

## COMBINAISON DES TROIS TYPES D'INDICE DE SELECTION FOURNIS AUX SELECTIONNEURS FRANCAIS DE PORCS

L. OLLIVIER (\*)

*I.N.R.A. - Station de Génétique quantitative et appliquée  
C.N.R.Z. - 78 - Jouy-en-Josas*

### INTRODUCTION

Les sélectionneurs français de porcs disposent au 1er janvier 1972 de 11 stations de contrôle individuel et de 3 stations de contrôle de descendance, dont la capacité instantanée est de 3.300 porcs environ. L'information recueillie dans ces stations est synthétisée sous forme d'indices de sélection, selon une méthode qui a été exposée dans un précédent article (OLLIVIER, 1970). A partir de 1972, trois types d'indice sont calculés :

1<sup>o</sup>/ **Indice de contrôle individuel ( $I_1$ )** qui combine trois mesures : gain moyen quotidien, indice de consommation et épaisseur de lard. Cet indice  $I_1$  permet de classer les verrats sur leurs propres performances.

2<sup>o</sup>/ **Indice de contrôle fraternel ( $I_2$ )** qui combine 8 mesures sur deux sœurs de portée abattues à 100 kg : gain moyen quotidien, indice de consommation, poids de jambon, de longe, de bardière, de panne, épaisseur de lard au rein et au dos (mesurées sur la carcasse). Cet indice  $I_2$  permet de classer des verrats frères des femelles abattues.

3<sup>o</sup>/ **Indice de contrôle de descendance ( $I_3$ )** qui combine les mêmes mesures que  $I_2$  sur 4 groupes de 2 sœurs de portée, groupes issus du même père. Cet indice  $I_3$  permet de classer les pères des animaux abattus.

Ces indices permettent donc de classer sur leur valeur génétique des verrats pour lesquels on dispose de la même information. Mais peut-on comparer un indice  $I_1$  à un indice  $I_3$ , et comment comparer entre eux des verrats ayant plusieurs indices ou des combinaisons variables des indices précédents ? Le présent article a pour objet de proposer une méthode permettant de répondre à ces questions.

### METHODE

La valeur génétique  $H$  d'un reproducteur, exprimée en écart à la moyenne, est estimée par :

$$\hat{H} = R_{IH} \cdot \frac{\sigma_H}{\sigma_I} \cdot (I - \bar{I}) \quad (1)$$

$\sigma_I$  étant l'écart-type de l'indice  $I$ , dont la moyenne est  $\bar{I}$

$\sigma_H$  l'écart-type de la valeur génétique

$R_{IH}$  la corrélation entre  $I$  et  $H$  (ou précision de l'indice).

L'indice étant défini à un coefficient multiplicatif près, on choisit en général des coefficients tels que  $\sigma_I = R_{IH} \cdot \sigma_H$  et on a alors :

$$\hat{H} = I - \bar{I} \quad (2)$$

Dans ce cas, l'indice est lui-même l'estimation la meilleure de la valeur génétique, et permet de comparer entre eux des individus ayant des indices basés sur des caractères différents.

Le problème se complique quand on dispose pour un même individu de plusieurs indices. Un verrat peut, par exemple, être contrôlé individuellement, avoir un frère lui-même contrôlé individuellement et deux sœurs abat-

(\*) Avec la collaboration technique de Madame Nathalie BOUTLER

tues. On dispose alors de 14 mesures différentes qu'il est possible de combiner entre elles pour obtenir un nouvel indice. La situation se complique encore si le verat est ensuite contrôlé sur descendance, le nombre de mesures dont on dispose passant alors à 22. Plutôt que de calculer, pour chaque situation particulière, un nouvel indice, il paraît préférable, dans un souci de simplification, d'utiliser les indices déjà calculés. Cette simplification aboutit, en fait, à calculer pour chaque reproducteur un indice qui est lui-même une combinaison linéaire des trois indices précédemment définis, mais qui n'est pas la combinaison optimum de l'ensemble de l'information dont on dispose.

Nous supposons que l'on dispose au maximum de 6 sources d'information, qui sont les trois indices  $I_1$ ,  $I_2$ ,  $I_3$ , déjà définis, auxquels peuvent venir s'ajouter :

$I_4$  : une moyenne d'indices  $I_1$  pour  $u$  frères

$I_5$  : une moyenne d'indices  $I_1$  pour  $v$  demi-frères (supposés issus de mères différentes)

$I_6$  : une moyenne d'indices  $I_1$  pour  $w$  descendants (supposés issus de mères différentes).

