

G 9202

LA DIFFUSION DU PROGRÈS GÉNÉTIQUE DANS L'ESPÈCE PORCINE EN FRANCE

R. GUEBLEZ et L. OLLIVIER

I.N.R.A. — Station de Génétique Quantitative et Appliquée — 78350 JOUY-EN-JOSAS

INTRODUCTION

L'efficacité d'un plan de sélection repose à la fois sur la création d'un progrès génétique dans les élevages de sélection et sur la diffusion de ce progrès jusqu'aux élevages de production. Le premier aspect a été souvent abordé par les généticiens de tous les pays, et pour ce qui concerne la France, il paraît difficile de mettre en doute les améliorations génétiques obtenues dans les élevages de sélection. Par contre, le bénéfice qu'en tire l'ensemble des élevages de production est parfois contesté et cette question a déjà été évoquée précédemment (voir OLLIVIER et al., 1978, p. 32). L'objet de cet article est d'essayer de répondre à une interrogation légitime de la part des producteurs, qu'on a pu entendre exprimée dans la formule-choc bien connue : « ... mais où donc est passé le progrès génétique ? ». Nous analyserons d'abord la structure française de diffusion des reproducteurs dans le but de savoir si le progrès génétique « peut passer », avant d'aborder la question de l'évolution dans le temps des performances en production et ainsi savoir si le progrès génétique « passe » effectivement.

LA DIFFUSION DES GÈNES A TRAVERS LA PYRAMIDE SÉLECTION-MULTIPLICATION-PRODUCTION

• Théorie du retard génétique

Considérons deux populations désignées par N et M. L'une (N) est améliorée par sélection, d'une quantité ΔG par génération. L'autre (M) ne subit aucune sélection mais, à chaque génération, une proportion m de ses reproducteurs provient de la population N : m est appelé le taux de migration de N à M. Dans cette situation, la population M tend, au bout de quelques générations, à évoluer génétiquement au même rythme que N – soit ΔG par génération – mais avec un retard variable au départ et qui tend vers la valeur $\Delta G/m$. Si une sélection est pratiquée dans M, sélection qui peut concerner aussi bien les reproducteurs issus de M que les immigrants en provenance de N, le progrès génétique en M reste inchangé (il tend toujours vers ΔG) et seul le retard est modifié. Ces résultats, obtenus par BICHARD (1971), peuvent être appliqués à un nombre quelconque de populations et, en particulier, au cas d'une structure « pyramidale » de sélection à trois niveaux, dans laquelle la migration des gènes s'effectue à partir d'un sommet, le noyau de sélection, jusqu'à une base, l'étage de production, en passant par un étage intermédiaire de multiplication. Une illustration de cette situation est donnée dans la figure 1.

