

Cinquante années d'amélioration génétique du porc en France : bilan et perspectives

Jean-Pierre BIDANEL¹, Parsaoran SILALAH^{1,2}, Thierry TRIBOUT¹, Laurianne CANARIO³, Alain DUCOS³, Hervé GARREAU³, Hélène GILBERT³, Catherine LARZUL³, Denis MILAN³, Juliette RIQUET³, Sandrine SCHWOB⁴, Marie-José MERCAT⁴, Claire HASSENFRAZ⁴, Alban BOUQUET⁴, Christophe BAZIN⁴, Joël BIDANEL⁴

¹Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350, Jouy-en-Josas, France

²Université d'Agriculture de Bogor, 16680, Bogor, Indonésie

³GenPhySE, Université de Toulouse, INRAE, ENVT, 31320, Castanet-Tolosan, France

⁴IFIP/BIOPORC, Institut du Porc, La Motte au Vicomte, F-35651, Le Rheu, France

Courriel : jean-pierre.bidanel@inrae.fr

■ L'amélioration génétique du porc est en 2020 très différente de ce qu'elle était il y a un demi-siècle. Cette revue fait le point sur les principales évolutions technologiques, organisationnelles, et réglementaires qu'a connu le secteur au cours des 50 dernières années, puis présente et discute un certain nombre d'enjeux majeurs pour l'avenir¹.

Introduction

La mise en place en 2018 du règlement UE 2016/1012 (EUR-Lex, 2016) ou RZUE (Règlement Zootechnique de l'Union Européenne) affecte de façon importante le secteur de la sélection animale en France. L'amélioration génétique des animaux d'élevage en France est en effet encore aujourd'hui marquée par la loi sur l'élevage de 1966, même si celle-ci a été modifiée par la suite (nouveau code rural de 1998, loi d'orientation agricole de 2006 et, chez le porc, arrêté de mars 1994). Le RZUE, dont l'objectif est de faciliter la mise en place d'un marché européen de la génétique, affecte fortement l'organisation de la sélection des ruminants

en France, qui était auparavant organisée par métier plutôt que par race. Il impacte de façon moins marquée l'organisation de la sélection du porc et des volailles, plus proches des objectifs de libéralisation du marché européen. Cette évolution réglementaire était l'occasion de dresser un bilan, à l'occasion des 50^{es} Journées de la Recherche Porcine, de cinq décennies d'amélioration génétique du porc en France. Nous évoquerons successivement l'évolution de l'organisation et des structures, des objectifs, des méthodes et des outils de la sélection, de l'organisation et des structures professionnelles, puis nous ferons le point sur les résultats obtenus et les perspectives d'évolution dans un contexte très concurrentiel et en forte évolution.

1. Organisation, encadrement et acteurs

■ 1.1. Mise en place de la loi sur l'élevage de 1966

Même si une certaine organisation et des outils, comme le contrôle sur descendance des verrats mis en place dès 1953, existaient avant la loi sur l'élevage de 1966, c'est cette dernière qui est à l'origine des bases de l'organisation de l'amélioration génétique du porc en France. La période 1966-1986 ayant fait l'objet d'une description détaillée dans la synthèse d'Ollivier *et al.* (1986), nous ne rappellerons ici que les éléments les plus marquants de cette période, qui a vu la mise en place de la plupart des structures d'encadrement de la sélection :

1 Ce manuscrit a fait l'objet d'une première publication et présentation lors des 50^{es} Journées de la Recherche Porcine (Bidanel *et al.*, 2018). Les coauteurs du manuscrit sont les personnes d'INRAE et de l'IFIP en activité et impliquées, d'une façon ou d'un autre, dans le suivi des programmes d'amélioration génétique du porc en France. De nombreuses autres personnes auraient pu être associées à ce travail, notamment les organisations de sélection porcine, le personnel du Centre de Traitement de l'Information Génétique (CTIG), des stations, du Ministère de l'Agriculture, et de nombreux autres collègues ou anciens collègues de l'INRA, de l'IFIP et de l'Agence de la Sélection Porcine.

i) le comité consultatif porcin de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG), lieu d'échanges et de concertation entre représentants de la profession, de l'enseignement supérieur/recherche et des pouvoirs publics, chargés d'assister le Ministère de l'Agriculture dans ses fonctions d'orientation et de réglementation ;

ii) l'Unité nationale de sélection et de Promotion des Races Agréées (UPRA porcine), structure unique pour l'ensemble des races porcines, en charge de la gestion des livres généalogiques et des informations zootechniques, des orientations et des modes de sélection, ainsi que de la promotion des actions d'amélioration génétique ;

iii) le secteur sélection de l'Institut Technique du Porc (ITP, devenu IFIP en 2006), en charge de la coordination du contrôle des performances, de l'appui aux sélectionneurs et du contrôle des schémas de sélection et de croisement ;

iv) le département de Génétique Animale d'INRAE, chargé de missions, dites complémentaires, en matière de gestion des bases de données nationales, d'évaluation génétique et d'appui méthodologique.

Cette première période a également vu la mise en place d'une organisation pyramidale de la filière porcine, avec des élevages de sélection, peu nombreux (1 à 2 % de l'effectif total de truies), qui assurent la création du progrès génétique, des élevages de multiplication (5 à 7 % des truies), dont le renouvellement est assuré par des animaux issus des élevages de sélection, qui ont pour rôle de produire et de diffuser (avec les centres d'insémination porcine) les animaux améliorateurs nécessaires au renouvellement des élevages de production, dernier étage de la pyramide. Cette organisation pyramidale est très favorable au développement du croisement : les multiplicateurs reçoivent des truies de race pure des sélectionneurs et les accouplent ou les inséminent avec des verrats d'une autre race de façon à fournir des truies et/ou des verrats croisés aux élevages de production. De fait, la période 1966-1994 a vu un fort développement de l'utilisation

des reproducteurs croisés (dits aussi « hybrides ») au niveau des élevages de production (34 % des truies en 1968, 67 % en 1981 et plus de 90 % en 1994). Le développement du croisement s'est accompagné d'une spécialisation progressive des populations pour la production des truies parentales (populations de type femelle) et des verrats parentaux (populations de type mâle).

Les sélectionneurs étaient initialement répartis entre éleveurs indépendants, groupements de producteurs et entreprises privées. Progressivement, on a assisté à une montée en puissance des structures organisées aux dépens des éleveurs indépendants. Cette évolution s'est accompagnée de tensions croissantes au sein de l'UPRA, considérée comme un carcan par les structures autonomes et ce d'autant plus que la réglementation européenne (directive 88/661/CE) fournissait un cadre peu contraignant pour les échanges de reproducteurs porcins. Ces tensions ont été un des catalyseurs de la disparition de l'UPRA porcine et de la création de l'Agence de la Sélection Porcine (ASP).

■ 1.2. L'arrêté du 7 mars 1994 et ses conséquences

D'autres éléments ont également contribué à cette évolution. En particulier, le développement de l'insémination artificielle et la mise en place d'une sélection sur la prolificité des truies, dont l'efficacité nécessitait des populations de grande taille, ont été à l'origine d'une première série de regroupements de programmes de sélection. Par ailleurs, le développement et le déploiement par l'INRA et l'ITP d'une évaluation basée sur la méthodologie du « BLUP – modèle animal » (BLUP-MA)² nécessitaient la mise en place de bases de données et de systèmes d'information performants, que l'UPRA Porcine n'était pas en mesure de développer.

Les nombreuses discussions et négociations menées en 1992-1993 entre pouvoirs publics, opérateurs

² BLUP est l'acronyme « Best Linear Unbiased Prediction » ou, en Français « Meilleure prédiction linéaire non biaisée » (des explications plus détaillées figurent dans le paragraphe 3.2).

de la sélection et l'INRA ont abouti à l'élaboration de l'arrêté du 7 mars 1994, qui modifie en profondeur l'organisation de la sélection porcine et préfigure les évolutions à venir dans les autres espèces d'élevage. Il définit notamment les Organisations de Sélection Porcine (OSP), structures qui peuvent être agréées pour une partie ou la totalité des quatre fonctions suivantes, à titre autonome ou collectif : *i)* sélection d'une ou plusieurs Populations Animales Sélectionnées (PAS), *ii)* production de reproducteurs hybrides, *iii)* tenue de livres généalogiques (LG – animaux de race pure), *iv)* tenue de registres zootechniques (RZ – animaux hybrides). Ainsi, les Livres Généalogiques Porcins Collectifs (LGPC) ont été créés à cette époque pour tenir les livres généalogiques des populations dites « collectives », populations Large White, Landrace et Piétrain sélectionnées de façon commune par les OSP adhérentes.

L'ASP a été créée en juin 1994 afin d'assurer certaines des missions historiques de l'UPRA porcine (représentation et promotion de la génétique porcine française, concertation entre les adhérents) et s'est vue confier par le Ministère de l'Agriculture des missions d'expertise technique (notamment la coordination des tests comparatifs de niveau génétique) et sanitaires (mesures d'accompagnement relatives aux maladies légalement réputées contagieuses). L'ITP et l'INRA ont, quant à eux, assumé les missions de gestion des bases de données nationales, de prédiction et de diffusion de valeurs génétiques et d'appui scientifique et technique aux schémas de sélection.

■ 1.3. Les évolutions récentes

L'organisation et l'encadrement actuels de la génétique porcine française restent proches de ceux mis en place en 1994. Ils n'ont été que peu modifiés par la loi d'orientation agricole de 2006, qui a même repris, en les généralisant aux autres espèces, certains des éléments d'organisation précédemment mis en place chez le porc. Ainsi, la création des Organismes de Sélection (OS), en charge de la

tenue des livres généalogiques et des registres zootechniques dans les autres espèces s'est beaucoup inspirée, jusque dans leur nom, de celle des OSP.

En revanche, l'activité de recherche et développement (R&D) s'est fortement structurée au cours des 15 dernières années avec la création en 2002 du groupement d'intérêt scientifique « Analyse du génome des animaux d'élevage » (GIS Agenae). Celui-ci a en effet permis, en lien avec les structures émanant des milieux professionnels au sein de chaque espèce (Bioporc dans l'espèce porcine), d'accompagner le développement de la génomique en contribuant, soit directement soit par des actions de lobbying, au financement de nombreux projets de recherche génériques et finalisés.

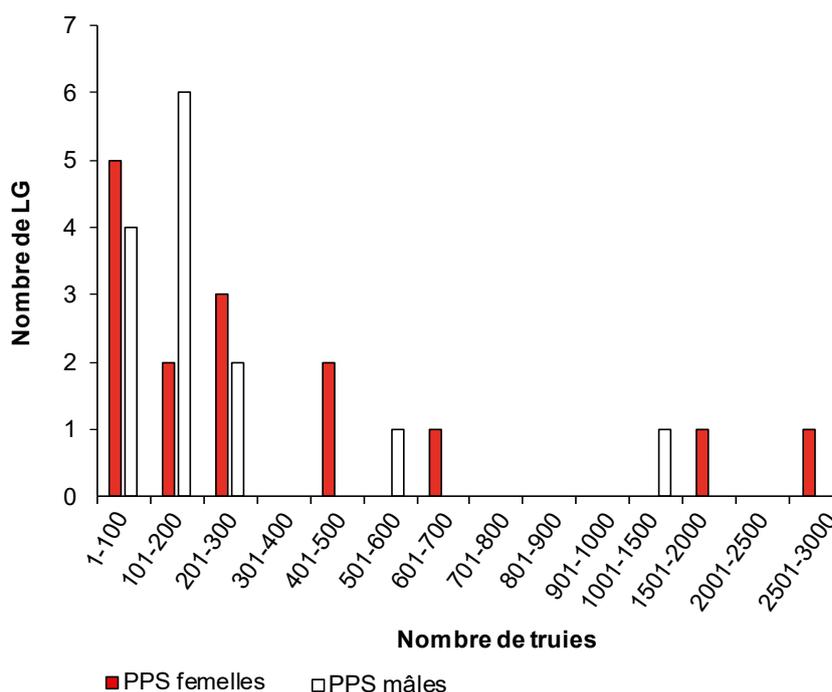
En 2015, France Génétique Porc (FGPorc), qui regroupait à sa création trois des principales OSP françaises et l'IFIP, a conclu avec l'INRA un partenariat novateur, à travers la construction d'une station de phénotypage copilotée par l'INRA et FGPorc, afin d'assurer à la fois un contrôle de performances à des fins d'évaluation génétique et de conduire des programmes de R&D.

