

# Gestion de la variabilité génétique au sein des populations collectives porcines : nouveaux outils et premières actions

*Isabelle DELAUNAY, Isabelle MEROUR*

*Institut Technique du Porc, La Motte au Vicomte, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex*

*isabelle.delaunay@itp.asso.fr*

## **Gestion de la variabilité génétique au sein des populations collectives porcines : nouveaux outils et premières actions**

La variabilité génétique est un paramètre important à prendre en considération par les schémas de sélection. Cette diversité est à la base du progrès génétique à long terme et sa perte augmente la fréquence des anomalies génétiques et dégrade les performances techniques. Auparavant la variabilité était analysée annuellement au sein des quatre races collectives porcines. Depuis 2005, de nouveaux outils comme les bilans de consanguinité par élevage et les notes d'intérêt génétique (NIG) ont été mis en place. Ces outils permettent aux acteurs de la sélection un suivi et une maîtrise plus efficaces de la diversité génétique. Chaque éleveur sélectionneur connaît la consanguinité moyenne de son troupeau par rapport au reste de la population et peut, par conséquent, adapter ses pratiques de sélection. Les NIG sont calculées entre tous les verrats de CIA (NIGm), et entre verrats de CIA et truies reproductrices des élevages de sélection (NIGf). Les NIG sont estimées et transmises mensuellement par l'Institut Technique du Porc (ITP) aux sélectionneurs. Les valeurs des NIG des populations collectives sont actuellement comprises entre -12 et +12. Un verrot ayant une NIG positive apporte de la variabilité génétique à l'intérieur de sa population. L'utilisation en sélection d'un verrot présentant une NIG négative aura pour conséquence directe une augmentation de la consanguinité moyenne de la population. Cette étude montre que la consanguinité et la parenté des animaux dans les élevages de sélection peuvent être améliorées avec une gestion appropriée dans le choix et l'utilisation des reproducteurs.

## **Management of genetic variability in the French pig populations: new tools and first actions**

Genetic variability is an important parameter to take into account in breeding programs. This diversity is a key element of the long-term genetic benefit and its reduction increases the frequency of genetic anomalies and lowers technical results. Variability is analysed once a year in the four selected pig breeds. Since 2005, new tools like inbreeding reports results and scores of genetic interest (NIG) have been developed. These scores allow breeders to monitor and control genetic diversity more effectively. Each breeder knows the average inbreeding coefficient of his herd compared to the global population and, consequently is able to adapt his breeding methods. The NIGs are computed between AI-boars (NIGm) and, between AI-boars and active sows (NIGf). These scores are estimated and sent to breeders monthly by French Pig Institute. The NIG values of the selected breeds range between -12 and +12. A boar with a positive NIG brings genetic variability within the selected population. Using a boar with a negative NIG consequently increases the average inbreeding coefficient of the population. This study shows that inbreeding and relationship coefficients in selection herd could be improved through appropriate choice and use of breeding animals.

## INTRODUCTION

La sélection génétique des porcs est source de progrès génétique mais elle peut également contribuer à l'appauvrissement à long terme de la variabilité génétique d'une population. La sélection vise essentiellement à améliorer certains caractères à composante génétique, tels que le gain moyen quotidien, l'indice de consommation, l'indice de qualité de la viande, la teneur en viande maigre, le rendement de carcasse ainsi que le nombre de tétines fonctionnelles et le nombre de porcelets nés vivants.

La sélection de certaines familles au détriment d'autres à trois conséquences. La première est l'augmentation du niveau génétique moyen de la population. Les deux autres conséquences sont indirectes et négatives : l'augmentation de la consanguinité et la perte de variabilité génétique. La consanguinité favorise l'expression de tares héréditaires et diminue la vigueur hybride des animaux. La variabilité génétique est, quant à elle, précieuse. Composante du progrès génétique, elle détermine l'aptitude des populations à répondre à des changements dans les objectifs de sélection, comme l'introduction de nouveaux caractères. La gestion de la variabilité génétique d'une population concerne à la fois la maîtrise de la consanguinité et des ressources génétiques.

L'utilisation de l'insémination artificielle en élevage de sélection permet la diffusion du progrès génétique dans un grand nombre d'élevages mais risque de compromettre à long terme la variabilité génétique et éventuellement de favoriser l'émergence de maladies génétiques. La gestion de la variabilité génétique des verrats d'insémination artificielle est donc d'autant plus importante.

