

# NOUVELLE ESTIMATION DES PARAMÈTRES GÉNÉTIQUES POUR LES CARACTÈRES DE CROISSANCE, CARCASSE ET QUALITÉ DE LA VIANDE DANS LES RACES *LARGE WHITE* ET *LANDRACE FRANÇAIS*

## 1. Caractères mesurés dans les stations publiques

A. DUCOS, J.P. BIDANEL, D. BOICHARD, V. DUCROCQ

*Institut National de la Recherche Agronomique  
Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy en Josas Cédex*

L'estimation des paramètres génétiques pour les caractères contrôlés en station dans les races *Large White* et *Landrace Français* a été réalisée à l'aide d'une procédure DF-REML modèle animal multi-caractères dans la perspective de la mise en place en France d'un système d'évaluation BLUP-modèle animal. Sept caractères ont été analysés : le gain moyen quotidien (GMQ1), l'indice de consommation (IC) et l'épaisseur de lard dorsal (ELD) mesurés sur les candidats à la sélection ainsi que le gain moyen quotidien (GMQ2), le rendement de carcasse (RDT), le pourcentage de muscle (PM) et l'indice de qualité de la viande (IQV) mesurés sur des collatéraux abattus. Les modèles d'analyse incluaient un effet fixé (série d'abattage ou année x station x bande), trois effets aléatoires (valeur génétique additive, environnement commun de la portée de naissance ( $c^2$ ) et résiduelle) et, pour les caractères mesurés chez les animaux abattus, une covariable (poids au début ou à la fin du contrôle). Les héritabilités et corrélations génétiques pour la race *Large White* sont reportés dans le tableau suivant.<sup>(1)</sup>:

	GMQ1 3671	ELD 3671	IC 2374	GMQ2 3039	RDT 3039	PM 3039	IQV 2907
N (2)							
GMQ 1	0,30	0,48	-0,49	0,97	-0,19	-0,25	-0,04
ELD	0,24	0,64	0,27	0,21	0,08	-0,86	0,06
IC	-0,76	0,07	0,22	-0,69	0,01	-0,41	0,25
GMQ 2	0	0	0	0,52	0,08	-0,09	0,00
RDT	0	0	0	-0,20	0,39	0,05	-0,17
PM	0	0	0	-0,19	-0,01	0,60	-0,44
IQV	0	0	0	-0,03	0,00	-0,08	0,33

<sup>(1)</sup> Héritabilités sur la diagonale, corrélations phénotypiques en dessous de la diagonale et corrélations génétiques au dessus de la diagonale. <sup>(2)</sup> Effectifs contrôlés

Les valeurs de  $c^2$  s'échelonnent de 0,05 (ELD) à 0,14 (GMQ1 et GMQ2). Les héritabilités estimées dans la race *Landrace français* sont pour la plupart très voisines de celles présentées ci-dessus. On note cependant quelques différences au niveau des corrélations génétiques, par exemple entre PM et IQV (-0,02) et entre GMQ2 et RDT (-0,53).

### **New estimation of genetic parameters for growth, carcass and meat quality traits for the *Large White* and *French Landrace* pig breeds. 1. Traits recorded in central stations**

Genetic parameters for traits recorded in French testing stations were estimated using a multiple trait animal model DF-REML procedure, with the objective of applying a BLUP-animal model for the genetic evaluation of station tested pigs in France. Seven traits were analysed : average daily gain (ADG1), feed conversion ratio (FCR) and backfat thickness (ABT) measured on candidates to selection, average daily gain (ADG2), dressing percentage (D%), estimated carcass lean content (ECL%) and

meat quality index (MQI) measured on slaughtered relatives. The models used for the analyses included one fixed effect (slaughter date or year x station x batch), three random effects (additive genetic value, common environment of birth litter and residual) and, for traits measured on slaughtered animals, one covariable (weight at the beginning or at the end of the test period). The results for the *Large White* breed are summarized in the following table <sup>(1)</sup> :

N (2)	ADG1 3671	ABT 3671	FCR 2374	ADG2 3039	D% 3039	ECL% 3039	MQI 2907
ADG 1	0,30	0,48	-0,49	0,97	-0,19	-0,25	-0,04
ABT	0,24	0,64	0,27	0,21	0,08	-0,86	0,06
FCR	-0,76	0,07	0,22	-0,69	0,01	-0,41	0,25
ADG 2	0	0	0	0,52	0,08	-0,09	0,00
D%	0	0	0	-0,20	0,39	0,05	-0,17
ECL%	0	0	0	-0,19	-0,01	0,60	-0,44
MQI	0	0	0	-0,03	0,00	-0,08	0,33

<sup>(1)</sup> Heritabilities on the diagonal, phenotypic correlations below the diagonal and genetic correlations above the diagonal. <sup>(2)</sup> Number of records

$c^2$  values varied between 0.05 (ABT) and 0.14 (ADG1 and ADG2). The heritability estimates in the *French Landrace* breed were generally very similar to those presented above. However, some genetic correlations were different, particularly the correlation between ECL% and MQI (-0.02) and between ADG2 and D% (-0.53).