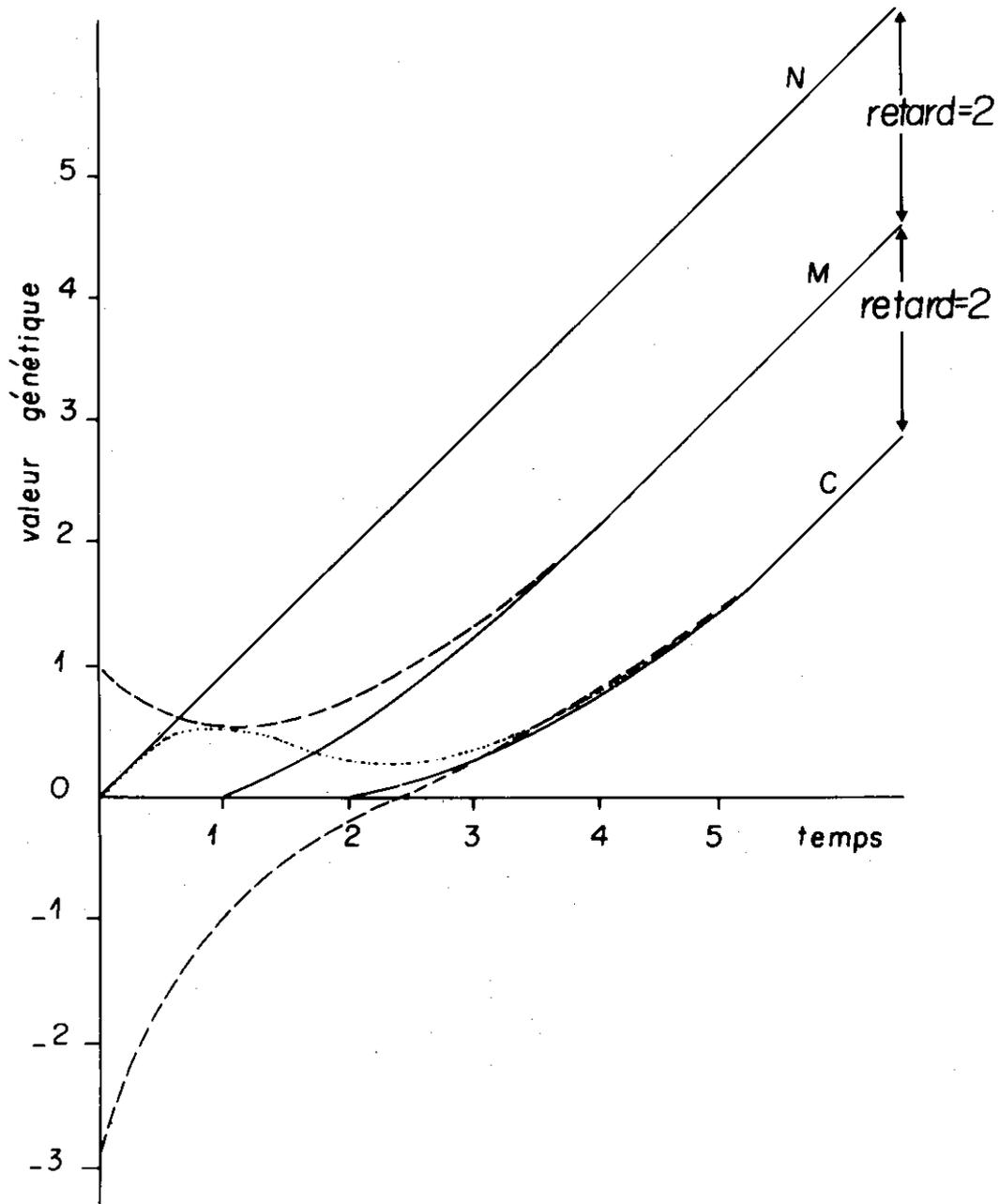
La diffusion de l'amélioration génétique porcine en France peut être étudiée à l'aide du modèle précédent à 3 populations. Nous posons donc l'existence de :

- un noyau de sélection (N), à renouvellement purement interne ;
- un étage de multiplication (M), dont les reproducteurs proviennent exclusivement de N ;
- un étage de production, les troupeaux « commerciaux » (C), qui reçoit des reproducteurs à la fois de N, de M et de C.

FIGURE 1

ÉVOLUTION DU NIVEAU GÉNÉTIQUE DE TROIS POPULATIONS N, M et C,
AVEC TRANSFERT DES MÂLES de N à M et de M à C

L'intervalle de génération est supposé de 1 an et le progrès génétique annuel dans N de 1



(—) $N_0 = M_0 = C_0 = 0$

(...) $N_0 = M_0 = C_0 = 0$, Sélection des mâles passant de M à C la première année seulement (mâles de valeur génétique égale à 1).

(---) $N_0 = 0; M_0 = 1; C_0 = -3$

Il suffit alors de connaître les taux de migration reliant ces populations les unes aux autres, ainsi que les sélections internes pratiquées dans N, dans M et dans C, pour calculer les retards génétiques de M et de C sur N. Les taux de migration peuvent s'écrire sous la forme d'un tableau à 3 lignes (correspondant aux 3 populations réceptrices, dans l'ordre N, M, C) et à 3 colonnes (correspondant aux 3 populations émettrices, dans le même ordre N, M, C) soit :

1	0	0
1	0	0
a	b	c

La première ligne de ce tableau indique que la population N reçoit tous ses gènes de N, la deuxième ligne que M reçoit également tous ses gènes de N et la troisième ligne que C reçoit ses gènes de N, M et C dans les proportions respectives a, b et c (avec $a + b + c = 1$).