■ 1.4. Évolution des acteurs de la sélection

Un nombre relativement important de programmes de sélection se sont mis en place au cours des années 1970. On comptait ainsi 38 programmes agréés en 1978. Une population de taille modeste (de l'ordre d'une centaine de reproducteurs) suffisait en effet pour sélectionner de façon relativement efficace les performances de production et fournir des reproducteurs à des élevages en moyenne de petite taille.

Une première phase de concentration des structures coopératives s'est opérée au début des années 1990, en raison notamment de la prise en compte de la prolificité dans les objectifs de sélection. Elle a en particulier vu la création des principales OSP collectives françaises : ADN, puis Nucleus et Gène+. Malgré tout, 21 OSP étaient encore agréées pour la fonction de sélection en 1998 (Coudurier, 1999).

Figure 1. Répartition de la taille des Livres Généalogiques (LG) des Populations Porcines Sélectionnées (PPS) en France (ASP, 2017).



La phase de restructuration suivante, d'un niveau plus international, a eu lieu du début des années 2000, en lien notamment avec le développement de la génomique. Elle a vu, pour les OSP opérant en France, la création de Topigs (OSP néerlandaise), le rachat de France Hybrides par Hendrix Genetics et, plus récemment, le rapprochement de Pen ar Lan et de Newsham sous le nom de Choice Genetics, contrôlé par le Groupe Grimaud, celui entre Topigs et Norsvin (Norvège), et la fusion d'ADN et de Gène+ au sein d'Axiom. En 2018, le nombre d'OSP agréées en France n'est plus que de 12. Les investissements nécessaires à la mise en place de la sélection génomique et, plus globalement, les moyens nécessaires au maintien d'une R&D compétitive ont vraisemblablement contribué à ces évolutions.

2. Populations et objectifs de sélection

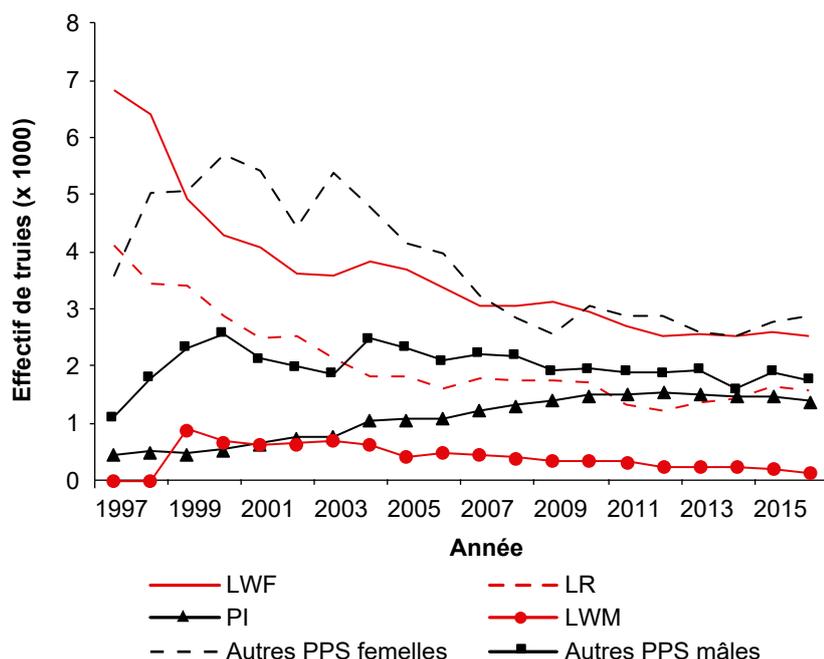
■ 2.1. Populations porcines sélectionnées

Le nombre de Livres Généalogiques (LG) de Populations Animales Sélectionnées (PAS) et de Registres Zootechniques (RZ) de types

génétiques hybrides agréés en France n'est disponible que depuis 1996, date à laquelle ces notions ont été définies. Le nombre de PAS a augmenté jusqu'en 2003, avec un maximum de 46 PAS, et diminue lentement depuis (37 PAS en 2016). Il comprend selon la période une dizaine de populations collectives – Large White (LW) lignées mâle (LWM) et femelle (LWF), Landrace Français (LR), Duroc (PI) et Piétrain (PI), auxquelles s'ajoutent six races locales, 15 à 20 variétés de races LW, LR, PI et Duroc (DU), et 10 à 20 lignées composites. Une variété est une population issue d'une grande race qui est devenue autonome en termes de tenue de livre généalogique et de programme de sélection. Une lignée composite est une nouvelle PAS issue du croisement de plusieurs races ou lignées.

Les effectifs des PAS sont extrêmement variables (de quelques dizaines à plusieurs milliers de truies – figure 1). Le LWF et le LR ont été et sont encore les PAS maternelles aux effectifs les plus nombreux (figure 2). Un certain nombre d'autres PAS, notamment des lignées sino-européennes, ont néanmoins vu leurs effectifs augmenter au milieu des années 1990. Les effectifs totaux de truies de populations maternelles en sélection diminuent régulièrement

Figure 2. Évolution des effectifs des principales Populations Porcines Sélectionnées (PPS) ou types de PPS.



LWF, LWM : Large White lignée Femelle (F) et Mâle (M) ; LR : Landrace Français ; PI : Piétrain (ASP, 2017).

depuis le début des années 2000, en raison de l'augmentation des performances et de la baisse régulière du cheptel de truies en production en France.

Les effectifs des lignées mâles, plus réduits, ont été marqués par de fortes évolutions, avec la disparition du Landrace Belge (LB) et la montée en puissance de certaines lignées composites dans les années 1980. Le développement du verrot croisé LW x PI à cette période a vraisemblablement sauvé la race Piétrain, et conduit à la création de la population LWM dans les années 1990. À partir du début des années 2000, le Piétrain s'est progressivement imposé comme la principale population paternelle utilisée en France. Elle y représente aujourd'hui plus de 80 % des inséminations artificielles (IFIP, 2017).

Le nombre de RZ a quant à lui connu un maximum en 1999, puis a diminué de façon régulière (52 en 2005, 37 en 2010, 27 en 2016). En termes de types génétiques, la truie croisée LW x LR reste majoritaire, mais une certaine diversification s'est opérée depuis le milieu des années 1990 avec l'apparition de truies croisées sino-européennes (environ 30 % du marché aujourd'hui) et, durant

une période de 10 à 15 ans, l'utilisation notable de truies croisées trois voies Duroc, LW, LR (figure 3). Les populations sino-européennes sont issues des travaux de l'INRA sur les races chinoises prolifiques, notamment la race Meishan (Legault et Caritez, 1983 ; Legault *et al.*, 1985). Ceux-ci ont notamment montré que la constitution de lignées

composites était la meilleure stratégie d'utilisation de ces populations (Bidanel, 1989). Plusieurs populations sino-européennes ont été constituées en France et à l'étranger, dont certaines ont fait l'objet d'un suivi des évolutions génétiques (Zhang *et al.*, 2000 ; Milan *et al.*, 2003 ; Banville *et al.*, 2015).

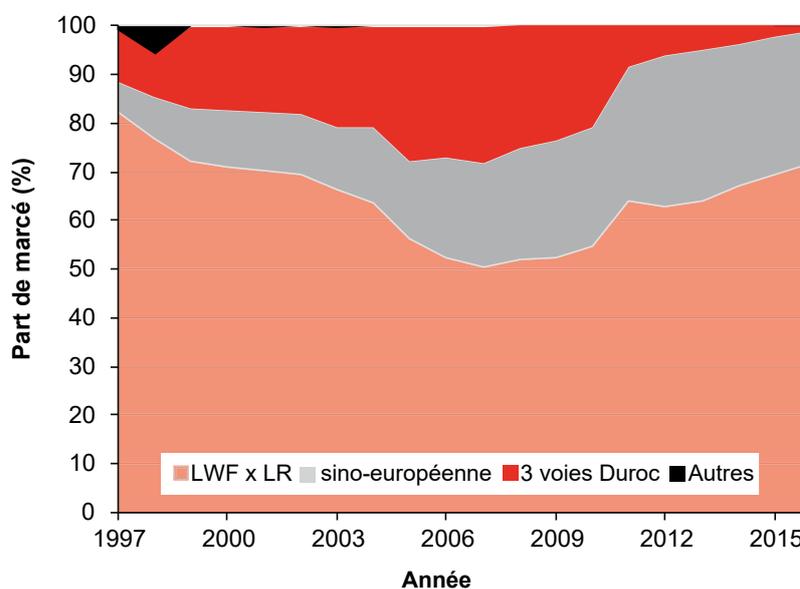
Des dispositifs permettant d'évaluer les valeurs relatives des différents types génétiques (ou combinaisons de types génétiques) ont été mis en place dès les années 1980. Ils sont décrits au paragraphe 3.4.

■ 2.2. Objectifs de sélection

Les objectifs de sélection sont définis au sein de chaque PAS. Un certain nombre de grandes évolutions ont toutefois été communes, que nous évoquerons à partir de l'historique des objectifs de sélection dans les populations collectives.

Les premiers objectifs visaient uniquement à améliorer les caractères dits de production : croissance, efficacité alimentaire et composition de la carcasse. Ils étaient définis à partir des critères mesurés en station de contrôle de performances, i.e. dans un contexte d'alimentation à volonté (pour plus de détails voir Tibau i Fon et Ollivier, 1984).

Figure 3. Évolution des types génétiques de femelles croisées utilisées en France (ASP, 2017).



LWF = Large White lignée Femelle ; LR = Landrace.

Au début des années 1980, la mise en évidence d'effets défavorables de la sélection sur la qualité de la viande a conduit à inclure un Indice de Qualité technologique de la Viande (IQV) dans l'objectif de sélection des populations collectives de l'époque, *i.e.* LW, LR, PI et LB. Cet IQV, conçu comme un prédicteur du rendement technologique de la fabrication du « jambon de Paris » (Jacquet *et al.*, 1984), est une combinaison linéaire d'une mesure de pH ultime (pHu, mesuré 24 h *post mortem*) et de critères d'évaluation de la couleur (mesure de la réflectance) et du pouvoir de rétention d'eau (mesure du temps d'imbibition d'un morceau de papier pH) de la viande. Une deuxième action fut l'éradication, dans la population LR, de l'allèle de sensibilité à l'halothane (HAL^s), qui conduit à l'état homozygote à des défauts de qualité de viande et à un risque accru de mortalité. La fréquence de l'allèle HAL^s, de l'ordre de 0,4 chez le LR au début des années 1980, a pu être fortement réduite en quelques années grâce à l'utilisation d'une sélection assistée par marqueurs (sanguins) en déséquilibre de liaison avec l'allèle HAL^s (voir paragraphe 3.2b pour plus de détails).