## INTRODUCTION

L'évaluation génétique des reproducteurs nécessite de disposer d'estimations aussi précises que possible des paramètres génétiques des caractères à sélectionner. L'estimation des paramètres génétiques des caractères de production a été réalisée à de nombreuses reprises à partir des informations enregistrées dans les stations publiques de contrôle de performances. Les résultats de ces études ont été publiés lors de précédentes Journées de la Recherche Porcine (OLLIVIER, 1969; MOLÉNAT, 1972; OLLIVIER *et al.*, 1981; SELLIER *et al.*, 1985; COLE *et al.*, 1988). Deux types de méthodes ont été utilisées jusqu'à présent. La première est basée sur le calcul de coefficients de régression entre parents et descendants, la seconde utilise les corrélations entre pleins-frères ou demi-frères. Les deux principales critiques que l'on peut porter à ces méthodes sont d'une part qu'elles n'utilisent pas l'ensemble de l'information disponible, concernant la généalogie des animaux en particulier, et d'autre part, qu'elle ne prennent pas en compte la sélection pratiquée dans la population étudiée. D'autres méthodes, développées depuis une vingtaine d'années permettent la prise en compte de la sélection grâce à une utilisation plus exhaustive des informations. Leur emploi s'est cependant avéré impossible du fait des volumes de calcul impliqués, incompatibles avec la capacité des outils informatiques disponibles. C'est en particulier le cas de la méthode proposée dès 1971 par PATTERSON et THOMPSON (1971), appelée «maximum de vraisemblance restreinte» (REML). L'augmentation spectaculaire de la puissance des ordinateurs réalisée ces dernières années et le développement de nouveaux algorithmes permettent désormais d'appliquer ces méthodes aux données enregistrées dans les différents dispositifs de contrôle de performances. L'objectif de cette étude est de réaliser une nouvelle estimation des paramètres génétiques pour les caractères de croissance, carcasse et qualité de la viande contrôlés dans les stations publiques au moyen de la méthode «REML» et à partir des données de contrôle les plus récentes. Ces paramètres génétiques seront utilisés pour le calcul de la valeur génétique des animaux contrôlés en station, dans le nouveau système d'évaluation basé sur le BLUP - modèle animal en cours de développement en France (DUCOS *et al.*, 1992).

## 1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 1.1. Origine des données et caractères étudiés

Les informations utilisées dans cette étude ont été collectées dans 4 stations de contrôle de performances (Le Rheu, Mauron, Pelousey et Le Deschaux) entre 1980 et 1990. Elles proviennent de deux groupes d'animaux. Le premier groupe est représenté par les jeunes verrats candidats à la sélection. Le deuxième concerne les femelles et mâles castrés abattus en fin de contrôle. Les animaux du deuxième groupe sont, pour la plupart, apparentés à ceux du premier groupe. Les jeunes verrats ont été contrôlés de 35 à 90 kg selon les modalités en vigueur dans les stations de contrôle individuel (TIXIER et SELLIER, 1986). Les animaux du deuxième groupe ont été contrôlés suivant le protocole adopté dans les stations de contrôle de descendance (TIXIER et SELLIER, 1986) et abattus à un poids vif voisin de 100 kg. Les caractères considérés dans cette étude sont les suivants :

\* Trois caractères mesurés sur les jeunes verrats candidats à la sélection :

- le gain moyen quotidien de 35 à 90 kg (GMQ1),
- l'indice de consommation de 35 à 90 kg (IC),

- l'épaisseur moyenne du lard dorsal mesuré aux ultrasons à 90 kg (ELD).

Les ajustements à poids initial et/ou final constant ont été réalisés par interpolation entre les deux poids mesurés lors des deux pesées encadrant 35 et 90 kg, respectivement.

\* Quatre caractères mesurés sur les collatéraux abattus :

- le gain moyen quotidien de 35 à 100 kg (GMQ2),
- le rendement de carcasse avec tête et pieds (RENDT),
- le pourcentage de muscle estimé (PM),
- l'indice de qualité de la viande (IQV).

