

Gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées : exemple d'application sur la population collective Landrace Français

Jean-Jacques COLLEAU, Thierry TRIBOUT

*INRA Station de Génétique Quantitative et Appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex*

ugencjj@dga2.jouy.inra.fr

Gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées : exemple d'application sur la population collective Landrace Français

Il est possible de modérer l'accroissement des coefficients de parenté et de consanguinité dans les populations sélectionnées en calculant les taux d'utilisation des reproducteurs, compte tenu de la diversité génétique existante, et en optimisant ensuite les accouplements. Les potentialités d'une telle approche ont été testées rétrospectivement sur la population Landrace Français en sélection en comparaison aux saillies réellement effectuées au cours d'une période test de 21 semaines. La contrainte majeure a été la conservation du niveau génétique moyen pour l'objectif global de sélection de la population, pour ne pas pénaliser le progrès génétique à court terme. En optimisant l'utilisation des verrats disponibles durant cette période, il aurait été possible de diminuer les coefficients de parenté et de consanguinité d'environ 20 %. Cette diminution aurait pu être portée à environ 30 % si, en plus, on avait optimisé le renouvellement et les réformes en considérant la variabilité génétique, toujours avec la même contrainte de niveau génétique inchangé par rapport au réel. Cette dernière optimisation repose en partie sur un nouvel index synthétique qui combine la valeur génétique estimée de chaque individu (VGEobj) à sa parenté moyenne avec le reste de la population. Les coefficients de pondération de la parenté ont été trouvés très élevés en dépit de la clause de conservation des niveaux génétiques pour l'actuelle VGEobj. Ces résultats montrent l'intérêt qu'il y aurait à fournir à l'avenir, en même temps que l'indexation mensuelle, les résultats de ces optimisations effectuées en continu, de manière à promouvoir la préservation de la variabilité génétique par les acteurs de la sélection.

Optimised management of genetic variability in selected pig populations: the example of the French Landrace collective population

Tempering the increase of coancestry and inbreeding coefficients in selected populations is made possible through calculation of contributions allowed to breeding animals, given the current situation with regard to genetic diversity and, further, through optimal distribution of matings. The potential of such an approach was tested by retrospective optimisation on the French Landrace population in reference to the matings actually carried out during a 21-week test period. The major constraint was that the average overall estimated breeding value (EBV) should be the same as the observed one, for not damaging short-term genetic gain. Optimising breeding allocations to boars would have led to decrease coancestry and inbreeding coefficients by about 20%. This decrease would have even climbed to about 30%, would have replacements and disposals been optimised after accounting for genetic variability, keeping the same constraint of genetic level identical to the observed one. This last optimisation partly relied on a new overall EBV combining the current EBV of an individual with his coancestry with the rest of the population. Weights of coancestries were found to be very high, despite the strong requirement of maintaining the genetic level for the current overall EBV. The results show the potential value, in the future, of completing monthly calculation of EBVs by optimisations considering genetic variability and of releasing corresponding results to breeders, in order to enhance maintenance of genetic variability.

INTRODUCTION

La sélection présente divers inconvénients. Elle génère une perte de variabilité génétique, ce qui est préjudiciable au progrès génétique à long terme et limite l'adaptabilité de la population à une variation des objectifs de sélection si le contexte économique le demande. Elle génère aussi de la consanguinité, ce qui altère les performances de reproduction, la résistance aux maladies, et qui facilite la diffusion de tares génétiques, quand elles existent. Ces phénomènes sont liés à la pression de sélection, en général forte, et aussi à la manière dont sont calculées les estimées de valeur génétique (VGE) des individus : dans le cas d'une évaluation génétique fondée sur la méthodologie du BLUP appliquée à un modèle animal, les VGE prennent en considération les performances des apparentés et la sélection est donc en partie familiale. Toutes ces retombées défavorables s'instaurent d'autant plus rapidement que l'intervalle de génération est court et que les techniques de reproduction, comme l'insémination artificielle (IA), permettent une large diffusion du même individu. C'est particulièrement le cas de l'espèce porcine. Des bilans effectués dans un passé récent ont effectivement permis de constater d'importantes diminutions de la variabilité génétique dans diverses populations porcines sélectionnées (Maignel et al., 1998 ; Maignel et Labroue, 2001 ; Delaunay et Mèrour, 2006).