À la fin des années 1980, les résultats probants de la lignée « hyperprolifique » de l'INRA, développée initialement en race LW à des fins expérimentales (Legault et Gruand, 1976), ont incité les OSP à mettre en place des programmes de ce type dans les deux populations maternelles LW et LR (Herment *et al.*, 1994). Ce n'est qu'au milieu des années 1990 que la prolificité, plus précisément le nombre de porcelets nés totaux par portée, a été formellement intégrée dans les objectifs de sélection de ces populations LW et LR (Bidanel et Ducos, 1995). Dans le même temps, la pondération de la teneur en maigre de la carcasse a également été divisée par trois et celle du gain moyen (GMQ) augmentée de 50 % afin d'éviter une dégradation de la Consommation Moyenne Journalière (CMJ). En parallèle, un objectif de type « lignée mâle » a été maintenu dans un sous-ensemble d'élevages LW, conduisant à une séparation progressive de deux populations maternelle (LWF) et paternelle (LWM), officialisée en 1997.

Au début des années 2000, le constat d'un accroissement de la mortinatalité

et de la mortalité naissance-sevrage corrélativement à la forte augmentation de prolificité des truies a conduit à remplacer en 2002 le nombre de nés totaux par une combinaison du nombre de nés vivants par portée et du nombre de tétines fonctionnelles, favorablement corrélé au nombre de porcelets sevrés, dans l'objectif de sélection du LW et du LR. Par la suite, ces critères ont été complétés par la prise en compte du nombre de sevrés de la truie (de 2010 à 2014), ainsi que du poids moyen et de l'écart-type du poids à la naissance des porcelets intra portée (depuis 2014).

3. Outils et méthodes de sélection

■ 3.1. Contrôle de performances

Suite à la loi sur l'élevage de 1966, la France s'est rapidement dotée d'un dispositif de contrôle de performances fondé à la fois sur un contrôle en stations des verrats d'élite, soit individuel (CI) soit sur descendance (CD), et sur un contrôle en ferme, plus simple que le contrôle en stations, de candidats mâles et femelles. Un réseau de 13 stations de CI permettait de contrôler environ 6 000 jeunes verrats par an au cours des années 1970-1980 (Ollivier *et al.*, 1986). Les animaux, élevés en loges de quatre porcs, faisaient l'objet d'une mesure de GMQ et d'Indice de Consommation (IC) en engraissement, et d'une mesure d'Épaisseur de Lard Dorsal (ELD) en fin de contrôle (*e.g.* Tibau i Fon et Ollivier, 1984 ; Tixier et Sellier, 1986). Le dispositif était complété par un contrôle sur descendance de verrats, préexistant à la loi de 1966, qui permettait d'obtenir, sur environ 3 000 animaux par an élevés en loge de deux individus, des données de croissance, d'IC moyen par loge, ainsi que des données précises sur les caractéristiques de la carcasse et de la viande : rendement de carcasse, poids des morceaux de découpe, pH, réflectance et temps d'imbibition de la viande 24 h *post mortem* (Tibau i Fon et Ollivier, 1984 ; Tixier et Sellier, 1986). Le contrôle individuel en ferme, mis en place dès 1968, reposait sur une pesée unique, permettant de calculer un âge à 100 kg, et une mesure d'ELD sur les animaux en fin de contrôle. Très rapidement, plusieurs

dizaines de milliers d'animaux, dont trois quarts de femelles, ont fait l'objet d'un contrôle en ferme.

Par ailleurs, le recueil des performances de reproduction en élevage a été mis en place à des fins techniques et technico-économiques *via* le développement de la Gestion Technique et Technico-économique des Troupeaux de Truies (GTTT et GTE ; Legault *et al.*, 1971). Le dispositif de GTTT a rapidement été utilisé pour repérer les truies à forte prolificité dans le cadre du programme de sélection de la lignée « hyperprolifique » LW (Legault et Gruand, 1976). Un peu plus tard, ce même principe de détection d'animaux extrêmes a été utilisé pour identifier les verrats engendrant des portées de taille réduite, susceptibles d'être porteurs d'anomalies chromosomiques (Legault et Popescu, 1981).

Une première restructuration du dispositif de contrôle en stations a été réalisée à partir de la fin des années 1980, sous l'effet conjugué d'une réduction des crédits publics à la sélection, et de diverses considérations d'ordre génétique et technique :

i) la volonté d'éviter une dégradation de la qualité de la viande ; compte tenu des relations génétiques globalement défavorables entre IQV et caractères de croissance ou de carcasse, s'imposer une contrainte de non dégradation de l'IQV dans l'objectif de sélection nécessitait d'inclure l'IQV dans l'indice de sélection. L'IQV n'étant mesurable qu'après abattage, il était nécessaire de passer d'un contrôle individuel simple à un Contrôle Combiné (CC) dans lequel les candidats à la sélection sont évalués à partir de leurs propres performances et de celles de collatéraux (frères et/ou sœurs de portée) abattus en fin de contrôle ;

ii) la possibilité, avec la mise au point de Distributeurs Automatiques de Concentrés (DAC), de contrôler la consommation individuelle d'animaux élevés en groupes de 10 à 12 porcs, conditions plus proches de celles rencontrées dans les élevages commerciaux que l'élevage en groupes de deux ou quatre porcs.

Des choix ont été faits en matière de rénovation et d'équipement de stations, qui ont rapidement été réduites au nombre de cinq, puis de trois – Le Rheu (35650), Mauron (56430) et Argentré (53210) – au milieu des années 1990. À la même période, la répétition d'incidents sanitaires en station nécessitant l'abattage de bandes entières de verrats a conduit à prendre la décision, en 1996, de ne plus contrôler que des collatéraux en station, les verrats candidats à la sélection étant élevés et contrôlés en ferme.

Le dispositif de contrôle en stations a peu évolué entre 1996 et 2016, le seul événement marquant durant cette période étant la fermeture de la station d'Argentré au milieu des années 2000. Au début des années 2010, le besoin de rénovation des infrastructures et l'évolution des méthodes et besoins de phénotypage ont conduit l'INRA et FGPorc à co-construire le projet de station de phénotypage déjà évoquée plus haut (cf. 1.3) et à fermer la station de Mauron. La nouvelle station du Rheu dispose d'équipements de phénotypage performants (DAC avec plateaux de pesée, possibilité d'utiliser un tomographe...) et a vocation à accompagner le développement du phénotypage haut-débit, à des fins à la fois d'évaluation génétique, dans un contexte de développement de la sélection génomique, et de recherche-développement, la station permettant aux chercheurs d'avoir directement accès à des animaux représentatifs de populations porcines très largement utilisées en France.

■ 3.2. Évaluation génétique

a. Évaluation polygénique

Entre 1966 et 1994, les candidats à la reproduction ont, pour l'essentiel, été évalués sur la base d'indices de sélection classiques (Hazel et Lush, 1942). En station, il s'agissait dans un premier temps d'un indice sur performances propres puis, à partir du milieu des années 1980, d'un indice combiné sur performances propres et performances de germains (Tibau i Fon et Ollivier, 1984 ; Guéblez et Ollivier, 1986). En élevage, il s'agissait d'un indice sur performances propres combinant l'âge à 100 kg et l'ELD. À la fin des années 1980, ces indices « production » ont été complétés par deux indices de

prolificité, l'un sur performances propres, l'autre sur ascendance (Herment *et al.*, 1994). Il convient de noter que ces différents indices ne permettaient qu'une évaluation intra-élevage et étaient utilisés de façon indépendante les uns des autres, de sorte que la complémentarité des outils était parfois sujette à question (Ollivier *et al.*, 1986).

La situation a fortement évolué au début des années 1990 avec le développement d'une évaluation génétique fondée sur la méthodologie du BLUP-MA (Henderson, 1963), qui estime simultanément les effets génétiques et de milieu, et calcule les index d'un animal (Valeurs Génétiques additives Estimées – VGE – pour les différents caractères de l'objectif de sélection) à partir de l'information disponible sur l'animal et l'ensemble de ses apparentés (Bidanel *et al.*, 1990). Le BLUP-MA a changé de façon profonde l'activité des OSP en permettant de ne plus sélectionner intra-bande de contemporains, mais potentiellement à l'échelle de la population, et de disposer d'indicateurs performants de suivi et de gestion des PAS (évolution du niveau génétique de chaque élevage, évolution de la consanguinité ; voir chapitre 4).

La mise en place du BLUP-MA a été grandement facilitée par : 1) le développement rapide de l'IA porcine en France, qui est passée d'un taux d'utilisation de moins de 10 % en 1990 à plus de 70 % 10 ans plus tard ; 2) l'accroissement des capacités de calcul des ordinateurs ; 3) la disponibilité de logiciels simples à utiliser et permettant de traiter les modèles multivariés relativement complexes utilisés chez le porc, comme le logiciel PEST (Groeneveld et Kovac, 1990).

Le BLUP-MA est devenu la méthode officielle pour l'évaluation génétique des animaux contrôlés en station en 1994, pour la prolificité des truies en 1995, et une évaluation conjointe ferme-station est devenue opérationnelle en 1996 (Tribout *et al.*, 1998). Compte tenu de la rapidité et de la décentralisation des décisions de sélection chez le porc, le déploiement du BLUP-MA a nécessité la mise en place d'un système d'information performant, permettant de centraliser les données généalogiques et phénotypiques, de

les vérifier et les valider, d'estimer les valeurs génétiques et de les diffuser à de multiples opérateurs dans un temps court. Jusqu'en 2012, les évaluations étaient mensuelles et une évaluation intra-troupeau, qui combinait l'indice BLUP des parents et les performances propres des candidats, permettait de réaliser un premier tri. Depuis lors, la mise en place d'une nouvelle base de données (BANAPOG) et une automatisation poussée des chaînes d'évaluation via la Base de Données Indexation-Recherche (BDIR) a permis de passer à un rythme d'évaluation hebdomadaire.

b. Sélection assistée par marqueurs/gènes et sélection génomique

L'éradication de l'allèle de sensibilité à l'halothane de la population LR à partir du milieu des années 1980 a constitué un des premiers exemples de sélection assistée par marqueurs chez les animaux d'élevage. Le test à l'halothane, qui n'identifiait que les homozygotes sensibles, était d'une efficacité limitée. Les gènes codant pour deux marqueurs sanguins, la PhosphoHexose Isomérase (PHI) et la 6-PhosphoGluconate Déshydrogénase (PGD), se trouvaient être en fort déséquilibre de liaison avec le locus HAL dans la population LR, permettant ainsi de détecter, avec une forte probabilité, les hétérozygotes porteurs de Hal^s. Une sélection des allèles aux deux marqueurs PHI et PGD a ainsi permis de réduire très fortement la fréquence de l'allèle Hal^s dans la population LR en quelques années (Saugère *et al.*, 1989). La découverte de la mutation causale au début des années 1990 (Fujii *et al.*, 1991) et la mise au point d'un test moléculaire ont ensuite permis d'éliminer les derniers animaux porteurs de Hal^s dans la population LR.

Quelques années plus tard, le gène RN, responsable du phénomène dit de « viande acide », était découvert (Milan *et al.*, 2000). La mise au point d'un test associé a permis d'éradiquer l'allèle RN-, responsable de valeurs très basses de pHu de la viande dans les populations composites issues de la race américaine Hampshire.

