



HAL
open science

L'ÉPREUVE DE LA DESCENDANCE CHEZ LE PORC LARGE WHITE FRANÇAIS DE 1953 A 1966 III. - PROGRÈS GÉNÉTIQUE

L. Ollivier, Nathalie Boutler

► **To cite this version:**

L. Ollivier, Nathalie Boutler. L'ÉPREUVE DE LA DESCENDANCE CHEZ LE PORC LARGE WHITE FRANÇAIS DE 1953 A 1966 III. - PROGRÈS GÉNÉTIQUE. *Annales de génétique et de sélection animale*, 1974, 6 (4), pp.477-492. hal-00892638

HAL Id: hal-00892638

<https://hal.science/hal-00892638>

Submitted on 11 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

L'ÉPREUVE DE LA DESCENDANCE CHEZ LE PORC *LARGE WHITE* FRANÇAIS DE 1953 A 1966

III. — PROGRÈS GÉNÉTIQUE

L. OLLIVIER

avec la collaboration technique de Nathalie BOUTLER

*Station de Génétique quantitative et appliquée,
Centre national de Recherches zootechniques, I. N. R. A.,
78350 Jouy en Josas*

RÉSUMÉ

Les données ayant fait l'objet des deux articles précédents sont ici utilisées pour estimer la part génétique des changements survenus entre 1953 et 1966 dans les performances d'engraissement et de carcasse. L'estimation du progrès génétique est basée sur la comparaison, intra-année, entre la descendance des verrats mis à l'épreuve dans l'année et celle des verrats mis à l'épreuve l'année précédente, compte tenu de la différence d'âge réelle entre ces deux groupes de pères et de la corrélation positive (0,33) entre l'âge du verroat et l'âge de la truie qui lui est accouplée. Deux causes éventuelles d'erreurs systématiques dont il n'a pas été tenu compte ont été discutées : il s'agit de la sélection des verrats sur les résultats des premiers descendants connus (entraînant une sous-estimation du progrès génétique) et des effets saisonniers (qui pourraient surestimer le progrès génétique des performances d'engraissement). Tout porte à croire que les erreurs d'estimation qui peuvent en résulter sont minimales. La méthode employée est peu précise puisque l'écart-type des estimations est de l'ordre de 1/10^e de l'écart-type résiduel. Les résultats indiquent une tendance à la diminution du rendement en carcasse, attribuable surtout à la réduction de l'ensemble poitrine-épaule, sans grande modification de l'importance relative des masses maigre et grasse, et une amélioration génétique importante pour la consommation d'aliment et la durée d'engraissement.

Globalement, la valeur économique de la carcasse a légèrement diminué génétiquement, de $0,6 \pm 0,3$ p. 100 par an par rapport au prix de vente d'un porc de 100 kg. Par contre, la réduction importante de la consommation alimentaire et de la durée d'engraissement équivaut à un progrès génétique annuel de $2,2 \pm 0,6$ p. 100 du coût de l'engraissement entre 25 et 100 kg. Ce gain sur les coûts dépasse largement la perte sur le prix de vente.

INTRODUCTION

Deux articles précédents (OLLIVIER, 1970, 1971 *a*) ont été consacrés à l'analyse de données d'épreuve de descendance et ont montré l'usage qui peut en être fait pour la connaissance génétique des populations porcines et le choix d'une méthode de sélection.

tion. Les mêmes données permettent par ailleurs de suivre l'évolution des différents caractères mesurés et de juger ainsi de l'efficacité de la sélection pratiquée. L'objet de ce troisième article est précisément de tenter d'estimer la part génétique des changements survenus entre 1953 et 1966 dans les performances d'engraissement et de carcasse du porc *Large White* français.

MÉTHODE D'ESTIMATION DU PROGRÈS GÉNÉTIQUE

Le matériel animal et les mesures effectuées ont été décrites dans le premier article de cette série (OLLIVIER, 1970). La comparaison des moyennes annuelles des performances ne peut pas constituer une mesure rigoureuse du progrès génétique à cause des modifications intervenant d'une année à l'autre dans les facteurs de milieu, que ceux-ci soient contrôlables comme l'alimentation ou les conditions de température ou qu'ils échappent plus ou moins au contrôle comme les conditions sanitaires. Récemment, HILL (1972) a passé en revue les différentes méthodes d'estimation du progrès génétique. Elles reposent toutes sur la comparaison d'individus de générations différentes placés dans les mêmes conditions de milieu. En l'absence d'un dispositif expérimental spécifiquement destiné à de telles comparaisons, l'estimation du progrès génétique reste possible mais elle est peu précise et comporte des risques d'erreur, comme l'a montré SMITH (1962). La méthode que nous avons retenue est la suivante. L'ensemble des données a été classé sur trois facteurs qui sont : l'année de contrôle, déterminée par la date d'arrivée de l'animal à la station de contrôle, l'année de mise à l'épreuve du père, déterminée par la date d'arrivée de son premier descendant à la station de contrôle, et le sexe. Les effets de ces trois facteurs ont été estimés par la méthode des moindres carrés, selon le modèle linéaire suivant :

$$Y_{ijkl} = \mu + a_i + g_j + s_k + e_{ijkl} \quad (1)$$

où μ est la moyenne ;

a_i est l'effet de l'année i de contrôle, $i = 1953, 1954, \dots, 1966$;

g_j est l'effet de l'année j de mise à l'épreuve du père, $j = 1953, 1954, \dots, 1966$;

s_k est l'effet du sexe k , $k = 1$ (femelle), 2 (mâle castré).

Les e_{ijkl} sont des variables aléatoires indépendantes de moyenne nulle et de variance σ^2 .

