

Modélisation et optimisation du schéma suisse de sélection porcine

Comparaison du rôle des stations de contrôle de performances en Suisse et en France

Laurence MAIGNEL (1), A. HOFER (2)

*(1) I.T.P., Pôle Amélioration de l'Animal - La Motte au Vicomte, BP 3, 35651 Le Rheu Cedex
(2) École Polytechnique Fédérale de Zurich, Institut de Sciences Animales - CH-8092 Zurich, Suisse*

Modélisation et optimisation du schéma suisse de sélection porcine. Comparaison du rôle des stations de contrôle de performances en Suisse et en France

En Suisse, la station de contrôle de performances de Sempach est utilisée pour tester les collatéraux abattus (2 soeurs et 2 frères castrés) des verrats et truies contrôlés en ferme. Les équipements et le statut sanitaire de la station sont compatibles avec un contrôle en station des candidats à la sélection. Un modèle déterministe dynamique a été utilisé pour modéliser le noyau de sélection Large White suisse et prédire son évolution génétique au cours du temps dans le cas où les verrats d'insémination artificielle sont testés en station. Plusieurs stratégies ont été simulées, avec 1 ou 2 verrats testés en station par portée, et un nombre variable de collatéraux abattus. Par rapport à la situation actuelle, le contrôle des verrats d'IA en station assure une hausse du progrès génétique de 8 à 22 % sur l'objectif global, notamment grâce à une meilleure précision de l'évaluation génétique. La stratégie optimale, d'un point de vue économique, est de contrôler deux verrats et un plein frère abattu par portée, mais en utilisant seulement 50 % de la station pour ce type de test. On aboutit à des conclusions différentes de celles d'une étude comparable sur le schéma de sélection français, où le fait de contrôler les verrats d'IA en ferme ou en station n'affectait pratiquement pas l'efficacité du schéma. En fait, le contrôle en station occupe une place plus importante qu'en France au sein du schéma, en termes d'effectif mais aussi du fait que les caractères mesurés en station ont un poids plus important dans l'objectif de sélection.

Modelling and optimising the Swiss pig breeding scheme. A comparison of the interest of central testing stations in Switzerland and France

In Switzerland the central testing station is currently used to test slaughtered full sibs (2 females and 2 castrates) of on-farm tested boars and sows. The equipment and sanitary status of the station are compatible with the station testing of candidates. A deterministic, dynamic model was developed to model the Swiss Large White nucleus population and predict its genetic evolution over time when artificial insemination boars were on-station tested. Several selection strategies were simulated, involving on-station testing of 1 or 2 boars per litter, with a variable number of slaughtered full sibs. Compared to the current strategy, the on-station testing of AI boars provided an extra-genetic gain of 8 to 22 % in the breeding goal, due to a higher accuracy of genetic evaluation. The optimal strategy was to test two boars and one slaughtered full sib per litter on station, but using only 50% of the station for this type of testing. We found conclusions different from those of a previous study carried out on the French selection scheme, where the on-farm or on-station testing of AI boars did not significantly change the scheme efficiency. Actually, on-station tests are a more important part of the scheme in Switzerland, in number but also from the larger economic weights of station traits in the breeding goal.

INTRODUCTION

Le schéma d'amélioration porcine suisse repose, comme en France, sur deux types de contrôle de performances : le contrôle en ferme, pratiqué dans les élevages de sélection, et le contrôle en station, réalisé dans l'unique station de Sempach (canton de Lucerne). Jusqu'en 1997, la station de contrôle de performances était utilisée pour tester les collatéraux abattus des candidats mâles et femelles contrôlés en ferme. Récemment, la station a été pourvue en automates de mesure de la consommation alimentaire individuelle et à l'heure actuelle, les éleveurs peuvent envoyer à la station de 2 à 5 animaux par portée, pour des mesures de croissance, d'efficacité alimentaire, de composition corporelle et de qualité de viande. Cependant, la présence des automates a conduit les sélectionneurs suisses à envisager de consacrer une partie de la station au contrôle des verrats destinés à l'insémination artificielle.

L'objectif de cette étude est de déterminer, dans ces conditions, une stratégie optimale d'utilisation de la station de contrôle de Sempach. Dans cette optique, le schéma d'amélioration génétique porcine suisse a été modélisé grâce à un modèle déterministe mis au point à l'INRA pour une étude analogue sur le schéma de sélection français (MAIGNEL et al, 1997).

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. La population modélisée

Le noyau de sélection Large White suisse a été modélisé de façon aussi réaliste que possible, d'après les résultats d'une enquête réalisée auprès des organisations de sélection. Les principaux paramètres démographiques et zootechniques de la population sont donnés dans le tableau 1. A titre de comparaison, les paramètres démographiques du noyau de sélection Large White français sont également rappelés.

