

# Présentation du dispositif collectif français d'évaluation génétique porcine pour les caractères de production et de reproduction

T. TRIBOUT (1), J.P. BIDANEL (2), H. GARREAU (2), J.Y. FLEHO (1), R. GUÉBLEZ (1), Marie-Hélène LE TIRAN (1),  
B. LIGONESCHE (1), P. LORENT (1), A. DUCOS (3)

(1) I.T.P., Pôle Amélioration de l'Animal - BP 3, 35651 Le Rheu Cedex

(2) I.N.R.A., Station de Génétique Quantitative et Appliquée - 78352 Jouy-en-Josas Cedex

(3) École Nationale Vétérinaire de Toulouse - 23, chemin des Capelles, 31076 Toulouse

## **Présentation du dispositif collectif français d'évaluation génétique porcine pour les caractères de production et de reproduction**

Un dispositif d'évaluation génétique fondé sur la méthodologie du BLUP-modèle animal a été mis en place en France pour estimer les valeurs génétiques pour les caractères de production et de reproduction des porcs contrôlés en ferme et dans les stations publiques de contrôle des performances. Ce dispositif comprend une évaluation hebdomadaire pour les caractères de production, et une évaluation mensuelle pour la reproduction, ces deux applications étant conduites indépendamment. Des valeurs génétiques intra-élevage sont également calculées en ferme en combinant les résultats de la dernière évaluation nationale avec les performances des jeunes candidats mâles et femelles contrôlés en élevage. Les objectifs de sélection, les modèles utilisés, ainsi que l'organisation de l'ensemble du dispositif sont décrits.

## **Continuous genetic evaluation of on farm and station tested pigs for production and reproduction traits in France**

A continuous genetic evaluation system has been implemented in France to estimate breeding values of on farm and station tested pigs for production and reproduction traits using a multiple trait animal model. A weekly evaluation is performed using data for production traits. A genetic evaluation for litter size is performed independently every month. Within herd estimated breeding values are computed by combining results from the last national evaluation and the performance of on-farm tested young pigs. Breeding objectives, models used, and details on both genetic evaluations are described.

## INTRODUCTION

Le BLUP appliqué au modèle animal est devenu en quelques années la méthode de référence pour l'estimation des valeurs génétiques dans la plupart des espèces d'animaux d'élevage. En France, l'ITP et l'INRA ont conjointement mis en place depuis 1993 un programme national d'évaluation génétique chez le porc pour les caractères de production et de reproduction fondé sur cette méthodologie statistique. Cet article décrit les principales caractéristiques de ce dispositif national collectif.

## 1. OBJECTIFS DE SÉLECTION ET PERFORMANCES PRISES EN COMPTE

### 1.1. Structure des populations évaluées

En France, l'étage de sélection du dispositif d'amélioration génétique porcin comprend environ 18000 truies réparties dans 150 élevages, organisés pour la plupart en Organisations de Sélection Porcines (OSP). Le programme national d'évaluation génétique concerne les quatre types génétiques sélectionnés collectivement, le Large White type mâle (LWM - 800 truies), le Large White type femelle (LWF - 6480 truies), le Landrace Français (LF - 4215 truies) et le

Piétrain (PP - 930 truies), soit un peu plus des deux tiers des effectifs de truies en sélection.

### 1.2. Objectifs de sélection

L'objectif de sélection actuel est une combinaison linéaire du gain moyen quotidien (GMQ) et de l'indice de consommation entre 35 et 100 kg (IC), de la teneur en viande maigre (TVM), du rendement de la carcasse (REND), de l'indice de qualité de la viande (IQV), et, dans les deux lignées femelles (LWF et LF), du nombre total de porcelets nés par portée (NTOT). L'IQV est un prédicteur du rendement technologique de la fabrication du jambon de Paris (GUÉBLEZ et al., 1990). La TVM remplace depuis novembre 1997 le pourcentage de muscle de la carcasse (MÉTAYER et DAUMAS, 1998) ; la corrélation génétique entre ces deux caractères est proche de 1 (GARREAU et al. 1998, à paraître). Les pondérations économiques appliquées dans les différents types génétiques (tableau 1) ont été déterminées à l'aide de modèles économiques (DUCOS, 1994), à l'exception de la pondération de l'IQV qui a été fixée afin de maintenir le niveau de qualité de la viande constant au cours du temps. La pondération du GMQ a été rehaussée dans le but de ne pas diminuer la consommation alimentaire, corrélée défavorablement avec les caractères de composition de la carcasse, mais favorablement avec la croissance (LABROUE, 1996).