Si la sélection assistée par des marqueurs microsatellites a globalement été

peu utilisée chez le porc (Dekkers *et al.*, 2011), l'utilisation de réseaux de dizaines de milliers de marqueurs SNP (acronyme de « Single Nucleotide Polymorphism ») via la Sélection Génomique (SG) est, elle, beaucoup plus intéressante (Tribout *et al.*, 2011). Elle s'est rapidement généralisée chez les bovins laitiers, dans la mesure où elle a permis à la fois de réduire les coûts et d'accroître l'efficacité de la sélection en réduisant notamment les intervalles de génération sur la voie mâle (Boichard *et al.*, 2012). Son intérêt chez le porc est sensiblement différent. La SG induit en effet un surcoût chez le porc, mais permet d'accroître la précision des VGE, notamment chez les jeunes animaux, d'envisager la sélection de caractères difficiles et/ou coûteux à mesurer, et de sélectionner de façon plus aisée pour la performance en croisement (Tribout *et al.*, 2011). Son développement chez le porc a été grandement facilité par la mise au point d'une méthode, le « Single Step genomic BLUP » (SS-gBLUP) ou BLUP génomique en une étape (Legarra *et al.*, 2014). Le SS-gBLUP utilise les équations standard du BLUP en intégrant l'information génomique des animaux génotypés dans la matrice de parenté lorsque cette information est disponible. Le gain potentiel d'efficacité dans une lignée mâle peut aisément atteindre 20 à 30 % (Tribout *et al.*, 2013). Une évaluation génomique pour les caractères de reproduction a été mise en place en race LR en 2016 et en race LWF en 2017. Elle permet des gains de précision de 30 à 50 % pour des caractères comme la prolificité des truies (Bouquet *et al.*, 2017).

■ 3.3. Autres éléments considérés en sélection

a. Gestion de la diversité génétique

L'utilisation de méthodes d'évaluation performantes utilisant l'information familiale comme le BLUP-MA peut, en combinaison avec une utilisation intensive de l'IA, conduire à une forte réduction du nombre de familles sélectionnées et une utilisation excessive des animaux les plus performants, qui seront en retour évalués de façon plus précise. Un phénomène de ce type a de fait été observé au cours des premières années d'utilisation du BLUP-MA, conduisant à une forte réduction de la taille efficace

des populations (Maignel *et al.*, 1998). Des mesures ont été rapidement mises en œuvre pour limiter l'utilisation des meilleurs verrats en sélection, favoriser leur renouvellement et proposer des stratégies plus ou moins élaborées de gestion des accouplements de façon à limiter l'accroissement de la consanguinité (Colleau et Tribout, 2006).

b. Contrôle des anomalies chromosomiques

Les anomalies chromosomiques ont des effets défavorables sur les performances de reproduction des animaux porteurs et/ou de leurs conjoints, et peuvent affecter les résultats économiques des élevages et des OSP (Legault et Popescu, 1981 ; Ducos *et al.*, 1997). Ces éléments ont conduit à la mise en place, au sein de la plate-forme de cytogénétique de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse, d'un programme de contrôle chromosomique à grande échelle des principales PAS (Ducos *et al.*, 1997). Près de 2 000 animaux sont contrôlés annuellement, en grande partie des jeunes verrats de race pure avant mise en service en centre d'IA. Au cours des 20 dernières années, 176 nouvelles anomalies chromosomiques ont été identifiées, pour la majeure partie des translocations réciproques. La fréquence des anomalies a été estimée à 0,5 % (Ducos *et al.*, 2017a).

c. Contrôle des anomalies congénitales

Même si leurs fréquences sont peu élevées, les anomalies congénitales ont un impact en termes de bien-être et de santé des animaux et représentent un coût économique non négligeable lié aux traitements, aux réformes et à la mortalité. Comme le soulignent Riquet *et al.* (2016), les méthodes d'élimination sont longtemps restées empiriques (élimination des animaux atteints, de la portée ou des parents). Dans certaines espèces comme les bovins, elles sont aujourd'hui grandement facilitées par la connaissance d'un nombre croissant de mutations causales. Chez le porc, le déterminisme de la majorité des anomalies est de nature polygénique et une sélection sur index a été mise en place dans certaines populations commerciales (Riquet *et al.*, 2016).

■ 3.4. Contrôle de l'efficacité des programmes et évaluation des (combinaisons de) types génétiques

Plusieurs méthodes ont été mises en place en France pour contrôler l'efficacité de la sélection, soit directement au niveau des élevages de sélection, soit au niveau des élevages de production. Dans le cadre d'une sélection sur indice, les indicateurs de suivi en temps réel de l'efficacité de la sélection étaient relativement limités. La mesure des différentielles de sélection permettait d'apprécier l'efficacité des choix pour chacun des caractères de l'indice. Les premières analyses *a posteriori* de l'efficacité de la sélection ont été réalisées au cours des années 1980-90. Tixier et Sellier (1986) ont estimé les évolutions génétiques pour les caractères mesurés en station en races LW et LR à partir de l'évolution des performances des descendants intra-cohortes parentales au cours du temps. Un stock de semence congelée de verrats nés en 1977 a été utilisé à deux reprises pour estimer les évolutions génétiques pour les caractères de production par comparaison d'animaux LW et LR issus de semence congelée avec des contemporains de même race (Molénat *et al.*, 1986 ; Ollivier *et al.*, 1991).

Comme indiqué plus haut, la situation a considérablement évolué avec la mise en place du BLUP-MA, dans la mesure où il est devenu possible d'avoir à chaque évaluation une estimation des évolutions génétiques pour les caractères inclus dans l'évaluation génétique. En pratique, un calcul des évolutions génétiques par population, OSP et élevage est réalisé tous les six mois et soumis aux structures concernées (Tribout *et al.*, 1998). Ces évolutions estimées sont toutefois limitées aux caractères évalués et dépendantes du modèle de description des données et des paramètres génétiques utilisés. L'estimation des évolutions génétiques à partir de semence congelée leur est tout à fait complémentaire, dans la mesure où elle est non limitée en termes de caractères mesurés et ne dépend pas du modèle utilisé pour l'évaluation. De fait, la semence congelée des verrats nés en 1977, évoqués ci-dessus, a été à nouveau utilisée au début des

années 2000 pour estimer les évolutions génétiques sur la période 1977-1998 pour un grand nombre de caractères mesurés sur le porc en croissance dans les races LW et LR (Bazin *et al.*, 2003), complétée en race LW par des estimations pour les caractères de reproduction, de comportement (Canario *et al.*, 2007a ; Tribout *et al.*, 2010 ; Canario *et al.*, 2014 ; Silalahi *et al.*, 2016 ; 2017).

Les évolutions en race pure ne préjugent pas nécessairement de celles obtenues sur les animaux croisés dans les élevages commerciaux, du fait notamment de potentielles interactions génotype x milieu, deux dispositifs complémentaires ont été mis en place pour obtenir des informations à l'échelle de production :

- le contrôle des produits terminaux, qui a pour objectif de comparer dans un même milieu (en l'occurrence dans la station INRA du Rheu) les performances relatives de porcs charcutiers issus de combinaisons de types génétiques recommandés par les OSP agréées. Cinq à sept combinaisons sont comparées lors de chaque test, et les résultats publiés par le Ministère de l'Agriculture. Vingt-huit tests ont été réalisés entre 1970 et 2012 ;

- la comparaison des performances de reproduction des truies parentales, réalisée par l'ASP à partir des données GTTT. Les moyennes sont établies pour chaque OSP à partir de données collectées dans un grand nombre d'élevages. En l'absence de sélection des élevages utilisés pour le calcul, les moyennes obtenues sont supposées représentatives des niveaux génétiques moyens des différents types génétiques. Contrairement au test des produits terminaux, les résultats de ces comparaisons ne font pas l'objet d'une diffusion « officielle », mais sont communiqués aux OSP sous une forme anonyme.

4. Évolutions génétiques

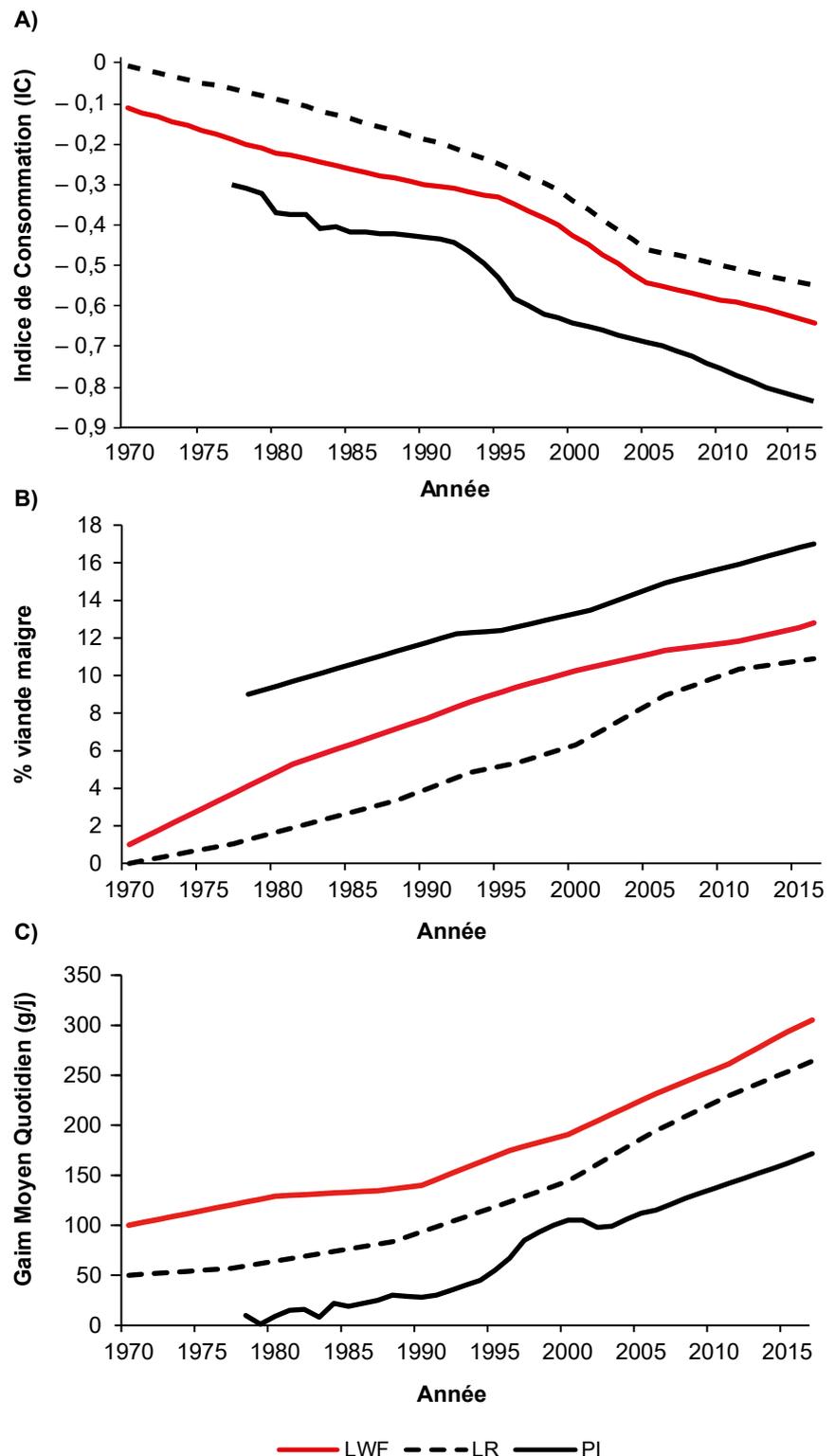
■ 4.1. Caractères de l'objectif de sélection

Les estimations des évolutions génétiques obtenues à différentes périodes

pour les principaux caractères de l'objectif de sélection sont présentées sur les figures 4 (caractères de production) et 5 (prolificité des truies).

Les estimations BLUP-MA sont globalement comparables à celles obtenues à partir de semence congelée par Bazin *et al.* (2003) , Tribout *et al.* (2010), et

Figure 4. Évolutions génétiques estimées pour le Gain Moyen Quotidien (GMQ), l'Indice de Consommation (IC) et la teneur en viande maigre de la carcasse.