Il importe donc de disposer de méthodes de travail efficaces pour tempérer cette augmentation tout en maintenant un niveau de progrès génétique compatible avec une bonne compétitivité à court terme de la population sélectionnée. Cette problématique a suscité beaucoup de travaux théoriques dans la communauté mondiale des généticiens quantitatifs, particulièrement au cours des vingt dernières années (Meuwissen et Sonesson, 1998, Woolliams et al., 2002, cf. aussi les références citées par Colleau et al., 2004). Ces travaux ont été accompagnés par de nombreuses simulations sur des populations simplifiées, qui ont confirmé la validité des méthodes de gestion de la variabilité génétique ainsi proposées.

Le résultat le plus clair de ces recherches est que la minimisation de la consanguinité à long terme s'obtient grâce à la minimisation de la moyenne des coefficients de parenté deux à deux obtenus dans la population mélangeant les reproducteurs et reproductrices. On pourrait penser intuitivement qu'il suffit de minimiser la parenté entre les mâles et les femelles. Or deux individus d'un même sexe se retrouveront fatalement en même temps dans les pedigrees d'un mâle et d'une femelle accouplés plusieurs générations plus tard. La parenté entre ces individus a donc un effet sur la consanguinité du produit issu de l'accouplement, ce qui veut dire que les parentés sont aussi à considérer intra-sexe ; 50 % du pool génétique total sont sous le contrôle des mâles et 50 % sous le contrôle des femelles : en conséquence, dans le calcul des parentés moyennes, les parentés mâle-mâle ou femelle-femelle interviennent globalement avec une pondération de 0,25 et les parentés mâle-femelle avec une pondération de 0,50.

Plus précisément, la minimisation du coefficient de parenté moyen s'effectue en faisant varier les droits à la reproduction, c'est-à-dire non seulement la liste des reproducteurs

sélectionnés mais aussi leur intensité d'utilisation. La recherche des combinaisons les plus efficaces s'obtient à partir de méthodes spécialisées de génétique quantitative, dont le principe sera donné dans le corps du texte.

La difficulté majeure consiste alors à mettre en œuvre ce grand principe dans le détail, à chaque fois que cela est nécessaire, c'est-à-dire à toutes les étapes majeures du schéma de sélection, dont les caractéristiques sont imposées bien souvent par celles de l'espèce en question. Ainsi, Colleau et al., (2003, 2004) ont identifié trois étapes dans les programmes de sélection des bovins laitiers, proposé les méthodologies correspondantes et les ont testées sur des données réelles obtenues récemment.

Chez le porc, deux grandes étapes peuvent être considérées dans un dispositif d'amélioration génétique et relèvent chacune d'une optimisation distincte : le choix des accouplements (appelé «service» ci-après) et le renouvellement des reproducteurs. L'objectif de cette communication est de présenter successivement pour chaque phase la stratégie utilisée et les résultats fournis par un test rétrospectif. Celui-ci a été effectué en référence à des accouplements réellement observés dans la population Landrace Française collective, où l'élévation de la consanguinité est la plus rapide parmi les populations porcines pures exploitées en France (0,35 % par an sur la période 2000-2004). Ils concernaient 2535 truies situées dans 26 élevages de sélection et la période de test s'étendait du 15 septembre 2002 au 9 février 2003. Ces tests rétrospectifs ont eu pour but essentiel de déterminer s'il aurait été possible au cours de cette période de diminuer sensiblement la parenté et la consanguinité tout en maintenant intégralement les niveaux observés pour l'index de sélection synthétique.