Les estimées \hat{g}_j ainsi obtenues sont une indication de la valeur moyenne relative des reproducteurs mâles mis à l'épreuve sur leur descendance chaque année. Dans la mesure où ces verrats reflètent le niveau génétique de leur cohorte d'origine — la cohorte étant ici définie comme l'ensemble des verrats mis en service au cours d'une année donnée dans les élevages de sélection de la race *Large White* — et en admettant que les unions se font au hasard, la différence entre les effets « cohortes » de deux années successives estime la moitié de la différence de niveau génétique G des deux cohortes de pères :

$$\hat{g}_{n+1} - \hat{g}_n = 0,5 (G_{n+1} - G_n).$$

Si on peut admettre en plus la linéarité de l'évolution génétique en fonction du temps, le progrès génétique annuel ΔG_a est estimé comme suit :

$$\Delta G_a = 2b_{gt} \quad (2)$$

b_{gt} étant le coefficient de régression des estimées \hat{g} en fonction de l'année.

Les hypothèses faites méritent cependant un examen attentif. Si le niveau génétique moyen des pères d'une cohorte varie selon l'année de contrôle de leurs descendants, cela introduit une interaction entre les deux premiers facteurs (i et j) du modèle (1) qui ne permet donc plus une estimation adéquate des effets. Mais la répartition des observations, qui est indiquée au tableau 1, montre que cette éventuelle interaction ne peut pas être estimée et que chaque différence $\hat{g}_{n+1} - \hat{g}_n$ repose en fait sur la comparaison, à l'intérieur de la $(n+1)$ ème année de contrôle, entre la descendance des reproducteurs mis à l'épreuve cette année-là et celle de reproducteurs mis à l'épreuve l'année précédente. Dans ces conditions, $G_{n+1} - G_n$ ne représente un progrès génétique

annuel que si la différence d'âge entre ces deux groupes de reproducteurs est de un an. En fait, cette différence d'âge est en moyenne inférieure à un an puisque les reproducteurs de la $n^{\text{ième}}$ cohorte qui ont des descendants contrôlés dans la $(n + 1)^{\text{ième}}$ année ont tendance à être les plus jeunes de leur cohorte. Si les âges des reproducteurs que l'on compare sont t_n et t_{n+1} , l'estimation du changement de niveau génétique sur une année est donc :

$$G_{n+1} - G_n = 2(\hat{g}_{n+1} - \hat{g}_n)/(t_n - t_{n+1}).$$

TABLEAU I

Répartition des observations
(Structure of the data)

		Année de contrôle (Year of test)			
		1953	1954	1955	etc.
Année de mise à l'épreuve du père (Year when sire put on test)	1953	X	X		
	1954		↑ ↓ X	X	
	1955			↑ ↓ X	X
	etc.				↑ ↓ X

X : Cellule avec observations : les autres cellules sont vides.
(Cells with observations : the others are empty).

↑ ↓ : Comparaisons servant à estimer les différences entre les groupes de pères mis à l'épreuve dans 2 années successives.
(Comparisons estimating the differences between groups of sires put on test in 2 successive years).

En conséquence, dans le calcul de b_{gt} les valeurs successives du temps t à prendre en considération pour les différentes estimées \hat{g} ne sont pas les années mais les différences cumulées $t_n - t_{n+1}$ définies ci-dessus.

Un deuxième correctif doit être apporté à l'expression (2) à cause de la corrélation qui existe, dans la population porcine *Large White* considérée, entre l'âge du verrat et l'âge de la truie qui lui est accouplée. L'expression (2) suppose, en effet, que les deux groupes de pères comparés chaque année sont accouplés à des truies de même niveau génétique et donc de même âge. Mais, en moyenne, pour deux groupes de pères dont l'âge diffère de un an les mères diffèrent de 0,33 an (0,33 est la régression moyenne intra-année de l'âge de la mère en l'âge du père). Si on admet que le progrès génétique annuel ΔG_a est le même dans les deux sexes, la différence entre les descendance de deux groupes de pères dont les âges diffèrent de un an est la moyenne arithmétique des différences de valeur génétique des pères (ΔG_a) et des mères (0,33 ΔG_a).

D'où :

$$b_{gt} = (\Delta G_a + 0,33 \Delta G_a)/2,$$

et

$$\Delta G_a = 2b_{gt}/1,33 = 1,5b_{gt}. \quad (3)$$

TABLEAU 2
Résultats de l'analyse de variance (Analysis of variance)

Variable	Test F. Degrés de liberté entre parenthèses (<i>F test, degrees of freedom in parentheses</i>)				Écart-type résiduel (3718) (<i>Residual standard-deviation</i>)	Moyenne estimée par moindres carrés (<i>Least squares mean</i>)
	Effets principaux (<i>main effects</i>)					
	Sexe (1) (<i>Sex</i>)	Année (13) (<i>Year</i>)	Cohorte (13) (<i>Cohort</i>)			
	Interactions (41)					
1. Poids net (<i>carcass weight</i>) (kg)	1,49*	—	—	—	1,54	71,62
2. Poids de la tête (<i>head</i>) (kg)	4,14 NS	125,12**	1,79 NS	—	0,32	5,40
3. Poids du jambon (<i>ham</i>) (kg)	1,09 NS	275,16**	0,95 NS	—	0,37	7,83
4. Poids de la longe (<i>loin</i>) (kg)	1,49*	—	—	—	0,54	10,53
5. Poids de l'ensemble poitrine-hachage-jambonneau (<i>belly and shoulder</i>) (kg)	1,08 NS	12,79**	3,04**	—	0,46	9,35
6. Poids des pieds (<i>feet</i>) (kg)	1,28 NS	0,00 NS	1,93 NS	—	0,08	1,06
7. Poids de la bardière (<i>back fat</i>) (kg)	1,49*	—	—	—	0,69	5,62
8. Poids de la panne (<i>leaf fat</i>) (kg)	1,24 NS	204,33**	5,16**	—	0,17	0,83
9. Longueur atlas-pubis (<i>carcass length</i>) (mm)	1,00 NS	145,23 **	2,20**	—	25	974
10. Épaisseur de lard au rein (<i>rump fat thickness</i>) (mm)	1,57*	—	—	—	5,0	28,8
11. Épaisseur de lard au dos (<i>backfat thickness</i>) (mm)	1,10 NS	561,48**	2,34**	—	4,2	24,7
12. Épaisseur de lard au cou (<i>shoulder fat thickness</i>) (mm)	0,89 NS	219,10**	4,42**	—	5,2	44,6
13. Consommation (<i>food eaten</i>) (kg)	1,01 NS	38,23**	3,53**	—	18,0	270,1
14. Durée d'engraissement (<i>days on test</i>) (j)	1,02 NS	87,25**	3,16**	—	12,8	122,1

NS : test F non significatif ; * : test F significatif au seul de 5 p. 100 ; ** : test F significatif au seul de 1 p. 100.