PM a été estimé à partir des poids relatifs de six morceaux exprimés en pourcentage de la demi-carcasse. Deux équations de prédiction ont été utilisées :

$$(1) PM1 = -3,539 + (0,751 \times \% \text{ jambon}) + (1,216 \times \% \text{ longe}) - (0,610 \times \% \text{ bardière}) - (0,453 \times \% \text{ panne}) + (0,328 \times \% \text{ poitrine})$$

$$(2) PM2 = -42,035 + (1,282 \times \% \text{ jambon}) + (1,818 \times \% \text{ longe}) - (0,678 \times \% \text{ bardière}) + (0,040 \times \% \text{ panne}) + (0,701 \times \% \text{ poitrine}) + (0,616 \times \% \text{ hachage})$$

L'équation (1), établie à partir de la Découpe Parisienne Normalisée (OLLIVIER, 1970), a été utilisée jusqu'en 1988 et remplacée par l'équation (2) simultanément au changement intervenu dans la méthode de découpe de la carcasse (Nouvelle Découpe Normalisée - ANONYME, 1990). Les deux équations sont très fortement corrélées avec le pourcentage de muscle vrai ( $R^2 = 0,91$  pour la première et  $R^2 = 0,93$  pour la deuxième) et ont été considérées comme définissant le même caractère.

L'IQV, établi comme prédicteur du rendement technologique de la fabrication du «jambon de Paris», a été calculé à partir de l'équation suivante (GUEBLEZ *et al.*, 1990) :

$$IQV = -35 + 8,329 \text{ pH24} + 0,127 \text{ IMB} - 0,00744 \text{ REF}$$

où :

- pH24 est le pH ultime mesuré sur le muscle *Adductor femoris*.
- IMB est le temps d'imbibition mesuré selon la méthode décrite par CHARPENTIER *et al.* (1971) sur les muscles *Biceps femoris* (jusqu'en 1988) et *Gluteus superficialis* (depuis 1989).
- REF est la réflectance mesurée sur le muscle *Gluteus superficialis* à l'aide du réflectomètre Manuflex de Vergé-Nicou puis, ces dernières années, du réflectomètre Rétrolux de Valin-David.

### 1.2. Structure des fichiers d'analyse

Un fichier de données a été constitué dans chacune des deux races étudiées. La période considérée pour la race *Large White* est 1985-1990. De façon à constituer un échantillon de taille sensiblement identique, l'intervalle de temps considéré en race *Landrace Français* a été étendu à la période 1980-1990. Les effectifs d'animaux contrôlés, les moyennes et les écarts types pour les différents caractères sont reportés au tableau 1.

Le REML utilisé avec un modèle animal individuel (BIDANEL *et al.*, 1990) permet la prise en compte, dans le calcul des paramètres génétiques, de l'ensemble de l'information concernant la généalogie des animaux contrôlés. De façon à limiter les

temps de calculs, seules deux générations d'ancêtres ont été prises en compte dans cette étude. Un fichier de généalogies

regroupant l'ensemble des animaux ainsi que leurs parents et grands parents a donc été également constitué (tableau 2).

**Tableau 1** - Effectifs, moyennes et écart-types pour les différents caractères dans les races Large White (LW) et Landrace Français (LF)

Type de contrôle	Caractère	Effectifs		Moyennes		Ecart-types	
		LW	LF	LW	LF	LW	LF
Candidats	Gain moyen quotidien	3671	3630	971,76	868,93	93,37	84,87
	Indice de consommation	2374	2974	2,49	2,70	0,22	0,26
	Epaisseur de lard	3671	3630	12,03	13,39	1,93	2,13
Animaux abattus	Gain moyen quotidien	3039	2695	898,18	844,59	111,85	98,09
	Rendement	3039	1338	78,98	78,00	1,83	1,97
	Pourcentage de muscle	3039	2695	51,01	49,79	4,08	3,80
	Indice de Qualité de la Viande	2907	2205	11,66	11,68	2,79	2,91

**Tableau 2** - Structure des fichiers après prise en compte des parents et grands-parents

Type de contrôle	Animaux contrôlés		Ancêtres (parents + grands-parents)		Ancêtres contrôlés		Effectif d'animaux contrôlés par portée			
	LW	LF	LW	LF	LW	LF	LW		LF	
Candidats	3671	3630	4628 <sup>(1)</sup>	4586 <sup>(2)</sup>	47 (1 %)	79 (1,7 %)	1	53 %	1	60 %
							2	43 %	2	35 %
							3 et +	4 %	3 et +	5 %
Collatéraux abattus	3039	2695	4281 <sup>(1)</sup>	4030 <sup>(2)</sup>	0	0	1	58,5 %	1	48 %
							2	41 %	2	52 %
							3 et +	0,5 %	3 et +	0