**Tableau 1** - Pondérations économiques des caractères élémentaires entrant dans l'objectif de sélection des populations Large White type mâle (LWM) et type femelle (LWF), Landrace Français (LF) et Piétrain (PP)

Caractère (1)	GMQ (g/j)	IC	REND (%)	TVM (%)	IQV	NTOT
LWM	0,243	-109	13	12	25	0
PP	0,243	-109	13	4	13	0
LWF, LF	0,243	-109	13	4	13	30

(1) GMQ, IC, REND, TVM, IQV, NTOT = respectivement, gain moyen quotidien et indice de consommation entre 35 et 100 kg, rendement de carcasse, teneur en viande maigre, indice de qualité de la viande et nés totaux par portée

### 1.3. Contrôle des performances

Le dispositif collectif d'amélioration génétique français s'appuie sur un contrôle des performances en ferme et en station publique. Jusqu'en 1996, les stations accueillait des jeunes mâles candidats - parmi lesquels étaient choisis les verrats d'insémination artificielle - et leurs collatéraux abattus à la fin du contrôle. Pour des raisons sanitaires, les futurs mâles d'IA sont désormais recrutés parmi l'ensemble des candidats contrôlés en ferme, et les trois stations publiques n'accueillent plus que des collatéraux abattus. Des résultats de simulations (MAGNEL et al., 1997) ont montré que les pertes de progrès génétique dues à cette modification du dispositif de sélection sont négligeables.

#### 1.3.1. Contrôle des candidats en ferme

Les individus mâles et femelles contrôlés en ferme sont conduits en bandes, en loges de 10 à 15, et nourris ad libitum. Une bande est définie comme un groupe d'au moins dix-huit individus, d'un même sexe, nés au cours d'une

même quinzaine. Les contrôles débutent vers l'âge de 70 jours, et terminent aux environs de 155 jours pour les LW et LF, et 165 jours pour les PP. Les animaux sont alors pesés (dans la plupart des cas le même jour, ou plus rarement sur plusieurs dates étalées sur moins de dix jours), et six mesures d'épaisseur de lard dorsal sont réalisées à l'aide d'un appareil à ultrasons, à quatre centimètres de la colonne vertébrale, au niveau des reins, du dos et de l'épaule. Les performances sont ajustées pour calculer un âge à 100 kg (AGE100) en tenant compte de la moyenne des performances de croissance de la bande, ainsi qu'une épaisseur de lard à 100 kg (ELD100) (JOURDAIN et al., 1989).

#### 1.3.2. Contrôle en station

Jusqu'en 1996, les jeunes mâles candidats étaient contrôlés de 35 à 95 kg, et nourris ad libitum. Les consommations alimentaires étaient individuellement enregistrées à l'aide d'automates d'alimentation ACEMO 48, comme décrit par LABROUE et al. (1993). A la fin des contrôles, on calculait pour chaque individu un gain moyen quotidien (GMQc), une

épaisseur de lard dorsal (ELD) et un indice de consommation (IC).

Les collatéraux (castrats en LWF, LWM et LF, mâles entiers en PP) sont contrôlés de 35 à 100 kg de poids vif, et nourris ad libitum. Une pesée unique est réalisée en début et en fin de contrôle. La consommation alimentaire durant les tests est enregistrée individuellement. Les animaux sont abattus dans la semaine qui suit leur dernière pesée, et une découpe standardisée d'une moitié de la carcasse est réalisée. On estime la TVM à partir des poids de trois morceaux de découpe exprimés en proportion du poids de la demi-carcasse à partir des équations : (MÉTAYER et DAUMAS, 1998)

$TVM = 3,220 + 1,144(\% \text{jambon}) + 1,246(\% \text{longe}) - 0,920(\% \text{barrière})$

pour les individus dont la carcasse a été découpée selon la Découpe Hollandaise Normalisée (jusqu'en septembre 1997)

$TVM = 5,684 + 1,197(\% \text{jambon}) + 1,076(\% \text{longe}) - 1,059(\% \text{barrière})$

pour les individus dont la carcasse a été découpée selon la nouvelle présentation sans panne, ni rognon, ni diaphragme (depuis octobre 1997).