Cette population est un ensemble hétérogène d'animaux différenciant par leur sexe (mâle ou femelle), leur origine (insémination artificielle (IA) ou monte naturelle (MN)), leur âge (7 classes d'âge pour les truies, 5 pour les verrats), et leur mode de contrôle (ferme ou station). Afin de simuler le fonctionnement de la population sélectionnée, celle-ci est décomposée en différentes classes de reproducteurs de niveaux génétiques différents. Chaque classe a une moyenne et une variance génétique données, et est représentée par un animal "moyen" (par opposition aux modèles stochastiques où la valeur génétique de chaque animal est simulée aléatoirement).

Le modèle utilisé est dynamique, en d'autres termes chaque cycle de sélection est modélisé afin de suivre "pas à pas" le niveau génétique de toutes les classes d'animaux au cours du temps, pour dix caractères de production et un caractère de reproduction (tableau 2). Chaque cycle de sélection dure 5 mois, soit la durée moyenne entre deux mises bas chez la truie. Le progrès génétique par cycle est calculé simplement, comme la différence entre le niveau génétique moyen des animaux nés au cycle t et celui des animaux nés au cycle $t-1$. La figure 1 montre les principales étapes d'un cycle de sélection. A chaque cycle, tous les animaux nés subissent deux

Tableau 1 - Principaux paramètres démographiques de la population étudiée

	Suisse	France *
Nombre de truies mères	3 400	5 000
Insémination artificielle	30 %	50 %
Nombre de truies par verrot		
Insémination artificielle (IA)	20	40
Monte Naturelle (MN)	10	10
Durée par cycle	5 mois	5 mois
Nombre de porcelets sevrés par portée	9,5	9,0
Pyramide des âges des truies :		
11 - 15 mois	25 %	27 %
16 - 20 mois	20 %	22 %
21 - 25 mois	16 %	18 %
26 - 30 mois	13 %	13 %
31 - 35 mois	11 %	11 %
36 - 40 mois	9 %	9 %
41 - 45 mois	6 %	-
Pyramide des âges des verrats :		
11 - 15 mois	30 %	42 %
16 - 20 mois	25 %	38 %
21 - 25 mois	20 %	20 %
26 - 30 mois	15 %	-
31 - 35 mois	10 %	-
Nombre de places de contrôle par cycle		
Station	900	1 000
Ferme	5 900	25 000

* MAIGNEL et al, 1997

étapes de sélection. La première est une sélection familiale basée sur un indice global sur ascendance, qui détermine quelles portées vont être testées en station ou en ferme (ou pas testées du tout). La seconde étape de sélection, incluant les informations sur les performances propres durant le test, est réalisée pour garder les meilleurs animaux pour le renouvellement du noyau :

- meilleures femelles;
- meilleurs mâles pour l'insémination artificielle;
- meilleurs mâles parmi ceux restant pour la monte naturelle.

1.2. Le modèle (MAIGNEL et al, 1997)

Le modèle utilisé est déterministe, dynamique, et prend en compte :