C'est l'expression qui a été retenue pour estimer le progrès génétique des 14 variables considérées. L'estimation de b_{gt} a été effectuée pour chaque variable à partir du modèle de régression suivant :

$$\widehat{g}_i = \alpha + \beta t_i + \varepsilon_i \quad (4)$$

ou α et β sont les paramètres à estimer ;

\widehat{g}_i est l'effet précédemment estimé de l'année i de mise à l'épreuve du père, ou « effet cohorte », avec $i = 53, 54, \dots, 64, 65$ l'effet de l'année 66 n'étant pas considéré puisqu'il est lié aux 13 autres effets par la relation $\sum \widehat{g}_i = 0$;

t_i est la différence cumulée (sur les années 1954 à i) des âges des cohortes successives comparées chaque année, comme indiqué plus haut ;

ε_i est une variable aléatoire résiduelle, élément d'un vecteur $\mathbf{\varepsilon}$ tel que $E(\mathbf{\varepsilon}) = 0$ et $E(\mathbf{\varepsilon}\mathbf{\varepsilon}') = \mathbf{V}$, \mathbf{V} étant la matrice (13 \times 13) des variances-covariances des estimées \widehat{g}_i .

Les calculs (voir par exemple KENDALL et STUART, 1961, volume II page 87) donnent $\widehat{\beta}$ et $s_{\widehat{\beta}}^2$ qui sont les estimées respectives du coefficient de régression des \widehat{g} en fonction du temps (b_{gt}) et de sa variance, compte tenu des variances inégales des estimées \widehat{g} et des covariances qui existent entre elles.

RÉSULTATS

I. — Estimation des effets « sexe », « année » et « cohorte »

Le tableau 2 donne les résultats de l'analyse de variance appliquée au modèle (I). La validité de ce modèle est testée pour chaque variable dans la première colonne du tableau. On voit que l'hypothèse d'additivité des effets est acceptable pour dix de ces variables. Des interactions significatives au seuil de 5 p. 100 existent pour le poids net,

TABLEAU 3

Différences entre les sexes

(Sex differences \pm standard deviation for the same variables as in table 2)

Variable	Différence (femelle - mâle castré)	Écart-type de la différence
1. Poids net (kg)	— 0,19	0,053
2. Poids de la tête (kg)	0,12	0,011
3. Poids du jambon (kg).....	0,21	0,013
4. Poids de la longe (kg).....	0,50	0,019
5. Poids de l'ensemble poitrine-ha- chage-jambonneau (kg)	0,06	0,016
6. Poids des pieds (kg)	0,00	0,003
7. Poids de la bardière (kg)	— 0,79	0,024
8. Poids de la panne (kg)	— 0,09	0,006
9. Longueur atlas-publis (mm)	10,2	0,85
10. Épaisseur de lard au rein (mm)....	— 4,2	0,17
11. Épaisseur de lard au dos (mm)....	— 3,4	0,14
12. Épaisseur de lard au cou (mm)....	— 2,6	0,18
13. Consommation (kg)	— 3,8	0,62
14. Durée d'engraissement (j).....	4,1	0,44

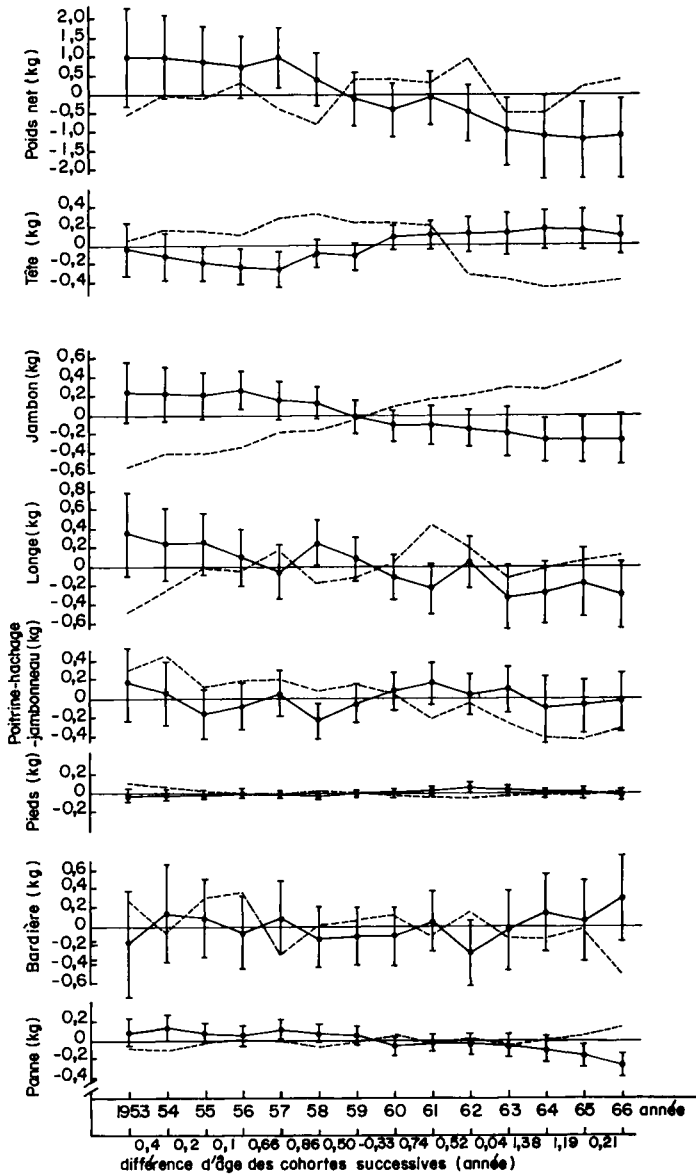


FIG. 1. — Effets de l'année de contrôle et de l'année de mise à l'épreuve du père sur les données de découpe de la carcasse