La combinaison linéaire optimum de ces 6 variables est obtenue en calculant l'équation de régression partielle qui relie  $H$  à chacune des variables  $I_1, I_2 \dots, I_6$ . Le calcul des indices de sélection fait en effet appel à la théorie générale de la régression linéaire multiple qu'il suffit d'appliquer ici en considérant  $H$  comme variable dépendante et les variables  $I_1, I_2 \dots, I_6$  comme des variables indépendantes, ces variables étant elles-mêmes des combinaisons linéaires de 3 variables pour  $I_1, I_4, I_5, I_6$  et de 8 variables pour  $I_2, I_3$  et  $H$ .

Si on appelle  $P$  la matrice des covariances entre les variables  $I_1, I_2 \dots, I_6$  deux à deux, et  $V$  le vecteur des covariances entre  $H$  et  $I_1, I_2 \dots, I_6$ , les coefficients à appliquer aux 6 variables indépendantes pour estimer  $H$  sont donnés par l'équation matricielle :

$$b = P^{-1} V$$

et le nouvel indice obtenu sera désigné par  $I$ .

Sans entrer dans le détail des calculs, mentionnons seulement que  $P$  et  $V$  se calculent aisément connaissant les coefficients qui définissent chaque combinaison linéaire et les covariances entre les variables deux à deux. Il est de même possible, une fois  $b$  obtenu, de calculer la variance  $\sigma_I^2$  de l'indice  $I$  et la corrélation entre cet indice et  $H$  qui est :

$$R_{IH} = \sigma_I / \sigma_H$$

## RESULTATS

Les tableaux I, II et III résument les résultats des calculs dont le principe vient d'être exposé et permettent de combiner les informations recueillies dans les diverses stations françaises de sélection. L'utilisation de ces tableaux est simple, comme le montre l'exemple suivant. Un verat ayant un indice  $I_1 = 120$ , qui aurait 2 frères contrôlés individuellement avec un indice moyen de 115 et 8 descendants contrôlés individuellement avec un indice moyen de 90, se verrait attribuer la valeur génétique suivante (combinaison n° 17, tableau 1) :

$$20 \times 0,34 + 15 \times 0,22 - 10 \times 0,60 = 4,10 \text{ francs}$$

Il faut remarquer que les trois indices  $I_1, I_2$  et  $I_3$  sont établis de telle façon que leur écart-type est de 20, ce qui oblige pour les comparer entre eux à utiliser la formule (1) et non la formule (2). Cela revient à multiplier  $I_1$  par 0,62 (tableau I),  $I_2$  par 0,44 et  $I_3$  par 0,66 (tableau II).

Remarquons aussi que l'information concernant les demi-frères ( $I_5$ ) a pu être ignorée. En effet, la connaissance de 4 demi-frères contrôlés individuellement apporte un supplément de précision inférieur à 0,01 (en valeur de  $R_{IH}$ ) par rapport à l'indice  $I_1$  considéré seul. Le gain réalisé en incluant l'information sur les demi-frères va ensuite en décroissant à mesure que l'information recueillie par ailleurs s'accroît. Ainsi, le fait d'ajouter les indices de 4 demi-frères aux combinaisons 41 à 52 du tableau III entraine un accroissement de  $R_{IH}$  inférieur à 0,001 ! Il est donc tout à fait superflu d'en tenir compte dans la sélection des verrats.

Les tableaux montrent également l'inutilité, à partir d'un certain stade, d'accumuler une information supplémentaire. Ainsi 0,90 semble être, avec les paramètres utilisés, un seuil de précision qu'il est difficile à franchir.

## DISCUSSION ET INTERET PRATIQUE

Les résultats qui viennent d'être présentés permettent d'abord de comparer entre elles trois méthodes classiques de sélection. Le tableau IV montre que la sélection individuelle, combinée (individu et collatéraux) et sur descendance sont peu différentes dans leur précision avec cependant une légère supériorité des deux dernières

méthodes sur la première, Les différences entre les cinq auteurs portent plus sur la valeur absolue des corrélations trouvées que sur les valeurs relatives des trois méthodes comparées. La précision anormalement élevée obtenue par OLLIVIER (1971) pour le contrôle individuel s'explique par le fait qu'on a négligé l'imprécision résultant des mesures individuelles d'épaisseur de lard sur le vivant, surtout quand elles sont faites à un poids inférieur au poids normal d'abattage de 100 kg. Cette étude-ci montre par ailleurs que les mesures sur demi-frères contribuent d'une manière négligeable à la précision de la sélection, ce qui confirme les résultats de CUNNINGHAM et POWER (1971)

Quant à la méthode elle-même, si elle a l'avantage de permettre de cumuler facilement l'information relative à un reproducteur, on peut lui objecter qu'elle ne donne pas la meilleure combinaison de l'information dont on dispose. Cette combinaison optimum a été calculée pour les situations du tableau I et sa supériorité ne dépasse jamais 0,02 en valeur de  $R_{1H}$ . Au vu de l'imprécision avec laquelle sont estimés les paramètres servant au calcul de  $I_1$ ,  $I_2$  et  $I_3$ , on peut admettre que l'erreur imputable à la méthode ne compromet pas son utilisation dans la pratique.