Des mesures de qualité de la viande sont prises sur le jambon le jour suivant l'abattage :

- 1) le pH ultime du muscle Semi membranosus (pHu)
- 2) le temps (en dizaines de secondes) d'imbibition d'un morceau de papier pH d'environ 1 cm<sup>2</sup> posé sur la surface fraîchement coupée du muscle Gluteus superficialis (IMB)
- 3) la réflectance du muscle Gluteus superficialis, obtenue à partir de la valeur L\* (indice de clarté) fournie par le chromatomètre Minolta CR-300.

On calcule l'IQV selon l'équation établie par l'Institut Technique du Porc (1993) :

$$IQV = -41 + 11,01 \text{pHu} + 0,105 \text{IMB} - 0,231 L^*$$

Chaque collatéral abattu a donc cinq performances : GMQ, IC, TVM, REND et IQV.

Les informations relatives aux tailles de portées des femelles sont enregistrées dans les élevages de sélection (18000 et 10000 portées par an en LWF et LF, respectivement) et de multiplication (36000 et 20000 portées par an en LWF et LF, respectivement).

**Tableau 2.-** Effectifs d'individus nés en 1996 contrôlés dans les stations publiques et en ferme dans les populations Large White type mâle (LWM) et type femelle (LWF), Landrace Français (LF) et Piétrain (PP) pour les caractères de production

Effectifs	LWF	LF	LWM	PP
Collatéraux mis en station	1850	960	430	150
Candidats mâles en ferme	13200	8500	2870	2850
Candidats femelles en ferme	43600	25750	6340	2920

## 2. CIRCULATION DE L'INFORMATION ET TRAITEMENT DES DONNÉES

Le circuit mis en place dans les années 70 pour les échanges de données de gestion technique (GTTT - GTE) s'avérant trop lent, un réseau entièrement nouveau, totalement informatisé, a été mis en place. Les données sont saisies directement sur l'élevage si l'éleveur est équipé d'un ordinateur, ou par un technicien du groupement auquel il adhère. Des logiciels de gestion génétique ont été spécialement développés pour assurer une qualité maximale de l'information ; les performances et événements saisis sont en effet contrôlés sur leur forme et leur cohérence par rapport à l'ensemble des données de l'élevage. Chaque OSP est responsable de la centralisation et de l'envoi à l'ITP des données de ses élevages adhérents. Ces données, ainsi que celles des stations publiques (également équipées d'un logiciel spécialisé) et des centres d'IA, sont transmises sous un format normalisé appelé " Vecteur Standard d'Information " (ou VSI) par modem, ou, de moins en moins, sur support disquettes. Une fois réceptionnés par l'ITP, les envois font l'objet d'un second contrôle, en particulier pour détecter d'éventuelles discontinuités dans les transmissions. Les VSI sont ensuite envoyés au

Centre de Traitement de l'Information Génétique (CTIG) de l'INRA de Jouy en Josas par voie télématique pour la mise à jour de la base de données génétiques nationale porcine. Les informations y sont filtrées une troisième fois, par confrontation avec l'ensemble des données nationales. Les rejets sont renvoyés aux éleveurs via leur OSP pour correction ou confirmation. Les informations des élevages de multiplication ne transmettant pas par le réseau génétique sont périodiquement extraites de la base GTTT afin d'être prises en compte dans l'évaluation nationale « reproduction ».

Des programmes ont été développés pour automatiser la préparation des fichiers nécessaires à l'évaluation génétique, ainsi que la mise en forme des résultats. L'évaluation est réalisée à l'aide du logiciel PEST (GROENEVELD, 1990). À l'issue des calculs, les VSI contenant les valeurs génétiques estimées (VGE) et leur précision, calculée à l'aide d'un programme spécifique, sont envoyés aux OSP, aux stations de contrôle et aux centres d'IA par disquettes ou par modem. En routine, ce circuit permettra aux éleveurs de disposer des VGE des individus entre 3 et 10 jours après la fin de leur contrôle.