(1) dont 1562 communs aux candidats et collatéraux

(2) dont 1965 communs aux candidats et collatéraux

### 1.3. Analyse statistique

#### 1.3.1. Modèle d'analyse

Les données ont été analysées à l'aide d'un modèle animal individuel multi-caractères (HENDERSON, 1988) prenant en compte les effets fixés de la série d'abattage (pour IQV) ou de la bande de contrôle (pour les autres variables), du sexe (pour les caractères mesurés sur les collatéraux), les effets aléatoires de la portée de naissance et de la valeur génétique additive de chaque animal, la régression linéaire sur le poids d'abattage (pour RENDT, PM et IQV) ou sur le poids à la mise en contrôle (pour GMQ2).

#### 1.3.2. Stratégies de calcul

Les composantes de variance et de covariance pour les trois effets aléatoires du modèle ont été estimées à l'aide d'une procédure REML multi-caractères décrite par GROENEVELD

et KOVAC (1990). Pour des raisons numériques et de temps de calcul, les analyses n'ont pas pu être réalisées pour l'ensemble des caractères simultanément. Les calculs ont donc été effectués pour les caractères pris deux à deux, soit au total 21 analyses dans chacune des deux races. Lors de chaque analyse, la recherche du maximum de la fonction de vraisemblance a été effectuée numériquement, sans calcul analytique des dérivées premières et secondes de la fonction. Deux algorithmes d'optimisation ont été utilisés. L'algorithme «Quasi Newton» (QN) a été employé aussi souvent que possible en raison de sa (relative) rapidité. Cependant, lorsqu'une composante se situe en limite de l'espace des paramètres (héritabilité proche de 0 ou de 1, corrélation génétique proche de 1 ou -1), cet algorithme n'est plus efficace. Dans ce type de situation, QN a été remplacé par un autre algorithme de recherche directe, appelé «Downhill Simplex». Cet algorithme a le principal avantage d'être fonctionnel dans à peu près toutes les situations mais nécessite des temps de calcul beaucoup plus importants.

Les erreurs standards des estimées des paramètres génétiques ont été calculées à partir de la matrice des dérivées secondes de la fonction de vraisemblance, approximée avec l'algorithme QN. Ces erreurs standards sont des bornes inférieures des erreurs standards exactes (GIANOLA, 1989).

## 2. RÉSULTATS

L'algorithme QN a été utilisé pour tous les couples de caractères excepté le couple GMQ1-GMQ2. Les temps de calculs enregistrés sur l'ordinateur du CTIG à Jouy en Josas ont varié, selon le couple de caractères, entre 31 et 165 minutes en race LW et entre 32 et 172 minutes en race LF. L'algorithme Simplex, utilisé pour le couple GMQ1-GMQ2, a nécessité des temps de calcul de 366 et 591 minutes, respectivement en race LW et LF. Les paramètres génétiques estimés sont reportés dans les tableaux 3 et 4, respectivement pour les races LW et LF.

Six estimations de composantes de variance étaient disponibles pour chaque caractère. Les variations entre les différentes estimations étant très faibles, une seule valeur moyenne a été présentée. ELD et PM ont les héritabilités ( $h^2$ ) les plus fortes dans les deux races. On note une valeur d' $h^2$  plus forte en race LW pour ELD (0,64 contre 0,56), mais plus faible pour PM (0,60 contre 0,68). GMQ2 est nettement plus héritable que GMQ1 dans les deux races (0,52 et 0,46 contre 0,30 et 0,34, respectivement en race LW et LF). Les valeurs d'héritabilité sont très voisines dans les deux races pour IC, mais supérieures en race LW pour RDT et IQV (0,39 contre 0,31 et 0,33 contre 0,23). Les effets de milieu commun ( $c^2$ ) ne sont à négliger pour aucun des caractères, les variances pour cet effet représentant de 5% à 16% de la variance phénotypique. Les valeurs de  $c^2$  les plus importantes sont observées pour la croissance, et, en race LF, pour l'IQV. Les différences de  $c^2$  entre races sont relativement faibles, sauf pour ELD (0,05 en race LW contre 0,12 en race LF) et IQV (0,06 en race LW contre 0,15 en race LF).

