

Étude de facteurs de variation de la taille de la portée à la naissance dans les races porcines Large White et Landrace Français

Conséquences pour l'évaluation génétique sur la prolificité

É. BEAUVOIS (1, 2), Florence LABROUE (2), J. P. BIDANEL (1)

(1) I. N. R. A., Station de Génétique Quantitative et Appliquée - 78352 Jouy-en-Josas Cedex

(2) I. T. P., Pôle Amélioration de l'Animal - BP3, 35651 Le Rheu Cedex

Étude de facteurs de variation de la taille de la portée à la naissance dans les races porcines Large White et Landrace Français. Conséquences pour l'évaluation génétique sur la prolificité

L'objectif de cette étude est de préciser l'influence de divers facteurs de variation de la taille de portée à la naissance dans les races Large White et Landrace Français afin d'apporter quelques améliorations au modèle de description des données utilisé pour l'évaluation génétique des reproducteurs sur la prolificité. La comparaison des modèles a été faite selon deux approches différentes, soit sur la base de leur valeur prédictive, soit en calculant des corrélations de rang entre valeurs génétiques estimées et des pertes de « progrès génétique » par rapport à un modèle de référence. Les résultats obtenus montrent l'absence d'effet de la taille ou du rang de la portée de naissance de la truie sur la prolificité. En revanche, les caractéristiques de la portée précédente ont un effet notable sur la prolificité et ne doivent donc pas être ignorées dans le cadre de l'évaluation génétique. En pratique, la meilleure façon de les prendre en compte consiste à intégrer au modèle l'effet de l'intervalle entre mises bas. Différentes modalités de prise en compte des effets élevage, année, saison et type de fertilisation (fixes vs. aléatoires) ont également été considérées sans permettre de conclure définitivement.

Factors influencing litter size at birth in Large White and French Landrace pig breeds. Consequences for the genetic evaluation for prolificacy

The aim of this study was to specify the influence of several factors on litter size at birth in Large White and French Landrace pig breeds in order to improve the model used for genetic evaluation for prolificacy. Models were compared using two different methods, either according to their predictive ability or in calculating rank correlations between estimated breeding values and/or expected loss in genetic response in comparison with a reference model. Results showed the lack of influence of size and parity of the sow's birth litter on prolificacy. In return, the characteristics of the previous litter noticeably influenced prolificacy and should hence not be ignored in the frame of genetic evaluation. In practice, the best way to take them into account was to include the effect of interval between farrowings in the model. Different ways of including the effects of herd, year, season and type of mating (fixed vs. random) were also considered but no definitive conclusion could be drawn.

INTRODUCTION

Malgré son importance économique, la prolificité des truies a longtemps été négligée par les sélectionneurs, du fait notamment de sa faible héritabilité (BIDANEL et DUCOS, 1994). Les études faites dans le cadre de la lignée Large White « hyperprolifique » de l'INRA (LEGAULT et GRUAND, 1976; LE ROY et al., 1987) ont néanmoins démontré l'intérêt d'une sélection sur la prolificité. Elle s'est traduite par la création des programmes de sélection « hyperprolifiques », puis par l'inclusion formelle de la taille de la portée dans les objectifs de sélection et la mise en place d'une évaluation génétique de type « BLUP-modèle animal ».

Appliquée à un modèle animal, la méthodologie du « BLUP » (abréviation anglaise signifiant meilleure prédiction linéaire non biaisée), proposée par HENDERSON (1973) consiste à prendre en compte la totalité de l'information disponible sur les candidats à la sélection et l'ensemble de leurs apparentés connus et à estimer simultanément l'ensemble des facteurs de variations identifiés, génétiques et environnementaux, des performances observées (voir par exemple BIDANEL et al., 1990). Elle nécessite donc de spécifier un « modèle de description des données », qui décrit en termes statistiques les différents facteurs de variation des performances. Ainsi, le modèle actuellement utilisé pour l'évaluation génétique des reproducteurs sur la prolificité suppose que les portées successives d'une truie sont des répétitions d'un même caractère (on parle alors de modèle à répétabilité) et inclut les effets du rang de portée, de l'âge à la mise bas intra-rang de portée, du mois de mise bas, de la combinaison « élevage x année x type de fertilisation », du verrat père de la portée, du milieu permanent lié à la truie et de la valeur génétique additive de chaque animal. Lorsque le modèle est correct, les estimations des valeurs génétiques et des différents effets de milieu sont les meilleures estimations possibles de ces effets. En revanche, si un facteur de variation important est négligé, les estimations obtenues peuvent être biaisées. A l'inverse, introduire