----- année de contrôle (year of test)

———— année de mise à l'épreuve du père avec l'intervalle de confiance à 95 p. 100 (year when sire put on test with 95 percent confidence interval)

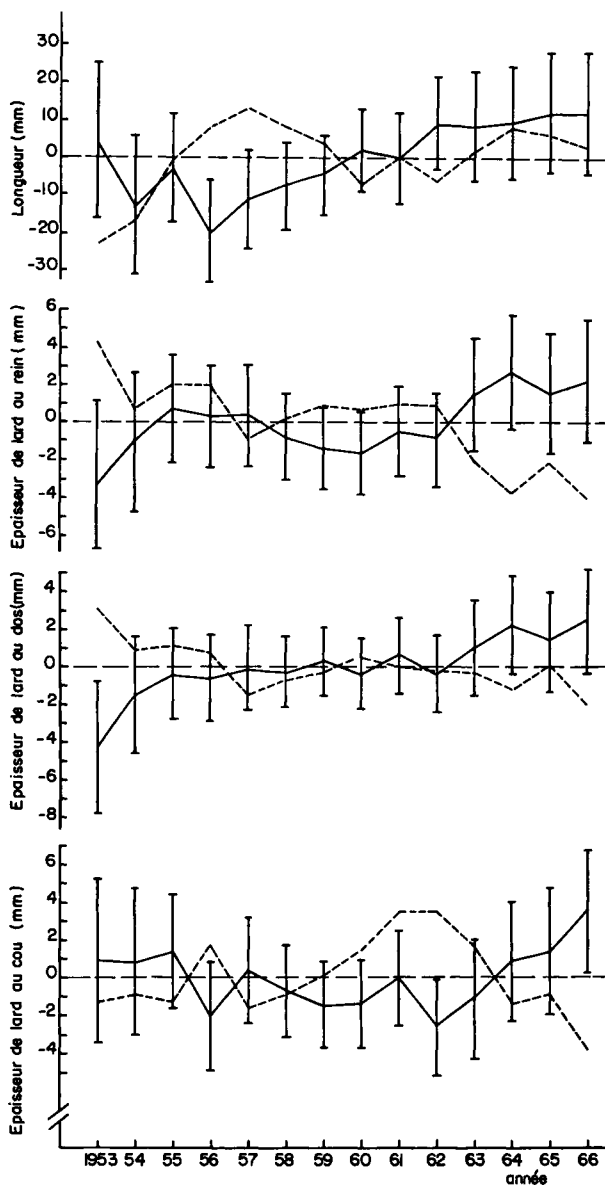


FIG. 2. — Effets de l'année de contrôle et de l'année de mise à l'épreuve du père sur les mesures linéaires de carcasse

----- année de contrôle (year of test)

———— année de mise à l'épreuve du père avec l'intervalle de confiance à 95 p. 100 (year when sire put on test with 95 percent confidence interval)

les poids de la longe et de la bardière, et l'épaisseur du lard au rein. Pour les dix variables auxquelles le modèle additif s'applique valablement, les effets « année » sont hautement significatifs (à l'exception de la longueur pour laquelle les différences annuelles ne sont significatives qu'au seuil de 5 p. 100), et les effets « sexe » sont encore plus significatifs, à l'exception du poids des pieds qui ne diffère pas significativement d'un sexe à l'autre. Quant à l'effet « cohorte » qui nous intéresse particulièrement ici, il est hautement significatif pour sept variables sur les dix analysées quant à cet effet.

Les estimées obtenues sont présentées dans le tableau 3 pour les différences entre sexes et sous forme graphique (fig. 1 à 3) pour les effets « année » et « cohorte ». Pour

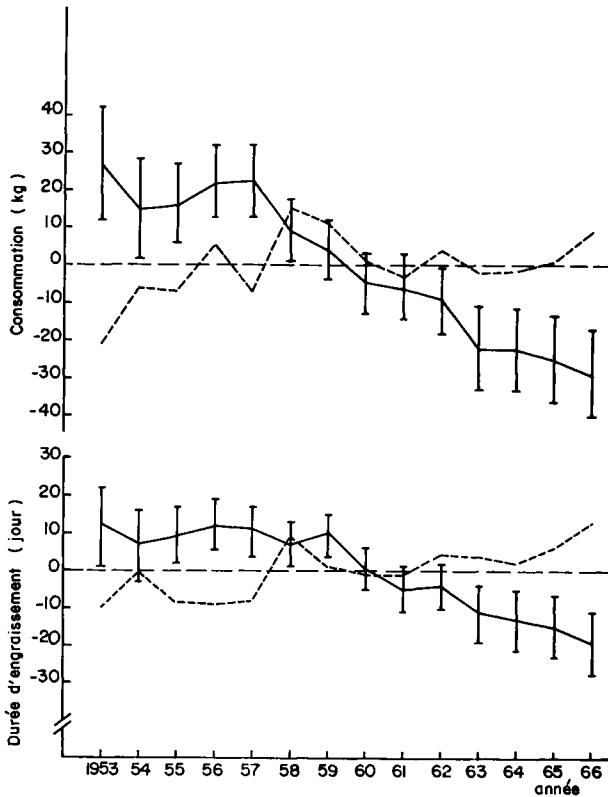


FIG. 3. — Effets de l'année de contrôle et de l'année de mise à l'épreuve du père sur les données d'engraissement

----- année de contrôle (year of test)
 ———— année de mise à l'épreuve du père avec l'intervalle de confiance à 95 p. 100.
 (year when sire put on test with 95 percent confidence interval).

ces derniers effets, les intervalles de confiance sont portés sur les graphiques. Cela permet de voir que, à part le cas des deux dernières variables, rares sont les estimées qui, considérées individuellement, s'écartent significativement de la moyenne. Les intervalles de confiance des effets « année », qui ne sont pas reportés sur les graphiques, ont du même ordre de grandeur que ceux des effets cohortes. Remarquons que le

calcul des différentes estimées et de leur variance suppose toujours un modèle additif, sans interaction. En conséquence, les résultats concernant les variables 1,4,7 et 10 ne sont que des approximations.

