des performances constitue un problème théorique délicat.

En France, aucun protocole spécifique n'a été prévu jusqu'en 1977 (stockage de semence congelée) pour suivre régulièrement l'évolution génétique des races sélectionnées dans notre pays. Des estimations de progrès génétique sont cependant disponibles mais elles ne concernent que la race Large White et ne « couvrent » que la période antérieure à 1973. Le progrès génétique réalisé chez le Large White a été estimé par OLLIVIER (1974) d'après les résultats des stations de contrôle de descendance de 1953 à 1966, par NAVEAU (1971) et CHESNAIS (1973) d'après les résultats des stations de contrôle individuel de 1966 à 1970. L'utilisation d'une lignée sélectionnée uniquement sur la taille de portée comme lignée-témoin pour les caractères de croissance et de carcasse a permis à HOUIX *et al.* (1978) d'estimer les évolutions génétiques du Large White de 1965 à 1973.

On constate en définitive qu'aucune mesure rigoureuse de progrès génétique n'a été faite depuis 1973 chez le Large White et a fortiori dans les autres races. Il est donc utile d'estimer le progrès génétique réalisé depuis la fin des années 1960 dans les trois races porcines les plus représentées dans les stations de contrôle de descendance et de contrôle individuel, c'est-à-dire le Large White, le Landrace Français et le Landrace Belge.

MATÉRIEL ET MÉTHODES

1. Structure des données utilisées

a – Contrôle de descendance (C.D.)

L'effet du milieu est décrit par l'année de contrôle, la station et la quinzaine d'entrée. Le protocole de contrôle en station de C.D. n'a pas changé, à quelques détails près, pendant la

TABLEAU 1
STRUCTURE DES DONNÉES FOURNIES
PAR LES STATIONS DE CONTRÔLE DE DESCENDANCE

Race	Large White	Landrace Français	Landrace Belge
Période d'étude	1970-1981	1970-1981	1973-1981 (+)
Effectif d'animaux contrôlés	7 529	4 118	1 834
Nombre de cohortes :			
– de pères (première-dernière)	14 (1967-1980)	13 (1968-1980)	11 (1970-1980)
– de mères (première-dernière)	15 (1966-1980)	15 (1966-1980)	11 (1970-1980)
Nombre moyen de descendants par cohorte :			
– de pères	538	317	167
– de mères	502	275	167
Nombre moyen de pères par cohorte (++) . .	129 (19)	69 (11)	29 (10)
Nombre moyen de mères par cohorte	240	129	77

(+) Les données du C.D. antérieures à 1973 correspondent, pour le Landrace Belge, à un poids de fin de contrôle de 85 kg et n'ont donc pas été considérées.

(++) Le nombre moyen de pères utilisés plus d'un semestre est donné entre parenthèses.

TABLEAU 2
UN EXEMPLE DE RÉPARTITION DES COHORTES DE PÈRES ET DE MÈRES
EN FONCTION DE L'ANNÉE DE CONTRÔLE DES DESCENDANTS
(C.D., RACE LARGE WHITE, ANNÉES 1975-1980)

Nombre d'animaux	Année de contrôle						
	1975	1976	1977	1978	1979	1980	
Année de naissance du père	1972	16	—	2	—	—	—
	1973	272	34	—	2	—	—
	1974	130	255	56	7	—	—
	1975	—	221	256	34	4	—
	1976	—	2	269	396	56	23
	1977	—	—	—	289	406	47
	1978	—	—	—	4	406	498
	1979	—	—	—	—	—	478
Année de naissance de la mère	1970	4	2	—	—	—	—
	1971	10	6	2	—	—	—
	1972	68	16	12	—	—	—
	1973	178	95	28	8	—	—
	1974	158	209	110	30	2	2
	1975	—	184	259	128	36	6
	1976	—	—	172	314	143	33
	1977	—	—	—	250	362	146
1978	—	—	—	2	325	437	
1979	—	—	—	—	4	422	

période étudiée (1970-1981). Les stations de Jouy et La Minière ont fonctionné jusqu'en 1972, celle de Carmaux de 1976 à 1980 et celles de Mauron, Le Rheu, Le Deschaux et Le Transloy sur l'ensemble de la période. Les effectifs disponibles figurent au tableau 1 pour chaque race. Les facteurs génétiques sont l'année de naissance du père et celle de la mère ; les pères sont ainsi regroupés en « cohortes » en fonction de leur année de naissance, de même que les mères. Une même cohorte est représentée par des descendants en station pendant deux ou trois années successives (tableau 2). Cependant, le nombre de pères représentés par des descendants en station sur plus d'un semestre est faible. Le « chevauchement » des cohortes de pères et de mères est en moyenne de trois années : chaque cohorte paternelle (n) est surtout représentée par des descendants issus de mères des cohortes (n-1), (n) et (n+1).

b – Contrôle individuel (C.I.)