La variabilité génétique, qui était surveillée jusqu'à présent (Maignel et al., 1998 ; Maignel et Labroue, 2001), est maintenant devenue, grâce au développement de nouveaux outils, un paramètre pris en compte dans la sélection des populations collectives.

## 1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

### 1.1. Les animaux utilisés

L'étude de la variabilité génétique a été réalisée sur les données généalogiques présentes dans la Base de Données Nationale Porcine (BDNP) et stockées au Centre de Traitement de l'Information Génétique de l'INRA. Cette analyse a été effectuée sur les populations gérées par les Livres Généalogiques Porcins Collectifs (LGPC) : le Landrace Français (LF), le Large White lignée femelle (LWF), le Large White lignée mâle (LWM) et le Piétrain (PI). Les populations LWF et LF sont sélectionnées principalement sur les caractéristiques de reproduction tandis que les populations LWM et PI sont sélectionnées sur la croissance et la composition corporelle. Utilisées entre autre pour les évaluations génétiques des reproducteurs, les données de la BDNP proviennent des performances des animaux des élevages de sélection des LGPC et de leur ascendance. Les animaux étudiés sont nés entre 1962 et 2004. Différentes classes d'animaux sont étudiées : les animaux nés par élevage, les truies reproductrices et les verrats d'insémination artificielle déclarés

actifs. Les effectifs des reproducteurs des populations étudiées sont présentés dans le tableau 1.

**Tableau 1** - Effectifs des populations étudiées

Population	Nombre de truies ayant fait une portée en sélection en 2004	Nombre de verrats de CIA actifs
LWF	5625	186
LWM	1143	15
LF	2914	154
PI	1404	1094

### 1.2. Les mesures de la consanguinité

Un animal est consanguin si ses parents ont des ancêtres communs. Le coefficient de consanguinité d'un animal est défini comme la probabilité que celui-ci ait les 2 copies d'un même gène provenant d'une même copie d'un ancêtre commun. Le coefficient de consanguinité d'un animal est équivalent au coefficient de parenté de ses parents (Malécot, 1948). L'ensemble des calculs de consanguinité et de parenté sont obtenus par la méthode de Meuwissen et Luo (1992) utilisant la matrice de parenté des animaux et permettant son utilisation dans de grandes populations.

Jusqu'à présent, seules les moyennes de consanguinité par population et par an étaient calculées (Maignel et al., 1998). Depuis janvier 2005, chaque éleveur sélectionneur connaît l'évolution de la consanguinité moyenne des femelles nées dans son élevage en comparaison avec la moyenne nationale de la population. Ce bilan renseigne sur l'attention portée par les éleveurs à la gestion de la variabilité génétique au sein de leur cheptel.

### 1.3. Les notes d'intérêt génétique, NIG

Les notes d'intérêt génétique (NIG) sont fournies par l'ITP pour estimer la variabilité génétique d'un animal par rapport à un groupe d'animaux de la même population.

Ces notes indiquent l'originalité génétique d'un animal par rapport au reste de la population. Lorsque les NIG sont positives, l'animal apporte de la variabilité génétique à la population. Lorsque les NIG d'un reproducteur sont négatives, ses descendants sont plus consanguins que la population contemporaine. Les NIG sont exprimées en unités de consanguinité avec un facteur 400. Ce facteur 400 a été mis en place pour faciliter la lecture des plans d'accouplement par les éleveurs. Par exemple, des animaux très consanguins issus d'accouplements de pleins frères/sœurs ou parent/descendant direct auraient un coefficient de consanguinité de 0,25, remplacé dans les plans d'accouplement par la valeur 100 (0,25 x 400).

Pour chaque verrot de centre d'insémination artificielle (CIA) déclaré comme actif, des NIG sont calculées mensuellement. Deux notes sont fournies : la NIG mâle (NIGm) ou note d'intérêt génétique par rapport aux autres verrats actifs de CIA et la NIG femelle (NIGf) ou note d'intérêt génétique par rapport aux truies actives en élevage de sélection.

Les NIGm et NIGf d'un verrat dépendent de la consanguinité moyenne de la population ( $\Phi$ ) et de la parenté moyenne de ce verrat avec respectivement les autres verrats de CIA actifs et les truies reproductrices actives dans les élevages de sélection.