Comment peut-on l'envisager ? Il serait d'abord illusoire d'espérer en obtenir une accélération du progrès génétique. Nos résultats confirment, sur ce point, de nombreux travaux antérieurs : chez le porc (pour les caractères d'engraissement et de carcasse), il y a relativement peu à gagner par le raffinement des méthodes de sélection puisque la combinaison 52 qui inclue 191 mesures n'améliore la précision que de 23 % par rapport à la combinaison 1 basée seulement sur 3 mesures, et que ce gain de précision se paie par un allongement de l'intervalle de génération. Si on veut éviter cet allongement, c'est la combinaison 31 qui est la meilleure et elle ne permet de gagner que 8 p. cent par rapport au contrôle individuel seul. Encore l'information sur les performances des frères placés en station de contrôle individuel apporte-t-elle sans doute une contribution moins importante qu'il n'apparaît à la lecture des tableaux, car souvent les frères de portée sont contrôlés dans la même loge et l'éventualité d'effets "loge" n'est pas à exclure. Ces effets, s'ils existent, tendent à diminuer l'intérêt des performances fraternelles. Seule la combinaison 26 paraît donc intéressante en sélection. Son application permet, après la sélection sur  $I_1$ , une deuxième sélection éventuelle sur une combinaison de  $I_1$  et  $I_2$ , étant donné que  $I_2$  est connu plus tardivement que  $I_1$ .

Finalement, la méthode présentée pourrait surtout permettre une confrontation générale périodique de l'ensemble des reproducteurs en service dans une unité de sélection et de corriger éventuellement des erreurs d'appréciation toujours possibles quand on fait un choix très précoce. Elle permettrait aussi d'estimer des valeurs génétiques moyennes de certains groupes de reproducteurs en pondérant chaque estimée par l'inverse de sa variance, en l'occurrence  $(1 - R_{1H}^2)$  qui est proportionnel à cette inverse. Il deviendrait alors possible, par exemple, de classer les élevages de sélection sur leur niveau génétique moyen. La méthode permet donc plutôt d'établir le bilan d'une sélection effectuée dans le passé que d'infléchir le cours de la sélection elle-même.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- CUNNINGHAM E.P., POWER P., 1971. Effectiveness of boar performance test selection indices.  
Journées d'études de la Commission de Génétique de la F.E.Z. Versailles, 17-19 juillet, 4 p. (ronéoté).
- OLLIVIER L., 1970. L'utilisation des indices de sélection dans l'amélioration du Porc.  
In Journées de la Recherche Porcine en France, 217-221. Institut technique du Porc. Paris.
- OLLIVIER L., 1971. L'épreuve de la descendance chez le porc Large White français de 1953 à 1966. II. Indices de sélection.  
Annls Génét. Sél. anim., 3, (sous-pressé).
- PEASE A., 1970. Efficacité comparée de différentes méthodes de sélection chez le porc.  
In Journées de la Recherche Porcine en France, 223-226. Institut technique du Porc. Paris.

**TABLEAU I**  
**COMBINAISON DES INFORMATIONS DES STATIONS**  
**DE CONTROLE INDIVIDUEL**

$l_1$  : indice individuel  
 $l_4$  : moyenne d'indices  $l_1$  pour u frères  
 $l_6$  : moyenne d'indices  $l_1$  pour w descendants

N° de la COMBI-NAISON	INFORMATION			COEFFICIENTS DE			PRECISION ( $R_{IH}$ )
	$l_1$	u	w	$l_1$	$l_4$	$l_6$	
1	+	0	0	0,62	—	—	0,73
2	—	1	0	—	0,38	—	0,45
3	—	2	0	—	0,65	—	0,54
4	—	4	0	—	1,01	—	0,61
5	—	0	8	—	—	1,15	0,70
6	—	0	20	—	—	1,50	0,80
7	—	0	32	—	—	1,62	0,83
8	+	1	0	0,56	0,17	—	0,75
9	+	2	0	0,52	0,26	—	0,76
10	+	4	0	0,48	0,37	—	0,78
11	+	0	8	0,40	—	0,66	0,79
12	+	0	20	0,26	—	1,08	0,83
13	+	0	32	0,20	—	1,28	0,85
14	+	1	8	0,36	0,14	0,62	0,81
15	+	1	20	0,24	0,12	1,03	0,84
16	+	1	32	0,17	0,11	1,23	0,85
17	+	2	8	0,34	0,22	0,60	0,81
18	+	2	20	0,22	0,19	1,00	0,85
19	+	2	32	0,16	0,18	1,19	0,86
20	+	4	8	0,31	0,31	0,58	0,82
21	+	4	20	0,20	0,27	0,96	0,85
22	+	4	32	0,14	0,25	1,16	0,87