Les principales caractéristiques du fichier analysé figurent au tableau 3. Treize stations au total ont été utilisées sur tout ou partie de la période étudiée (1969-1981).

TABLEAU 3
STRUCTURE DES DONNÉES FOURNIES
PAR LES STATIONS DE CONTRÔLE INDIVIDUEL

Race	Large White	Landrace Français	Landrace Belge
Période d'étude	1969-1981	1969-1981	1972-1981
Effectif d'animaux contrôlés	34 887	16 779	5 362
Nombre de cohortes :			
– de pères (première-dernière)	15 (1966-1980)	14 (1967-1980)	12 (1969-1980)
– de mères (première-dernière)	17 (1964-1980)	15 (1966-1980)	13 (1968-1980)
Nombre moyen de descendants par cohorte :			
– de pères	2 326	1 199	447
– de mères	2 052	1 119	412
Nombre moyen de pères par cohorte (+)	346 (80)	169 (39)	63 (19)
Nombre moyen de mères par cohorte	834	451	159

(+) Le nombre moyen de pères utilisés plus d'un semestre est donné entre parenthèses.

La représentation des cohortes de pères ou de mères a la même structure que dans les stations de C.D. mais avec un étalement un peu plus long. Le « chevauchement » des cohortes de pères et de mères est d'environ quatre années : une cohorte paternelle (n) est en général représentée par des descendants issus de mères des cohortes (n-2), (n-1), (n) et (n+1).

2. Variables analysées

Parmi les caractères mesurés dans les stations de C.D. sur des femelles nourries à volonté, l'analyse complète a porté sur le gain moyen quotidien (de 35 à 100 kg), l'indice de consommation (calculé par lot de 2 sœurs), les poids de longe et de bardière, l'épaisseur de lard au rein, la longueur de carcasse et le pourcentage de muscle dans la carcasse avec tête, calculé d'après l'équation de POMMERET et NAVEAU (1979).

L'analyse des données recueillies en station de C.I. sur des mâles soumis à une alimentation de type semi-ad libitum a concerné les trois caractères intervenant dans l'indice de contrôle individuel appliqué de 1970 à 1980 : le gain moyen quotidien, l'indice de consommation et l'épaisseur moyenne de lard dorsal. La période de contrôle des stations de C.I. a varié dans le

temps (BRAULT et MOLENAT, 1981) : 30-80 kg en 1969-1970, 35-85 kg de 1971 à 1976, 35-90 kg de 1977 à 1981. En dépit de ces changements des poids de début et de fin de contrôle, il a été admis implicitement que, du point de vue génétique, ce sont les « mêmes » trois caractères qui ont été mesurés sur l'ensemble de la période d'étude. Notons cependant que pour l'estimation des évolutions phénotypiques annuelles, les calculs ont été réalisés de façon à obtenir des évolutions « corrigées » pour les variations de la période de contrôle.

3. Méthodes d'estimation des évolutions génétiques

a. Méthode de SMITH (1962)

Cette méthode repose sur la comparaison répétée sur plusieurs années des performances (S) des descendants d'un même père aux performances (P) des contemporains contrôlés en station. On suppose que les femelles accouplées chaque année au père répété ont la même valeur génétique moyenne que l'ensemble de leurs contemporaines. La différence entre S et P représente la moitié de la différence entre la valeur génétique du père répété (g_s), qui est constante, et la valeur génétique moyenne des pères de la population (g_p) qui évolue sous l'effet de la sélection :

$$D = S - P = 0,5 (g_s - g_p)$$

Le coefficient de régression de g_p sur l'année t correspond au progrès génétique annuel ΔG_a dans la population, supposé identique chez les pères et les mères :

$$b_{g_p.t} = \Delta G_a$$

d'où $b_{D.t} = -0,5 \Delta G_a$ et $\Delta G_a = -2b_{D.t}$

Une première source de biais dans cette méthode provient du fait que chez le porc, où la monte naturelle est le mode de reproduction de loin le plus répandu, les verrats les plus âgés sont généralement accouplés aux truies les plus âgées. On doit donc tenir compte du coefficient de régression x de l'âge des mères sur l'âge des pères (x est de l'ordre de 0,4 à 0,5) :

$$\Delta G_a = -2b_{D.t} / (1 + x) \quad (1)$$

Le progrès génétique risque d'autre part d'être surestimé si les pères répétés sont sélectionnés au lieu d'être choisis au hasard. Un facteur de correction (f) permet de tenir compte de l'effet de la sélection sur l'estimation de ΔG_a , et le calcul devient :

$$\Delta G_a = -2(b_{D.t} + f) / (1 + x) \quad (2)$$

L'équation (1) a été appliquée aux pères utilisés plus de 6 mois dans les stations de contrôle de descendance. L'équation (2) a été appliquée aux pères utilisés plus d'un an dans les stations de contrôle individuel car ils sont sélectionnés sur leurs premiers descendants ; les résultats ont été combinés avec ceux fournis par l'application de l'équation (1) aux pères utilisés plus de 6 mois et moins d'un an en contrôle individuel, qui sont considérés comme non sélectionnés.