Si on désigne par ΔG_N , ΔG_M et ΔG_C les supériorités génétiques dues aux sélections internes effectuées dans les 3 populations, on obtient les expressions suivantes des retards génétiques (pour la démonstration, voir GUEBLEZ, 1980) :

$$N-M \quad (\text{retard de M sur N}) \quad = \Delta G_N - \Delta G_M \quad (1a)$$

$$N-C \quad (\text{retard de C sur N}) \quad = [(1 + b) \Delta G_N - b \Delta G_M - \Delta G_C] / (1 - c) \quad (1b)$$

Ces retards, exprimés ci-dessus dans l'unité du caractère considéré, peuvent également se mesurer soit en génération - il suffit de diviser les expressions (1) par le progrès génétique par génération dans le noyau ΔG_N - soit en année en multipliant le retard exprimé en génération par l'intervalle de génération. Notons que les retards ainsi calculés sont atteints au bout d'un temps plus ou moins long, d'autant plus long que C est plus élevé. Les calculs supposent en outre un rythme d'amélioration constant dans le noyau de sélection (ou les noyaux en cas de croisement) et des intervalles de génération égaux aussi bien à l'intérieur des étages qu'entre étages.

• La diffusion des reproducteurs porcins en France

L'unité nationale de sélection et de promotion des races porcines agréées (UPRA porcine) est le seul organisme habilité à qualifier les cheptels reproducteurs porcins, selon l'arrêté paru au Journal Officiel du 6 novembre 1973. L'UPRA comprend d'une part des éleveurs-sélectionneurs individuels (premier collège), et d'autre part des « schémas de sélection et de croisement » (deuxième et troisième collèges). Ces schémas sont des structures autonomes de sélection et de multiplication, dont les maîtres d'œuvre sont des groupements de producteurs ou des « firmes », et qui doivent recevoir l'agrément du Ministère de l'Agriculture. Les circuits de reproducteurs sont schématisés dans la figure 2, dans laquelle figure aussi le maillon que constituent les stations de contrôle individuel (CI) avec diffusion des verrats directe ou par le relais de l'insémination artificielle.

• Calcul des taux de migration

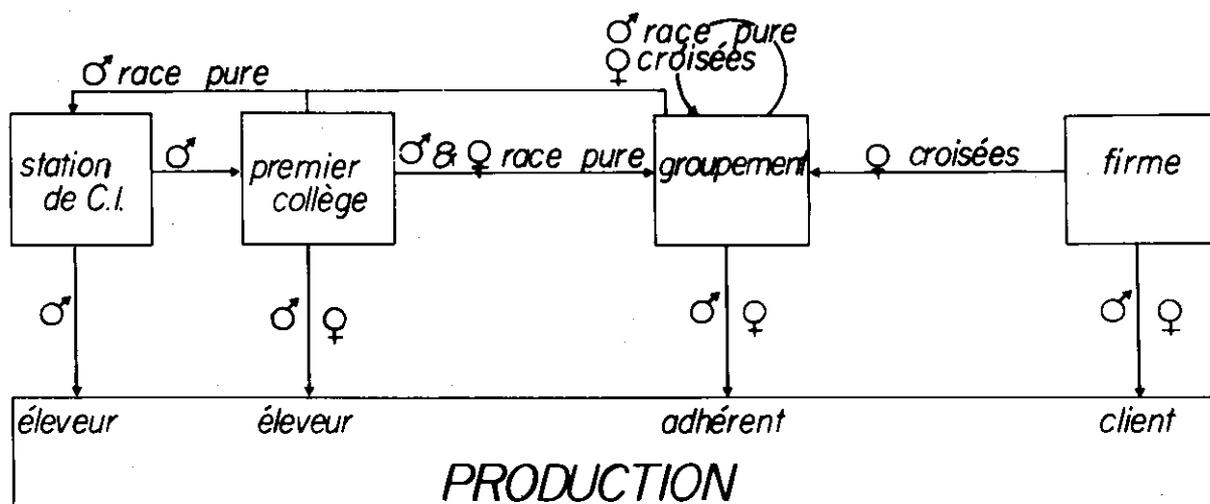
Il s'agit de déterminer les valeurs des deux paramètres a et b précédemment définis, la valeur de c étant obtenue par différence. Nous nous bornerons à donner ici le principe de la méthode appliquée, une description détaillée en ayant été faite par GUEBLEZ (1980).