### 3. L'ÉVALUATION GÉNÉTIQUE

#### 3.1. Fonctionnement général du dispositif

Dès la fin des contrôles d'une bande en ferme, les poids et épaisseurs de lard des individus sont saisis et transmis au site central. À partir des résultats de la dernière évaluation nationale et de ces performances, des valeurs génétiques provisoires sont calculées par le logiciel de gestion génétique de l'élevage pour l'ensemble des individus de la bande. Elles permettent une première élimination des individus les moins performants. Les ultimes décisions de sélection sont prises quelques jours plus tard au vu des résultats nationaux.

#### 3.2. L'évaluation nationale

##### 3.2.1. Caractères pris en compte

Une évaluation génétique « combinée » prenant en compte les performances de production mesurées en ferme et dans les stations publiques est réalisée mensuellement dans chaque race (l'objectif étant une fréquence hebdomadaire). Neuf caractères sont considérés : AGE100 et ELD100 mesu-

rés sur les candidats mâles et femelles contrôlés en ferme, GMQ, IC, REND, TVM et IQV mesurés sur les collatéraux abattus, et GMQc, IC et ELD des candidats contrôlés en station jusqu'en 1996. Une évaluation génétique "reproduction", indépendante de la précédente, est réalisée tous les mois en LW et LF à partir des mesures de taille de portée (NTOT) recueillies dans les élevages de sélection et de multiplication.

##### 3.2.2. Volumes d'information utilisés

Une partie des propriétés du BLUP (prise en compte de la diminution de la variance génétique due à la sélection ou aux accouplements dirigés) n'est totalement vérifiée que si l'ensemble des généalogies et des performances mesurées depuis le début de la sélection de la population sont incluses dans l'évaluation génétique. Des études préliminaires (DUCOS, 1994) ont toutefois montré que l'élimination de l'information la plus ancienne a des effets négligeables sur l'évaluation génétique des individus, tout en réduisant fortement les temps de calculs. En pratique, on utilise uniquement cinq générations d'ancêtres, et les cinq et dix dernières années de performances pour les évaluations « combinée » et "reproduction", respectivement.

**Tableau 3** - Volumes d'information utilisés dans l'évaluation "combinée" et l'évaluation "reproduction"

	Large White	Landrace Français	Piértrain
<b>Évaluation « combinée »</b>			
<b>Nombre d'individus évalués</b>	400000	215000	38400
<b>Nombre d'individus contrôlés</b>	372000	200000	33800
<b>Évaluation « reproduction »</b>			
<b>Nombre d'individus évalués</b>	183500	99200	
<b>Nombre de portées utilisées</b>	529500	291000	

##### 3.2.3. Modèles d'analyse

L'évaluation génétique est réalisée à partir d'un modèle animal multicaractère (DUCOS et al., 1992). Le modèle comprend les effets fixés de la combinaison station x année x bande (pour les caractères mesurés en station à l'exception de l'IQV) ou élevage x année x bande (pour les caractères mesurés en ferme), du sexe (ensemble des caractères station) et du groupe de parents inconnus (combinaison de l'origine géographique et de l'année de naissance des individus d'ascendance non renseignée) pour l'ensemble des caractères. En raison de la faible taille des séries d'abattage dans chaque race, les performances d'IQV sont corrigées avant l'évaluation génétique pour l'effet de la série d'abattage estimé en considérant simultanément l'ensemble des données des collatéraux de race LWF, LWM, LF et PP dans un modèle linéaire à effets fixés. Le modèle inclut également comme covariable le poids en début de contrôle (pour GMQ) et le poids d'abattage (pour TVM, REND et IQV), ainsi que les effets aléatoires de l'environnement commun aux individus issus d'une même portée et de la valeur génétique additive de l'animal.

La taille de portée est analysée avec un modèle animal à répétabilité. Il comprend les effets fixés de la combinaison élevage x année x type de fertilisation (EAT), du mois de mise bas, du rang de portée de la truie et du groupe de parents inconnus, les effets aléatoires de la valeur génétique additive de l'animal, de l'environnement de la truie, et du verrat père de la portée, ainsi que l'âge de la truie intra rang de portée comme covariable. Des regroupements empiriques sont effectués pour les cellules d'EAT de faible effectif.

##### 3.2.4. Paramètres génétiques

Les composantes de variance et de covariance ont été estimées dans chaque race par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (DF-REML) appliquée aux modèles décrits ci-dessus (LABROUE, 1996 ; BIDANEL et DUCOS, 1994 et 1995 ; BIDANEL et al., 1994 ; GARREAU et al., 1998 (à paraître).