b. Méthode d'estimation des différences entre cohortes parentales

Le chevauchement des « générations » dans la population permet de comparer dans les mêmes conditions de milieu les descendants de parents appartenant à des cohortes successives et d'estimer la valeur génétique moyenne de chaque cohorte de pères ou de mères. Dans le cas où la durée d'utilisation des reproducteurs dépend de leur valeur génétique, une même cohorte n'est pas représentée par le même échantillon de pères ou de mères au cours du temps et la valeur génétique moyenne de la cohorte ne peut être estimée exactement. Il est alors nécessaire de considérer l'effet du père ou de la mère dans l'estimation de l'effet « cohorte ». Nous avons appliqué le modèle mixte proposé par LUNDEHEIM et ERIKSSON (1984) et qui s'écrit de la façon suivante (les covariables poids initial et poids final du modèle ne sont pas données pour simplifier l'écriture) :

$$Y_{ijlmno} = \mu + a_i + g_j + f_l + V_{jm} + W_{l(jm)n} + E_{ijlmno}$$

où Y_{ijlmno} est la performance du $ijlmno^{\text{ème}}$ animal ;

μ est une constante commune à toutes les observations ;

a_i est l'effet fixé de la $i^{\text{ème}}$ bande de contrôle : la bande a la définition habituelle (combinaison de l'année de contrôle, de la station et de la quinzaine d'entrée) pour les données du contrôle de descendance ($i = 1, \dots, 228$, par exemple, en Large White), mais est définie par la combinaison de l'année et de la station seulement pour les données du contrôle individuel, afin de limiter le nombre de niveaux (par exemple, $i = 1, \dots, 151$ en Large White au lieu de $i = 1, \dots, 728$ avec la définition habituelle de la bande) ;

g_j est l'effet fixé de la $j^{\text{ème}}$ cohorte de pères ;

f_l est l'effet fixé de la $l^{\text{ème}}$ cohorte de mères ;

V_{jm} est l'effet aléatoire du $m^{\text{ème}}$ père de la $j^{\text{ème}}$ cohorte, de moyenne nulle et de variance σ^2_V ;

$W_{l(jm)n}$ est l'effet aléatoire de la $n^{\text{ème}}$ mère appartenant à la $l^{\text{ème}}$ cohorte et accouplée au $j^{\text{ème}}$ père, de moyenne nulle et de variance σ^2_W ;

$E_{ijklmno}$ est l'erreur résiduelle de moyenne nulle et de variance σ^2_E , supposée indépendante des effets aléatoires du modèle.

Les verrats et les truies sont supposés non apparentés entre eux et on fait l'hypothèse que la variance génétique n'a pas évolué sous l'effet de la sélection. Les composantes de variance (σ^2_V , σ^2_W et σ^2_E) utilisées pour l'analyse des données du contrôle de descendance ont été tirées de l'étude d'OLLIVIER *et al.* (1981) pour le Large White et le Landrace Français, et de l'étude de GOGUÉ et GUEBLEZ (1983) pour le Landrace Belge. Pour l'analyse des données du contrôle individuel, les valeurs de σ^2_V , σ^2_W et σ^2_E proviennent de l'étude d'OLLIVIER *et al.* (1980) pour le Large White et pour le Landrace Français, et de l'étude de GOGUÉ et GUEBLEZ (1983) pour le Landrace Belge.

La différence entre les estimées \hat{g}_j et \hat{g}_{j+1} des effets des cohortes de père j et $j+1$ représente la moitié de l'évolution génétique réalisée chez les pères entre les années j et $j+1$. Le progrès génétique annuel chez les pères (ΔG_{ag}) a été estimé par le double de la régression linéaire (b_g) des estimées \hat{g}_j sur le numéro j de la cohorte paternelle, soit :

$$\Delta G_{ag} = 2 b_g.$$

De même, on a chez les mères :

$$\Delta G_{af} = 2 b_f.$$

Une évolution génétique globale dans la population a été également calculée selon la relation :

$$\Delta G_a = b_g + b_f.$$

Les coefficients de régression b_g et b_f , ainsi que leur erreur-standard, ont été calculés en tenant compte des variances et covariances des estimées \hat{g}_j et \hat{f}_l .

RÉSULTATS

1. Race Large White

Les évolutions phénotypiques annuelles sont à peu près identiques pour les caractères similaires du C.I. et du C.D. : elles sont de l'ordre de + 9 g pour le gain moyen quotidien, - 0,03 point pour l'indice de consommation et - 0,5 mm pour l'épaisseur moyenne de lard dorsal.