Tableau 3 - paramètres génétiques (1) estimés en race Large White

caractère (2)	GMQ1	ELD	IC	GMQ2	RDT	PM	IQV
GMQ1	0,30 ± 0,02 (0,14 ± 0,02)	0,48 ± 0,04	-0,49 ± 0,02	0,97 ± 0,07	-0,19 ± 0,09	-0,25 ± 0,08	-0,04 ± 0,10
ELD	0,24 ± 0,02	0,64 ± 0,01 (0,05 ± 0,01)	0,27 ± 0,0	0,21 ± 0,07	0,08 ± 0,07	-0,86 ± 0,05	0,06 ± 0,08
IC	-0,76 ± 0,01	0,07 ± 0,02	0,22 ± 0,02 (0,09 ± 0,02)	-0,69 ± 0,07	0,01 ± 0,11	-0,41 ± 0,10	0,25 ± 0,12
GMQ2	-	-	-	0,52 ± 0,02 (0,14 ± 0,02)	0,08 ± 0,03	-0,09 ± 0,03	0,00 ± 0,05
RDT	-	-	-	-0,20 ± 0,02	0,39 ± 0,02 (0,06 ± 0,02)	0,05 ± 0,03	-0,17 ± 0,04
PM	-	-	-	-0,19 ± 0,02	-0,01 ± 0,02	0,60 ± 0,02 (0,13 ± 0,02)	-0,44 ± 0,04
IQV	-	-	-	-0,03 ± 0,03	0,00 ± 0,02	-0,08 ± 0,02	0,33 ± 0,02 (0,06 ± 0,02)

(1) héritabilités et effet environnement commun (entre parenthèses) ± erreurs standards sur la diagonale ; les corrélations génétiques et phénotypiques sont au dessus et au dessous de la diagonale, respectivement,

(2) voir le texte

Les corrélations génétiques entre caractères mesurés sur le même animal ont été relativement bien estimées (les erreurs standards vont de 0,02 à 0,09). Celles estimées entre caractères mesurés sur des animaux différents ont par contre des erreurs standards assez élevées (0,03 à 0,20). Des corrélations génétiques très fortes ont été obtenues dans les deux races entre les deux mesures de croissance (0,98 en moyenne), entre la croissance et l'indice de consommation (-0,62 en moyenne), ainsi qu'entre l'épaisseur de lard et le taux de muscle (-0,88 en moyenne). Les corrélations entre le rendement de carcasse ou l'indice de qualité de la viande et

les autres caractères sont en général faibles et assez similaires dans les deux races. Les seules exceptions concernent la relation moyennement positive observée entre IC et IQV dans les deux races, et surtout les valeurs très différentes obtenues pour les corrélations entre le taux de muscle et l'IQV (-0,02 en race LF contre -0,44 en race LW), ainsi qu'entre RDT et GMQ2 (0,08 en race LW contre -0,53 en race LF). L'antagonisme génétique entre les caractères de composition tissulaire de la carcasse (ELD et PM) et la croissance ou l'efficacité alimentaire est également plus marqué en race LW qu'en race LF.

**Tableau 4** - paramètres génétiques (1) estimés en race Landrace Français

Caractère (2)	GMQ1	ELD	IC	GMQ2	RDT	PM	IQV
GMQ1	0,34 ± 0,02 (0,14 ± 0,02)	0,25 ± 0,03	-0,76 ± 0,02	0,99 ± 0,08	-0,03 ± 0,12	-0,10 ± 0,07	-0,05 ± 0,13
ELD	0,11 ± 0,02	0,56 ± 0,01 (0,12 ± 0,01)	0,27 ± 0,04	-0,01 ± 0,07	0,13 ± 0,11	-0,90 ± 0,03	0,17 ± 0,11
IC	-0,76 ± 0,01	0,16 ± 0,02	0,25 ± 0,02 (0,12 ± 0,02)	-0,54 ± 0,12	-0,12 ± 0,20	-0,22 ± 0,10	0,34 ± 0,18
GMQ2	-	-	-	0,46 ± 0,02 (0,16 ± 0,02)	-0,53 ± 0,06	-0,06 ± 0,03	-0,19 ± 0,07
RDT	-	-	-	-0,13 ± 0,02	0,31 ± 0,02 (0,06 ± 0,02)	-0,07 ± 0,04	-0,01 ± 0,09
PM (0,09 ± 0,02)	-	-	-	-0,02 ± 0,02	-0,08 ± 0,03	0,68 ± 0,02	-0,02 ± 0,04
IQV	-	-	-	0,06 ± 0,03	0,04 ± 0,04	-0,07 ± 0,03	0,23 ± 0,02 (0,15 ± 0,02)