Le nombre de truies en service dans l'étage de production pour l'ensemble de la France est déduit des statistiques du S.C.E.E.S. et se monte à 1 038 000 truies (au 1.1.1978). Les données de la gestion technique des troupeaux de truies (DAGORN, 1975) permettent d'évaluer le taux de renouvellement annuel de ce cheptel, à 45 p. 100, d'où les besoins annuels

en femelles de l'étage de production : $1\,038\,000 \times 0,45 = 467\,000$. Le nombre des verrats en service dans les élevages de production est déduit du cheptel truie, en supposant un rapport de 1 verrat pour 20 truies ce qui découle de divers recensements. Le taux de renouvellement annuel des verrats, déduit de l'enquête de LE DENMAT et al., (1980), est de 65p.100. Les besoins annuels en verrats de l'étage de production se montent donc à :

$$(1\,038\,000/20) \times 0,65 = 33\,700.$$

FIGURE 2
REPRÉSENTATION SCHEMATIQUE DES MOUVEMENTS DE REPRODUCTEURS
ISSUS DES ÉLEVAGES DE L'UPRA



Ces deux chiffres sont ensuite comparés aux nombres de reproducteurs diffusés par les trois collèges de l'UPRA (au cours de l'année 1978). La complexité des mouvements de reproducteurs et l'hétérogénéité des sources d'information rendent cette évaluation particulièrement difficile. Les estimations brutes – 136 000 femelles et 26 000 verrats – laissent apparaître un déficit important par rapport aux besoins, qui ne peut pas être expliqué entièrement par l'auto-renouvellement de l'étage de production. Pour les femelles, l'estimation corrigée est de 160 000, compte tenu de la multiplication réalisée (sous forme de femelles de croisement au nombre de 20 000 environ par an) à l'étage de production. Pour les verrats, les ventes réelles à l'étage de production ont été estimées à 33 000, l'auto-renouvellement à 2 p. 100, soit 700 verrats, chiffres auxquels il faut ajouter les inséminations artificielles, évaluées à 3 p. 100 des saillies soit l'équivalent de 1 000 verrats de monte naturelle venant de l'étage de sélection. On aboutit ainsi à un total de 34 700 verrats par an. Les 467 000 femelles et les 34 700 mâles introduits chaque année à l'étage de production se répartissent alors comme indiqué au tableau 1, d'où l'on déduit $a = 0,43$, $b = 0,29$ et $c = 0,34$. Le retard génétique de l'étage de production est donc, en application de (1b), de 1,86 génération par rapport au noyau de sélection. L'intervalle de génération, estimé par ailleurs, étant de 2 ans – et peu différent d'un étage à l'autre – le retard équivaut à 3,7 années de sélection.

TABEAU 1
 RÉPARTITION (en %) DES GÈNES INTRODITS DANS LES ÉLEVAGES DE PRODUCTION
 FRANÇAIS (en 1978) EN FONCTION DE LEUR ORIGINE

ÉTAGE D'ORIGINE	REPRODUCTEUR INTRODUIT		Ensemble
	Mâle	Femelle	
Sélection.....	82 (28 400)	4 (18 000)	43
Multiplication.....	16 (5 600)	30 (142 000)	23
Production.....	2 (700)	66 (307 000)	34
TOTAL.....	100 (34 700)	100 (467 000)	100

Entre parenthèses : nombre de reproducteurs introduits annuellement (pour les mâles, le chiffre inclut 1000 verrats fictifs qui sont l'équivalent en monte naturelle des inséminations artificielles, sur la base de 3p.100 des saillies).