Les estimations des évolutions génétiques annuelles figurent au tableau 4. L'analyse des données des stations de C.D. ne révèle aucune évolution génétique significative du GMQ et de l'IC. L'examen détaillé des effets « cohorte de pères » montre, en fait, une évolution non linéaire : elle apparaît défavorable au début de la période étudiée et plutôt favorable depuis l'année de naissance 1973. Le GMQ et l'IC mesurés dans les stations de C.I. ont évolué favorablement, surtout chez les cohortes de pères. L'amélioration génétique de la composition corporelle a été

nette, aussi bien d'après l'évolution des poids de longe et de bardière que des épaisseurs de lard mesurées sur la carcasse (stations de C.D.) et sur l'animal vivant (stations de C.I.). Le niveau génétique de la race Large White pour la teneur en muscle de la carcasse a augmenté de 0,4 à 0,5 point de pourcentage par an si l'on combine les estimées des deux méthodes. La longueur de carcasse a augmenté génétiquement d'environ 0,3 cm par an.

TABLEAU 4
ESTIMATIONS DES ÉVOLUTIONS GÉNÉTIQUES ANNUELLES
DANS LA RACE LARGE WHITE

Variable		Méthode de SMITH	Comparaison entre cohortes		
			Évolution chez les pères (2b _g)	Évolution chez les mères (2b _f)	Évolution globale (b _g + b _f)
G.M.Q. (g)	en C.D.	- 3,9 ± 5,8	- 5,2 ± 4,2	- 4,4 ± 2,7	- 4,8 ± 2,3 †
	en C.I.	+ 1,3 ± 1,4	+ 4,8 ± 1,7 *	+ 2,3 ± 1,1 †	+ 3,6 ± 0,9 **
I.C. (kg/kg)	en C.D.	- 0,029 ± 0,018	+ 0,007 ± 0,014	- 0,010 ± 0,009	0,001 ± 0,007
	en C.I.	- 0,011 ± 0,004 **	- 0,014 ± 0,005	- 0,008 ± 0,003 *	- 0,011 ± 0,002 ***
Épaisseur moyenne de lard en C.I. (mm)		- 0,18 ± 0,03 ***	- 0,32 ± 0,04 ***	- 0,28 ± 0,03 ***	- 0,30 ± 0,02 ***
Épaisseur de lard au rein en C.D. (mm)		- 0,89 ± 0,31 **	- 0,96 ± 0,27 **	- 0,71 ± 0,17 **	- 0,84 ± 0,15 ***
Poids de bardière (kg)		- 0,135 ± 0,045 ***	- 0,091 ± 0,038 *	- 0,100 ± 0,024 **	- 0,096 ± 0,021 ***
Poids de longe (kg)		+ 0,214 ± 0,040 ***	+ 0,087 ± 0,036 *	+ 0,050 ± 0,022 *	+ 0,069 ± 0,020 **
Pourcentage de muscle		+ 0,72 ± 0,18 ***	+ 0,39 ± 0,15 *	+ 0,33 ± 0,09 **	+ 0,36 ± 0,08 ***
Longueur de carcasse (cm)		+ 0,57 ± 0,16 ***	+ 0,37 ± 0,15 *	+ 0,11 ± 0,09	+ 0,24 ± 0,08 *

† : p < 0,10 * : p < 0,05 ** : p < 0,01 *** : p < 0,001.

L'évolution génétique des caractères de qualité de la viande n'est pas présentée en détail ici : mentionnons seulement que, chez le Large White, on observe une augmentation de l'indice de qualité de la viande (+ 0,17 point par an), due surtout à une augmentation du pH ultime (+ 0,014 point par an), les autres mesures n'évoluant pas de façon significative.

2. Race Landrace Français

Les évolutions phénotypiques annuelles sont de l'ordre de + 7 g pour le GMQ, - 0,025 point pour l'IC et - 0,4 mm pour l'épaisseur moyenne de lard dorsal.

Les estimations des évolutions génétiques annuelles figurent au tableau 5. Aucune évolution significative du GMQ n'apparaît d'après les données des stations de C.D., mais les tendances

observées sont favorables. La méthode de comparaison des cohortes parentales dans l'analyse des données des stations de C.I. montre une augmentation significative du niveau génétique du Landrace Français pour le gain moyen quotidien ; par contre, l'application de la méthode de SMITH à ces mêmes données conduit à une estimée non significative. Les évolutions génétiques de l'indice de consommation sont, quelle que soit la méthode d'estimation, négatives et donc favorables, toutefois elles ne sont significatives que dans le cas de la comparaison entre cohortes de mères dans les stations de C.D. comme de C.I. Les évolutions observées pour l'épaisseur de lard dorsal et les poids de longe et de bardière sont toujours plus favorables chez les cohortes de mères que chez les cohortes de pères : on observe même chez ces dernières une tendance défavorable pour le poids de longe. On peut remarquer que les résultats de la méthode de SMITH, correspondant théoriquement à l'évolution génétique chez les pères, ne sont significatifs que pour l'épaisseur de lard dorsal en station de C.I. L'évolution génétique globale dans la population Landrace Français est significative en ce qui concerne l'épaisseur de lard dorsal dans les stations de C.I. (0,2 mm par an). La teneur en muscle de la carcasse a augmenté significativement chez les cohortes de mères de + 0,36 point de pourcentage par an.