LWF : Large White lignée Femelle ; LR : Landrace Français ; PI : Piétrain. Les valeurs initiales pour chaque race sont fixées arbitrairement pour permettre de différencier les courbes.

Silalahi *et al.* (2016). Elles le sont moins avec les estimations de Molénat *et al.* (1986) et d'Ollivier *et al.* (1991) mais, comme le discutent Ollivier *et al.* (1991), ces dernières sont vraisemblablement surestimées.

Dans tous les cas, la sélection réalisée depuis le début des années 1970 a conduit à des améliorations très conséquentes pour l'ensemble des caractères de production : près de 2,5 Écart-Types Phénotypiques (ETP) pour le GMQ et l'IC, près de 3 ETP pour ELD et la teneur en maigre de la carcasse (soit, respectivement, + 6,8, - 7,3, - 6,3 et + 7,3 % d'ETP par an). Globalement, les estimations sont comparables, voire légèrement supérieures, aux moyennes des estimations publiées dans la littérature (Silalahi, 2017).

Les évolutions annuelles pour les caractères de reproduction de 1975 à 2015 s'élèvent à 0,13 et 0,10 nés vivants, respectivement, en races LW et LR, avec une évolution limitée jusqu'au milieu des années 1990 et beaucoup plus conséquente par la suite (0,23 et 0,17 porcelet par an), respectivement, en LW et en LR (figure 5). Il est à noter que l'évolution phénotypique au niveau des élevages de production (GTTT) est globalement assez proche de celle observée en sélection chez le LW et le

LR. Même si elle résulte en partie de phénomènes autres que la sélection (évolution des types génétique utilisés notamment), cette évolution suggère une bonne transmission du progrès génétique de l'étage de sélection à l'étage de production.

■ 4.2. Autres caractères

a. Survie des porcelets et aptitudes maternelles

La sélection sur le nombre de nés totaux par portée s'est accompagnée d'un accroissement du nombre et de la proportion de mort-nés et, dans une moindre mesure, de la mortalité naissance-sevrage (Canario *et al.*, 2007b ; Guéry *et al.*, 2009 ; Silalahi *et al.*, 2016 ; Silalahi *et al.*, 2017). L'augmentation de mortinatalité pourrait être liée à des mises bas plus longues, même si aucun accroissement significatif de ce critère n'a été mis en évidence par Canario *et al.* (2007b), qui pourraient être associées à des évolutions physiologiques (qualité des contractions utérines...) et/ou comportementales (stress accru à la mise bas) des truies (Canario *et al.*, 2014). Le changement du critère de sélection (nés vivants au lieu de nés totaux à partir de 2002) a permis de limiter fortement l'accroissement de mortinatalité par la suite. L'augmentation de la mortalité

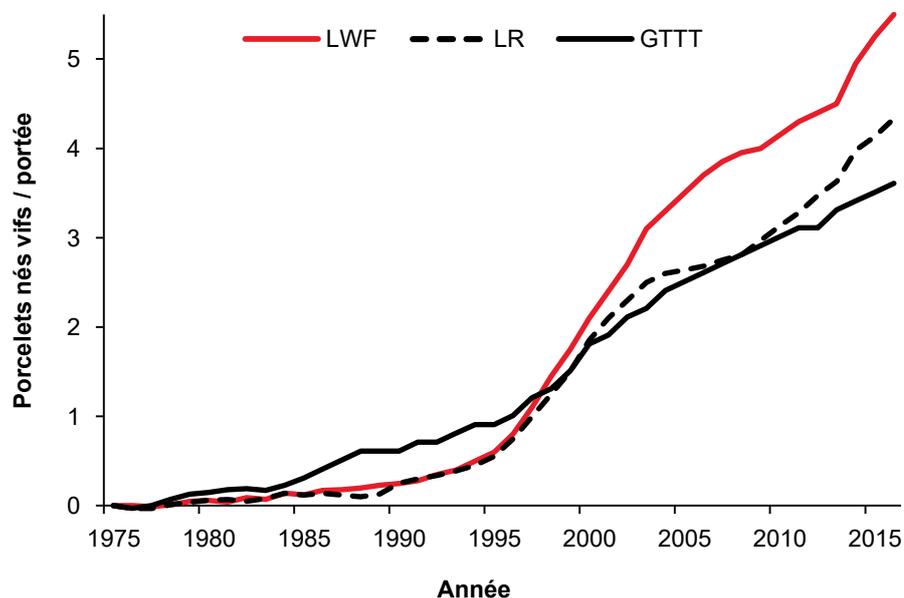
naissance – sevrage est liée notamment à une moindre maturité des porcelets à la naissance, malgré un poids moyen à la naissance plus élevé (Canario *et al.*, 2007a), à une mobilité moindre et à un risque de détresse respiratoire accru à la naissance (Canario *et al.*, 2014). Ces travaux ont également montré un accroissement de la variabilité intra-truie des tailles de portée (Silalahi *et al.*, 2016), de l'hétérogénéité intra-portée du poids de porcelets et du nombre de petits porcelets à la naissance (Quiniou *et al.*, 2002 ; Silalahi *et al.*, 2017), ainsi qu'une évolution du comportement maternel des truies, qui sont globalement moins attentives envers leurs porcelets (Canario *et al.*, 2014).

La production laitière des truies a augmenté avec l'accroissement des tailles de portée, mais de façon non proportionnelle, sans évolution majeure de la composition du colostrum ou du lait (Silalahi *et al.*, 2017). La quantité de lait disponible par porcelet a augmenté selon Etienne *et al.* (2000), tandis qu'une légère diminution du gain de poids des porcelets « modernes » par rapport à des porcelets « anciens » est observée, à même poids de naissance et même taille de portée allaitée, dans une expérience d'allaitement croisé par Silalahi *et al.* (2017).

b. Longévité et robustesse

Les résultats de Silalahi *et al.* (2016) semblent suggérer que la sélection a détérioré la longévité des truies en race LWF. Ce résultat n'est pas totalement en cohérence avec les évolutions phénotypiques constatées dans les élevages de production, les données GTTT montrant un accroissement du nombre de portées produites par truie réformée, et mériterait d'être confirmé et approfondi. Il peut sans doute s'expliquer en partie par l'existence d'interactions génotype x milieu, mais peut également être le reflet d'améliorations de la conduite des animaux et d'une volonté des éleveurs, en particulier en période de crise, de conserver leurs truies plus longtemps de façon à limiter les coûts de renouvellement. Les résultats de la littérature ne permettent pas d'apporter de réponse claire quant aux effets de la sélection sur la longévité des truies. Des effets défavorables des por-

Figure 5. Évolution du nombre de nés vifs par portée dans les races Large White Femelle (LWF), Landrace Français (LR) et au niveau de la gestion technique des troupeaux de truies (GTTT)



tées de grande taille sur l'état corporel des truies au sevrage, la prévalence de lésions corporelles, le bien-être et, potentiellement, la longévité, ont été rapportés par plusieurs auteurs (*e.g.* Prunier *et al.*, 2010 ; Ocepek *et al.*, 2016). Inversement, une durée de vie productive accrue est observée chez des truies sélectionnées pour leurs performances de reproduction par Serenius et Stalder (2006). Le sens des relations génétiques entre longévité et caractères de production est également variable (voir la revue de Silalahi, 2017).

La robustesse est un des caractères considérés comme potentiellement détériorés par la sélection (Rauw *et al.*, 1998 ; Dourmad *et al.*, 2010 ; Mormède *et al.*, 2011). Dourmad *et al.* (2010) mettent particulièrement l'accent sur l'impact potentiellement défavorable de la sélection sur la qualité des aplombs et la difficulté à couvrir les besoins nutritionnels des truies, qui se traduit par un développement plus hétérogène et une mortalité accrue des porcelets. Ces résultats sont confortés par ceux de Silalahi *et al.* (2016, 2017), qui mettent en évidence une plus grande hétérogénéité des performances des truies et de leurs porcelets.

c. Réponse immunitaire

Les effets de la sélection sur la capacité de la réponse immunitaire et de la sensibilité aux maladies infectieuses sont peu documentés, et les quelques estimations disponibles dans la littérature sont assez hétérogènes. Des corrélations génétiques faibles ont été obtenues entre un grand nombre de paramètres de Réponse Immunitaire (RI) et la vitesse de croissance et l'ELD en race LWF en France (Bidanel *et al.*, 2013). Des relations défavorables entre vitesse de croissance et indicateurs de RI sont obtenues en race LW au Royaume-Uni (Clapperton *et al.*, 2008) et aux USA (Galina-Pantoja *et al.*, 2006). Inversement, une réponse corrélative favorable sur la vitesse de croissance a été obtenue dans une expérience de sélection sur un index de paramètres de réponse immunitaire (Mallard *et al.*, 1998).

d. Utilisation des nutriments et impacts environnementaux

La sélection pour la vitesse de croissance et le dépôt musculaire a entraîné

une diminution des intrants nutritionnels nécessaires pour l'élevage des porcs en engraissement. Cette amélioration a entraîné un ajustement de la composition des rations alimentaires aux besoins des animaux (stade physiologique, âge, sexe) partout où la taille des élevages permet de multiplier les silos, conduisant à une réduction des rejets dans l'environnement par un moindre gaspillage. De plus, à performances données et sous réserve que la ration délivrée soit équilibrée, la majorité du progrès génétique sur l'efficacité alimentaire est liée à une meilleure utilisation métabolique de la ration, en particulier de l'énergie. Une amélioration de l'efficacité de la digestion de l'énergie et des nutriments n'a été rapportée que dans des contextes de rations présentant des proportions élevées de fibres alimentaires, c'est-à-dire constituant un défi pour la digestion. D'une façon générale, moins de la moitié des nutriments majeurs est retenue par les animaux sous forme de gain de poids pendant leur croissance.

Il est possible d'évaluer l'impact de l'amélioration de l'efficacité alimentaire des animaux sur les besoins nutritionnels des animaux en croissance et l'impact environnemental de l'élevage des porcs. Les approches de quantification directe de l'utilisation des nutriments par les animaux sont lourdes et difficilement applicables avec des effectifs suffisants pour permettre d'estimer des évolutions génétiques. Les approches utilisées sont de ce fait essentiellement fondées sur des équations de prédiction de l'utilisation de l'énergie et des nutriments par les porcs pour couvrir leurs besoins d'entretien et de croissance, s'appuyant soit sur des modèles biologiques de type InraPorc® (Saintilan *et al.*, 2013), soit sur des mesures d'ingestion d'aliments marqués (Shirali *et al.*, 2012). Ces équations transposent les performances (GMQ, IC, composition corporelle) en besoins en protéines et lipides, qui sont ensuite comparés à la quantité de nutriments ingérés pour en déduire les quantités de nutriments retenues ou excrétées par les animaux. Saintilan *et al.* (2015) ont ainsi montré que les besoins en lysine digestible par MJ d'énergie nette ingérée sont augmentés chez les animaux les plus

efficaces. Concrètement, cela signifie que la sélection pour une meilleure efficacité alimentaire doit aller de pair avec une formulation adéquate des aliments. Il a été mis en évidence en particulier que les besoins en acides aminés digestibles en début de croissance pouvaient être limitants chez les animaux les plus efficaces avec les rations commerciales usuelles, surtout chez le mâle entier.