• **Les sélections internes aux étages de production et de multiplication.**

Dans l'étage de production, cette sélection (ΔG_C) résulte de l'utilisation de verrats en provenance des stations de CI, soit directement achetés par les élevages de production (4,2 p.100 des verrats introduits, soit 2,1 p.100 des gènes introduits), soit utilisés en insémination artificielle (3 p.100 des saillies, soit 1,5 p.100 des gènes introduits). Les indices CI moyens de ces deux catégories de verrats (114 et 130 en 1979) correspondent à des intensités de sélection (i) respectives de 0,7 et 1,5. On peut admettre que la supériorité génétique globale (en F) des verrats sélectionnés dans les stations de CI est égale à $i\Delta G_N$ (voir OLLIVIER, 1971 et HOUIX et al., 1978). D'où $\Delta G_C = (0,021 \times 0,7 + 0,015 \times 1,5) \Delta G_N = 0,0372 \Delta G_N$. En l'absence d'information sur la sélection effectuée à l'étage de multiplication (ΔG_M), nous supposons $\Delta G_M = 0$ et le retard de l'étage de production sur l'étage de sélection devient alors, en application de (1b), égal à 1,81 génération ou 3,6 années de sélection.

ÉVOLUTION DES PERFORMANCES À L'ÉTAGE DE PRODUCTION

Cette évolution a été estimée d'abord dans les conditions de milieu des stations de sélection. Les huit tests d'évaluation des schémas de sélection et de croisement qui se sont succédés entre 1972 et 1981 permettent de situer la valeur génétique moyenne de l'étage de production de ces schémas par rapport au noyau de sélection constitué par les élevages du premier collège de l'UPRA. L'écart entre le Large White UPRA et la moyenne des schémas sur la période 1972-1981 est donné au tableau 2. L'évolution de cet écart est un indicateur d'une éventuelle différence entre les rythmes de progrès génétique du noyau de sélection UPRA (1^{er} collège) et des noyaux de sélection des schémas. Compte tenu des variations qui se produisent d'un test à l'autre dans les schémas mis en comparaison et dans la nature des verrats utilisés par ces schémas, il paraît difficile de conclure, au vu du tableau 2, à des différences importantes d'efficacité entre le premier et le troisième collège de l'UPRA dans leur politique de sélection. Par ailleurs, le huitième test incluait un échantillon d'animaux de race pure Large White issus d'élevages de production, utilisant des verrats nés dans les élevages de sélection de l'UPRA (tous collèges), en vue d'estimer le retard réel de ces élevages de production par rapport au noyau de sélection. En appliquant la fonction utilisée au tableau 2, ce retard équivaut à 16 F en valeur génétique globale, soit environ une génération de sélection dans le noyau, sur la base de l'estimation du ΔG_N annuel de HOUIX et al., (1978) et avec un intervalle de génération de 2 ans.

TABEAU 2
ÉVOLUTION DE L'ÉCART ENTRE LE LARGE WHITE UPRA (1^{er} collège)
ET LA MOYENNE DES SCHÉMAS SUR 8 TESTS SUCCESSIFS D'ÉVALUATION
DES SCHÉMAS DE SÉLECTION ET DE CROISEMENT

N° du test	1	2	3	4	5	6	7	8
Année	72	73	75	77	78	79	80	81
Nombre de schémas	4	6	9	9	9	9	9	6
Écart LW UPRA-Schémas (1) (F)	9	7	27	28	20	22	20	8

(1) Les écarts obtenus pour 8 caractères sont affectés d'un coefficient de pondération selon l'expression suivante (voir OLLIVIER, 1981) : 0,11 (gain moyen quotidien g) - 90 (indice de consommation) + 7 (poids de jambon kg) + 5 (poids de longe kg) - 7 (poids de bardière kg) - 6 (poids de panne kg) - 0,8 (lard au rein mm) - 0,4 (lard au dos mm)