Les résultats des différentes méthodes d'estimation sont contradictoires pour l'évolution génétique de l'indice de qualité de la viande.

TABLEAU 5
ESTIMATIONS DES ÉVOLUTIONS GÉNÉTIQUES ANNUELLES
DANS LA RACE LARGE LANDRACE FRANÇAIS

Variable		Méthode de SMITH	Comparaison entre cohortes		
			Évolution chez les pères (2b _g)	Évolution chez les mères (2b _f)	Évolution globale (b _g + b _f)
G.M.Q. (g)	en C.D.	+ 8,3 ± 5,8	+ 2,5 ± 6,1	+ 1,2 ± 3,5	+ 1,8 ± 3,1
	en C.I.	- 3,2 ± 1,8 †	+ 2,4 ± 2,3	+ 2,7 ± 1,5 †	+ 2,5 ± 1,1 *
I.C. (kg/kg)	en C.D.	- 0,028 ± 0,016	- 0,009 ± 0,020	- 0,028 ± 0,012 *	- 0,019 ± 0,010 †
	en C.I.	- 0,002 ± 0,006	- 0,003 ± 0,007	- 0,014 ± 0,005 *	- 0,009 ± 0,003 *
Épaisseur moyenne de lard en C.I. (mm)		- 0,10 ± 0,04 *	- 0,15 ± 0,06 *	- 0,25 ± 0,04 ***	- 0,20 ± 0,03 ***
Épaisseur de lard au rein en C.D. (mm)		- 0,10 ± 0,31	- 0,14 ± 0,40	- 0,36 ± 0,23	- 0,25 ± 0,20
Poids de bardière (kg)		- 0,055 ± 0,045	- 0,017 ± 0,060	- 0,069 ± 0,031 *	- 0,043 ± 0,028
Poids de longe (kg)		+ 0,001 ± 0,046	- 0,075 ± 0,052	+ 0,081 ± 0,032 *	+ 0,003 ± 0,027
Pourcentage de muscle		+ 0,27 ± 0,20	- 0,13 ± 0,21	+ 0,36 ± 0,12 *	+ 0,11 ± 0,11
Longueur de carcasse (cm)		- 0,04 ± 0,17	+ 0,30 ± 0,21	+ 0,14 ± 0,12	+ 0,22 ± 0,11 †

† : p < 0,10 * : p < 0,05 ** : p < 0,01 *** : p < 0,001.

3. Race Landrace Belge

Les évolutions phénotypiques annuelles sont de l'ordre de + 3 g pour le GMQ, - 0,025 point pour l'IC et - 0,25 mm pour l'épaisseur moyenne de lard dorsal : les évolutions phénotypiques semblent donc moins marquées pour le Landrace Belge que pour le Large White ou le Landrace Français, notamment pour le GMQ et l'épaisseur de lard dorsal.

TABLEAU 6
ESTIMATIONS DES ÉVOLUTIONS GÉNÉTIQUES ANNUELLES
DANS LA RACE LANDRACE BELGE

Variable		Méthode de SMITH	Comparaison entre cohortes		
			Évolution chez les pères (2b _g)	Évolution chez les mères (2b _f)	Évolution globale (b _g + b _f)
G.M.Q. (g)	en C.D.	- 3,3 ± 4,8	- 5,6 ± 6,9	+ 6,7 ± 3,9	+ 0,5 ± 3,5
	en C.I.	- 4,0 ± 2,4 †	+ 0,8 ± 3,6	- 4,2 ± 2,5 ***	- 1,7 ± 1,8 *
I.C. (kg/kg)	en C.D.	- 0,027 ± 0,017	+ 0,008 ± 0,021	- 0,039 ± 0,011 **	- 0,015 ± 0,010
	en C.I.	- 0,014 ± 0,007 *	+ 0,019 ± 0,009 †	+ 0,003 ± 0,007	+ 0,011 ± 0,005 *
Épaisseur moyenne de lard en C.I. (mm)		- 0,24 ± 0,05 ***	- 0,15 ± 0,08 †	- 0,18 ± 0,05 **	- 0,16 ± 0,04 **
Épaisseur de lard au rein en C.D. (mm)		- 0,59 ± 0,22 **	- 0,20 ± 0,40	- 0,44 ± 0,21 †	- 0,32 ± 0,20
Poids de bardière (kg)		- 0,097 ± 0,034 **	- 0,063 ± 0,054	- 0,012 ± 0,029	- 0,037 ± 0,027
Poids de longe (kg)		+ 0,073 ± 0,040 †	+ 0,022 ± 0,063	+ 0,059 ± 0,034	+ 0,041 ± 0,031
Pourcentage de muscle		+ 0,42 ± 0,15 **	+ 0,31 ± 0,23	+ 0,21 ± 0,12	+ 0,26 ± 0,12 †
Longueur de carcasse (cm)		+ 0,16 ± 0,16	+ 0,36 ± 0,27	+ 0,19 ± 0,15	+ 0,27 ± 0,14

† : p < 0,10 * : p < 0,05 ** : p < 0,01 *** : p < 0,001.