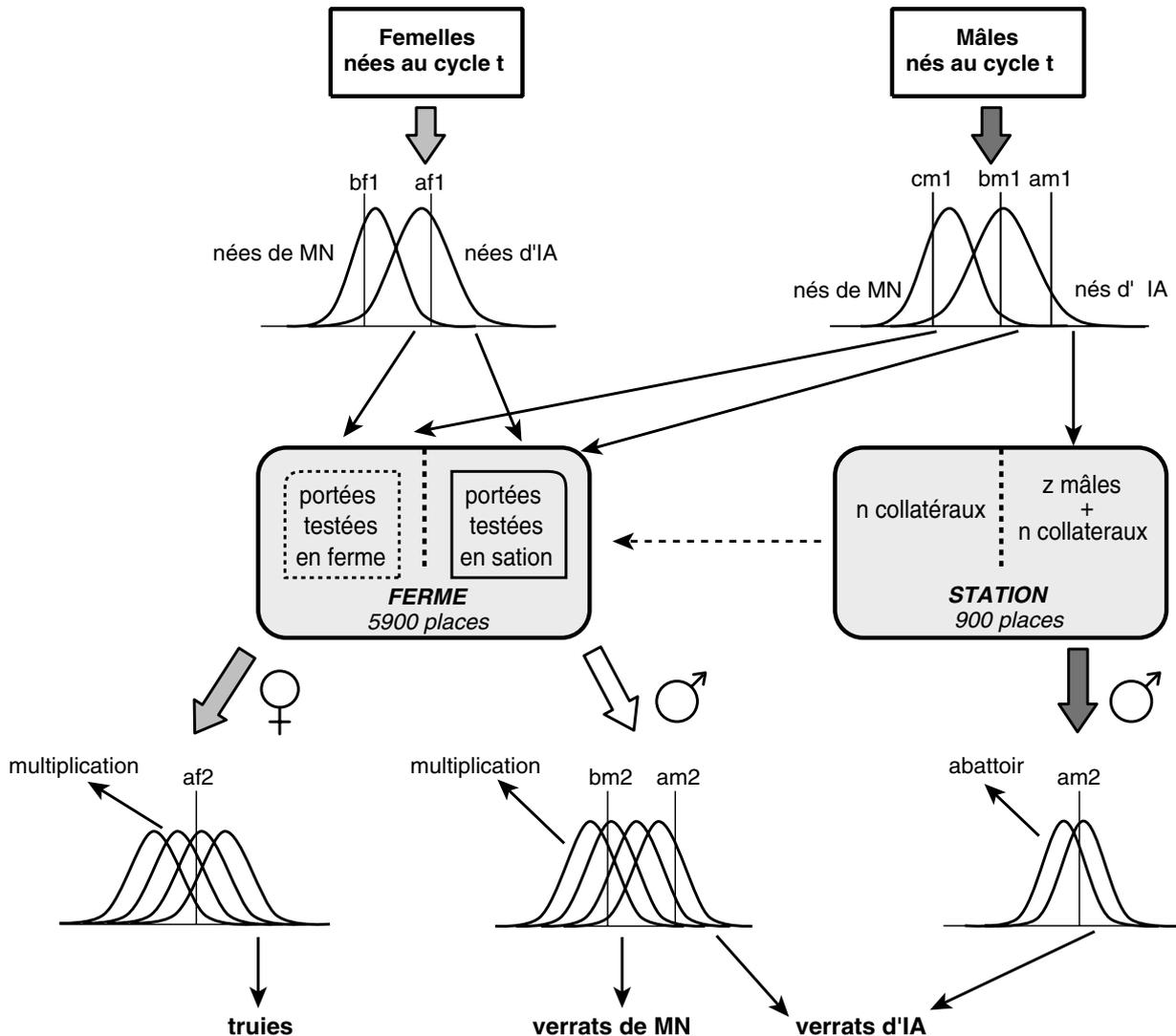
- les générations chevauchantes;
- la réduction des variances génétiques due à la sélection (BULMER, 1971);
- la consanguinité : la hausse de consanguinité par génération est estimée à partir de l'effectif génétique de la population (FOULLEY et CHEVALET, 1981);
- la réduction des différentielles de sélection due à l'appariement entre les candidats (pleins frères et demi-frères) (MEUWISSEN, 1991).

Plusieurs cycles de 5 mois, comprenant l'évaluation génétique des candidats, la sélection des meilleurs individus et leur accouplement, sont réalisés, jusqu'à ce que le régime asymptotique soit atteint.

Tableau 2 - Caractères mesurés en ferme et en station.

Caractère	Unité	Mesuré sur			Poids économiques (Francs Suisses)
		verrats testés en station	femelles et castrats testés en station	mâles et femelles testés en ferme	
Gain moyen quotidien	g/jour	X	X		0,13
Indice de consommation	kg/kg	X	X		-83,0
Pourcentage de muscle	%		X		7,9
Taux de gras intramusculaire	%		X		25,0
pH 45 mn post mortem	unités pH		X		20,0
pH 24-30 h post mortem	unités pH		X		-
Réfectance 24-30 h post mortem	unités pH		X		-2,0
Indice d'iode de la bardière	g		X		-
Gain moyen quotidien	g/jour			X	-
Taux de muscle estimé (1)	%	X		X	-
Nombre de porcelets nés vivants				X (truies)	9,82

(1) À partir de la mesure de lard dorsal aux ultrasons

Figure 1 - Les principales étapes d'un cycle de sélection

1.2.1. Modélisation de l'évaluation génétique des candidats

Les candidats à la sélection sont évalués par la méthode du BLUP appliqué à un modèle animal, qui tient compte des effets d'environnement commun (effet portée), mais pas des effets fixés. Cette phase du programme permet de calculer la précision de l'évaluation génétique, qui est une composante majeure de la réponse à la sélection. En outre, la modélisation des étapes de sélection nécessite le calcul de la variance des indices, calculée aisément à partir de la variance d'erreur de prédiction, obtenue en inversant la matrice des coefficients du modèle mixte (HENDERSON, 1963).

Dix caractères de production sont considérés dans l'évaluation génétique (tableau 2) :

- deux (GMQ, IC) sont mesurés en station sur les mâles entiers et les collatéraux abattus;
- six sont mesurés exclusivement sur les collatéraux abattus :
 - le pourcentage de morceaux nobles (longe+jambon+épaule, dégraissés) ;
 - des mesures de qualité de viande, réalisées sur le muscle long dorsal
- le taux de gras intramusculaire du muscle long dorsal, mesuré par réflexion infra-rouge ;
- le pH 45 min post mortem du muscle long dorsal,
- le pH 24-30 h post mortem du muscle long dorsal ;
- la réflectance ;
- l'indice d'iode de la bardière, un indicateur de la consistance du tissu gras;
- 2 autres (âge et épaisseur de lard ajustés à 100 kg) sont mesurés sur les individus contrôlés en ferme.