La réalisation de comparaisons similaires – évolution génétique et retard entre étages – dans les conditions de la production se heurte à de grandes difficultés pratiques, qui résultent surtout de la nécessité d'identifier les animaux pour toute étude à caractère génétique (voir, par exemple, SMITH, 1962). A défaut d'estimation de progrès génétique dans les élevages de production, nous disposons d'évolutions phénotypiques depuis la mise en route en 1974 par l'ITP du système de « gestion technico-économique des porcs charcutiers » qui enregistre les performances moyennes d'engraissement d'un très grand nombre d'élevages. Nous avons retenu trois performances dont l'évolution de 1974 (2^{ème} semestre seulement) à 1980 est illustrée par la figure 3. Si on exclut l'année 1974, le progrès annuel moyen est de 10g/jour en gain moyen quotidien et de - 0,03 point d'indice de consommation, soit environ les deux tiers des estimations de

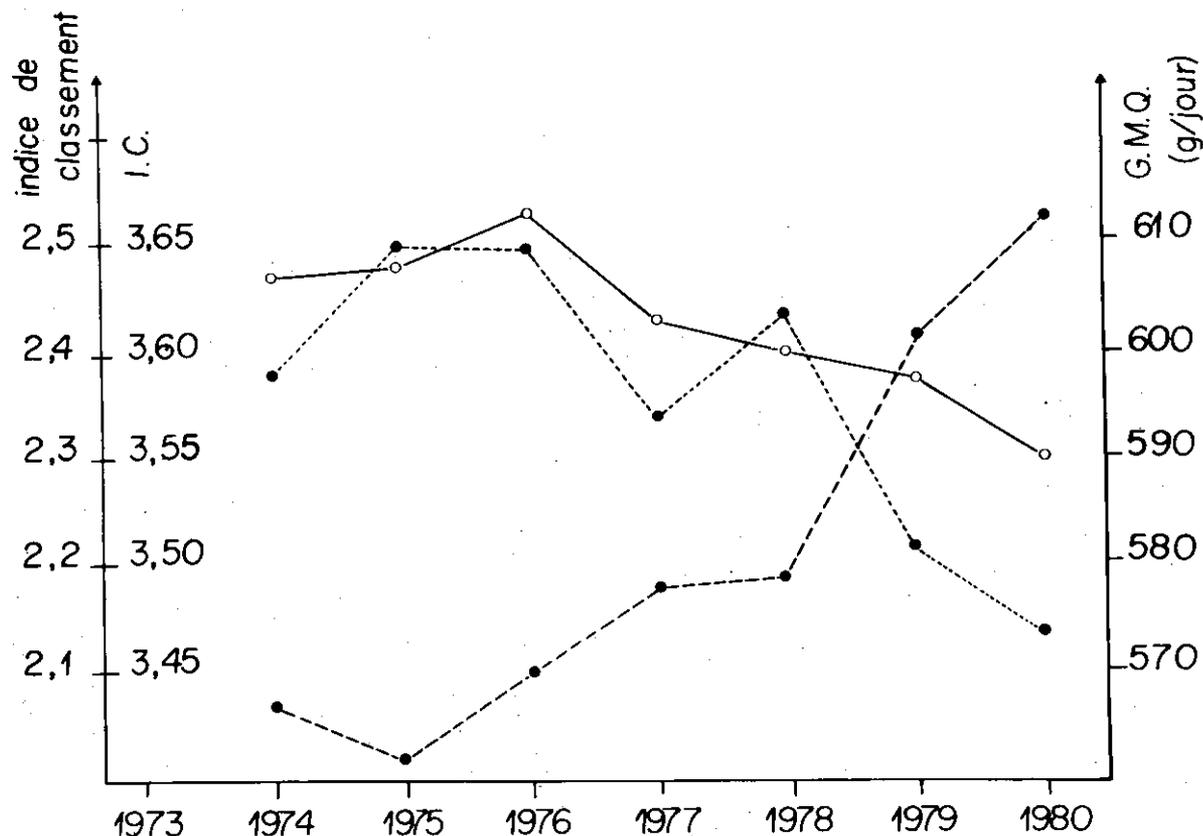
FIGURE 3

ÉVOLUTION DES PERFORMANCES D'ENGRASSEMENT DANS LES ÉLEVAGES DE PRODUCTION DE 1974 À 1980
 (données de la gestion technico-économique des porcs charcutiers).