Les estimations des évolutions génétiques annuelles figurent au tableau 6. Il n'apparaît pas d'évolution génétique significative du GMQ d'après les données des stations de C.D. comme de C.I. Les résultats concernant l'indice de consommation sont contradictoires. On observe dans les stations de C.D. une évolution non linéaire chez les cohortes de pères, plutôt favorables depuis 1973, et une amélioration chez les cohortes de mères. Par contre, l'évolution génétique est défavorable chez les cohortes de pères et de mères représentées en C.I., alors que les résultats de la méthode de SMITH sont, en C.I. comme en C.D., plutôt favorables.

La composition corporelle paraît s'améliorer nettement d'après les résultats de la méthode de SMITH avec un gain génétique annuel de 0,4 point de pourcentage pour la teneur

en muscle alors qu'aucune évolution génétique significative n'apparaît chez les cohortes de pères dans les stations de C.D. La comparaison des cohortes de pères et de mères montre une diminution significative de l'épaisseur de lard dans les stations de C.D. comme dans les stations de C.I. L'évolution génétique globale est significative pour la teneur en muscle de la carcasse (+ 0,27 point de pourcentage par an).

Aucune évolution génétique significative n'a été trouvée pour les critères de qualité de la viande.

DISCUSSION

1. Commentaires sur les méthodes d'estimation

Il importe de souligner en premier lieu qu'en dépit du volume important de données disponibles, notamment dans les stations de C.I., les évolutions génétiques ne sont pas estimées avec une bonne précision avec les méthodes utilisées. Ceci n'est pas surprenant : ce type d'analyse a posteriori de données recueillies sans qu'il y ait de dispositif vraiment planifié est connu pour fournir des estimations de progrès génétique beaucoup moins précises que les méthodes mises en place spécifiquement dans ce but (lignée-témoin, semence congelée, etc.) : voir, par exemple, les comparaisons théoriques de SMITH (1962) et TIXIER et OLLIVIER (1984). Par ordre de précision décroissante, les méthodes se classent de la façon suivante : la comparaison entre les cohortes de pères et de mères ($b_g + b_f$), la comparaison entre les cohortes de mères ($2 b_f$), la comparaison entre les cohortes de pères ($2 b_g$) et la méthode de SMITH. L'étalement plus grand de l'utilisation des cohortes de mères permet d'obtenir des résultats relativement plus précis que pour les cohortes de pères. Chez le Landrace Belge, la précision relative de la méthode de SMITH est assez bonne car la durée moyenne d'utilisation des pères est plus élevée que dans les deux autres races.

Les quatre estimations d'évolution génétique annuelle obtenues pour chaque caractère sont assez cohérentes chez le Large White et le Landrace Français, un peu moins chez le Landrace Belge. Les estimées basées sur les effets « cohorte de pères » et « cohorte de mères » diffèrent rarement de façon significative. Un effet éventuel de l'âge de la mère sur les performances de leurs descendants peut conduire à une estimation biaisée du progrès génétique dans le cas de la comparaison entre cohortes de mères. Ce biais pourrait être non négligeable pour le GMQ : ce caractère est affecté par le numéro de portée de la mère, dans le sens d'un effet défavorable de la 1^{ère} portée, selon SCHNEIDER *et al.* (1982), WILLEKE et RICHTER (1979) et STANDAL (1973) et il s'ensuit que le progrès génétique déduit de la comparaison entre cohortes de mères tend à être sous-estimé. On remarque en effet que l'évolution génétique annuelle du GMQ chez les cohortes de mères représentées dans les stations de C.I. est toujours inférieure à celle trouvée chez les cohortes de pères.

Une évolution non linéaire des effets « cohortes », avec notamment une inversion de tendance, peut être liée au fait que les premières cohortes étudiées sont représentées par un petit nombre de pères qui ne constituent peut-être pas un échantillon représentatif de leur année de naissance. Il existe en effet une sélection des pères représentés pendant plus d'un semestre dans les stations de C.I., pour les trois races étudiées. Les effets de cette sélection sur les estimations du progrès génétique ne peuvent être « corrigés » que si les premiers descendants des pères sont présents dans les données analysées. Cette condition n'est pas réalisée pour les premières cohortes dont la valeur génétique risque d'être surestimée.