Ces équations permettent aussi de produire des valeurs individuelles d'excrétion pour des éléments tels que l'azote (N), le phosphore (P) et le potassium (K). Toutefois, ces équations, qui ne tiennent pas compte de la variabilité individuelle de capacité des animaux à fixer ou retenir chaque type de nutriment, sont, par construction, fortement corrélées aux performances des animaux. Les estimations de corrélations phénotypiques ou génétiques entre IC et les estimations d'excrétion sont ainsi toutes supérieures à 0,98 (Shirali *et al.*, 2012 ; Saintilan *et al.*, 2013), ce qui implique que tout progrès génétique réalisé sur l'efficacité alimentaire se traduit par une diminution proportionnelle de l'excrétion estimée de N ou de P. Le jeu des corrélations complique l'analyse des réponses corrélées à la sélection pour ces caractères, mais permet d'estimer à environ 0,9 % par an les réductions d'excrétion de N et P grâce à la sélection. Pour aller plus loin et plus précisément dans ces estimations, il faudrait pouvoir estimer les rejets individuellement pour chaque type de nutriment d'intérêt. En complément, les questions sur la possibilité de sélectionner pour une efficacité d'utilisation des nutriments (autres que l'énergie), en particulier l'azote (Brossard *et al.*, 2012) et de sélectionner pour accroître l'efficacité digestive des animaux, sont posées mais sont liées à des enjeux de phénotypage en ferme seulement partiellement résolues.

5. Bilan et perspectives

Suite à l'impulsion donnée par la loi sur l'élevage de 1966, les acteurs de l'amélioration génétique du porc en France ont développé un modèle d'organisation original et, à bien des égards, performant. La loi sur l'élevage

aura facilité la mise en place des outils adaptés (centre de traitement de l'information génétique, stations de contrôles de performances...), mais aura surtout permis d'avoir, *via* la CNAG, une instance de dialogue et de concertation efficace, et à travers l'implication de l'INRA et de l'IFIP dans le dispositif d'amélioration génétique, une organisation performante en termes de recherche, développement et innovation. La filière génétique porcine a su l'utiliser pour mettre en place rapidement et de façon efficace des innovations issues d'avancées scientifiques comme la sélection contre les gènes de sensibilité à l'halothane et RN, l'hyperprolificité, la mise en place du BLUP-MA, l'utilisation des races chinoises, la détection et l'élimination d'anomalies chromosomiques et, aujourd'hui, la sélection génomique. Tout en restant dans le cadre général de la loi sur l'élevage, la filière porc a su construire un modèle d'organisation collective spécifique, bien adapté au contexte d'une filière constituée d'opérateurs très différents. En particulier, les évolutions qui ont conduit à l'arrêt de mars 1994 et à la création de l'ASP se sont avérées assez novatrices et visionnaires, puisqu'elles ont fonctionné de façon efficace pendant plus de 20 ans et ont été reprises sur plusieurs points dans le cadre de la loi de modernisation agricole de 2006 et le RZUE d'aujourd'hui. Cette organisation a sans aucun doute joué un rôle important dans le maintien d'une grande pluralité d'acteurs (structures coopératives, entreprises privées nationales et internationales) à l'origine d'une compétition intense qui a fortement contribué à son niveau de performances et à sa capacité d'innovation. On évoquera, pour ne citer qu'un exemple, la succession de travaux qui ont conduit de la mise au point du rendement Napole (méthode originale d'estimation des pertes en eau à la cuisson) à la découverte de la mutation du gène RN associée au phénomène de viande « acide » (Naveau *et al.*, 1985 ; Milan *et al.*, 2000).

Les OSP ont su évoluer et s'adapter au cours du temps en opérant un certain nombre de regroupements et en mettant en place des structures communes de R&D, offrant ainsi aux éleveurs un choix génétique important et

la maîtrise de leurs choix génétiques. Néanmoins, dans un secteur marqué par une libéralisation croissante des échanges et un impact de plus en plus marqué des nouvelles technologies, la concentration des acteurs exacerbe la concurrence. Les OSP françaises ont aujourd'hui comme concurrents des entreprises internationales de grande dimension, disposant de moyens de R&D et de logistiques importants. Elles devront continuer à faire preuve d'imagination, de capacité d'anticipation et de réactivité pour s'adapter à ce nouveau contexte et permettre à la filière porcine française de garder la maîtrise de ses choix génétiques, afin notamment de pouvoir s'appuyer sur une plus grande diversité de systèmes de production et une différenciation des produits pour renforcer sa compétitivité.

La pertinence des choix génétiques et la capacité à maîtriser et utiliser à bon escient les avancées scientifiques et technologiques seront à cet égard essentielles dans un contexte marqué par une image dégradée de l'élevage et des productions animales et un « droit de regard » de plus en plus revendiqué de la société sur la façon d'élever les animaux. Les choix en matière d'objectifs de sélection devront concilier un nécessaire maintien de la compétitivité à court terme et une capacité à anticiper ce que sera la demande à moyen/long terme. S'il est assez évident que la productivité des truies, l'efficacité de la croissance musculaire et la maîtrise de la qualité des produits resteront des composantes majeures des objectifs de sélection, ceux-ci devront également prendre en compte de façon croissante les enjeux suivants :

- le bien-être des animaux, qui conduira notamment à mettre l'accent sur la réduction de la mortalité, notamment des porcelets à la mise bas et en allaitement, sur l'aptitude des truies à gérer leur portée dans un contexte de limitation des phases de contention, sur l'adaptation comportementale au logement en groupe, sur l'arrêt des mutilations (castration, coupe de la queue...) et, bien entendu, sur la santé (voir ci-dessous) ;

- l'amélioration de l'efficacité de la croissance musculaire devra se

raisonner en veillant à minimiser les impacts environnementaux et à améliorer l'aptitude à ingérer des rations plus riches en coproduits et autres matières premières non directement en compétition avec l'alimentation humaine ; elle devra également être en mesure de le faire en prenant en compte les contraintes des différents systèmes de production (par ex., absence d'acides aminés de synthèse en élevage biologique). L'importance de cet enjeu d'optimisation de l'utilisation des ressources alimentaires a conduit certaines OSP à investir dans leurs propres stations de contrôle de façon à renforcer les capacités de phénotypage de la croissance et de l'ingestion.

- la santé des animaux est plus que jamais une priorité, à la fois pour réduire l'utilisation d'antibiotiques, limiter les risques liés aux zoonoses et contribuer au bien-être des animaux ; la génétique constitue un levier d'action important par la recherche d'animaux plus robustes et moins sensibles aux agents pathogènes du fait d'une meilleure réponse immunitaire, d'une réponse vaccinale plus efficace ou de microbiotes permettant de limiter l'exposition / les risques d'entrée des agents pathogènes ; elle nécessitera de mieux connaître et prendre en compte la dynamique des interactions hôtes – agents pathogènes ;

- la qualité des produits devra être abordée dans un contexte de diversification des systèmes de production, ce qui amènera à s'interroger de façon plus approfondie sur le choix de la génétique la plus adaptée à un système et un produit donnés. La génétique peut également être un levier d'action pour l'amélioration de la qualité sanitaire (dans le but de réduire le risque de salmonellose par exemple) ou nutritionnelle des aliments.

Pour y parvenir, les OSP disposeront de méthodes et d'outils de plus en plus performants, dont il conviendra de raisonner l'utilisation en termes d'efficacité technique et économique, mais également en prenant en compte les dimensions éthiques et d'acceptabilité des nouvelles technologies. Certains de ces outils sont déjà utilisés

ou en cours de mise en place. C'est le cas en particulier de la sélection génomique, déjà évoquée précédemment (paragraphe 3.2). Son utilisation va se généraliser dans les grandes populations porcines françaises dans les prochains mois ou les prochaines années. Les enjeux pour l'avenir vont être : 1) de généraliser son emploi à l'ensemble des populations dans lesquelles son utilisation est pertinente ; 2) d'aller vers la prise en compte des performances des animaux croisés dans l'évaluation, à la fois pour améliorer la précision et la pertinence des évaluations génomiques, et pour mieux prendre en compte d'éventuelles interactions génotype x milieu ; 3) de raisonner la prise en compte de nouveaux caractères ; 4) d'intégrer les informations de plus en plus précises sur le génome (séquences, annotation fonctionnelle). Les informations génomiques peuvent également être utilisées à des fins d'élevage de précision pour, par exemple, réaliser un suivi individualisé des animaux en fonction de facteurs de risques de pathologies infectieuses ou métaboliques, ou pour mettre en œuvre des stratégies individualisées d'alimentation et de traitements médicamenteux. Cette individualisation pose cependant des questions en matière d'évaluation génétique des animaux, dans la mesure où ceux-ci ne pourront plus être considérés comme soumis aux mêmes effets de milieu au sein d'un groupe de contemporains.

La prise en compte de nouveaux caractères se fera dans un contexte de développement d'un phénotypage de plus en plus fin, soit parce que des données générées à des fins autres que génétiques deviendront disponibles (données issues de capteurs déployés dans une perspective d'élevage de précision), soit parce ce phénotypage fin a un intérêt génétique direct. C'est par exemple le cas des pesées automatisées des animaux et de l'aliment ingéré, qui permettent de travailler sur la dynamique de croissance, d'ingestion, d'efficacité alimentaire ou de production laitière des truies. C'est aussi potentiellement le cas :

- de mesures de réponse immunitaire, des caractéristiques des microbiotes, notamment intestinal, qui présentent potentiellement un grand intérêt pour caractériser la robustesse des animaux ;

- du phénotypage envisagé *ex vivo* sur des organoïdes, cultures cellulaires tridimensionnelles qui reproduisent *in vitro* la micro-anatomie d'un organe. Des travaux visant à utiliser des organoïdes pour du phénotypage fin, notamment pour l'étude des interactions hôte x pathogènes, sont actuellement en cours (Choi *et al.*, 2016 ; In *et al.*, 2016).

Un phénotypage fin peut également avoir un intérêt pour mieux caractériser les conditions de milieu (ambiance, aliment...), voir les modéliser pour mieux en tenir compte dans les modèles d'évaluation génétique. La notion de phénotypage fin peut par ailleurs permettre de mesurer en continu les évolutions génétiques, non plus comme actuellement sur les seuls caractères de l'objectif de sélection, mais pour un ensemble plus large de caractères d'intérêt.

Les nouvelles technologies d'amélioration génétique, en particulier les méthodes de modification ciblée des génomes utilisant les nucléases programmables, suscitent aujourd'hui beaucoup d'intérêt et de nombreuses interrogations. C'est tout particulièrement le cas de la technique CRISPR-Cas9, compte tenu de la simplicité de sa mise en œuvre et du spectre extrêmement large de ses applications possibles (Ducos *et al.*, 2017b).

Ce type de techniques a déjà été utilisé à de nombreuses reprises chez les animaux d'élevage (*e.g.* Wells et Prather, 2017). Chez le porc, on évoquera par exemple les travaux ayant conduit à l'inactivation du gène codant pour la protéine CD163, rendant les individus porteurs de deux copies inactivées résistants à une pathologie virale majeure dans cette espèce (Syndrome Dysgénésique Respiratoire Porcin ou SDRP ; Whitworth *et al.*, 2016). Ces travaux, financés en partie par une importante entreprise de sélection

animale multinationale, conduisent leurs auteurs à envisager une valorisation commerciale à moyen terme. Plus récemment, une autre équipe a obtenu une protection similaire contre le virus du SDRP par une simple amputation du domaine protéique permettant l'interaction avec le virus, l'activité biologique de la protéine modifiée restant normale (Burkard *et al.*, 2017). Des études de simulation ont également montré l'intérêt potentiel des techniques de modifications ciblées du génome pour l'amélioration génétique des caractères influencés par de nombreux gènes (Jenko *et al.*, 2015 ; Gonen *et al.*, 2017), sous réserve toutefois que soient vérifiées de nombreuses hypothèses sur les effets des mutations. L'utilisation de ces outils suppose bien entendu connus les gènes responsables de la variabilité des caractères, ce qui en limite aujourd'hui fortement l'usage. Au-delà de ces considérations scientifiques, l'utilisation de telles techniques soulève de nombreuses questions de nature éthique et stratégique, particulièrement importantes à considérer à une période où l'élevage est fortement décrié par une partie de la société (Ducos *et al.*, 2017b).