1. OPTIMISATION DU SERVICE

Au moment où l'on souhaite optimiser le service, on connaît la liste des femelles à saillir avec certitude et la liste des mâles tant d'IA que de monte naturelle (MN) qui sont disponibles à cet instant. Ces sigles sont considérés pour la simplicité. L'appellation MN regroupe en fait la monte naturelle stricte et l'IA effectuée par l'éleveur avec la semence de ses propres verrats. L'appellation IA concerne l'IA effectuée par les seuls verrats de centre d'insémination artificielle. L'optimisation du service consiste à déterminer par le calcul d'abord le nombre de truies qui sont affectées à chaque verrot sélectionné (c'est-à-dire le "droit" à la reproduction), puis les meilleurs accouplements, étant entendu qu'un mâle MN ne peut saillir en dehors de son troupeau. La première phase a pour but d'abaisser au maximum le rythme final (de 'croisière') d'augmentation de la consanguinité et la seconde à abaisser au maximum son niveau à court terme.

1.1. Modèle utilisé

La période considérée pour la mise en application des méthodes d'optimisation du service et du renouvellement dans la population Landrace Français collective s'étendait du 15 septembre 2002 au 9 février 2003. Cet intervalle de 21 semaines correspond approximativement à l'intervalle de

temps au cours duquel toutes les femelles actives de la population sont saillies une seule fois (exception faite des retours). Le réalisme amène à ne pas considérer dans l'optimisation que les reproducteurs mâles actifs à un moment de cette période l'étaient aussi sur l'ensemble de celle-ci, ni que les valeurs génétiques estimées avaient été constantes pendant toute la période. On a donc divisé la période de test en 5 sous-périodes d'environ 1 mois, en considérant que ce découpage constituait un compromis acceptable entre les exigences contradictoires de précision et de simplicité.

1.2. Critère optimisé

A une période donnée, les droits à la reproduction sont optimisés en tenant compte de la population existante, gestations comprises. Pour le cas particulier de l'optimisation rétrospective, on tient compte des recommandations d'utilisation effectuées aux sous-périodes précédentes, puisque les accouplements sont fictifs. On gère donc les droits à la reproduction non seulement à un instant donné mais aussi dans le temps.

1.3. Contraintes

Le calcul des droits à la reproduction des mâles intègre plusieurs contraintes de nature très différente. On se fixe le niveau moyen pondéré des verrats sélectionnés pour la valeur génétique estimée pour l'objectif de sélection (VGEobj). On fixe aussi le taux d'IA souhaité dans chaque élevage, étant entendu que ceux qui désirent pratiquer la MN disposent de verrats correspondants disponibles. En effet, l'utilisation de l'IA est très variable du troupeau à l'autre (71 % en moyenne dans la population test avec des variations de 0 à 100 %). Pour le test rétrospectif, les valeurs utilisées pour les contraintes ont été identiques aux valeurs observées pendant la période correspondante. En ce qui concerne la répartition des accouplements, on a posé cette fois des contraintes de niveau génétique spécifiques à chaque élevage, de manière à ce qu'elle ne s'effectue pas au détriment de certains éleveurs. Là encore, les valeurs observées ont été considérées dans le test rétrospectif.

1.4. Méthodes de calcul des solutions optimales

Les équations d'optimisation correspondent à un système linéaire où les inconnues sont les taux d'utilisation recherchés. Les coefficients du système prennent en considération les parentés détaillées deux à deux dans l'ensemble des mâles et des femelles. Des équations supplémentaires sont utilisées pour le respect des contraintes. Le calcul des solutions se fait de manière itérative car au début, certains taux d'utilisation sont négatifs. Heureusement, on peut montrer théoriquement que dans ce cas les taux vrais sont en fait nuls (verrats non utilisés). On répète donc les calculs jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de valeurs négatives. On a alors la liste des verrats sélectionnés et leurs droits à la reproduction.