Les effectifs annuels vont de 180 000 porcs en 1974 à 750 000 en 1980.

Le calcul de l'indice de classement moyen suppose EAA = 0, I = 1, II = 2, III = 3, IV et déclassés = 4 (○—○)

I.C. : indice de consommation (kg d'aliment/kg de gain) (...) - G.M.Q. : gain moyen quotidien (— — —)



progrès génétique de HOUIX et al, (1978). Par contre, l'indice de classement ne montre qu'une très faible amélioration, mais il s'agit d'un critère partiellement subjectif qui permet difficilement des comparaisons entre années, quand on sait que l'indice moyen pour l'ensemble de la France n'a pratiquement pas varié de 1972 à 1979. Il est donc établi que la stagnation des performances d'engraissement qui apparaissait sur la période 1974-1976, et qui avait suscité à l'époque bien des inquiétudes, a fait place depuis lors à une amélioration régulière dont le rythme annuel n'est pas très éloigné de celui de l'amélioration génétique des élevages de sélection.

DISCUSSION ET CONCLUSIONS

La diffusion du progrès génétique jusqu'aux élevages de production auxquels il est destiné suppose d'abord un passage aussi rapide que possible des gènes à travers un réseau de migration tel que la « pyramide » décrite dans la première partie. La méthodologie d'évaluation du retard génétique qui a été présentée offre l'intérêt de permettre à un élevage de production de prévoir les conséquences du choix d'un type de verrat ou d'un mode de renouvellement des truies. Ainsi l'utilisation de verrats issus de croisement (donc d'un étage de multiplication) contribue à accroître le retard génétique et, à titre d'exemple, le retard atteint 3 générations si à ce type de verrat on associe un auto-renouvellement intégral des truies (on a alors $b = c = 0,5$). Au contraire, l'utilisation de verrats de race pure issus de l'étage de sélection, grâce à l'insémination artificielle par exemple, contribue à réduire le retard génétique, conséquence à la fois de leur haute valeur génétique (s'il s'agit de verrats de CI) et du passage direct des gènes de la sélection à la production. Ainsi le niveau génétique d'un élevage n'utilisant que des verrats d'indice CI = 140 et auto-renouvelant son cheptel femelle est égal à celui du noyau de sélection (le retard est nul puisque $\Delta G_C = \Delta G_N$; $a = c = 0,5$; $b = 0$).

Quant à prévoir pratiquement les retards entre les différents étages d'un système de diffusion de l'amélioration génétique, cela suppose de connaître avec précision les mouvements de reproducteurs d'un étage à l'autre, mais aussi la valeur génétique de ces reproducteurs. De ce point de vue, nous avons vu les incertitudes assez nombreuses qui subsistent dans le cas de la pyramide porcine en France. Des enquêtes plus précises peuvent cependant être menées dans le cadre de la production organisée. Il est ainsi possible d'établir une pyramide pour l'ensemble des groupements, pour des groupements considérés individuellement, pour un département, etc ... Le tableau 3 montre le résultat de telles enquêtes et révèle des différences assez notables dans la diffusion selon la pyramide considérée. Le département du Morbihan réalise une meilleure diffusion que l'ensemble du pays et, dans ce département, des variations existent entre groupements comme en témoignent les trois cas étudiés.

TABEAU 3
RETARD GÉNÉTIQUE DE LA PRODUCTION PAR RAPPORT À LA SÉLECTION
(en nombre de générations)
DANS DIFFÉRENTS SOUS-ÉCHANTILLONS DE L'ÉTAGE DE PRODUCTION

	a	b	c	RETARD (1)
France entière	0,43	0,23	0,34	1,86
Échantillon de 179 groupements	0,41	0,275	0,315	1,86
Département du Morbihan	0,43	0,325	0,245	1,75
Groupement A	0,515	0,13	0,355	1,75
Groupement B	0,505	0,17	0,325	1,73
Groupement C	0,52	0,36	0,12	1,55