La prédiction des valeurs génétiques est réalisée sur la base des performances des animaux à évaluer et de leurs apparentés proches (deux générations d'ancêtres sont prises en compte). Les paramètres génétiques employés sont ceux utilisés en routine pour l'évaluation BLUP des caractères en station et en ferme (HOFER et SCHWÖRER, 1995 ; HOFER et al, 1992), complétés par les estimations françaises pour les corrélations génétiques entre caractères mesurés en ferme et en station (BIDANEL et DUCOS, 1996), et entre l'indice d'iode et les caractères de production (MAGNEL et al, 1998). Les paramètres génétiques du nombre de porcelets nés vivants par portée ont été estimés par FREY et al (1997). Ce dernier caractère est supposé indépendant de tous les caractères de production.

1.2.2. Modélisation des étapes de sélection

À partir de l'espérance et de la variance des prédicteurs, la sélection des animaux permettant de maximiser l'espérance des animaux retenus consiste à réaliser une troncature parmi plusieurs distributions normales. En effet, il existe plusieurs classes de naissance (IA ou MN) et de contrôle (en ferme ou en station) auxquelles correspondent autant de distributions normales, parmi lesquelles il faut déterminer un seuil de troncature unique. Par exemple, à la première étape de sélection, on doit sélectionner parmi deux classes de naissance (issues d'IA ou de MN) les femelles destinées au contrôle en ferme (figure 1).

La distribution des valeurs génétiques vraies (H) et des indices (indice sur ascendance I_1 et indice incluant les performances propres I_2) est supposée multinormale. Du fait de

la sélection à la première étape sur I_1 , l'indice I_2 est donc supposé suivre une distribution multinormale tronquée.

1.2.3. Moyennes et variances génétiques des animaux sélectionnés

La supériorité génétique des animaux sélectionnés est calculée comme l'espérance de la valeur génétique vraie (H), sachant que les indices I_1 et I_2 sont supérieurs à des seuils connus (déterminés à l'étape précédente) et connaissant les corrélations entre H, I_1 et I_2 . En utilisant l'approximation de MEUWISSEN (1991) appliquée à des familles de pleins frères et demi-frères, la réduction des différentielles de sélection est estimée pour chaque classe de reproducteurs retenus, à partir des coefficients de parenté et des corrélations entre indices des pleins frères et des demi-frères.

1.2.4. Moyennes et variances génétiques des descendants

Les accouplements étant supposés réalisés au hasard entre toutes les classes parentales, le niveau génétique des animaux nés à chaque cycle est calculé comme la demi-somme des moyennes génétiques parentales. Du fait des générations chevauchantes, le calcul doit tenir compte de la coexistence de plusieurs cohortes de pères et de mères d'âge (donc de niveaux génétiques) différents. Le calcul de la variance génétique des descendants tient compte de la réduction de la variance génétique due à la sélection (ou " effet Bulmer ") (BULMER, 1971) et de l'effet de la consanguinité moyenne des classes parentales sur la variance de leur descendants (FOULLEY et CHEVALET, 1981).

Le programme permet de tester différentes stratégies de sélection et de les comparer selon le progrès annuel asymptotique sur l'objectif global (production+reproduction).

Trois paramètres du modèle ont donc été testés simultanément :

- le nombre de mâles entiers (verrats d'IA potentiels) testés par portée : 1 ou 2 ;
- le nombre de collatéraux (1, 2 ou 4) de ces verrats, contrôlés en station et abattus pour donner des informations de composition de carcasse, de qualité de la viande et du tissu gras prises en compte dans l'évaluation génétique ;
- la proportion de la station utilisée (50 ou 100 %) pour le contrôle des portées avec mâles entiers. Quand seulement 50 % des places en station sont utilisées pour ce type de contrôle (verrats et leurs collatéraux), les places restantes servent à tester, pour des candidats testés en ferme, autant de collatéraux que pour les verrats testés en station.

2. RÉSULTATS

Les résultats pour les 12 stratégies testées sont exprimés, sur la figure 2, en pourcentage de la réponse annuelle asymptotique dans la situation actuelle, où la station est utilisée pour tester uniquement 4 collatéraux abattus (2 soeurs et 2 frères) par portée testée. Le tableau 3 donne les valeurs des progrès génétiques annuels sur tous les caractères mesurés. Le nombre de places de contrôle (ferme et station) étant constant

Tableau 3 - Réponses annuelles asymptotiques par caractère pour la stratégie actuelle et les 12 stratégies testées.