1.5. Résultats

Les coefficients moyens de parenté (entre reproducteurs sélectionnés) observés lors de la période de test sont de l'ordre de 6-8 %, ce qui n'est pas négligeable. Rappelons en

effet qu'un coefficient de 6 % est obtenu quand les individus comparés ont deux grands-parents en commun et qu'un coefficient de 12 % correspond à un parent (père ou mère) en commun. Le tableau 1 montre que l'optimisation aurait conduit à une réduction relative de la parenté moyenne de 19 %. De la même manière, les coefficients de consanguinité attendus pour les produits des accouplements optimisés sont inférieurs de 17 % à ceux correspondant aux accouplements effectivement réalisés.

Tableau 1 - Résultats de l'optimisation du service

	Réel	Optimisé	Réduction (%)
Parentés (%)			
Mâle-mâle	8,54	6,02	30
Mâle-femelle	6,84	5,38	21
Femelle-femelle	6,33	6,33	0
Moyenne	7,14	5,78	19
Consanguinité (%)	6,42	5,32	17

Au total, parmi les 252 verrats effectivement disponibles dans la population de test, 86 verrats ont été recommandés pour la reproduction des 2535 truies. Les verrats réellement utilisés par les sélectionneurs ont été plus nombreux (179) mais seulement 71 d'entre eux (soit 40 %) font partie de la liste des verrats recommandés.

2. OPTIMISATION DU RENOUVELLEMENT

L'optimisation du renouvellement consiste à effectuer la sélection des jeunes animaux qui viennent d'être indexés en fin de contrôle d'engraissement en ferme et à désigner les reproducteurs déjà disponibles et dignes d'être utilisés pour la reproduction en race pure, ce qui revient à mettre ces deux grandes catégories en compétition. L'établissement d'un classement est donc nécessaire mais dans une thématique telle que le maintien de la variabilité génétique, il est indispensable d'aller plus loin, notamment de déterminer les taux d'utilisation optima des verrats. En particulier, la connaissance de ces taux permet d'orienter les jeunes mâles sélectionnés soit vers l'IA soit vers la MN.

La stratégie suivie consiste à imaginer la première campagne d'utilisation des jeunes animaux en reproduction. Il est à noter qu'il existe un décalage important dans le temps entre les actions de sélection et leur traduction sous forme d'accouplements en période de reproduction. Les jeunes candidats mâles et femelles sont évalués à l'âge de 5 mois environ, alors que l'âge des femelles à la première saillie est d'environ 8 mois. C'est également l'âge auquel les mâles de MN peuvent être utilisés pour la première fois. En revanche, les mâles d'IA ne peuvent être utilisés la première fois qu'à environ 10 mois, en raison de la longueur des tests sanitaires.

Quand on pratique la sélection à 5 mois, pour choisir les nouveaux verrats et les nouvelles truies, il convient donc de se projeter dans la situation qui prévaudra 3 mois plus tard, notamment d'apprécier quels seraient alors les anciens reproducteurs et reproductrices potentiellement en activité. On calcule alors les droits de reproduction de toutes les catégories en ligne (jeunes mâles, jeunes femelles, femelles en activité, mâles IA ou MN en activité). En ce qui concerne les femelles, le terme "en activité" signifie "apte à la reproduction", ce qui veut dire qu'on considère aussi toutes les femelles des élevages de sélection précédemment utilisées en croisement. Dans le cas spécial du test rétrospectif, on a considéré comme femelles en activité dans une sous-période uniquement les femelles ayant effectivement mis bas dans cette sous-période, que ce soit en race pure ou en croisement, donc sans remettre en cause le bien-fondé des réformes.

2.1. Classification des animaux dans l'ensemble de la population

Dans un premier temps, il est utile d'apprécier l'intérêt global réel de chaque mâle et de chaque femelle dans la population en les libérant des contraintes liées à leur situation actuelle (statut IA ou MN, troupeau ...). En particulier, on ne tient pas compte du statut présent des verrats ni du nombre de truies envisagées pour la reproduction dans chaque élevage. Les seules contraintes sont le niveau génétique moyen des reproducteurs sélectionnés et le nombre total de truies en reproduction.