(1) a, b, c, proportions respectives des gènes en provenance des étages de sélection, de multiplication et de production. Le retard calculé est $(1 + b) / (1 - c)$

La mesure expérimentale des différences de niveau génétique entre les sélectionneurs et les producteurs est un autre moyen, complémentaire du précédent, de s'assurer que l'amélioration génétique diffuse efficacement. Les résultats obtenus dans les stations de sélection confirment bien l'existence d'un retard génétique entre les sélectionneurs et l'étagé de production, tant en race pure qu'en croisement. Notons qu'en croisement le retard doit être légèrement diminué du fait de l'hétérosis pour les caractères d'engraissement, ce qui est effectivement observé dans le huitième test, où la production en croisement a été comparée à la production en race pure. Cette comparaison souffre cependant du fait que les noyaux de sélection correspondant à ces deux types de production sont distincts, leurs valeurs génétiques relatives n'étant pas connues, même si on admet que celles-ci évoluent parallèlement dans le temps.

Il reste encore une difficulté à lever qui est la transposition des évolutions observées aux conditions mêmes des élevages de production. On peut en effet concevoir une sélection efficace dans les élevages du noyau, une diffusion des reproducteurs assurant un retard minimal, mais sans aucune amélioration génétique des performances. Une telle éventualité suppose l'existence d'interactions génotype-milieu : si, par exemple, la différence observée entre deux individus dans le milieu de sélection est annulée lorsqu'ils sont placés dans le milieu de production. Notons que ce phénomène ne doit pas être confondu avec l'observation d'une stagnation ou d'une baisse des performances qui serait due à une évolution défavorable des conditions de milieu mais restant compatible avec une amélioration génétique. La difficulté d'appréhender celle-ci dans les conditions de la production, comme cela a été évoqué, empêche généralement de trancher la question et, dans notre cas, de déterminer la part des améliorations rapportées dans la figure 3 qui revient à la sélection pratiquée au sommet de la pyramide. En l'absence d'interaction génotype-milieu, on pourra cependant admettre que les élevages de production doivent bénéficier des gains génétiques du noyau, au même rythme de 16 F par génération, mais avec un décalage de 1,8 génération soit 29 F. Les résultats présentés au tableau 2 et dans la figure 3, compte tenu de leur relative imprécision, ne paraissent pas contredire ces prédictions.

BIBLIOGRAPHIE

- BICHARD M., 1971. Dissemination of genetic improvement through a livestock industry. *Anim. Prod.*, **13**, 401-411.
- DAGORN J., 1975. Le programme national mécanographique de gestion technique des troupeaux de truies. Journées Rech. Porcine en France, **7**, III-XIV, ITP éd., Paris.
- GUEBLEZ R., 1980. Diffusion du progrès génétique dans l'espèce porcine en France (« où est passé le progrès génétique ? »). Mémoire de fin d'études, E.N.S.A. Rennes, 87p., (polycopié).
- HOUIX Y., DANDO P., SELIER P., 1978. Estimation, à l'aide d'une lignée-témoin, de l'évolution génétique des caractères d'engraissement et de carcasse du Porc **Large White** en France, de 1965 à 1973. *Ann. Génét. Sél. anim.*, **10**, 557-568.
- LE DENMAT M., RUNAVOT J.P., ALBAR J., 1980. Caractéristiques de la population des verrats en service dans les élevages de production. *Techni-Porc*, **3**, (5), 41-49.
- OLLIVIER L., 1971. L'épreuve de la descendance chez le porc **Large White** français de 1953 à 1966. II-Indices de sélection. *Ann. Génét. Sél. anim.*, **3**, 367-376.
- OLLIVIER L., 1981. Les objectifs de la sélection porcine en France. Journées Rech. Porcine en France, **13**, 285-292.
- OLLIVIER L., LEGAULT C., MOLÉNAT M., SELIER P., 1978. Les recherches en génétique porcine et leurs applications : un bilan de la période 1969-1977. Journées Rech. Porcine en France, **10**, 27-42.
- SMITH C., 1962. Estimation of genetic change in farm livestock using field records. *Anim. Prod.*, **4**, 239-251.