Proportion des places en station utilisées pour le contrôle des verrats	0% (1)	50 %						100 %					
Nombre de verrats testés en station par portée	0	1	2	1	2	1	2	1	2	1	2	1	2
Nombre de collatéraux abattus par portée	4	1	1	2	2	4	4	1	1	2	2	4	4
Gain moyen quotidien (g/jour)	-0,92	-2,37	-2,34	-2,13	-2,06	-1,88	-1,84	-2,63	-2,59	-2,44	-2,34	-2,17	-2,05
Indice de consommation (kg/kg)	-0,05	-0,06	-0,07	-0,06	-0,07	-0,06	-0,06	-0,06	-0,07	-0,06	-0,07	-0,06	-0,06
Pourcentage de morceaux nobles (%)	1,08	1,31	1,35	1,27	1,30	1,20	1,24	1,30	1,32	1,27	1,28	1,22	1,24
Taux de gras intramusculaire (%)	0,06	0,03	0,02	0,04	0,03	0,04	0,04	0,02	0,01	0,03	0,02	0,04	0,03
pH 45 mn post mortem	0,010	0,010	0,011	0,011	0,012	0,011	0,012	0,009	0,011	0,011	0,012	0,012	0,013
pH 24-30h post mortem	0,003	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002
Réflectance 24-30h post mortem	-0,030	0,034	0,044	0,010	0,017	-0,012	-0,008	0,043	0,054	0,018	0,026	-0,004	0,001
Indice d'iode de la bardière	0,229	0,237	0,224	0,227	0,217	0,217	0,211	0,228	0,195	0,218	0,190	0,205	0,184
Nombre de porcelets nés vivants par portée	0,10	0,11	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,09	0,10	0,09	0,09	0,09

(1) Situation actuelle (tous les verrats sont contrôlés en ferme)

pour toutes les stratégies, les différences dans les réponses à la sélection dépendent seulement de différences d'intensités de sélection ou de précision des indices BLUP.

D'après la figure 2, le contrôle en station des verrats d'IA se révèle être très intéressant, puisqu'il procure une hausse de la réponse annuelle asymptotique de 8 à 22 % par rapport à la stratégie actuelle (où tous les verrats sont testés en ferme) (figure 2). Cette amélioration de la réponse est essentiellement liée à un progrès meilleur sur l'indice de consommation et le taux de muscle (tableau 3). Le contrôle de deux verrats par portée au lieu d'un seul, avec le même nombre de collatéraux abattus, conduit à une meilleure réponse (au minimum 3 %) sur l'objectif global. Notons également que la situation '2 verrats + 1 collatéral' est beaucoup plus efficace que la stratégie '1 verrat + 2 collatéraux' (7 % de progrès en plus). Quand le nombre de verrats et/ou de collatéraux testés en station augmente, il en découle deux phénomènes majeurs :

- les capacités de contrôle étant fixées, le fait de tester plus d'animaux par portée impose une baisse du nombre de portées testées, si bien que l'intensité de sélection augmente à la première étape de sélection et diminue à la deuxième.
- l'information supplémentaire en provenance de la station de contrôle, pour les portées concernées, conduit à une hausse de la précision des indices, qui permet de réaliser une sélection plus efficace, surtout à la deuxième étape de sélection (après le contrôle de performances), ce qui compense en partie la perte d'intensité de sélection.

En conséquence, la maximisation de la précision de l'évaluation génétique, dans la stratégie où l'on teste 2 verrats et 4 collatéraux par portée en station, conduit à minimiser l'intensité de sélection, et vice-versa. La meilleure stratégie est

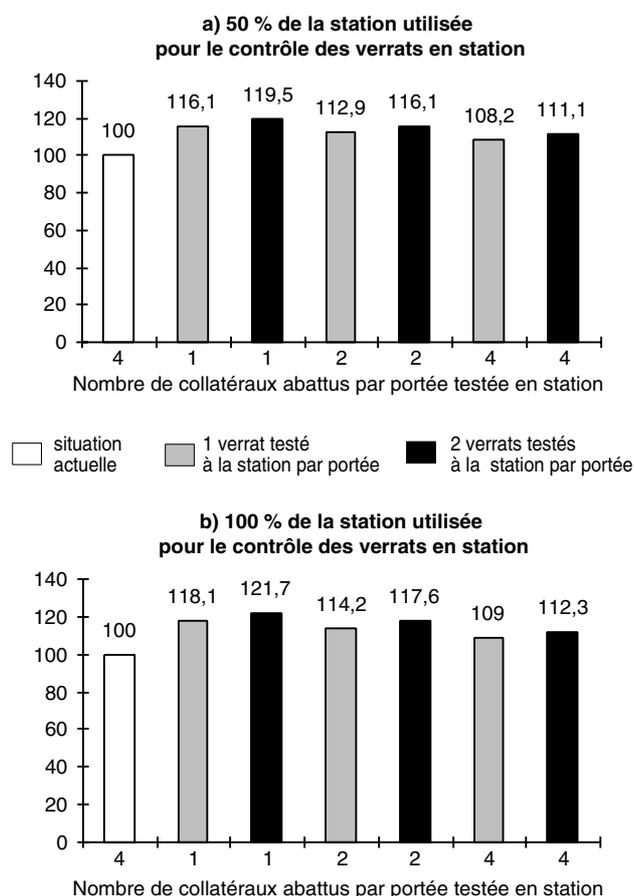
Figure 2 - Valeurs des progrès annuels asymptotiques sur l'objectif global (en % de la situation actuelle)

Tableau 4 - Effectifs annuels de verrats retenus pour l'insémination artificielle ou abattus parmi les verrats contrôlés en station.