(1) héritabilités et effet environnement commun (entre parenthèses) ± erreurs standards sur la diagonale ; les corrélations génétiques et phénotypiques sont au dessus et au dessous de la diagonale, respectivement,

(2) voir le texte

### 3. DISCUSSION

#### 3.1. Méthodologie

Le REML modèle animal est maintenant presque unanimement reconnu comme la méthode de choix en matière d'estimation des paramètres génétiques. L'intérêt croissant que suscite cette méthode provient de ses propriétés statistiques et génétiques très intéressantes (HARVILLE, 1977) et notamment du fait qu'elle permet de traiter de façon satisfaisante les effets de la sélection, à condition que l'ensemble des informations décrivant la sélection pratiquée soit incluse dans l'analyse (prise en compte de l'ensemble des généalogies jusqu'à la population de base non sélectionnée, utilisation de modèles multi-caractères traitant simultanément l'ensemble des caractères en fonction desquels a été pratiquée la sélection). Son utilisation, particulièrement dans l'espèce porcine, reste cependant relativement limitée, du fait des calculs très importants qu'elle engendre. Quelques applications sont possibles, mais, dans la plupart des cas, des restrictions sont imposées par rapport à la situation idéale présentée plus haut. Dans le cas présent, 72 composantes de variance-covariance doivent être estimées. Un problème de taille comparable (60 composantes) a déjà été traité par GROENEVELD (1991), mais avec une structure de données plus favorable et des moyens de calculs plus importants. La structure des données analysées dans cette étude est assez peu favorable (caractères mesurés sur des animaux différents, nombre de descendants par parent et par portée relativement faible, nombre limité de parents eux-mêmes contrôlés) et engendre des problèmes de convergence qui ont été résolus : 1) en limitant le nombre de générations d'ancêtres pris en compte, 2) en fixant les composantes de covariance pour l'effet

portée à zéro, 3) en limitant les analyses à deux caractères. L'effet des deux premières simplifications sur la valeur des paramètres génétiques a été étudié et s'est avéré relativement faible. Le fait de limiter les analyses à deux caractères engendre fréquemment des incohérences dans le jeu complet de paramètres (HILL et THOMPSON, 1978). Dans le cas présent, les matrices de variance-covariance génétiques et résiduelles estimées n'étaient pas positive définies, en raison essentiellement de la très forte liaison entre GMQ1 et GMQ2. En race LW, les incohérences dans le jeu de paramètres ont entièrement disparu en éliminant GMQ2. En race LF, les techniques de «Bending» (FOULLEY et OLLIVIER) ont dû être appliquées pour éliminer le problème. Le facteur de «Bending» utilisé était cependant extrêmement faible (0,0001) de sorte que les modifications engendrées au niveau des paramètres pour les six caractères restant étaient minimes. Une autre hypothèse émise dans cette étude concerne l'homogénéité des variances intra-station. En fait, comme l'avaient noté OLLIVIER *et al.* (1980), des différences de variabilité importantes peuvent exister entre stations. Des méthodes ont récemment été développées pour estimer les composantes de variance en situation d'hétéroscédasticité (FOULLEY *et al.*, 1990), mais elles sont encore plus exigeantes au niveau calculatoire et impossibles à appliquer dans des situations telles que celle traitée ici.

#### 3.2. Paramètres génétiques

Les valeurs d'héritabilité sont similaires pour ELD et légèrement inférieures pour GMQ1 à celles rapportées par OLLIVIER *et al.* (1980) et SELLIER *et al.* (1985). A l'inverse, les estimations d'héritabilité pour GMQ2, PM et IQV sont supérieures à celles d'OLLIVIER *et al.* (1981) et de COLE *et al.* (1988).

Aucune estimation d'héritabilité n'était jusqu'à présent disponible pour RDT. Ces valeurs d' $h^2$  sont légèrement supérieures aux moyennes de la littérature, à l'exception de IC. Les valeurs d' $h^2$  plus élevées pour GMQ2 que pour GMQ1 n'avaient pas été observées dans les études précédentes d'OLLIVIER *et al.* (1980 ; 1981) et de TIBAU i FONT et OLLIVIER (1984). En dépit des différences d' $h^2$ , de régime alimentaire, de sexe et de période de contrôle, GMQ1 et GMQ2 apparaissent comme génétiquement très similaires, la corrélation entre les deux caractères étant très proche de 1. Ce résultat est assez différent de la valeur de 0,55 rapportée par TIBAU i FONT et OLLIVIER (1984).