inutilement un facteur de variation supplémentaire entraîne une augmentation des variances d'erreurs de prédiction des valeurs génétiques. Dans les deux cas, le classement des animaux peut être modifié et se traduire par une perte d'efficacité de la sélection.

Cet article se propose de présenter l'influence de quelques facteurs de variation de la taille de la portée à la naissance dans les races Large White (LW) et Landrace Français (LF). Les facteurs de variation considérés sont soit des effets actuellement considérés dans le modèle d'évaluation génétique (année, élevage, saison et type de fertilisation), soit de nouveaux facteurs susceptibles d'être pris en compte, à savoir des effets liés à la portée précédente (intervalle entre mises bas, durée de lactation et intervalle sevrage - saillie fécondante), ou à la portée de naissance de la truie (taille et rang de la portée de naissance).

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Origine des données

Les données utilisées dans cette étude proviennent des fichiers servant à l'évaluation génétique des reproducteurs de race LF et LW sur la prolificité, qui rassemblent toutes les portées connues des truies des élevages de sélection et de multiplication nées depuis 1986. Les femelles pour lesquelles le rang et la taille de portée étaient inconnus, ainsi que les portées des truies multipares pour lesquelles la date de sevrage n'était pas renseignée ont été éliminées. En revanche, l'absence, très fréquente, de date de saillie fécondante n'a pas été considérée comme critère d'élimination. Dans ce cas, la date de saillie a été estimée en soustrayant 115 jours à la date de mise bas. Un total de 133622 portées issues de 54522 truies de race LF et 213895 portées issues de 95167 truies de race LW ont finalement été utilisées. La structure des données est présentée dans le tableau 1.

Tableau 1 - Structure, moyenne et écart type des données utilisées

Race	Landrace Français		Large White	
Nombre de portées	133 622		213 895	
Nombre d'animaux	54 422		95 167	
Nombre de truies avec performances	45 573		72 804	
Nombre de pères	3 798		8 653	
Nombre de mères	16 279		31 136	
Nombre d'élevages de sélection	46		96	
Nombre d'élevages de multiplication	150		242	
Statistiques élémentaires	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type
Nés totaux	10,93	3,06	11,35	3,16
Nés vivants	10,27	2,89	10,98	2,99

1.2. Modèles d'analyse

Le modèle actuellement utilisé pour l'évaluation génétique sur la prolificité prend en compte les effets fixes du rang de portée, du mois de mise bas, de la combinaison « élevage x année x type de fertilisation » (ExAxF), les effets aléatoires du verrat père de la portée, de l'environnement permanent de la truie et de la valeur génétique de chaque animal, ainsi que l'âge à la mise bas intra-rang de portée en covariable. Des analyses préliminaires avaient mis en évidence l'existence d'interactions complexes entre les effets élevage, année, saison et type de fertilisation (insémination artificielle ou saillie naturelle). Cependant, la taille trop réduite des cellules « élevage x année x type de fertilisation x saison » (ExAxFxS) avait conduit, suite à un examen approfondi de la structure des interactions, à dissocier les effets ExAxF des effets saisonniers, et à introduire ces derniers, de façon purement additive, sous la forme d'un effet du mois de mise bas.

Une première série d'analyses visait à étudier l'intérêt d'introduire de nouveaux effets fixes dans le modèle, à savoir le rang (RangM) et la taille de la portée de naissance (NtotM), ainsi que l'intervalle entre mises bas (IMBMB) ou deux de ses composantes, la durée de la lactation précédente (DL) et l'intervalle sevrage - saillie fécondante (ISSF). La durée de gestation (DG), considérée dans des analyses préliminaires, n'a pas été prise en compte dans les analyses finales. En effet, les variations de DG sont intimement liées à celles de la taille de la portée, une faible durée de gestation étant d'avantage la conséquence d'une grande taille de portée qu'un facteur de variation de celle-ci.