Les NIGm et NIGf d'un verrat s'écrivent :

$$NIGm=400x \left[ \Phi - \left( \frac{\sum_i^{n_m-1} \varphi m_i}{n_m - 1} \right) \right] \text{ et } NIGf=400x \left[ \Phi - \left( \frac{\sum_i^{n_f} \varphi f_i}{n_f} \right) \right],$$

où  $\Phi$  est la consanguinité moyenne de la population,  $\varphi m_i$  est la parenté du verrat avec un verrat  $i$  de CIA,  $\varphi f_i$  est la parenté du verrat avec une truie  $i$  déclarée active en élevage de sélection,  $n_f$  est le nombre total de truies actives de la population et  $n_m$  est le nombre total de verrats de CIA actifs de la population.

La NIGm renseigne sur l'apport potentiel du verrat en terme de diversité génétique. Elle peut intervenir dans le choix des animaux à réformer. La NIGf renseigne sur l'évolution de la consanguinité des descendants de ce verrat par rapport au reste de la population.

## 2. RÉSULTATS

### 2.1. Evolution de la consanguinité moyenne

L'évolution de la consanguinité moyenne ( $\Phi$ ) entre 1983 et 2004 pour les quatre populations étudiées apparaît sur la figure 1. Le niveau moyen de consanguinité dépend du niveau de connaissance de la généalogie des animaux et des méthodes de sélection. Plus le nombre de générations d'ancêtres connus est grand, plus la consanguinité est élevée. L'évolution relative du coefficient de consanguinité est un caractère plus intéressant. Les populations femelles LF et LWF collectives connaissent depuis 1995 une nette augmentation de leur consanguinité due à l'utilisation d'un nombre restreint de verrats. Entre 1995 et 2000, la consanguinité des populations femelles augmente de 0,50 point de pourcentage par an. Depuis 2000, une meilleure gestion des verrats d'IA permet de freiner cette tendance (+0,30 point de % par an). En 2004, la consanguinité moyenne des animaux LWF et LF est respectivement de 5,36 % et 6,46 %. Les populations mâles n'ont pas connu la même tendance que les populations femelles entre 1995 et 2000. Sur la période 2000-2005, la hausse moyenne annuelle de consanguinité est de +0,10 point de pourcentage pour le LWM et 0,20 pour le PI. Le niveau de consanguinité des deux lignées mâles est assez faible puisqu'il ne dépasse pas 4 % en 2004 (3,25 % pour le PI et 3,72 % pour le LWM). Le niveau en PI n'est probablement pas représentatif à cause d'un nombre important d'animaux importés. En effet, l'utilisation d'animaux importés, dont la généalogie est généralement connue uniquement sur trois générations, sous-estime le niveau de consanguinité. Le LWM est une petite population et les sélectionneurs sont sensibilisés aux problèmes liés à une élévation du niveau de consanguinité. Les choix des reproducteurs et des accouplements sont ainsi plus raisonnés. Depuis 2003, le noyau de sélection de la race LWM se réduit : de façon

liée, la consanguinité augmente plus rapidement qu'auparavant (+0,50 point de pourcentage par an).

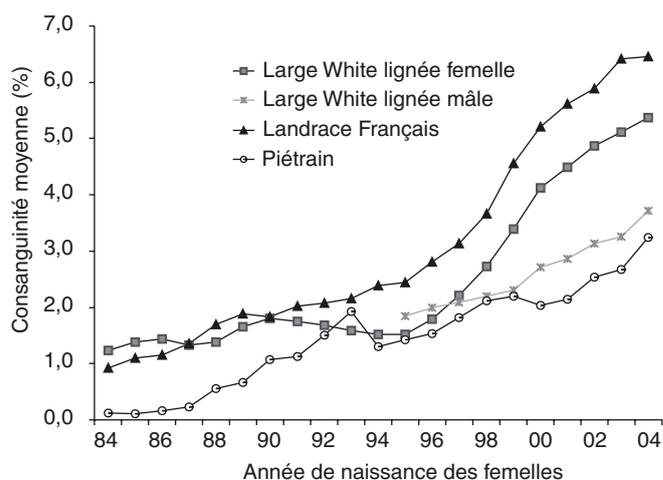


Figure 1 - Evolution de la consanguinité moyenne par année de naissance des 4 populations collectives

### 2.2. Evolution de la consanguinité de chaque élevage par rapport à la moyenne

La figure 2 présente les évolutions de la consanguinité moyenne des truies nées dans deux élevages de sélection LF fictifs et celle de la population LF.