Les corrélations génétiques estimées en race LF sont comparables aux précédents résultats français et aux moyennes de la littérature pour la plupart des caractères. Les seules exceptions concernent les corrélations entre ELD et PM d'une part, ELD, IC et IQV d'autre part, ainsi qu'entre GMQ2 et RDT. La corrélation entre ELD et PM est nettement supérieure dans les deux races à la valeur de -0,38 précédemment obtenue par TIBAU i FONT et OLLIVIER (1984). A l'inverse, la relation entre IC et PM est plus faible que les valeurs habituellement observées dans la littérature, qui s'échelonnent de -0,30 à -0,57 (COSTA *et al.*, 1986 ; VAN HOFSTRAETEN et VANDEPITTE, 1988 ; TIBAU i FONT et OLLIVIER, 1984 ; JOHANSON *et al.*, 1987 ; LUNDENHEIM *et al.*, 1980 ; OLLIVIER *et al.*, 1980). L'absence d'opposition entre PM et IQV est en désaccord avec la plupart des résultats antérieurs obtenus en race *Landrace* (COLE *et al.*, 1988 ; MALMFORS et NILSON, 1979 ; SCHWORER *et al.*, 1980 ; LUNDENHEIM *et al.*, 1980 ; OLLIVIER, 1983 ; ANDERSEN et VESTERGAARD, 1984 ; BUSSE et GROENEVELD, 1986 ; MERKS, 1987). Les différences entre estimations sont probablement liées aux variations de fréquences du gène de sensibilité à l'halothane dans les populations étudiées (SELLIER, 1988). La forte corrélation génétique négative entre GMQ2 et RDT est également en désaccord avec les seules références disponibles (0,93±0,05 - CAMERON, 1990 ; 0,36 - JOHANSON *et al.*, 1987). Nous n'avons pas d'explication claire pour ces différences.

Les différences avec les valeurs moyennes de la littérature et les résultats français antérieurs sont plus importantes en race

LW. L'opposition entre la vitesse de croissance et la composition de la carcasse, en particulier entre GMQ1 et ELD, est plus importante que celle trouvée par TIBAU i FONT et OLLIVIER (1984), KWON *et al.* (1986), KAPLON *et al.* (1991) et VAN STEENBERGEN *et al.* (1989). Cependant, les valeurs de la littérature sont relativement variables et des corrélations fortement négatives ont été également rapportées en race LW ou *Yorkshire* par MERKS (1987), SAVOIE et MINVIELLE (1988), ou JOHANSON *et al.* (1987). Les corrélations entre la vitesse de croissance et l'IC s'écartent aussi des valeurs habituellement observées ; La relation entre GMQ et IC est généralement plus étroite dans le cas d'une alimentation rationnée que dans le cas d'une alimentation ad-libitum (OLLIVIER *et al.*, 1980 ; TIBAU i FONT et OLLIVIER, 1984). L'absence d'opposition entre la GMQ et la qualité de la viande est en désaccord avec la plupart des résultats obtenus en race LW (COLE *et al.*, 1988 ; JOHANSON *et al.*, 1987 ; OLLIVIER, 1983). A l'inverse, la corrélation génétique négative entre IQV et PM est plus forte que celle rapportée par JOHANSON *et al.* (1987), LUNDENHEIM *et al.* (1980), ou COLE *et al.* (1988).