2. — Estimation de l'évolution génétique

Les figures 1 à 3 montrent des fluctuations parfois importantes des effets « cohorte » d'une année à l'autre. Ainsi, pour certaines variables on note des paliers, des sauts brusques, et parfois des variations de sens opposés sur des périodes de plusieurs années. Il est difficile de dire dans quelle mesure ces irrégularités résultent des variations d'échantillonnage. L'estimation de la variation annuelle moyenne au moyen de l'expression (3) permet de dégager une tendance générale de l'évolution génétique. Le tableau 4 donne les estimations des progrès génétiques annuels et leur

TABLEAU 4

Estimations des progrès génétiques annuels

(Annual genetic trends \pm standard deviation for the same variables as in table 2)

Variable	Progrès génétique annuel	
	$\Delta G \pm s\Delta G$	en p. 100 de la moyenne (percent of mean)
1. Poids net (kg)	— 0,333 \pm 0,16	— 0,46
2. Poids de la tête (kg)	0,046 \pm 0,034	0,85
3. Poids du jambon (kg)	— 0,091 \pm 0,039	— 1,16
4. Poids de la longe (kg)	0,078 \pm 0,057	0,74
5. Poids de l'ensemble poitrine- hachage-jambonneau (kg)	— 0,154 \pm 0,048	— 1,64
6. Poids des pieds (kg)	— 0,010 \pm 0,009	— 0,95
7. Poids de la bardière (kg)	0,054 \pm 0,073	0,96
8. Poids de la panne (kg)	— 0,031 \pm 0,019	— 1,45
9. Longueur atlas-pubis (mm)	3,5 \pm 2,6	0,36
10. Épaisseur de lard au rein (mm) ..	0,49 \pm 0,52	1,70
11. Épaisseur de lard au dos (mm) ...	0,94 \pm 0,44	3,80
12. Épaisseur de lard au cou (mm) ...	0,94 \pm 0,55	2,11
13. Consommation (kg)	— 5,9 \pm 1,9	— 2,18
14. Durée d'engraissement (j)	— 2,7 \pm 1,3	— 2,21
Valeur de la carcasse ⁽¹⁾ (F) (carcass value)	— 1,77 \pm 1 ⁽²⁾	— 0,6
Coût de l'engraissement ⁽¹⁾ (F) (fattening cost)	— 4,62 \pm 1,25 ⁽²⁾	— 2,2

⁽¹⁾ Mode de calcul expliqué dans le texte. (Estimated by applying economic weights, see OLLIVIER (1971 a), to variables 3, 4, 7, 8, 10, 11 for carcass value and to variables 13, 14 for fattening cost).

⁽²⁾ Variance calculée en supposant les 14 estimées de ΔG indépendantes entre elles.

écart-type. En ce qui concerne le poids des morceaux, l'évolution la plus significative concerne le jambon et la poitrine, qui ont diminué au total de plus de 200 grammes en moyenne par an. Cette diminution se répercute sur le poids net, qui a également diminué de manière significative. Il est à noter que la somme des coefficients de régression des morceaux de la moitié découpée (variables 3 à 8) est de 0,154 kg par an et donc en accord satisfaisant avec la variation annuelle de 0,330 kg estimée pour le poids total de la carcasse. On note par ailleurs un allongement de la carcasse et une augmentation notable des trois épaisseurs de lard, bien que seulement l'accroissement d'épaisseur mesuré au dos soit significatif. Enfin, une évolution génétique significative est observée pour la consommation d'aliment et la durée d'engraissement. Pour évaluer l'incidence économique des changements observés, des coefficients de pondération établis précédemment (OLLIVIER, 1971 a) ont été appliqués aux variables 3,4,7,8,10,11,13 et 14. On voit que la réduction du coût de l'engraissement est très supérieure à la diminution de la valeur de la carcasse. Comme ces coefficients correspondent à des prix déjà anciens, les changements ont aussi été exprimés en valeur relative. Ainsi, pour la valeur de la carcasse, la diminution est de 0,6 p. 100 par an quand on la rapporte à 300 F, prix moyen du porc de 100 kg à l'époque où les coefficients ont été établis. La réduction de 2,2 p. 100 des frais d'engraissement est relative à un coût moyen obtenu en multipliant les moyennes du tableau 2 par les coûts de 0,60 F par kg d'aliment et de 0,40 F par jour d'engraissement.