##### 3.2.5. Calcul de la précision des valeurs génétiques

Les volumes de données étant trop importants pour permettre

le calcul exact de la précision des valeurs génétiques - ou de leur Coefficient de Détermination (CD) - des méthodes de calcul approché des CD ont été développées.

Pour la reproduction, le principe retenu est de calculer le CD comme la précision d'un indice de sélection prenant en compte les (éventuelles) performances propres de l'individu, de sa mère, de ses sœurs et demi-sœurs, de ses filles, ainsi que de ses tantes et demi-tantes.

Pour l'évaluation " combinée ", les CD sont calculés en construisant et en inversant la matrice des coefficients des équations du modèle mixte multicaractère pour chaque individu évalué. Les apparentés considérés dans ce calcul sont limités à deux générations d'ascendants et de descendants, et, outre la valeur génétique des individus, les seuls niveaux d'effets considérés sont la bande de contrôle de l'individu évalué (ou sa série d'abattage pour l'IQV), et l'effet d'environnement commun à sa portée de naissance, à celle de son père et celle de sa mère. Dans l'ensemble, les valeurs des CD ainsi estimés sont extrêmement proches des vraies valeurs (TRIBOUT, résultats non publiés).

3.2.6. Mise en forme des résultats

Un indice global est calculé comme une combinaison linéaire des VGE élémentaires pondérées par la valeur économique de chaque caractère dans l'objectif de sélection (tableau 1). Des indices « croissance » (combinant GMQ et IC), « carcasse » (combinant TVM et REND), qualité de la viande et « prolificité » sont également calculés.

Les indices « croissance », « carcasse », qualité de la viande et global sont exprimés en écart à une population de référence dont la valeur génétique moyenne est fixée à 100 (ensemble des individus contrôlés nés au cours des trois années précédant l'année de naissance des individus actuellement en contrôle). Ils sont standardisés de telle sorte que trente points d'indice correspondent à un écart type génétique de l'objectif considéré.

L'indice « prolificité » est exprimé en unité du caractère, en écart à une population de référence dont la valeur génétique moyenne est fixée à 0, (truiés en sélection nées au cours des trois années précédant l'année de naissance des plus jeunes truiés de la population).

Chaque année, les groupes de références sont décalés d'un an.

Après chaque évaluation, les valeurs génétiques estimées et les précisions des candidats, de l'ensemble des reproducteurs en ferme et des verrats d'IA sont envoyées aux professionnels. Chaque trimestre, des bilans génétiques des élevages de sélection sont transmis, indiquant pour l'ensemble de la population et pour chaque élevage la valeur moyenne des reproducteurs actifs et des jeunes individus conservés pour le renouvellement, ainsi que l'évolution au cours des cinq dernières années du niveau génétique de l'ensemble des individus contrôlés.

3.3. L'évaluation intra-élevage

Le principe retenu est de combiner pour chaque candidat son indice de sélection sur performances propres (ISEL) avec

Figure 1 - Évolution du niveau génétique des individus contrôlés dans les populations Large White type mâle (LWM) et type femelle (LWF), Landrace Français (LF) et Piétrain (PP).