Conclusion

Le contexte de l'élevage et les enjeux liés à l'amélioration génétique des espèces d'élevage ont profondément changé depuis 1966. Dans de nombreuses filières, dont la filière porcine, les enjeux ne sont plus d'accroître la production en vue d'atteindre l'auto-suffisance, mais d'assurer la durabilité de la production en répondant à des enjeux d'efficacité économique et environnementale, de sécurité alimentaire, d'image et d'acceptabilité de la production. Dans un marché en décroissance en Europe, mais en croissance au niveau mondial, la filière génétique française bénéficie d'une bonne reconnaissance et dispose de solides atouts pour conserver, voire accroître son positionnement international que ce soit au sein du nouveau marché européen que créera le RZUE ou dans d'autres pays.

Références

- ASP, 2017. Bilan d'activité 2016 des organismes de sélection porcins. Agence de la sélection porcine, document interne.
- Banville M., Riquet J., Bahon D., Sourdioux M., Canario L., 2015. Genetic parameters for litter size, piglet growth and sow's early growth and body composition in the Chinese-European line Tai Zumu. *J. Anim. Breed. Genet.*, 132, 328-337. <https://doi.org/10.1111/jbg.12122>
- Bazin C., Tiger E., Tribout T., Bouffaud M., Madigand G., Boulard, J., Deschodt G., Flého J.Y., Guéblez R., Maignel L., Bidanel J.P., 2003. Estimation, par utilisation de semence congelée en élevage de sélection, du progrès génétique réalisé entre 1977 et 2000 dans les races Large White et Landrace français pour les caractères de croissance, de carcasse et de qualité de la viande. *Journ. Rech. Porcine*, 35, 277-284.
- Bidanel J.P., 1989. Étude de stratégies de valorisation en croisement de la race porcine Meishan. 3. Évaluation économique comparée de différents systèmes de croisement. *Journ. Rech. Porcine*, 21, 361-366.
- Bidanel J.P., Ducos A., 1995. Note sur la prise en compte de la prolificité dans l'objectif de sélection des races Large White et Landrace Français. *Performances et Sélection* n° 95-03.
- Bidanel J.P., Ducrocq V., Ollivier L., 1990. Les nouvelles méthodes d'évaluation des reproducteurs. Intérêt et applications du modèle individuel chez le porc. *Journ. Rech. Porcine*, 22, 1-9.
- Bidanel J.P., Desson, D., Billon Y., Oswald I., Estelle Fabrellas, J., Rogel-Gaillard, C., 2013. Paramètres génétiques de la réponse immunitaire et covariation des caractères de croissance et de carcasse chez le porc. *Journ. Rech. Porcine*, 45, 219-224.
- Bidanel J.P., Silalahi P., Tribout T., Canario L., Ducos A., Garreau H., Gilbert H., Larzul C., Milan D., Riquet J., Schwob S., Mercat M.J., Hassenfratz C., Bouquet A., Bazin C., Bidanel J., 2018. Cinquante années d'amélioration génétique du porc en France : bilan et perspectives. *Journ. Rech. Porcine*, 50, 61-74.
- Boichard D., Guillaume F., Baur A., Croiseau P., Rossignol M.N., Boscher M.Y., Druet T., Genestout L., Colleau J.J., Journaux L., Ducrocq V., Fritz S., 2012. Genomic selection in French dairy cattle. *Anim. Prod. Sci.*, 52, 115-120. <https://doi.org/10.1071/an11119>
- Bouquet A., Canaple M., Brenaut P., Bellec T., Flatres-Grall L., Ligonésche B., Larzul C., 2017. Mise en place de la sélection génomique dans le schéma de sélection de la population Landrace Français. *Journ. Rech. Porcine*, 49, 31-36. <http://www.journees-recherche-porcine.com/texte/2017/genetique/G06.pdf>
- Brossard L., Gilbert H., Billon Y., Van Milgen J., 2012. Effet d'une sélection divergente pour la consommation journalière résiduelle chez le porc en croissance sur la réponse à une carence en acides aminés. *Journ. Rech. Porcine*, 44, 165-170.
- Burkard C., Lillo S.G., Reid E., Jackson B., Mileham, A.J., Ait-Ali T., Whitelaw C.B.A., Archibald A.L., 2017. Precision engineering for PRRSV resistance in pigs: Macrophages from genome edited pigs lacking CD163 SRCR5 domain are fully resistant to both PRRSV genotypes while maintaining biological function. *PLOS Path.*, 13, e1006206. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006206>
- Canario L., Père M.C., Tribout T., David C., Gogué J.M., Herpin P., Bidanel J.P., Le Davidich J., 2007a. Estimation of genetic trends from 1977 to 1998 of body composition and physiological state of Large White pigs at birth. *Animal*, 1, 1409-1413. <https://doi.org/10.1017/s151731107000766>
- Canario L., Rydhmer L., Gogué J.M., Tribout T., Bidanel J.P., 2007b. Estimation of genetic trends from 1977 to 1998 for farrowing characteristics in the French Large White breed using frozen semen. *Animal*, 1, 929-938. <https://doi.org/10.1017/s151731107000511>
- Canario L., Bidanel J.P., Rydhmer L., 2014. Genetic trends in maternal and neonatal behaviors and their association with perinatal survival in french Large White swine. *Front. Genet.*, 5, 410. <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00410>
- Choi J., Ilich E., Lee J.H., 2016. Organogenesis of adult lung in a dish: differentiation, disease and therapy. *Dev. Biol.*, 420, 278-286. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2016.10.002>
- Clapperton M., Glass E.J., Bishop S.C., 2008. Pig peripheral blood mononuclear leucocyte subsets are heritable and genetically correlated with performance. *Animal*, 2, 1575-1584. <https://doi.org/10.1017/s151731108002929>
- Colleau J.J., Tribout T., 2006. Gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées : exemple d'application sur la population collective Landrace Français. *Journ. Rech. Porcine*, 38, 131-136.
- Coudurier B., 1999. Compte rendu d'activité de l'Agence de la Sélection Porcine pour l'exercice 1998. Paris, 16 p.
- Dekkers J.C.M., Mathur P.K., Knol E.F., 2011. Genetic improvement of the pig. In: *The Genetics of the Pig*, 2nd Edition, 390-425, Rothschild M.F., Ruvinsky A. (Eds). C.A.B. International.
- Dourmad J.Y., Canario L., Gilbert H., Merlot E., Quesnel H., Prunier A., 2010. Évolution des performances et de la robustesse des animaux en élevage porcin. *INRA Prod. Anim.*, 23, 53-64.
- Ducos A., Berland H., Pinton A., Séguéla A., Blanc M.F., Darré A., Sans P., Darré R., 1997. Les translocations réciproques chez le porc : état des lieux et perspectives. *Journ. Rech. Porcine*, 29, 375-382.
- Ducos A., Calgaro A., Mouney-Bonnet N., Lousteau A.M., Revel C., Barasc H., Mary, N., Pinton A., 2017a. Contrôle chromosomique des populations porcines françaises. Bilan de 20 années d'activités de la plateforme de cytogénétique ENV-T-INRA. *Journ. Rech. Porcine*, 49, 49-50.
- Ducos A., Bed'Hom B., Acloque H., Pain B., 2017b. Modifications ciblées des génomes : Apports et impacts pour les espèces d'élevage. *INRA Prod. Anim.*, 30, 3-18. <https://doi.org/10.20870/productions-animales.2017.30.1.2226>
- Etienne M., Legault C., Dourmad J.Y., Noblet J., 2000. Production laitière de la truie: Estimation, composition, facteurs de variation et évolution. *Journ. Rech. Porcine*, 32, 253-264.
- EUR-Lex, 2016. Règlement UE 2016/12 du parlement européen et du conseil du 8 juin 2016. <http://data.europa.eu/eli/reg/2016/1012/oj>.
- Fujii J., Otsu K., Zorzato F., De Leon S., Khanna V.K., Weiler J.E., O'Brien P.J., MacLennan D.H., 1991. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science*, 253, 448-451.
- Galina-Pantoja L., Mellencamp M.A., Bastiaansen J., Cabrera R., Solano-Aguilar G., Lunney J.K., 2006. Relationship between immune cell phenotypes and pig growth in a commercial farm. *Anim. Biotechnol.*, 17, 81-98.
- Gonen S., Jenko J., Gorjanc G., Milehaù A., Bruce C., Whitelaw A., Hickey J.M., 2017. Potential of gene drives with genome editing to increase genetic gain in livestock breeding programs. *Genet. Sel. Evol.*, 49, 3. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0280-3>
- Groeneveld E., Kovac M., 1990. A generalized computing procedure for setting up and solving mixed linear-models. *J. Dairy Sci.*, 73, 513-531.
- Guéblez R., Ollivier L., 1986. Intérêts comparés du contrôle individuel et du contrôle combiné en sélection porcine. *TechniPorc*, 9, 25-31.
- Guéry L., Tribout T., Bidanel J.P., 2009. Genetic parameters and genetic trends for litter size and pre-weaning mortality in French Landrace and Large White breeds. In: *Proc. of the 60th Annual Meet. EAAP, Barcelona, Spain*, Poster G14.66.
- Hazel L.N., Lush J.L., 1942. The efficiency of three methods of selection. *J. Hered.*, 33, 393-399.
- Henderson C.R., 1963. Selection index and expected genetic advance. In: *National Academy of Science – National Research Council Publication n° 982* (Eds), *Statistical Genetics and Plant Breeding*, 171-163. Washington DC.
- Herment A., Runavot J.P., Bidanel J.P., 1994. Une nouvelle évaluation de l'intérêt de la voie hyperprolifique chez le porc. *Journ. Rech. Porcine*, 26, 315-319.
- IFIP, 2017. Porc par les chiffres. Edition 2017-2018. IFIP (Ed), Paris, France, 44p.
- In J.G., Foulke-Abel J., Estes M.K., Zachos N.C., Kovbasnjuk O., Donowitz M., 2016. Human miniguts: new insights into intestinal physiology and host-pathogen interactions. *Nat. Rev. Gastroenterol. Hepatol.*, 13, 633-642. <https://doi.org/10.1038/nrgastro.2016.142>