DISCUSSION ET CONCLUSIONS

La méthode utilisée ici pour estimer le progrès génétique est basée sur la comparaison de descendance contemporaines issues de pères d'âges différents. Le principe en a été proposé par DICKERSON (1960), comme une simplification de la méthode plus générale des accouplements répétés (*repeat-mating scheme*) due à GOODWIN et coll. (1955). Cependant, le modèle à utiliser dans cette étude aurait impliqué l'estimation de plus de 500 effets pères et c'est pour simplifier les calculs que les pères ont été regroupés d'après l'année de leur mise à l'épreuve sur descendance. Le choix de ce critère de classification, plutôt que de l'année de naissance, résulte du système de codification des verrats qui incluait l'année de mise en contrôle du premier lot de descendants. Ce regroupement implique par ailleurs que les pères qui ont des descendants dans deux années consécutives soient représentatifs de leur cohorte, ou, ce qui revient au même, qu'aucune sélection ne soit effectuée entre la première et la deuxième année. Mais la décision de garder ou d'éliminer un verroat appartient à l'éleveur et ainsi une sélection peut intervenir soit sur l'âge, soit sur les performances. La première sélection est automatique, comme nous l'avons vu, car les pères qui ont des descendants contrôlés sur deux années consécutives sont, en moyenne, les plus jeunes parmi ceux mis à l'épreuve dans la première année. La correction effectuée, qui tient compte des différences réelles d'âge moyen des cohortes comparées chaque année, doit éliminer cette cause d'erreur. Si la classification des pères avait été basée sur l'année de naissance au lieu de l'année de mise en contrôle des premiers descendants, la correction correspondante aurait impliqué de connaître le mois de naissance de chaque père. Quant à la sélection sur les performances elle est plus difficile à évaluer.

Si les pères contrôlés sur deux années consécutives sont les meilleurs parmi ceux mis à l'épreuve dans la première année, le progrès génétique annuel est sous-estimé. En fait, dans la population considérée, une telle sélection est peu probable pour plusieurs raisons. Le système adopté en France à l'époque prévoyait la mise à l'épreuve d'un verrat sur trois lots de trois descendants issus de trois mères différentes non apparentées. Les résultats des contrôles n'étaient communiqués au propriétaire du verrat qu'après l'abattage du dernier animal du troisième lot, ce qui devait empêcher toute sélection sur les performances des premiers descendants. Au terme du contrôle du troisième lot le verrat était classé sur la moyenne des écarts de chaque lot à la moyenne de tous les lots contrôlés dans l'année correspondante. Dans ces conditions, si les verrats ayant terminé l'épreuve n'ont fait l'objet d'aucune sélection sur les résultats des premiers lots, ils doivent se répartir à peu près également autour de la moyenne. C'est effectivement ce qui a été observé : 136 verrats supérieurs à la moyenne sur 268 ayant terminé l'épreuve (CZAJEWSKA et OLLIVIER, 1969) et 39 au-dessus de la moyenne sur les 90 dont l'épreuve s'est déroulée sur deux ans. Il est d'autre part peu probable que les meilleurs verrats aient eu plus de descendants contrôlés ultérieurement, car la distribution du nombre de descendants par verrat est peu étalée, le pourcentage de verrats ayant plus de douze descendants contrôlés étant seulement de 0,6 p. 100. Le système scandinave de contrôle de descendance est légèrement différent car le nombre de lots contrôlés par verrat est laissé à l'initiative de l'éleveur et les résultats de chaque lot lui sont communiqués. Ce système entraîne une certaine sélection des pères sur leurs premiers résultats, comme l'a montré SMITH (1963) pour l'épaisseur du lard, et se traduit également par une variabilité plus grande que dans le système français du nombre de descendants par père (voir, par exemple, LANGHOLZ, 1965 *b*). Il faut signaler aussi que la correction faite pour tenir compte de la corrélation entre l'âge des verrats et celui des truies qui leur sont accouplées néglige des effets éventuels de l'âge des mères. Ceux-ci sont sans doute faibles, le seul caractère qui pourrait être affecté étant l'âge à l'abattage (SMITH, 1962) qui n'a pas été considéré dans cette analyse.

La méthode utilisée suppose également que les conditions de milieu varient d'une manière aléatoire au cours de l'année. Tout effet saisonnier systématique risque de fausser les comparaisons puisqu'il sera automatiquement confondu avec les effets des variations d'âge des pères à l'intérieur des cohortes, les verrats qui ont des descendants contrôlés sur 2 années successives ayant été généralement mis à l'épreuve vers la fin de la première année. Ainsi LAUPRECHT et WALTER (1959), sur des données danoises, trouvent des effets systématiques de la saison sur l'indice de consommation et, à un moindre degré, sur la vitesse de croissance, la période la plus défavorable correspondant aux abattages de septembre à février, et donc à des mises en contrôle dans le deuxième semestre pour la plupart des porcs. Cela défavoriserait, dans notre échantillon, les verrats mis à l'épreuve en fin d'année et pourrait donc entraîner une surestimation des différences génétiques entre cohortes. Malgré tout, aucune correction n'a été tentée pour tenir compte d'éventuels effets saisonniers. Les porcheries étaient en effet conditionnées de manière à maintenir tout au long de l'année des conditions de milieu aussi constantes que possibles. Si des fluctuations importantes apparaissent en cours d'année, surtout en vitesse de croissance et en indice de consommation, elles semblent dépendre davantage des conditions sanitaires du moment que d'effets saisonniers systématiques. Les résultats scandinaves ne sont

d'ailleurs pas concordants de ce point de vue : contrairement aux auteurs précédemment cités, LANGHOLZ (1965 *a*) tout en observant des différences importantes entre périodes trimestrielles ne relève aucune tendance saisonnière significative.

L'évolution des effets annuels (fig. 1, 2 et 3), qui va pour certaines variables à l'opposé de l'évolution génétique, est difficile à interpréter car elle traduit à la fois l'évolution des conditions de « milieu » et l'évolution génétique de la population femelle, sans qu'il soit possible d'estimer la part relative de ces deux facteurs. On remarque, par exemple, une augmentation régulière du poids de jambon apparemment compensée par une diminution aussi régulière de l'ensemble poitrine-hachage-jambonneau qui pourraient traduire des modifications progressives de la découpe. De même la chute brutale du poids de la tête entre 1961 et 1962, compensée par une augmentation du poids de la carcasse, traduit vraisemblablement un changement dans la façon de séparer la tête de la carcasse.