Proportion des places en station utilisées pour le contrôle des verrats	50 %						100 %					
	Nombre de verrats testés en station par portée	1	2	1	2	1	2	1	2	1	2	1
Nombre de collatéraux abattus par portée	1	1	2	2	4	4	1	1	2	2	4	4
Écart de progrès génétique par rapport à la stratégie actuelle (en %)	+16,1	+19,5	+12,9	+16,1	+8,2	+11,1	+18,1	+21,7	+14,2	+17,6	+9,0	+12,3
Nombre de verrats testés en station / an	540	720	360	540	216	360	1080	1440	720	1080	432	720
Nombre de verrats testés en station retenus pour l'IA / an	32	41	27	39	24	34	44	48	34	48	32	44
Nombre de verrats testés en station abattus / an	508	679	333	501	192	326	1036	1392	686	1032	400	676

donc celle pour laquelle la combinaison intensité de sélection / précision est optimale, et conduit au progrès génétique annuel maximal. Parmi les 12 stratégies présentées ici, la réponse à la sélection la plus forte est obtenue avec deux verrats et un collatéral contrôlés en station par portée, et 100 % des places de la station utilisées pour le contrôle de portées avec verrats d'IA potentiels. Cette stratégie apporte le meilleur équilibre entre intensité de sélection et précision de l'évaluation génétique.

En outre, les verrats testés en station ont seulement deux destinées possibles : entrer en centre d'insémination artificielle, ou partir à l'abattoir. Dans le cas de notre population, moins de 50 verrats d'IA sont retenus chaque année, et tous les autres verrats testés en station sont abattus. Or, les carcasses de mâles entiers sont fortement dévaluées à l'abattoir, pour des raisons d'odeurs désagréables de la viande. Le tableau 4 donne, dans chacune des stratégies, les effectifs de verrats testés en station par an, et le nombre de verrats effectivement retenus pour l'IA parmi eux.

D'un point de vue économique, la situation où l'on utilise seulement 50 % de la station pour le contrôle des verrats pourrait être plus avantageuse. En effet, cette stratégie procure 2 % de moins que la stratégie optimale sur le progrès génétique global, mais seulement 679 verrats (contre 1392) doivent être abattus chaque année. Au moment de l'analyse, il n'était pas possible de quantifier précisément la dévaluation des carcasses de verrats à l'abattoir, donc de comparer les deux stratégies sur le plan économique.

3. DISCUSSION

3.1. Rappel : optimisation du schéma français (MAGNEL et al, 1997)

En France, le contrôle des verrats en station était pratiqué depuis les années 60, tout d'abord sous la forme d'un contrôle individuel, puis d'un contrôle combiné des jeunes

mâles (OLLIVIER et al, 1986). Depuis 1996, suite à l'accroissement de pressions épidémiologiques (Aujesky, SDRP), les stations de contrôle de performances n'accueillent plus que des collatéraux destinés à être abattus, les verrats étant quant à eux contrôlés en ferme. Une analyse réalisée avec le même type de programme de simulation (MAGNEL et al, 1997) avait alors montré que ce changement dans l'utilisation des stations de contrôle de performances avait une incidence très réduite sur l'efficacité du schéma de sélection. Cette nouvelle situation semble même favorable, puisque le contrôle des verrats en ferme plutôt qu'en station permet, à capacités de contrôle constantes, de tester davantage de collatéraux, donc davantage de familles. En conséquence, le progrès génétique prédit sur l'objectif production est légèrement supérieur (+6%), et la réponse attendue sur l'objectif global n'est pas affectée par ce changement de situation.

3.2. Les résultats de l'optimisation du schéma suisse

Dans la présente étude, où la démarche est inverse puisque l'on teste l'impact du contrôle des verrats en station plutôt qu'en ferme, on pouvait s'attendre, en suivant le même raisonnement, à une réponse à la sélection inchangée, voire légèrement défavorable, lorsque les verrats sont testés en station. Or, les chiffres montrent un avantage net du contrôle des verrats en station, par rapport à la situation actuelle, puisqu'il conduirait à une hausse du progrès génétique sur l'objectif global de 8 à 22%, essentiellement grâce à une meilleure réponse sur l'indice de consommation et le pourcentage de morceaux nobles dans la carcasse. Dans une étude utilisant une approche similaire, WUENSCH et al (1998) ont montré une hausse de 35 % de l'efficacité d'un schéma de croisement, lorsque les verrats d'IA sont contrôlés en station plutôt qu'en ferme.

Le fait d'aboutir à des conclusions si différentes pour les noyaux de sélection suisse et français, en apparence très proches, est surprenant, mais s'explique par un certain nombre de différences démographiques et zootechniques.