- Jacquet B., Sellier P., Runavot J.P., Brault D., Houix Y., Perrocheau C., Gogué J., Boulard J., 1984. Prédiction du rendement technologique de la fabrication du « jambon de Paris » à l'aide de mesures prises à l'abattoir. *Journ. Rech. Porcine*, 16, 49-58.
- Jenko J., Gorjanc G., Cleveland M.A., Varshney R.K., Whitelaw C.B.A., Woolliams J.A., Hickey, J.M., 2015. Potential of promotion of alleles by genome editing to improve quantitative traits in livestock breeding programs. *Genet. Sel. Evol.*, 47, 55. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0135-3>
- Legarra A., Christensen O.F., Aguilar I., Misztal I., 2014. Single Step, a general approach for genomic selection. *Livest. Sci.*, 166, 54-65. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.04.029>
- Legault C., Gruand J., 1976. Amélioration de la prolificité des truies par la création d'une lignée hyperprolifique et l'usage de l'insémination artificielle : principe et résultats expérimentaux préliminaires. *Journ. Rech. Porcine*, 8, 201-206.
- Legault C., Popescu P., 1981. Mise en évidence et conséquences zootechniques d'une translocation réciproque chez le porc. *Journ. Rech. Porcine*, 13, 239-246.
- Legault C., Caritez J.C., 1983. Experiments with Chinese pigs in France. 1. Reproductive performance in pure and crossbreeding with European breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 15, 225-240.
- Legault C., Molénat M., Steier G., Texier C., Zickler G., 1971. Principe et illustration d'un programme d'interprétation mécanographique des performances d'élevage des truies. *Journ. Rech. Porcine*, 3, 11-14.
- Legault C., Sellier P., Caritez J.C., Dando P., Gruand J., 1985. Experiments with Chinese pigs in France. 2. Productive performance in crosses with European breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 17, 133-152.
- Maignel L., Tribut 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. *Journ. Rech. Porcine*, 30, 109-116.
- Mallard B.A., Wilkie B.N., Kennedy B.W., Gibson J., Quinton M., 1998. Immune responsiveness in swine: eight generations of selection for high and low immune response in Yorkshire pigs. In *Proc. 6th WCGALP, Armidale, Australia*, 27, 257-264.
- Milan D., Jeon J.T., Looft C., Amarger V., Robic A., Thelander M., Rogel-Gaillard C., Paul S., Iannuccelli N., Rask L., Ronne H., Lundström K., Reinsch N., Gellin J., Kalm E., Roy P.L., Chardon P., Andersson L., 2000. A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science*, 288, 1248-1251.
- Milan D., Demeure O., Laval G., Iannuccelli N., Genet C., Bonnet A., Burgaud G., Riquet J., Gasnier C., Bidanel J.P., 2003. Identification de régions du génome répondant à la sélection dans une lignée porcine sino-européenne : la Tai zumu. *Journ. Rech. Porcine*, 35, 309-316.
- Molénat M., Boulard J., Le Hénaff G., 1986. Utilisation de la semence congelée pour l'estimation du progrès génétique sur les caractères de production chez le porc. *Journ. Rech. Porcine*, 18, 237-244.
- Mormède P., Foury A., Terenina E., Knap P.W., 2011. Breeding for robustness: the role of cortisol. *Animal*, 5, 651-657. <https://doi.org/10.1017/S1751731110002168>
- Naveau J., Pommeret P., Lechaux P., 1985. Proposition d'une méthode de mesure du rendement technologique : la « méthode Napole ». *TechniPorc*, 8, 7-13.
- Ocepek M., Andersen-Ranberg I., Edwards S.A., Fredriksen B., Framstad T., Andersen I.L., 2016. Can a super sow be a robust sow? Consequences of litter investment in purebred and crossbred sows of different parities. *J. Anim. Sci.*, 94, 3550-3560.
- Ollivier L., Runavot J.P., Dagorn J., Guéblez R., Jehanno J., Kérisit R., Legault C., Molénat M., Sellier P., 1986. La loi sur l'élevage de 1966 : un bilan de 20 années de sélection rationnelle du porc en France. *Journ. Rech. Porcine*, 18, 203-236.
- Ollivier L., Lagant H., Gruand J., Molénat M., 1991. Progrès génétique des porcs Large White et Landrace français de 1977 à 1987. *Journ. Rech. Porcine*, 23, 389-394.
- Prunier A., Heinonen M., Quesnel H., 2010. High physiological demands in intensively raised pigs: impact on health and welfare. *Animal*, 4, 886-898. <https://doi.org/10.1017/S175173111000008X>
- Quiniou N., Dagorn J., Gaudré D., 2002. Variation of piglets birth weight and consequences on subsequent performance. *Livest. Prod. Sci.*, 78, 63-70.
- Rauw W.M., Kanis E., Noordhuizen-Stassen E.N., Grommers F.J., 1998. Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: a review. *Livest. Prod. Sci.*, 56, 15-33.
- Riquet J., Rousseau S., Mercap M.J., Pailhoux E., Larzul C., 2016. Les anomalies congénitales héréditaires chez le porc. *INRA Prod. Anim.*, 29, 329-338.
- Saintilan R., Mérour I., Brossard L., Tribut T., Dourmad J.Y., Sellier P., Bidanel J., Van Milgen J., Gilbert H., 2013. Genetics of residual feed intake in growing pigs: relationships with production traits, and nitrogen and phosphorus excretion traits. *J. Anim. Sci.*, 91, 2542-2554. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5687>
- Saintilan R., Brossard L., Vautier B., Sellier P., Bidanel J., Van Milgen J., Gilbert H., 2015. Phenotypic and genetic relationships between growth and feed intake curves and feed efficiency and amino acid requirements in the growing pig. *Animal*, 9, 18-27. <https://doi.org/10.1017/S1751731114002171>
- Saugère D., Runavot J.P., Sellier P., 1989. Un premier bilan du programme de sélection contre le gène de sensibilité à l'halothane chez le porc Landrace Français. *Journ. Rech. Porcine*, 21, 335-344.
- Serenius T., Stalder K., 2006. Selection for sow longevity. *J. Anim. Sci.*, 84, E166-E171.
- Shirali M., Doeschl-Wilson A., Knap P.W., Duthie C., Kanis E., van Arendonk J.A.M., Roehle R., 2012. Nitrogen excretion at different stages of growth and its association with production traits in growing pigs. *J. Anim. Sci.*, 90, 1756-1765. <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4547>
- Silalahi P., 2017. Experimental evaluation of the effects of selection on reproductive and robustness traits in a Large White pig population. PhD Thesis, Université Paris-Saclay, 143p.
- Silalahi P., Tribut T., Prunier A., Billon Y., Gogué J., Bidanel J.P., 2016. Estimation of the effects of selection on French Large White Reproductive performance using frozen semen. *J. Anim. Sci.*, 94, 3655-3662. <https://doi.org/10.2527/jas2016-0540>
- Silalahi P., Tribut T., Billon Y., Gogué J., Bidanel J.P., 2017. Estimation of the effects of Selection on French Large White sow and piglet performance during the suckling period using frozen semen. *J. Anim. Sci.*, 95, 4333-4343. <https://doi.org/10.2527/jas2017.1485>
- Tibau i Fon J., Ollivier L., 1984. La sélection en station chez le porc. *Bull. Tech. Département Génétique Animale, INRA*, 37, 1-69.
- Tixier M., Sellier P., 1986. Estimated genetic trends for growth and carcass traits in two French pig breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 18, 185-212.
- Tribout T., Bidanel J.P., Garreau H., Flého J.Y., Guéblez Ronan, Le Tiran M.H., Ligonesche B., Lorent P., Ducos A., 1998. Présentation du dispositif collectif français d'évaluation génétique porcine pour les caractères de production et de reproduction. *Journ. Rech. Porcine*, 30, 95-100.
- Tribout T., Caritez J.C., Gruand J., Bouffaud M., Guillouet P., Billon Y., Péry C., Laville E., Bidanel J.P., 2010. Estimation of genetic trends in French Large White pigs from 1977 to 1998 for growth and carcass traits using frozen semen. *J. Anim. Sci.*, 88, 2856-2867. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2356>
- Tribout T., Bidanel J.P., Phocas F., Schwob S., Guillaume F., Larzul C., 2011. La sélection génomique : principe et perspectives d'utilisation pour l'amélioration des populations porcines. *Journ. Rech. Porcine*, 43, 13-25.
- Tribout T., Larzul C., Bidanel J.P., Phocas F., 2013. Etude, par simulations, de l'intérêt d'une sélection génomique dans une population porcine de type mâle. *Journ. Rech. Porcine*, 45, 213-218.
- Wells K.D., Prather R.S., 2017. Genome-editing technologies to improve research, reproduction, and production in pigs. *Mol. Reprod. Dev.*, 84, 1012-1017. <http://dx.doi.org/10.1002/mrd.22812>
- Whitworth K.M., Rowland R.R., Ewen C.L., Triple B.R., Kerrigan M.A., Cino-Ozuna A.G., Samuel M.S., Lightner J.E., McLaren D.G., Mileham A.J., Wells K.D., Prather R.S., 2016. Gene-edited pigs are protected from porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *Nat. Biotechnol.*, 34, 20-22. <https://doi.org/10.1038/nbt.3434>
- Zhang S.Q., Bidanel J.P., Burlot T., Legault C., Naveau J., 2000. Genetic parameters and genetic trends in the Chinese x European Tiameslan composite pig line. II. Genetic trends. *Genet. Sel. Evol.*, 32, 57-71.

Résumé

Cette synthèse fait le point sur les principales évolutions de l'amélioration génétique du porc en France depuis la loi sur l'élevage de 1966. Elle évoque rapidement les 20 premières années, qui ont fait l'objet d'une synthèse en 1986, puis décrit plus en détail les évolutions ultérieures. Les objectifs de sélection, initialement limités aux caractères de production, se sont complexifiés avec la prise en compte de la qualité de la viande, puis de la prolificité et enfin des aptitudes maternelles des truies. La mise en place d'une évaluation génétique utilisant la méthodologie du « BLUP – modèle animal » au milieu des années 1990 et le développement de l'insémination artificielle ont profondément changé le travail des sélectionneurs. Une nouvelle évolution majeure, la sélection génomique, a récemment été mise en place. La sélection a conduit à des améliorations importantes des performances pour les principaux caractères de l'objectif de sélection depuis 1970 : plus de 200 g de gain moyen quotidien, plus de 0,5 point d'indice de consommation, plus de 12 points de taux de viande maigre dans la carcasse, jusqu'à près de six porcelets nés vifs par portée supplémentaires. Ces évolutions favorables ont réduit l'empreinte environnementale de la production, mais ont également eu des effets défavorables : une augmentation la mortalité des porcelets avant sevrage et une plus grande hétérogénéité des performances. Les enjeux pour l'avenir en termes d'objectifs d'amélioration génétique (prise en compte de caractères liés au bien-être, à la robustesse et à l'adaptation...), de méthodes et d'outils sont ensuite discutés.

Abstract

Fifty years of pig breeding in France: outcomes and perspectives

This synthesis reviews the main changes that have occurred in the pig breeding sector in France since the 1966 breeding act. It briefly discusses the first 20 years, which were the subject of a review in 1986. It describes in more detail the subsequent changes. Breeding goals, initially limited to production traits, have then integrated meat quality traits, sow prolificacy and maternal abilities. The implementation of a genetic evaluation using the BLUP animal model methodology in the mid-1990s and the development of artificial insemination, have profoundly changed the breeders' work. A new major evolution, genomic selection, has recently been implemented. Large genetic gains have been obtained since 1970 for the main components of the breeding goal: they have exceeded 200 g/d for on-test average daily gain, -0.5 points for feed conversion ratio and 12 points of percentage for carcass lean content, and approached six piglets born alive per litter. These gains have allowed to reduce the environmental footprint of pig production, but also had some detrimental effects: an increase in piglet preweaning mortality and a larger heterogeneity of performances. Issues for future breeding goals (inclusion of traits related to welfare, robustness and adaptation...), methods and tools are then discussed.

BIDANEL J.P., SILALAH P., TRIBOUTT., CANARIO L., DUCOS A., GARREAU H., GILBERT H., LARZUL C., MILAN D., RIQUET J., SCHWOB S., MERCAT M.J., HASSENFRAZ C., BOUQUET A., BAZIN C., BIDANEL J., 2020. Cinquante années d'amélioration génétique du porc en France : bilan et perspectives. INRAE Prod. Anim., 33, 1-16.

<https://doi.org/10.20870/productions-animales.2020.33.1.3092>



Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY 4.0).

<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.fr>

La citation comme l'utilisation de tout ou partie du contenu de cet article doit obligatoirement mentionner les auteurs, l'année de publication, le titre, le nom de la revue, le volume, les pages et le DOI en respectant les informations figurant ci-dessus.