La grande imprécision des estimations de progrès génétique données au tableau 4 est à souligner, puisque l'écart-type de l'estimation est, pour chaque variable, de l'ordre du dixième de l'écart-type résiduel. Encore, cet écart-type est-il probablement sous-estimé, car il repose sur des estimées \hat{g} obtenues en supposant dans le modèle (1) que les variables aléatoires résiduelles (e_{ijkl}) sont indépendantes alors que des corrélations dues aux effets « père » existent entre elles. Une autre méthode de mesure du progrès génétique était applicable aux données dont nous disposons : elle consiste à comparer les descendance d'un même père produites au cours de plusieurs années successives (SMITH, 1962). Cette méthode est d'autant plus précise que la période d'utilisation des pères est longue, et elle est donc peu adaptée à notre cas, puisque très rares sont les pères qui ont des descendants sur plus de deux ans. La précision de l'estimateur (3) peut également être rapprochée de celle qui aurait été obtenue en comparant, en 1966, le niveau génétique de la population *Large White* à son niveau de 1953, par le biais d'une lignée-témoin maintenue sans sélection de 1953 à 1966. Sur une période aussi longue, la principale cause d'imprécision est la dérive génétique dans la lignée-témoin, dont la variance est $2F_n h^2 \sigma^2$, F_n étant le coefficient de consanguinité de la lignée à la génération n , h^2 l'héritabilité et σ^2 la variance phénotypique du caractère. La variance du progrès génétique annuel est donc $2F_n h^2 \sigma^2 / t^2$ pour une période de t années. Pour les caractères les plus hérissables ($h^2 = 0,8$), l'erreur d'estimation de la méthode utilisée ici, qui donne une variance de $0,01 \sigma^2$, est donc équivalente à celle que donnerait un troupeau-témoin d'effectif minimum, *c. a. d.* 1 couple, avec une génération par an ($F_{13} = 0,94$), si on ignore l'erreur due au nombre limité des animaux effectivement contrôlés.

Compte tenu de l'ensemble des considérations précédentes, il est clair que nos résultats doivent être interprétés avec la plus grande prudence. Cependant, le fait de considérer plusieurs variables, entre lesquelles il existe un certain degré d'indépendance, contribue à renforcer la confiance qu'on peut accorder au tableau d'ensemble. Plus qu'aux valeurs absolues des changements estimés (qui sont parfois très au-delà des prévisions théoriques les plus optimistes, comme pour les deux dernières variables où le progrès observé implique des intensités de sélection de l'ordre d'un écart-type dans les 2 sexes) c'est au sens de ces changements qu'il faut s'attacher. Ils indiquent une évolution significative tant dans la conformation (diminution de l'importance de l'ensemble poitrine-épaule et du rendement en carcasse) que dans les critères d'engraissement (vitesse de croissance et efficacité alimentaire). En

l'absence de dissection de la carcasse, il est difficile de connaître l'évolution de la composition corporelle. L'augmentation annuelle du pourcentage de jambon et longe, déduite des variations des poids de jambon, de longe et de carcasse, a été faible (0,2 p. 100 par an). Dans la mesure où ce critère est un prédicteur de la masse maigre totale de la carcasse (DESMOULIN et coll., 1973), on peut penser que celle-ci a peu augmenté au cours de la période considérée, d'autant plus que d'autres indicateurs de la composition corporelle comme le pourcentage de morceaux gras et les épaisseurs de lard suggèrent une évolution opposée.

Quant aux causes possibles des changements génétiques observés, on ne peut qu'avancer des hypothèses. On peut écarter la sélection sur descendance, étant donné la faible intensité de cette sélection (entre 0,06 et 0,22) sur la période étudiée et la faible proportion de verrats contrôlés (CZAJEWSKA et OLLIVIER, 1969). L'importation de verrats britanniques a pu jouer un rôle, comme des résultats récents de NAVEAU (1971) et de MOLENAT (1973) semblent l'indiquer. L'amélioration importante observée sur les critères d'engraissement, mis à part la surestimation possible due aux effets saisonniers indiqués précédemment, pourrait aussi être due à une sélection massale dans les élevages pour la vitesse de croissance. Dans cette hypothèse, la diminution du rendement en carcasse serait une réponse indirecte à cette sélection, les deux caractères étant liés par une corrélation génétique de l'ordre de $-0,3$ (OLLIVIER, 1970).

Les estimations de progrès génétique dans les populations porcines, jusqu'à présent peu nombreuses, ont été, le plus souvent, basées sur la méthode de SMITH (1962, 1963) : voir LANGHOLZ (1965 *b*), NAVEAU (1971), SILER et FIDLER (1970). Une méthode basée sur des comparaisons de produits contemporains de mères d'âges différents (dans un troupeau expérimental et des conditions d'échantillonnage des reproducteurs bien particulières) a été utilisée par COX et SMITH (1967). À l'exception de celle rapportée par ces derniers, les évolutions génétiques sont favorables. Elles sont cependant toutes de faible ampleur et affectées d'erreurs d'échantillonnage importantes. Plus récemment, des estimations ont été basées sur des comparaisons à des lignées-témoin (COOK et coll., 1971 ; HOUIX et coll., 1975) ou sur l'utilisation répétée de verrats en insémination artificielle (OLLIVIER, 1971 *b*) ; ces estimations, plus précises que les précédentes, indiquent une certaine accélération de l'évolution génétique, surtout dans le domaine de la composition corporelle. Cela rendra encore plus nécessaire à l'avenir le contrôle aussi objectif et précis que possible de cette évolution et aussi sans doute la prise en compte de critères qui n'ont pas été considérés dans cette analyse tels que, par exemple, la qualité de la viande.

Reçu pour publication en décembre 1974.

REMERCIEMENTS

L'auteur remercie vivement le Dr Charles SMITH (ABRO, Édimbourg) et MM. J. CHESNAIS et J.-J. COLLEAU (I. N. R. A., Jouy en Josas) d'avoir bien voulu lire le manuscrit et faire de nombreuses suggestions pour l'améliorer. Une aide précieuse pour la mise au point et l'utilisation des programmes de calcul nécessaires à ce travail a été fournie par le Professeur Denis KELLEHER (University College, Irlande) et par MM. S. CALOMITI et D. TASTU.