On obtient ainsi les droits des mâles à la reproduction et la liste des meilleures femelles aptes à la reproduction. Avant d'arriver à cette sélection finale (liste optimale LO), les individus sont éliminés progressivement comme indiqué au paragraphe 1.4. On peut alors classer tous les animaux par ordre de mérite global décroissant : d'abord les individus sélectionnés par ordre décroissant de droits, puis les derniers éliminés... et enfin les premiers éliminés.

On observe que la variable de classement (CL) peut être prédite avec une assez bonne précision (de l'ordre de 50-60 %) par un index linéaire (ISP) qui combine la VGEobj de l'individu et ses parentés avec les individus de la sélection finale. On résout ainsi de façon simple le problème apparemment ardu des pondérations relatives à accorder à la VGEobj et aux critères de parenté. Il est à signaler que la pondération relative à la parenté est une pondération d'opportunité, n'intégrant aucune considération économique : c'est la pondération maximale qu'on peut se permettre sans compromettre le progrès génétique à court terme, en vue de protéger l'avenir de la population. A la fin du contrôle en ferme des jeunes candidats, l'éleveur pourrait alors utiliser cet index de prédiction, ou mieux le classement lui-même, pour prendre ses décisions. Elles influenceront la déclaration, 2 mois plus tard, de la liste des animaux disponibles pour la reproduction du mois suivant (donc dans 3 mois au total)

2.2. Statut des nouveaux mâles sélectionnés : IA ou MN ?

Ce statut peut être déterminé par une nouvelle optimisation, toujours en fonction des besoins 3 mois plus tard, mais en

tenant compte cette fois des contraintes pratiques de la situation existante. D'abord, dans un troupeau donné, la sélection des femelles pour la reproduction s'effectue en fonction des besoins exacts et non des effectifs qui se trouvent dans la liste optimale des femelles au niveau de la population. L'éleveur considère alors la liste de ses truies triées d'après le classement CL et sélectionne l'effectif nécessaire. Par ailleurs, il est évident qu'un certain nombre de mâles vont échapper à l'optimisation parce que leur contribution est déjà connue à l'avance. C'est le cas des verrats présents sur la liste LO et uniques représentants de leurs troupeaux d'appartenance pour y être utilisés en MN. Alors, les droits à la reproduction de ces verrats sont égaux aux effectifs de truies affectées à la MN dans ces élevages (cas MN₁). Si aucun verroat d'élevage ne figure sur la liste LO, alors que l'élevage pratique la MN (cas MN₀), on peut se ramener au cas précédent, en sélectionnant le meilleur verroat disponible dans le troupeau d'après CL. Ces verrats solitaires MN peuvent être des verrats anciens ou nouveaux, auquel cas leur statut est fixé définitivement.

Ces renseignements sont pris en compte par la nouvelle optimisation, qui permet alors de prendre les décisions appropriées concernant les troupeaux MN₂, où au moins deux verrats figurent sur la liste LO et sont donc envisageables pour la monte naturelle. La priorité est alors donnée aux besoins globaux de l'IA, au niveau de la population, en lui affectant les verrats à la plus forte contribution calculée. On peut illustrer la démarche en prenant le cas d'un éleveur qui possède 10 truies à saillir naturellement et 3 nouveaux verrats sélectionnés par le calcul, avec pour droits de reproduction respectifs 5, 6 et 30 truies. Les 10 truies peuvent être saillies par les deux premiers, ce qui libère le troisième pour l'IA.

2.3. Résultats

La prolificité du porc est telle que les pressions de sélection possibles pour le renouvellement sont très fortes. Il y avait ainsi 5 419 jeunes candidats et 8 616 jeunes candidates, c'est-à-dire jeunes animaux indexés avec performances, pour l'accession à la reproduction pendant la période de test. Les niveaux génétiques observés chez les animaux réellement sélectionnés par les éleveurs parmi ces jeunes animaux sont bien inférieurs à ceux qu'on aurait pu obtenir après sélection exclusive sur VGEobj. On peut donc sélectionner efficacement sur d'autres critères que la VGEobj et ceci permet de comprendre la pondération des parentés dans l'ISP qui a été trouvée expérimentalement. En effet, si par convention on donne une pondération de 1 par point de VGEobj, les pondérations à mettre sur les parentés (exprimées en %) de l'individu avec les candidats mâles d'une part, avec les candidats femelles d'autre part, sont toutes les deux de l'ordre de -10. Compte tenu des très fortes corrélations entre ces parentés et des valeurs des écarts-types trouvés pour les 3 critères considérés, un écart-type de coefficient de parenté a environ autant d'importance que 3 écart-types de VGEobj. Ceci est considérable et veut simplement dire qu'on peut se permettre de donner beaucoup d'importance à l'épargne génétique sans compromettre les progrès génétiques actuels.