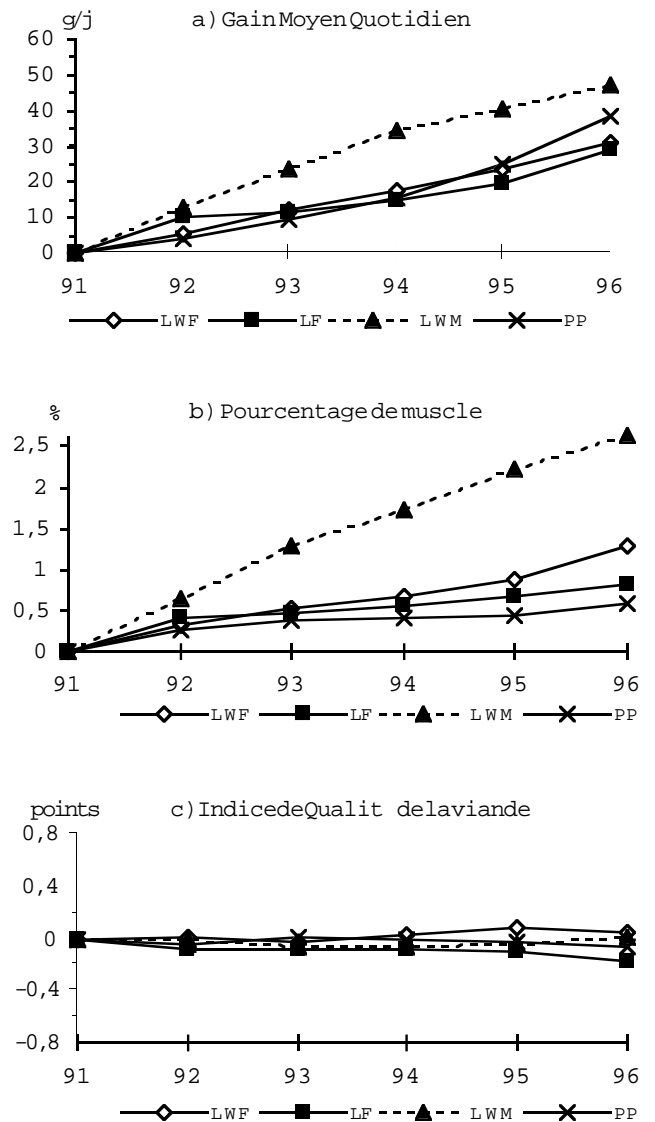
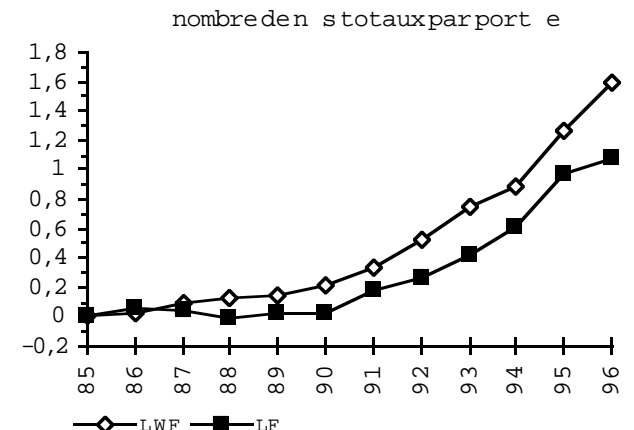


Figure 2 - Évolution du niveau génétique annuel des truiés en sélection pour le nombre de nés totaux par portée.



L'axe des ordonnées équivaut à 2/3 d'écart type phénotypique du caractère.

la moyenne des dernières valeurs génétiques nationales de ses parents ( $VG_{asc}$ , synthèse de l'information des apparentés

déjà évalués du candidat).  $VG_{asc}$  et ISEL sont combinés en fonction de leur précision ( $CD_{asc}$  et  $CD_{ISEL}$ , respectivement) :

$$VGE_{intra} = 100 + \left( \frac{1 - CD_{SEL}}{1 - CD_{SEL} CD_{asc}} (VG_{asc} - 100) \right) + \left( \frac{1 - CD_{asc}}{1 - CD_{SEL} CD_{asc}} ISEL \right)$$

Les performances des germains et demi-germains contemporains de contrôles du candidats ne sont pas prises en compte dans le calcul de  $VGE_{intra}$ . Les corrélations de rang entre les  $VGE$  " intra-élevage " et les  $VGE$  BLUP nationales des individus sont très fortes (environ 0,94).

### 3.4. Validation du dispositif mis en place

Des études visant à vérifier la validité des modèles d'analyse utilisés sont régulièrement réalisées. Ainsi, il a par exemple été montré que la taille et le rang de la portée de naissance des candidats n'avaient pas d'effet significatif sur leurs performances d'AGE100 et ELD100 (LABROUE et al., 1992).

De même, concernant l'évaluation « reproduction », les effets de la durée de lactation précédente et de l'intervalle sevrage-saillie fécondante sur la taille de portée sont relativement limités (BEAUVOIS et al., 1997). L'efficacité d'un modèle animal multicaractère a été comparée à celle d'un modèle animal à répétibilité. Ce dernier a été préféré, en raison de l'étroitesse des corrélations entre les tailles des différentes portées (permettant de considérer les portées successives comme les répétitions d'un même caractère) et des faibles effectifs de certains niveaux d'effets en multicaractère (notamment EAT) rendant délicate l'estimation des paramètres génétiques et l'évaluation proprement dite.