2. Commentaires sur les résultats

Les évolutions génétiques estimées sont en général comparables aux évolutions phénotypiques observées pour les caractères de composition corporelle, mais sont inférieures à elles — et parfois même de signe opposé — pour les caractères de croissance. Ces derniers caractères, moins hérissables que les premiers, ont été sans doute plus affectés par l'évolution des conditions de

milieu en station : les caractéristiques de composition des aliments utilisés (notamment du point de vue de la concentration énergétique) et l'état sanitaire des animaux sont les principaux facteurs à invoquer mais leur évolution de 1969 à 1981 est difficile à décrire avec précision.

Par rapport aux résultats obtenus antérieurement chez le Large White par OLLIVIER (1974) pour la période 1953-1966 et par HOUIX *et al.* (1978) pour la période 1965-1973, on constate un ralentissement important du progrès génétique pour le GMQ et l'IC. Par contre, l'évolution génétique de la teneur en muscle de la carcasse reste de l'ordre de + 0,5 p. cent par an, comme dans l'étude de HOUIX *et al.* (1978). La diminution de l'épaisseur de lard dorsal s'accompagne d'une diminution du poids de bardière mais aussi du poids de panne, ce qui traduit bien une diminution de la quantité totale de gras dans la carcasse.

3. Progrès génétique réalisé et progrès génétique « attendu »

Le calcul du progrès génétique « attendu » dans une population nationale n'est pas une tâche facile, d'abord parce que certains des paramètres génétiques nécessaires au calcul (en particulier des corrélations génétiques) ne sont pas connus avec une bonne précision, ensuite et surtout parce que l'effort de sélection effectivement appliqué est difficile à évaluer. Dans une expérience de sélection en troupeau expérimental, le critère de sélection est unique et constant, l'intensité de sélection (i) et l'intervalle de génération (t) sont connus. Par contre, dans les élevages de sélection d'une population nationale, les critères de choix des reproducteurs sont multiples (indice de contrôle individuel en station, indice de contrôle en ferme, etc.), les intensités de sélection et les taux de renouvellement annuel des reproducteurs ne sont pas connus avec précision.

En dépit de ces difficultés, il a semblé utile de tenter un calcul des évolutions génétiques attendues pour les caractères du C.I. et du C.D., en supposant que le critère de sélection est l'indice de contrôle individuel des verrats appliqué en France de 1970 à 1980 et en faisant une hypothèse « raisonnable » sur l'effort de sélection i/t (tableau 7). Les paramètres génétiques

TABLEAU 7
COMPARAISON DES ÉVOLUTIONS GÉNÉTIQUES ESTIMÉES
AUX RÉPONSES ATTENDUES A LA SÉLECTION APPLIQUÉE DE 1970 A 1980

Caractère	Réponse annuelle attendue (a)	Évolution génétique annuelle estimée (b)		
		Race Large White	Race Landrace Français	Race Landrace Belge
G.M.Q. (g)	+ 4,5	65	62	*
C.I. I.C. (kg/kg)	- 0,017	65	45	*
Épaisseur moyenne de lard (mm)	- 0,24	110	83	80
G.M.Q. (g)	+ 2,2	*	107	*
I.C. (kg/kg)	- 0,016	18	135	113
Poids de longe (kg)	+ 0,052	188	5	107
C.D. Poids de bardière (kg)	- 0,075	137	63	85
Épaisseur de lard au rein (mm)	- 0,47	181	42	98
P. cent de muscle	+ 0,29 (c)	145	53	113
Longueur de carcasse (cm)	+ 0,06	510	223	363

(a) Valeur correspondant à un effort de sélection $i/t = 0,3$ ($i = 0,7$; $t = 2,3$).

(b) Évolution exprimée en p. cent de la réponse attendue et obtenue par la combinaison des résultats de la méthode de SMITH et de la comparaison entre cohortes parentales ($b_g + b_f$).

(c) Calculée de façon approximative à partir des réponses attendues sur les caractères de l'équation de prédiction du pourcentage du muscle.

* L'évolution génétique estimée est de signe opposé à la réponse attendue.

estimés dans les stations de C.I. sur la période 1969-1978 (TIBAU i FONT et OLLIVIER, 1984) ont été utilisés pour calculer les réponses « directes » attendues pour les trois caractères du C.I. Les paramètres génétiques des caractères du C.D. sur la période 1970-1978 (TIBAU i FONT et OLLIVIER, 1984) et les corrélations génétiques entre les caractères du C.I. et du C.D. (GUEBLEZ, 1982) ont permis de calculer les réponses « indirectes » attendues pour les caractères du C.D. Il est à remarquer que le calcul des réponses attendues sur les caractères du C.I. est plus précis que celui des réponses attendues sur les caractères du C.D. : ces dernières sont en effet fortement dépendantes des corrélations génétiques entre caractères du C.I. et du C.D., qui sont estimées de façon assez peu précise (GUEBLEZ, 1982).