3.3. Comparaison des paramètres démographiques

Les principales différences au niveau démographique sont visibles dans le tableau 1 (p 176) : le noyau Large White suisse se renouvelle plus lentement que le noyau français, notamment en ce qui concerne les verrats (en Suisse, environ 70 % des mâles sont renouvelés chaque année, contre 100 % en France), ce qui tend à allonger l'intervalle de génération sur la voie mâle-descendant. D'autre part, l'insémination artificielle est moins répandue dans les élevages de sélection suisses (30 % d'IA contre 55 % en France) et le nombre moyen de truies par verrat d'IA est deux fois plus faible (20 contre 40). Ces deux différences majeures laissent à penser que les flux de gènes sont plus lents dans le noyau suisse.

Il existe quelques petites disparités au niveau des caractères mesurés en ferme et en station dans les deux pays : en Suisse, on mesure à la station, sur tous les collatéraux abattus, le taux de gras intramusculaire dans la longe (qui fait partie de l'objectif de sélection), et la composition en acides gras de la bardière, pour disposer d'une mesure de consistance du tissu gras. Ces deux mesures ne sont pas réalisées systématiquement en France.

Les paramètres génétiques utilisés dans les deux études sont très proches, si l'on excepte l'héritabilité de l'indice de consommation, plus forte chez le Large White suisse que chez le Large White français (0,47 contre 0,20).

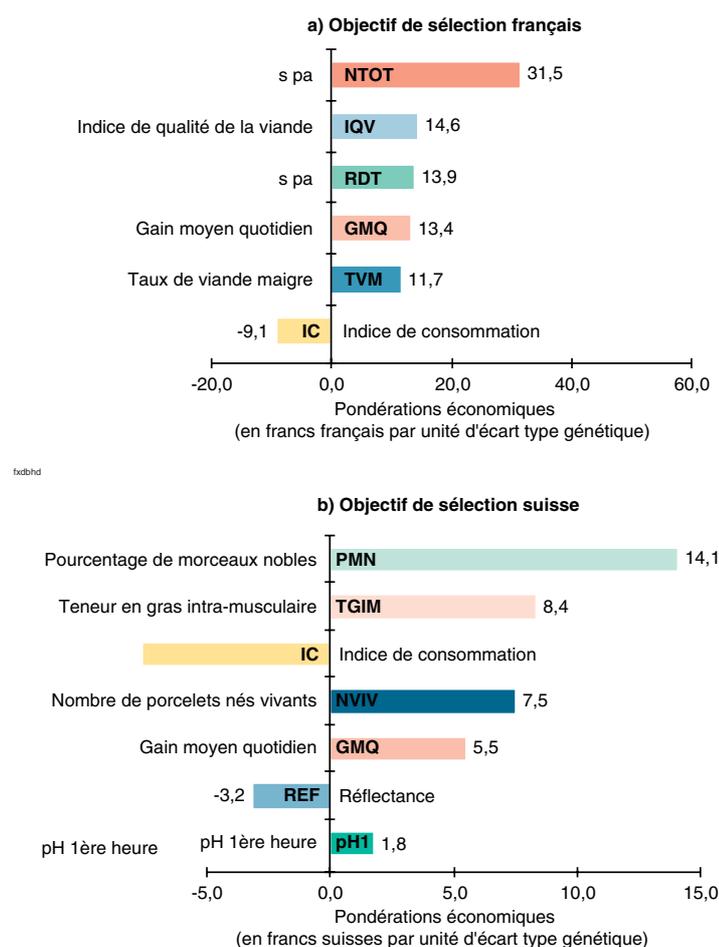
3.4. Capacités de contrôle

Si on ramène les deux populations au nombre de truies reproductrices, le noyau suisse a près de deux tiers de places en ferme en moins (4,2 places en ferme par truie contre 12 chaque année), mais presque un tiers de places en station en plus (0,64 places en station par truie contre 0,48 chaque année) par rapport au schéma français. En conséquence, les pressions de sélection sont plus faibles en sortie de contrôle en ferme mais plus élevées en sortie de contrôle en station pour le schéma suisse. En outre, en Suisse le nombre plus faible de tests aux ultrasons réalisés en ferme implique que toutes les portées ne font pas l'objet d'un contrôle, alors qu'elles sont presque toutes contrôlées en France. Enfin, les tests en station, qui représentent en Suisse 13 % des animaux contrôlés (contre seulement 4 % en France), ont un poids important dans l'évaluation génétique.