SUMMARY

PROGENY-TEST IN FRENCH LARGE WHITE PIG FROM 1953 TO 1966.

III. — GENETIC TRENDS

The data analyzed in the first two papers in this series have been used here to estimate genetic trends for 14 carcass and fattening characteristics. The method used to measure genetic change depends on comparing, within each year, the progeny from boars put on test that particular year and that from boars put on test the year before. The comparisons are corrected for the actual age difference between the two cohorts of boars compared each year and take into account a positive correlation of 0.33 between age of sire and age of mate. Two sources of bias have been ignored, one from a possible early selection of boars, which is unlikely under the french system of progeny-testing but could underestimate genetic progress, and the other from seasonal effects within year of which there is no clear indication but could overestimate genetic progress for growth and food conversion. The estimates have rather large sampling errors, about 0.1 of a standard-deviation. The estimates indicate a tendency to a decrease in carcass yield, mainly due to a reduction in belly and shoulder, without any significant change in the lean-fat ratio, and quite a substantial genetic progress in growth rate and feed efficiency.

In economic terms, the total value of the carcass has been slightly reduced genetically, at an annual rate of 0.6 ± 0.3 percent of the selling price of a 100 kg liveweight pig, whereas fattening cost, between 25 and 100 kg liveweight, has been genetically reduced by 2.2 ± 0.6 percent per year. This gain in cost largely outweighs the loss in return.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- COOK G. L., SMITH D. H., STEANE D. E., 1971. *The progress and penetration of the accreditation scheme in Britain, 1966-1970*. 10^e Congrès international de Zootechnie, Versailles, 17-23 juillet.
- COX D. F., SMITH C., 1967. Herd differences and genetic trends in backfat (Résumé) *J. Anim. Sci.*, **26**, 884.
- CZAJEWSKA Z. J., OLLIVIER L., 1969. Note sur l'utilisation des résultats des épreuves de descendance par les sélectionneurs de porcs en France de 1956 à 1965. *Ann. Génét. Sél. anim.*, **1**, 71-77.
- DESMOULIN B., GONDOUIN R., HOUIX Y., OLLIVIER L., 1973. Estimation de la valeur d'une carcasse de porc. I. Comparaison de différentes méthodes. *Bulletin de l'Institut technique du Porc*, (3), 37-44.
- DICKERSON G. E., 1960. Techniques for research in quantitative animal genetics. In : *Techniques and procedures in animal production research*, 56-105. American Society of Animal Production. Beltsville, Maryland.
- GOODWIN K., DICKERSON G. E., LAMOUREUX W. F., 1955. A technique for measuring genetic progress in poultry breeding experiments. *Poult. Sci.*, **34**, 1197.
- HILL W. G., 1972. Estimation of genetic change. I. General theory and design of control populations. *Anim. Breed. Abstr.*, **40**, 1-15.
- HOUIX Y., DANDO P., SELLIER P., 1975. Note préliminaire sur l'estimation, à l'aide d'une lignée témoin, de l'évolution génétique des caractères d'engraissement et de carcasse du porc *Large White* en France de 1965 à 1973. In : *Journées de la Recherche Porcine en France 1975* (sous presse).
- KENDALL M. G., STUART A., 1961. *The advanced theory of statistics*. Vol. 2 Griffing, Londres.
- LANGHOLZ H. J., 1965 a. Das züchterische Hilfsmittel der stationären Nachkommenprüfung beim Schwein. I. Systematische Einflüsse auf die Ergebnisse aus der Mastleistungsprüfung für Schweine. *Acta Agric. scand.*, **15**, 115-144.
- LANGHOLZ H. J., 1965 b. Das züchterische Hilfsmittel der stationären Nachkommenprüfung beim Schwein. II. Die Verwendung eines gleitenden Stationsmittels zur unmittelbaren Erfassung temporärer Umweltveränderungen und die genetische Aussage der in der stationären Nachkommenprüfung beobachteten Leistungsverschiebung. *Acta Agric. scand.*, **15**, 181-203.
- LAUPRECHT B., WALTER E., 1960. Über einige Umwelteinflüsse auf die Mast- und Schlachteigenschaften des Schweines bei dänischen Mastprüfungsgruppen. *Archiv für Tierz.*, **3**, 3-25.
- MOLÉNAT M., 1973. Influence de l'origine paternelle sur le niveau génétique des verrats contrôlés individuellement en 1971. In : *Journées de la Recherche Porcine en France, 1973*, 159-164, Institut technique du Porc, Paris.

- NAVEAU J., 1970. Le progrès génétique dans les troupeaux de sélection de 1966 à 1970. *Bulletin de l'Institut technique du Porc*, (3), 13-16.
- OLLIVIER L., 1970. L'épreuve de la descendance chez le Porc *Large White* français de 1953 à 1966. I. Analyse de la variation. *Ann. Génét. Sél. anim.*, **2**, 311-324.
- OLLIVIER L., 1971 a. L'épreuve sur la descendance chez le Porc *Large White* français de 1953 à 1966. II. Indices de sélection. *Ann. Génét. Sél. anim.*, **3**, 367-376.
- OLLIVIER L., 1971 b. Premiers résultats d'une expérience de sélection réalisée dans un centre d'insémination artificielle porcine. In : *Journées de la Recherche Porcine en France, 1971*, 35-40, Institut technique du Porc, Paris.
- SILER R., FIDLER J., 1970. Genetic change of backfat thickness in the *Large Black* breed of pigs (Tchèque). *Zivocisna Vyroba*, **43**, 823-828.
- SMITH C., 1962. Estimation of genetic change in farm livestock using field records. *Anim. Prod.*, **4**, 239-251.
- SMITH C., 1963. Genetic change of backfat thickness in the Danish Landrace breed of pigs from 1952 to 1960. *Anim. Prod.*, **5**, 259-268.
-