L'ordre de grandeur des évolutions génétiques estimées, quand on les exprime relativement aux réponses attendues à la sélection, est assez variable pour les performances du C.D. et beaucoup plus homogène pour les performances du C.I. (tableau 7). On constate que les caractères d'adiposité ont apparemment mieux répondu à la sélection que les caractères de croissance. La réponse corrélative sur la longueur de carcasse est importante dans les trois races. Il est possible que les pressions de sélection appliquées aux différents caractères de l'indice de contrôle individuel aient été différentes de la prévision. De plus, l'introduction de verrats étrangers rend plus difficile la prédiction de l'évolution génétique car on ignore souvent les modalités de la sélection de ces animaux. Or l'immigration est un phénomène constant chez le Landrace Belge et la part des verrats importés peut représenter jusqu'à 50 p. cent de l'ensemble des pères dans certaines cohortes. Elle a également existé chez le Large White et le Landrace Français jusqu'en 1977 mais a très peu compté ensuite.

CONCLUSION

De cette analyse des données recueillies dans les stations de contrôle individuel et de contrôle de descendance, sur une période allant de 9 à 13 ans selon la race et le type de contrôle, on peut tirer deux enseignements majeurs qui résument bien, semble-t-il, l'ensemble des résultats :

- un progrès génétique significatif a été réalisé sur les caractères de composition corporelle et ceci sans dégradation notable de la qualité de la viande ;
- le niveau génétique de ces mêmes races pour les caractères de croissance (gain moyen quotidien, indice de consommation) a, par contre, nettement moins progressé.

Ces résultats sont, il faut le souligner, assez peu précis et il sera intéressant de les rapprocher des résultats à venir de la comparaison entre les descendants de verrats nés en 1977 (dont la semence avait été congelée) et les descendants de verrats nés en 1982. Il pourra alors être envisagé une révision éventuelle des modalités de la sélection du porc sur les caractères de croissance et de carcasse.

REMERCIEMENTS

Nos remerciements vont d'abord aux Directeurs de station qui ont assuré de façon régulière la collecte des données et à toutes les personnes qui ont ensuite participé à la mise en forme des fichiers. Nous remercions également nos collègues suédois, Nils LUNDEHEIM et Jan-Ake ERIKSSON, qui ont aimablement fourni le programme de calcul du modèle mixte. Le concours de Bernard BONAITI et Christian FELGINES pour l'implantation de ce programme au C.T.I.G. de Jouy-en-Josas aura été particulièrement précieux.

BIBLIOGRAPHIE

- BRAULT D., MOLENAT M., 1981. Bull. Tech. Dép. Génét. anim., I.N.R.A., **84**, 87 pages.
- CHESNAIS J., 1973. Mémoire de stage, Département de Génétique animale, I.N.R.A. 14 pages.

- GOGUÉ J., GUEBLEZ R., 1983. *Techni-Porc*, 6 (3), 7-13.
- GUEBLEZ R., 1982. Mémoire de stage, Station de Génétique quantitative et appliquée, I.N.R.A., 13 pages + annexes.
- HOUIX Y., DANDO P., SELLIER P., 1978. *Ann. Génét. Sél. anim.*, 10, 557-568.
- LUNDEHEIM N., ERIKSSON J.A., 1984. *Acta Agric. Scand.*, 34, 97-106.
- NAVEAU J., 1971. *Bull. I.T.P.*, 1971/3, 13-16.
- OLLIVIER L., 1974. *Ann. Génét. Sél. anim.*, 6, 477-492.
- OLLIVIER L., DERRIEN A., MOLENAT M., 1980. *Techni-Porc*, 3 (1), 7-12.
- OLLIVIER L., DERRIEN A., MOLENAT M., 1981. *Journées Rech. Porcine en France*, 13, 293-298.
- OLLIVIER L., LEGAULT C., MOLENAT M., SELLIER P., 1978. *Journées Rech. Porcine en France*, 10, 27-41.
- POMMERET D., NAVEAU J., 1979. I.T.P., Centre Expérimental de Sélection Porcine de Maxent, rapport 79-06, 14 pages.
- SCHNEIDER J.F., CHRISTIAN L.L., KUHLEERS D.L., 1982. *J. Anim. Sci.*, 54, 728-738.
- SMITH C., 1962. *Anim. Prod.*, 4, 239-251.
- STANDAL N., 1973. *Acta Agric. Scand.*, 23, 225-231.
- TIBAU i FONT J., OLLIVIER L., 1984. *Bull. Tech. Dép. Génét. anim.*, I.N.R.A. n° 37, 69 pages.
- TIXIER M., OLLIVIER L., 1984. In : *Les Colloques de l'I.N.R.A., « Insémination artificielle et amélioration génétique : bilan et perspectives critiques »*, I.N.R.A. éd, sous presse.
- WILLEKE H., RICHTER I., 1979. *Z. Tierzüchtg. ZüchtgsBiol.*, 96, 38-43.