## CONCLUSION

Les paramètres génétiques estimés dans cette étude par la méthode REML-modèle animal multi-caractères sont théoriquement plus fiables que ceux estimés jusqu'à présent en France à l'aide de méthodes moins sophistiquées sur le plan statistique. Ils seront utilisés dans le nouveau programme d'évaluation génétique des animaux contrôlés dans les stations publiques françaises (BLUP - modèle animal) qui sera mis en place en routine dans les prochains mois. Cependant, des travaux complémentaires sont à entreprendre pour améliorer la précision des paramètres, en particulier des corrélations génétiques, mieux prendre en compte la sélection et éliminer les incohérences dans le jeu de paramètres estimés. Le même type d'analyses pourrait également être réalisé pour d'autres caractères comme les trois composantes de l'IQV, ou pour des caractères nouveaux comme la quantité d'aliment consommé, la durée d'engraissement, etc .... Les paramètres génétiques en race *Piétrain* devront également être calculés à l'aide de la méthode REML.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- ANDERSEN S., VESTERGAARD T., 1984. *Acta Agric Scand*, 34, 231-243.
- ANONYME, 1990. *Techni-porc*, 13(5), 44-45.
- BIDANEL J.P., DUCROCQ V., OLLIVIER L., 1990. *Journées Rech. Porcine en France*, 22, 1-10.
- BUSSE W., GROENEVELD E. 1986. *Zuchtungskunde*, 58, 175-183.
- CAMERON N.D., 1990. *Livest Prod Sci*, 26, 119-135.
- CHARPENTIER J., MONIN G., OLLIVIER L., 1971. 2nd. Int. Symp. Condition and Meat quality of pigs, Pudoc Wageningen, p.255-260.
- COLE G., LE HENAFF G., SELLIER P., 1988. *Journées Rech. Porcine en France*, 20, 249-254.
- COSTA N., SARALEGUI W.H., FAVERO J.A., LEITAOG R., 1986. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnica*, 15(2), 124-131.
- DUCOS A., BIDANEL J.P., DUCROCQ V., 1992. *Journées Rech. Porcine en France*, 24, 39-46.
- FOULLEY J.L., OLLIVIER L., 1986. 35th Annual National Breeder's Roundtable, St Louis.
- FOULLEY J.L., GIANOLA D., SAN CRISTOBAL M., IM S., 1990. *J Dairy Sci*, 73, 1612-1624.
- GIANOLA D., 1989. Short course, March 15 - June 30, INRA, Jouy en Josas, France.
- GROENEVELD E., 1991. In: "42th Annual Meeting of the EAAP", Berlin, Germany, September 1991, Commission on animal genetics.
- GROENEVELD E., KOVAC M., 1990. *J Dairy Sci*, 73, 2221-2229.
- GUEBLEZ R., LE MAÎTRE C., JACQUET B., ZERT P., 1990. *Journées Rech. Porcine en France*, 22, 89-96.
- HARVILLE D.A., 1977. *J American Statistical Association*, 72, 320-338.
- HENDERSON C.R., 1988. *J Dairy sci*, 71 (Suppl 2), 1-16.
- HILL W.G., THOMPSON R., 1978. *Biometrics*, 34, 429-439.
- JOHANSSON K., ANDERSSON K., LUNDENHEIM N., 1987. *Acta Agr Scand*, 37(1), 93-107.
- KAPLON M.J., ROTHSCCHILD M.F., BERGER P.J., HEALEY M., 1990. *J Anim Sci*, 69, 91-98.
- KWON O.S., KIM S.H., CHUNG H.W., PARK Y.I., 1986. *Korean J Anim Sci*, 28, 635-640.
- LUNDENHEIM N., JOHANSSON K., ANDERSSON K., 1980. *Acta Agric Scand*, 30, 183-188.

- MALMFORS B., NILSSON R., 1979. Acta Agric Scand, suppl 21, 81-90.
- MERKS J.W.M., 1987. Livest Prod Sci, 16, 215-228.
- MOLENAT M., 1972. Journées Rech Porcine en France, 4, 93-98.
- OLLIVIER L., 1969. Journées Rech Porcine en France, 1, 7-12.
- OLLIVIER L., 1970. Ann Génét Sél Anim, 2, 311-324.
- OLLIVIER L., 1983. Génét Sél Evol, 15 : 99-118.
- OLLIVIER L., DERRIEN A., MOLÉNAT M., 1980. Techni-Porc, 3, 7-12
- OLLIVIER L., DERRIEN A., MOLÉNAT M., 1981. Journées Rech. Porcine en France, 13, 293-298.
- PATTERSON H.D., THOMPSON R., 1971. Biometrika, 58, 545-554.
- SAVOIE Y., MINVIELLE F., 1988. Can J Anim Sci, 68, 1063-1068.
- SCHWORER D., MOREL P., REBSAMEN A., 1987. Tierzuchter, 39, 392-394.
- SELLIER P., 1988. Journées Rech. Porcine en France, 20, 227-242.
- SELLIER P., GUEBLEZR., LALOED., RUNAVOT J.P., OLLIVIER L., 1985. Journées Rech. Porcine en France, 17, 87-94.
- TIBAU i FONT J., OLLIVIER L., 1984. Bull. Tech. Dép. Génét. Anim. n° 37, INRA, Versailles, 69 p.
- TIXIER M., SELLIER P., 1986. Génét Sél Evol, 18, 185-212.
- VAN HOFSTRAETEN W., VANDEPITTE W., 1988. Revue de l'agriculture, 41 (4), 913:921.
- VAN STEENBERGEN E.J., KANIS E., VAN DER STEEN HAM., 1990. Livest Prod Sci, 24, 65-82.