L'étude du cas fictif de l'élevage x montre que ce dernier a été peuplé en 1989 et a introduit des animaux extérieurs en 1993. La généalogie des fondateurs de cet élevage est inconnue au niveau de la BDNP. De 1993 à 1996, la consanguinité de ses animaux fluctue autour de la moyenne de la population. A partir de 1996, l'élevage x a fortement sélectionné ses reproducteurs dans un nombre restreint de familles. La conséquence est immédiate : l'évolution de la consanguinité est extrêmement importante jusqu'en 2001 avec plus de +1 point de pourcentage d'augmentation par an. En 2001, la consanguinité moyenne atteint 7,60 %. A partir de 2001, suite à une utilisation raisonnée des reproducteurs, l'évolution de la consanguinité de l'élevage x ralentit puis diminue. En 2003, la consanguinité est inférieure à la moyenne de la population.

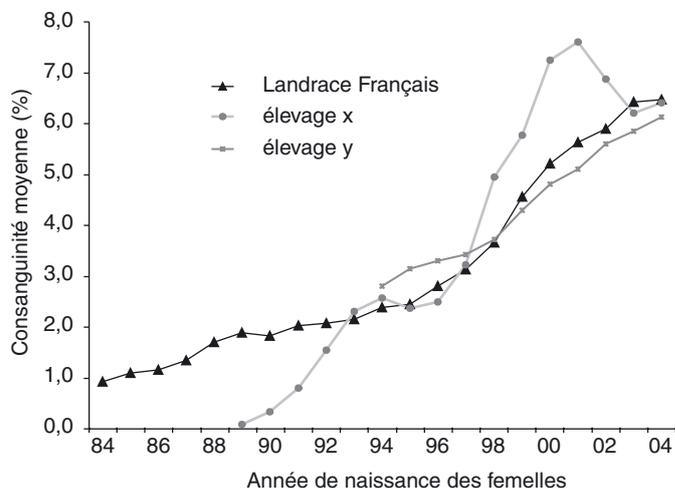


Figure 2 - Evolution de la consanguinité moyenne par année de naissance de 2 élevages fictifs en comparaison avec l'ensemble de leur population

L'étude du cas fictif de l'élevage y montre qu'il a été peuplé en 1994 à partir d'un petit noyau d'animaux plus consanguins que la moyenne de la population. A partir de 1999, grâce à l'optimisation de l'utilisation des reproducteurs, les animaux de l'élevage y ont en moyenne un taux de consanguinité inférieur au reste de la population.

### 2.3. LES NIG

Les valeurs des NIG des verrats de CIA suivent une distribution normale (Figure 3 et Figure 4). Les valeurs sont comprises entre -12 et +12. En terme de variabilité génétique, une valeur de 12 correspond à l'utilisation d'animaux ayant un grand-parent en commun. Suivant les accouplements effectués, les descendants de la génération suivante peuvent avoir une consanguinité moyenne qui s'améliore ou se détériore jusqu'à 12 points de NIG équivalant à 3 points de pourcentage de consanguinité. Les NIGm sont en moyenne inférieures aux NIGf car les verrats sont souvent issus des mêmes familles.

Le tableau 2 présente les différentes statistiques des NIG. Elles sont très variables intra population. Les écarts-types des NIG varient de 2,4 à 4,3. Les moyennes des NIGm sont négatives en LWF, LF et PI et sont respectivement de -2,0, -1,1 et -2,6. Les verrats de CIA de ces populations sont donc plus apparentés entre eux que la moyenne de la population. Le LWM a une NIGm de +0,8. Les verrats de cette population ont une plus grande originalité génétique que le reste de la population. Pour le LWF, le LF et le LWM, les NIGf, exprimées en facteur 400, sont positives avec des valeurs respectives de +0,6, +1,0 et +0,1. Les NIGf étant positives, l'utilisation aléatoire et homogène de l'ensemble des verrats des populations sélectionnées entraînerait une diminution de la consanguinité. Cette baisse serait de 0,15, 0,25 et 0,025 point de pourcentage de consanguinité respectivement en LWF, LF et LWM. En effet, une NIGf de +0,6 exprimée en facteur 400 entraîne une baisse de  $0,6/400=0,0015$ , soit une baisse de 0,15 point de pourcentage de consanguinité. En PI, la NIGf est négative : la consanguinité des animaux de la prochaine génération augmenterait de +2 (exprimé en facteur 400) soit +0,5 point de pourcentage de consanguinité.