La validité de l'estimation des valeurs génétiques est régulièrement contrôlée, à partir notamment de l'examen des résiduelles et de l'évolution des  $VGE$  au cours du temps (REVERTER et al., 1994). La qualité des connexions entre élevages est appréhendée en quantifiant l'utilisation pour chaque

élevage, groupement, ou OSP, de verrats d'IA d'autres structures. La comparaison des évolutions des niveaux génétiques pour les divers caractères élémentaires et objectifs avec les progrès génétiques théoriquement attendus renseigne également sur le fonctionnement général du dispositif (travail réalisé par les sélectionneurs, adéquation entre les pondérations économiques appliquées et les orientations de sélection prises par les professionnels).

### CONCLUSION

Le dispositif collectif d'évaluation génétique porcin mis en place en France fonctionne, dans son ensemble, depuis maintenant deux ans. Cet outil performant permet une sélection efficace des reproducteurs, et donc un progrès génétique rapide. Les collaborations avec les partenaires professionnels, notamment dans le cadre de l'Association des Livres Généalogiques Porcins Collectifs et du « Comité Technique BLUP », permettent de bien cerner les besoins des sélectionneurs et de faire évoluer cet outil en conséquence. De nombreuses études sont conduites pour améliorer le dispositif collectif (récemment, étude sur l'ajustement par le poids au sevrage des performances de croissance mesurées en ferme (MIGNEL et al., 1998) ; estimation de paramètres génétiques pour remplacer le pourcentage de muscle de la carcasse par la teneur en viande maigre (GARREAU et al., 1997, résultats non publiés)). La prise en compte des hétérogénéités de variances entre sites de contrôles et de l'information apportée par les marqueurs génétiques est également envisagée à plus ou moins long terme.

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BEAUVOIS E., LABROUE F., BIDANEL J.P., 1997. Journées Rech. Porcine en France, 29, 353-360.
- BIDANEL J.P., DUCOS A., 1994. Journées Rech. Porcine en France, 26, 321-326.
- BIDANEL J.P., DUCOS A., GUÉBLEZ R., LABROUE F., 1994. Livest. Prod. Sci. 40, 291-301.
- BIDANEL J.P., DUCOS A., 1995. Journées Rech. Porcine en France, 27, 149-154.
- DUCOS A., BIDANEL J.P., DUCROCQ V., GROENEVELD E., 1992. 43rd Annual Meeting of the EAAP, Madrid, Spain, Commission on animal genetic.
- DUCOS A., 1994. Thèse de Docteur de l'Institut National Agronomique de Paris Grignon.
- GARREAU H., BIDANEL J.P., TRIBOUT T., 1998. Techni Porc, 21 (à paraître).
- GROENEVELD E., 1990. J. Dairy Sci., 73, 513-531.
- GUÉBLEZ R., LE MAITRE C., JACQUET B., ZERT P., 1990. Journées Rech. Porcine en France, 22, 89-96.
- I.T.P., 1993. Le nouvel IQV. Document interne, 2p.
- JOURDAIN C., GUÉBLEZ R., LE HÉNAFF G., 1989. Journées Rech. Porcine en France, 21, 399-404.
- LABROUE F., 1996. Thèse de Docteur de l'École Nationale Supérieure d'Agronomie de Rennes.
- LABROUE F., GUÉBLEZ R., LEGAULT C., 1992. Journées Rech. Porcine en France, 24, 31-38.
- LABROUE F., GUÉBLEZ R., MEUNIER-SALAÜN M.C., SELLIER P., 1993. Journées Rech. Porcine en France, 25, 69-76.
- MIGNEL L., GUÉBLEZ R., BIDANEL J.P., 1998. Journées Rech. Porcine en France, 30, 101-107.
- MIGNEL L., PHOCAS F., BIDANEL J.P., 1997. Journées Rech. Porcine en France, 29, 343-352.
- MÉTAYER A., DAUMAS G., 1998. Journées Rech. Porcine en France, 30, 7-11.
- REVERTER A., GOLDEN B.L., BOURDON R.M., BRINKS J.S., 1994. J. Anim. Sci., 72, 34-37.
- TRIBOUT T., 1996. Résultats non publiés.