3. OPTIMISATION COMBINÉE DU RENOUVELLEMENT ET DU SERVICE

Dans la pratique, une telle optimisation conjointe ne saurait être conduite : lors de l'optimisation du service, il y aurait en effet incertitude sur les décisions réelles des éleveurs en matière de renouvellement.

Il est néanmoins utile d'estimer l'effet d'un effort cumulé d'optimisation dans les deux phases cruciales. Ceci est très facile dans le cadre d'un test rétrospectif car il suffit alors de déclarer disponibles pour le service les meilleurs animaux sélectionnés à la première phase, très exactement après la deuxième optimisation de cette phase. Il y a toutefois une exception imposée par la durée des examens sanitaires sur les nouveaux verrats destinés aux CIA. De ce fait, les jeunes mâles sélectionnés à ce moment pour les CIA doivent être utilisés deux mois plus tard que prévu. Leur place est alors prise par les jeunes mâles sélectionnés pour les CIA deux mois plus tôt qu'eux.

Le tableau 2 donne les résultats de la double optimisation. Celle-ci aurait conduit à une réduction de la parenté moyenne de 30 % parmi les reproducteurs sélectionnés. Les coefficients de consanguinité attendus auraient été inférieurs de 32 % à ceux correspondant aux accouplements effectivement réalisés. Il est donc manifeste que par rapport à la situation réelle, l'optimisation du renouvellement a autant d'utilité que l'optimisation du service, contribuant surtout à réduire les parentés entre mâles et femelles sélectionnés et secondairement entre femelles sélectionnées.

Tableau 2 - Résultats de l'optimisation du service et du renouvellement

	Réel	Optimisé	Réduction (%)
Parentés (%)			
Mâle-mâle	8,54	5,34	37
Mâle-femelle	6,84	4,65	32
Femelle-femelle	6,33	5,46	14
Moyenne	7,14	5,03	30
Consanguinité (%)	6,42	4,40	32

Comme on pouvait s'y attendre, seule une petite partie (1 094, c'est-à-dire 43 %) des femelles réellement utilisées faisait partie de la liste optimale. A noter aussi que 1 083 jeunes truies n'ont pas été sélectionnées alors qu'elles auraient fait partie de la liste optimale. Au total, 89 verrats ont été recommandés pour la reproduction des 2 535 truies, dont 79 déjà recommandés lors de l'optimisation du service et 69 effectivement utilisés. On voit donc que cette seconde optimisation a surtout modifié la liste des femelles mises en reproduction.

4. PROPOSITIONS

Les résultats obtenus lors des optimisations rétrospectives effectuées sur la population Landrace Français collectif montrent que le progrès génétique observé aurait pu être obtenu avec beaucoup moins de parenté et de consanguinité (réduction de l'ordre de 20-30 %). Une mise en œuvre intégrale de telles procédures à partir de 2002 aurait permis d'abord de diminuer parenté et consanguinité et ensuite de ralentir la remontée de ces paramètres (remontée malheureusement inéluctable). Au total, pour fixer les idées, ces paramètres auraient alors été vers 2011 du même ordre qu'en 2002-2003 : baisse immédiate de 2 % de consanguinité suivie d'une remontée annuelle de 0,24 % par an (au lieu du 0,35 % actuel).