Les corrélations entre les NIGf et NIGm varient de 0,93 à 0,99. Les NIG sont corrélées négativement avec les valeurs génétiques de l'objectif global (de -0,29 pour les LWF à -0,53 pour les PI). La sélection sur les valeurs génétiques favorise la représentation de certaines familles et de ce fait diminue les NIG et augmente la consanguinité des futurs animaux reproducteurs.

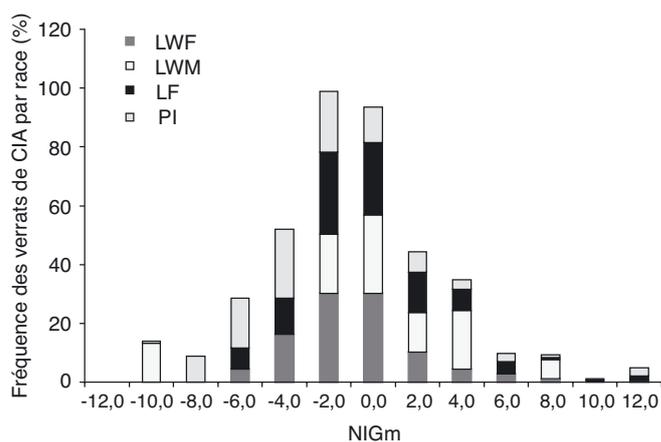


Figure 3 - Distribution des notes d'intérêt génétique mâles des verrats de CIA

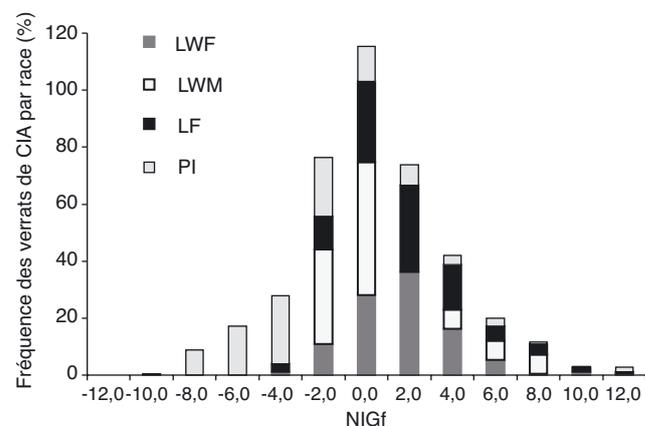


Figure 4 - Distribution des notes d'intérêt génétique femelles des verrats de CIA

### 3. DISCUSSION ET CONCLUSION

Les bilans de consanguinité par élevage et les NIG fournis depuis 2005 aux sélectionneurs adhérents aux LGPC doivent permettre une meilleure gestion de la variabilité génétique des populations collectives. Le bilan de consanguinité par élevage permet à chaque sélectionneur de prendre conscience du niveau de diversité génétique de son troupeau de sélection. Les notes d'intérêt génétique mâles et femelles des verrats de CIA permettent, quant à elles, d'optimiser les choix des verrats à utiliser.

Les bilans de consanguinité de chaque élevage ont mis en évidence des évolutions différentes entre élevages ainsi que des pratiques de gestion de renouvellement différentes. L'utilisation de plans d'accouplement sur plusieurs générations, la conservation de truies reproductrices issues de diffé-

Tableau 2 - Statistiques sur les NIGm, les NIGf et l'objectif global de sélection

Race des verrats	Moyenne ± écart type		Corrélation entre NIGm et NIGf	Corrélation avec les valeurs génétiques de l'objectif de sélection global	
	NIGm	NIGf		NIGm	NIGf
LWF	-2,0 ± 2,9	+0,6 ± 2,4	0,94	-0,31	-0,29
LWM	+0,8 ± 3,1	+0,1 ± 3,4	0,93	-0,35	-0,48
LF	-1,1 ± 4,3	+1,0 ± 3,6	0,98	-0,44	-0,37
PI	-2,6 ± 4,3	-2,0 ± 3,8	0,99	-0,50	-0,53

rentes familles, un nombre restreint de saillies par verrat et la non conservation en noyau de sélection de pleines sœurs de verrats de CIA sont des pratiques indispensables à une bonne gestion de la variabilité génétique.