Une seconde série d'analyses visait à étudier l'intérêt d'un modèle remplaçant les effets fixes de la combinaison ExAxF et du mois de mise bas par un effet aléatoire ExAxFxS, auquel il s'avère nécessaire de rajouter un effet fixe du type de fertilisation. Cette solution permet de prendre en compte les interactions entre les effets saisonniers et les autres com-

posantes de l'effet combiné tout en évitant les problèmes d'estimation liés aux cellules de faible effectif. Dans cette situation, la variance d'erreur de prédiction des valeurs génétiques estimée est plus faible, mais peut être biaisée s'il existe une association entre le génotype des animaux et la distribution des effets ExAxFxS (HENDERSON, 1973). L'intérêt de considérer l'un ou l'autre modèle dépendra donc de l'existence, ou non, de biais dans l'estimation des valeurs génétiques et de l'amélioration des variances d'erreurs de prédiction. Dans certaines situations, un biais limité peut être accepté si il permet de réduire de façon conséquente les variances d'erreurs de prédiction (HENDERSON, 1973).

L'influence des différents facteurs de variation a été étudiée par l'intermédiaire de huit modèles, détaillés dans le tableau 2.

1.3. Critères de comparaison des modèles

Dans la plupart des situations, la qualité d'ajustement aux données constitue le principal critère de comparaison des modèles. Des tests statistiques basés sur les critères d'appréciation de la qualité de l'ajustement (vraisemblance, variance résiduelle,...) fournissent des éléments de décision quant à l'inclusion d'un facteur de variation dans le modèle. Cette approche n'est malheureusement utilisable que lorsque les modèles comparés ne diffèrent que par l'ajout ou le retrait d'un ou plusieurs effets (on parle alors de modèles « emboîtés »). Elle ne permet pas, par exemple, de comparer des modèles prenant en compte soit IMBMB, soit ses deux composantes DL et ISSF. De plus, dans le cas de gros fichiers comme ceux utilisés dans cette étude, les effets du modèle tendent à être systématiquement significatifs, mais peuvent avoir une influence très limitée sur l'évaluation génétique et le classement des reproducteurs.

Deux autres critères de comparaison ont été utilisés afin de tenter de pallier ces insuffisances. Le premier est un critère dit de « validation croisée » (SHAO, 1993 ; ESTANY et

Tableau 2 - Les modèles de description des données comparés

Modèle	Rang	Âge(rang)	ExAxF	Mois	ExAxFxS	TF	IMBMB	DL	ISSF	NtotM	RangM	Verrat	EnvPerm	Animal
1	✓	✓	✓	✓								✓	✓	✓
2	✓	✓	✓	✓				✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
3	✓	✓	✓	✓				✓	✓			✓	✓	✓
4	✓	✓	✓	✓				✓				✓	✓	✓
5	✓	✓	✓	✓					✓			✓	✓	✓
6	✓	✓	✓	✓			✓					✓	✓	✓
7	✓	✓			✓		✓					✓	✓	✓
8	✓	✓			✓	✓	✓					✓	✓	✓

SORENSEN, 1995) qui vise à comparer les modèles sur la base de leur valeur prédictive. En pratique, cette approche consiste à diviser aléatoirement le fichier analysé en deux parties. Les paramètres des différents modèles sont estimés sur le premier « sous - fichier », puis utilisés pour prédire les performances du second « sous - fichier ». Le coefficient de corrélation et le carré moyen des écarts entre les valeurs prédites et les performances réelles (erreur quadratique moyenne) permettent alors d'apprécier la valeur prédictive des modèles (le meilleur sera celui ayant le coefficient de corrélation le plus élevé ou l'erreur quadratique moyenne la plus faible).