3.5. Objectifs de sélection

Les deux schémas diffèrent également par leurs orientations en termes d'objectifs de sélection. La figure 3 montre les différences majeures entre les objectifs suisse et français. Ainsi, en France, la taille de portée est le caractère le plus important (avec 30 francs par porcelet supplémentaire), et les 5 caractères de production (par ordre décroissant d'importance : indice de qualité de viande, rendement de carcasse, gain moyen quotidien, taux de muscle et indice de consommation) ont des poids économiques relativement proches, entre 10 et 15 francs par unité d'écart type génétique. En Suisse, les pondérations sont plus hétérogènes, le caractère

Figure 3 - Comparaison des objectifs de sélection suisse(a) et français(b)



le plus important, et de très loin, étant le pourcentage de morceaux nobles (14 francs suisses par unité d'écart type génétique, soit environ 55 francs français). Les trois caractères suivants, la teneur en gras intramusculaire, l'indice de consommation et le nombre de porcelets nés vivants par portée ont des pondérations proches, de 7 à 8 francs suisses par unité. Le gain moyen quotidien et les caractères de qualité de viande (réflectance et pH) ont les poids les plus faibles. En résumé, en France l'amélioration génétique du Large White est tournée en priorité vers la taille de portée, un caractère mesuré en ferme. En Suisse, l'accent est mis actuellement sur le taux de muscle et la qualité de la viande (par l'intermédiaire du taux de gras intramusculaire), deux caractères mesurés sur des animaux contrôlés en station et abattus. Ceci explique en partie que l'efficacité du schéma suisse soit plus sensible à des modifications du mode d'utilisation des stations de contrôle.

3.6. Nombre de collatéraux et précision de l'évaluation génétique

Les informations recueillies sur les collatéraux contrôlés à la station et abattus sont utilisées pour estimer la valeur génétique des candidats à la sélection. La précision de cette évaluation (donnée par le coefficient de détermination, ou CD) augmente avec le nombre de collatéraux abattus. Ainsi, dans le schéma suisse, un verrat né d'IA contrôlé en ferme a

un CD qui varie de 0,28 à 0,36 selon le nombre de ses pleins frères abattus (de 1 à 4). Ce même verrat aura un CD moyen de 0,48 à 0,55 s'il est contrôlé en station. Notons que dans les deux situations, au-delà de 2 pleins frères abattus, le gain de précision est assez minime. Dans le schéma français, le fait de contrôler les verrats en ferme plutôt qu'en station, avec un seul plein frère abattu, ne modifiait quasiment pas leur CD (de l'ordre de 0,22). Cette différence dans le niveau de précision est due au poids plus important de l'indice de consommation dans l'objectif suisse (figure 3). Elle explique en grande partie le gain notable d'efficacité du schéma suisse lorsque les verrats sont testés à la station.

CONCLUSION

Les différentes stratégies de sélection simulées dans la présente étude ont montré que le contrôle des verrats d'IA en

station plutôt qu'à la ferme procurerait une nette amélioration de l'efficacité du schéma de sélection Large White suisse. L'intérêt du contrôle en station des candidats à la sélection dépend essentiellement de la structure du schéma de sélection, des capacités de contrôle et des objectifs de sélection. Il s'avère beaucoup plus intéressant en Suisse qu'en France, car la structure et les modalités de contrôle et de sélection font que les stations de contrôle y ont un rôle encore plus important. Quoi qu'il en soit, la fonction des stations est capitale en Suisse comme en France : elles sont le lieu de mesures non réalisables en ferme, telles que la consommation alimentaire, les caractères mesurés sur les animaux abattus (teneur en viande maigre, qualité de la viande, redement de carcasse) et les caractères non inclus dans les objectifs de sélection mais dont on souhaite suivre l'évolution. Par ailleurs, les stations jouent un rôle central dans la connexion, en particulier dans un schéma où la sélection est réalisée dans un grand nombre d'élevages.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BIDANEL J.P., DUCOS A., 1996. *Livest.Prod.Sci.*, 45, 55-62.
- BULMER M.G., 1971. *Am.Nat.* 105, 201-211.
- FOULLEY J.L., CHEVALET C., 1981. *Ann Génét Sél Anim* 13, 189-196.
- FREY M., HOFER A., KUNZI N., 1997. *Livest.Prod.Sci.*, 48, 135-141.
- HENDERSON C.R., 1963. In *Statistical genetics and plant breeding*. NAS-NAC 982, Washington DC, pp141-163.
- HOFER A., HAGGER C., KUNZI N., 1992. *Livest.Prod.Sci.*, 30, 69-82.
- HOFER A., SCHWÖRER D., 1995. 46th Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Prague, 4-7 September 1995.
- MAIGNEL L., PHOCAS F., BIDANEL J.P., 1997. *Journées Rech. Porcine en France*, 29, 343-352.
- MAIGNEL L., GUÉBLEZ R., BARDINAL M., GARREAU H., BIDANEL J.P., SELLIER P., 1998. *Journées Rech. Porcine en France*, 30, 73-80.
- MEUWISSEN T.H.E., 1991. *Biometrics*, 47, 195-203.
- OLLIVIER L., RUNAVOT J.P., DAGORN J., GUÉBLEZ R., JEHANNO J., et al., 1986. *Journées Rech. Porcine en France*, 18, 203-236.
- WUENSCH U., SCHUELER L., NITTER G., 1998. 6^e WCGALP, 23, 495-498.