L'arrivée des NIG a permis d'accélérer la réforme de certains verrats sur-utilisés. Les valeurs des NIGf permettent de connaître les perspectives d'évolution de la consanguinité. Des évolutions positives sont attendues notamment dans la population LF. Une NIGf de + 1 laisse présager une baisse de 0,25 point de pourcentage de consanguinité à la prochaine génération. Ainsi, à l'aide d'une utilisation raisonnée des reproducteurs, il semble possible de freiner les baisses de la diversité génétique.

Les NIG et les valeurs génétiques sont corrélées négativement entre elles. Les valeurs génétiques incluent une information familiale qui favorise la sélection d'individus apparentés entre eux. La prise en compte des NIG induira une perte du progrès génétique global à court terme. Comme proposé par Brisbane et Gibson (1995), un nouvel objectif de sélection prenant en compte la valeur génétique de l'animal et sa (ou ses) NIG pourrait être envisagé par la suite. Le nouvel objectif serait un compromis entre le progrès génétique que l'on veut obtenir et la conservation de la variabilité génétique nécessaire à un progrès génétique à long terme.

L'utilisation des NIGm et des NIGf pour les verrats de CIA est envisageable dans un objectif de sélection. Les NIG fluctuent au cours du temps en fonction de l'utilisation des reproducteurs. Elles doivent être ainsi régulièrement estimées. Actuellement, elles sont calculées mensuellement pour chaque verrat de CIA.

Dans des grandes populations comme les lignées femelles collectives, l'estimation de NIG individuelles pour les jeunes

candidats à la sélection ou les reproducteurs actifs des élevages nécessite la résolution d'importantes matrices de parenté demandant des temps de calculs conséquents.

L'utilisation d'un objectif de sélection combinant NIG et progrès génétique est l'une des méthodes envisagées par la suite. L'éleveur sélectionneur resterait libre quant aux choix de ses verrats et des truies qu'il utilise. L'utilisation des NIGf permettrait la gestion de la variabilité de la génération suivante. Pour une gestion à long terme, il faudrait trouver une combinaison prenant en compte les NIGf et les NIGm.

D'autres méthodes d'optimisation conjointe du progrès génétique et de la variabilité sont en cours d'étude en France (Colleau et Tribout, 2006) et également à l'étranger (Luther et Hofer, 2005). Le nombre de descendants par reproducteur et le choix de chaque accouplement sont étudiés pour chaque animal potentiellement reproducteur. Ces méthodes montrent qu'avec la même espérance de progrès génétique, la consanguinité des issus peut diminuer de 44 % pour Luther et Hofer (2005) et 30 % pour Colleau et Tribout (2006). Elles sont toutefois plus contraignantes pour l'éleveur : le choix des verrats et les accouplements étant imposés.

Cette étude présente deux nouvelles solutions techniques disponibles actuellement en France pour préserver la variabilité génétique des populations collectives. Les différents acteurs de la sélection, éleveurs, techniciens et organismes de sélection, disposent maintenant d'outils pour mieux gérer les ressources génétiques des populations porcines. Ce sont des compléments indispensables pour préserver le progrès génétique sur le long terme.

Cette étude a bénéficié du soutien financier du Ministère de l'Agriculture.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Brisbane R., Gibson J.P., 1995. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. *Theor. Appl. Genet.*, 91, 421-431.
- Colleau J.J., Tribout T., 2006. Gestion de la variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées : exemple d'application sur la population collective Landrace Français. *Journées Rech. Porcine*, 38, 130-136.
- Luther H., Hofer A., 2005. Implementation of a selection and mating strategy to optimize genetic gain and rate of inbreeding in the Swiss pig breeding program. 56th Annual Meeting of the European Association for Animal Production 5-8 juin 2005, Uppsala, Suède.
- 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 en France*, 33, 111-117.
- Malécot G., 1948. *Les Mathématiques de l'hérédité*. Masson éd., Paris
- Meuwissen T., Luo Z., 1992. Computing inbreeding coefficient in large populations. *Genet. Sel. Evol.*, 24, 305-313.