En toute rigueur, certains animaux désignés par l'optimisation n'auraient pu être utilisés, par exemple pour des défauts d'importance dans le domaine de la reproduction. Il est évidemment impossible de quantifier l'importance du biais 'optimiste' ainsi créé. Cependant, l'ampleur calculée des gains liés à l'optimisation est tellement importante qu'elle incite à une mise en œuvre effective, sur toutes les populations porcines sélectionnées. L'évolution la plus simple et la moins exigeante en matière d'organisation consiste à diffuser, en complément des informations habituellement transmises aux utilisateurs, un nouvel index synthétique qui combine l'ancien index synthétique et les critères de parenté. Il est alors calculé à partir des informations les plus récentes (VGEobj, mises bas, disponibilité des mâles). Cet index serait très utile pour se former une idée de la vraie hiérarchie des reproducteurs dans la population. Cependant, il ne permettrait pas de déterminer les taux d'utilisation optimaux des mâles. Ne pas donner d'indications sur ces verrats équivaldrait à laisser les sélectionneurs dans le flou et à reproduire en quelque sorte une situation assez similaire à la situation actuelle, dont on a vu qu'elle est loin d'être efficace en matière de protection de la variabilité génétique.

On propose donc non seulement de calculer un ISP au moment de l'indexation mensuelle mais aussi de conduire une optimisation détaillée du service et du renouvellement, avec communication intégrale des résultats aux éleveurs, aux organismes de sélection et aux centres d'insémination artificielle. L'optimisation du service n'aurait toutefois de sens que si l'éleveur était en mesure de donner un mois à l'avance la liste des femelles à saillir et des mâles MN dont il dispose : elle serait alors précise car basée sur des prédictions à très court terme. Les centres d'insémination artificielle pourraient déclarer mensuellement leurs disponibilités en mâles. L'optimisation du renouvellement, qui en théorie nécessite de déclarer les saillies trois mois à l'avance, ce qui est un laps de temps assez conséquent, pourrait s'effectuer sans solliciter l'éleveur, en se basant sur une estimation approximative de la future situation.

On peut ainsi espérer que les décisions des acteurs de la sélection s'effectuent en tenant compte plus efficacement de la nécessité d'une préservation de l'avenir de la population. Actuellement, de nombreux critères autres que l'index syn-

thétique sont pris en considération. Ce qui est proposé est que les recommandations établies à partir des méthodes décrites précédemment fassent désormais partie de la liste de ces critères. Elles sont très complémentaires des efforts

engagés actuellement par l'Institut Technique du Porc (Delaunay et Mérour, 2006) pour mieux prendre en compte la variabilité génétique dans la gestion des populations collectives porcines sélectionnées.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Colleau J.J., Moureaux S., Briend M., Béchu J., 2003. Gestion dynamique de la variabilité génétique lors de la sélection des bovins laitiers. *Renc. Rech. Ruminants*, 10, 181-184.
- Colleau J.J., Moureaux S., Briend M., Béchu J., 2004. A method for the dynamic management of genetic variability in dairy cattle. *Genet. Sel. Evol.*, 36, 373-394.
- Delaunay I., Mérour I., 2006. Gestion de la variabilité génétique au sein des populations porcines collectives à nouveaux outils et premières actions. *Journées Rech. Porcine*, 38, 137-142.
- Maignel L., Tribout T., Boichard D., Bidanel J.P., Guéblez R., 1998. Analyse de la variabilité génétique des races porcines Large White, Landrace français et Piétrain, sur la base de l'information généalogique. *Journées Rech. Porcine en France*, 30, 109-116.
- Maignel L., Labroue F., 2001. Analyse de la variabilité des races porcines collectives et des races locales en conservation à partir de l'information généalogique. *Journées Rech. Porcine*, 33, 111-117.
- Meuwissen T.H.E., Sonesson A.K., 1998. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *J. Anim. Sci.*, 76, 2575-2583.
- Woolliams J.A., Pong-Wong R., Villanueva B., 2002. Strategic optimisation of short and long-term gain and inbreeding in MAS and non-MAS. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, Communication 23-02.