**TABLEAU II**  
**COMBINAISON DES INFORMATIONS DES STATIONS**  
**DE CONTROLE DE LA DESCENDANCE**

$l_2$  : indice fraternel (2 sœurs)  
 $l_3$  : indice de descendance (8 filles)

N° de la COMBI-NAISON	INFORMATION		COEFFICIENTS DE		PRECISION ( $R_{IH}$ )
	$l_2$	$l_3$	$l_2$	$l_3$	
23	+	—	0,44	—	0,52
24	—	+	—	0,66	0,76
25	+	+	0,19	0,57	0,79

TABLEAU III

COMBINAISON DES INFORMATIONS DES STATIONS DE CONTROLE INDIVIDUEL ET DE DESCENDANCE  
(symboles définis dans les tableaux I et II)

N° de la COMBINAISON	INFORMATION					COEFFICIENTS DE					PRECISION (R <sub>IH</sub> )
	l <sub>1</sub>	l <sub>2</sub>	l <sub>3</sub>	u	w	l <sub>1</sub>	l <sub>2</sub>	l <sub>3</sub>	l <sub>4</sub>	l <sub>6</sub>	
26	+	+	-	0	0	0,53	0,22	-	-	-	0,76
27	+	-	+	0	0	0,37	-	0,44	-	-	0,84
28	+	+	+	0	0	0,34	0,12	0,41	-	-	0,85
29	+	+	-	1	0	0,50	0,18	-	0,11	-	0,77
30	+	+	-	2	0	0,48	0,15	-	0,19	-	0,78
31	+	+	-	4	0	0,46	0,12	-	0,29	-	0,79
32	+	+	-	1	8	0,33	0,14	-	0,10	0,58	0,82
33	+	+	-	1	20	0,22	0,12	-	0,09	0,97	0,85
34	+	+	-	1	32	0,16	0,10	-	0,08	1,17	0,86
35	+	+	-	2	8	0,32	0,12	-	0,16	0,57	0,82
36	+	+	-	2	20	0,21	0,10	-	0,15	0,96	0,85
37	+	+	-	2	32	0,15	0,09	-	0,14	1,15	0,86
38	+	+	-	4	8	0,30	0,09	-	0,25	0,56	0,83
39	+	+	-	4	20	0,19	0,07	-	0,22	0,94	0,85
40	+	+	-	4	32	0,14	0,06	-	0,21	1,13	0,87
41	+	+	+	1	0	0,31	0,08	0,41	0,11	-	0,86
42	+	+	+	2	0	0,29	0,06	0,41	0,18	-	0,86
43	+	+	+	4	0	0,27	0,02	0,40	0,28	-	0,87
44	+	+	+	1	8	0,22	0,07	0,35	0,10	0,39	0,87
45	+	+	+	1	20	0,15	0,06	0,31	0,09	0,70	0,89
46	+	+	+	1	32	0,13	0,05	0,29	0,09	0,82	0,89
47	+	+	+	2	8	0,21	0,05	0,35	0,17	0,38	0,88
48	+	+	+	2	20	0,14	0,04	0,31	0,16	0,68	0,89
49	+	+	+	2	32	0,12	0,04	0,29	0,15	0,80	0,90
50	+	+	+	4	8	0,19	0,02	0,35	0,26	0,37	0,88
51	+	+	+	4	20	0,13	0,01	0,31	0,24	0,66	0,89
52	+	+	+	4	32	0,10	0,01	0,30	0,23	0,78	0,90

TABLEAU IV

PRECISION COMPAREE DE 3 METHODES DE SELECTION  
SELON DIFFERENTS AUTEURS

REFERENCE	CONTROLE INDIVIDUEL	CONTROLE COMBINE (2 frères)	CONTROLE DE DESCENDANCE (4 x 2 descendants)
OLLIVIER (1970) . . . . .	0,68	0,71	0,73
PEASE (1970) . . . . .	0,61	0,65	0,71
OLLIVIER (1971) . . . . .	0,82	0,85	0,76
CUNNINGHAM et POWER (1971) . . . . .	0,55	0,62	non calculé
Présente étude . . . . .	0,73	0,76	0,76