Le second critère vise à quantifier l'impact d'un ou plusieurs facteurs de variation sur l'évaluation génétique et le classement des reproducteurs. Si les valeurs génétiques vraies étaient accessibles, il serait aisé de comparer les modèles à partir de corrélations de rang entre les classements des reproducteurs, ou sur la base de la supériorité des animaux sélectionnés. Les valeurs génétiques vraies étant inconnues, elles seront en pratique remplacées par les valeurs génétiques estimées avec un modèle de référence. On utilisera comme modèle de référence dans cette étude celui présentant la meilleure valeur prédictive. Les corrélations de rang entre les valeurs génétiques estimées de même que les pertes de « progrès génétique » par rapport au modèle de référence ont été calculées pour des taux de sélection de 1%, 5% et 30% correspondant à ceux des mâles d'insémination artificielle, des verrats de monte naturelle et des femelles, respectivement.

1.4. Analyses statistiques

L'étude visait à étudier les facteurs de variation du nombre de porcelets nés totaux (NTOT) et nés vivants (NVIV) dans les deux races LW et LF. La distribution des performances et de leurs facteurs de variation étant très similaires dans les deux races et pour les deux caractères (BIDANEL et DUCOS, 1994), l'étude complète n'a été réalisée que pour NTOT en race LF afin de limiter les coûts de calcul. Seuls deux modèles seront étudiés pour NTOT en race LW et pour NVIV dans la race LF de façon à vérifier si les résultats sont transposables au LW et à NVIV.

Les nouveaux facteurs de variation étudiés (IMBMB, ISSF, DL, NtotM, RangM) sont dans un premier temps considérés comme des effets fixes. Une première série d'analyses a été réalisée en ignorant les effets aléatoires des modèles de façon à regrouper certaines classes de faible effectif. Ces regroupements ont été effectués sur la base des effectifs et des moyennes marginales de chaque classe. Ces analyses préliminaires ont été réalisées à l'aide de la procédure GLM du logiciel SAS (SAS INSTITUTE, 1992).

Les composantes de la variance ont ensuite été estimées pour chacun des modèles étudiés par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (REML) à l'aide de la version 3.2 du logiciel VCE (GROENEVELD, 1995). En raison de la grande taille des fichiers analysés, cette estimation a été réalisée indépendamment pour chacun des deux « sous -

fichiers ». Le logiciel PEST (GROENEVELD et KOVAC, 1990) a ensuite été utilisé pour estimer les effets fixes et prédire les effets aléatoires sur l'ensemble du fichier, ainsi que sur le premier « sous - fichier » pour prédire les performances du second « sous - fichier ».

2. RÉSULTATS

Les estimations des différents effets fixes étant pratiquement identiques quel que soit le modèle, leur influence sur la taille de la portée sera présentée dans une première partie. Les résultats relatifs à la comparaison des différents modèles seront présentés par la suite.

2.1. Influence des facteurs de variation de la prolificité

Les estimations des effets fixes présentées sont celles obtenues à partir des modèles 2 (avec DL et ISSF) ou 6 (avec IMBMB). Tous les effets fixes sauf NtotM et RangM apparaissent hautement significatifs ($P < 0.001$) lors des analyses préliminaires. Les analyses réalisées à partir du modèle 2 confirment l'absence d'effet de NtotM et RangM sur NTOT et NVIV dans les deux races. Les variations de NTOT en fonction de DL, ISSF et IMBMB dans les races LF et LW sont présentées sur les figures 1 à 3.

À l'exception des lactations très courtes (< 18 jours), pour lesquelles une diminution assez nette de la taille de la portée est observée dans les deux races (-0,3 porcelet), la taille de la portée augmente légèrement et de façon linéaire en fonction de DL jusqu'à 35 jours de lactation, puis reste stable. Les effets de l'ISSF et de l'IMBMB sont plus complexes. La taille de la portée est sensiblement plus faible chez les truies présentant un ISSF de 7 à 12 jours, avec un minimum à 10 jours, le phénomène étant nettement plus marqué en race LF. Par la suite, l'ISSF a peu d'effet, sauf pour la période 23-26 jours, où un léger accroissement de la taille de la portée est observé. Globalement, la taille de la portée tend

Figure 1 - Effet de la durée de la lactation précédente sur le nombre total de porcelets nés par portée dans les races porcines Landrace Français et Large White

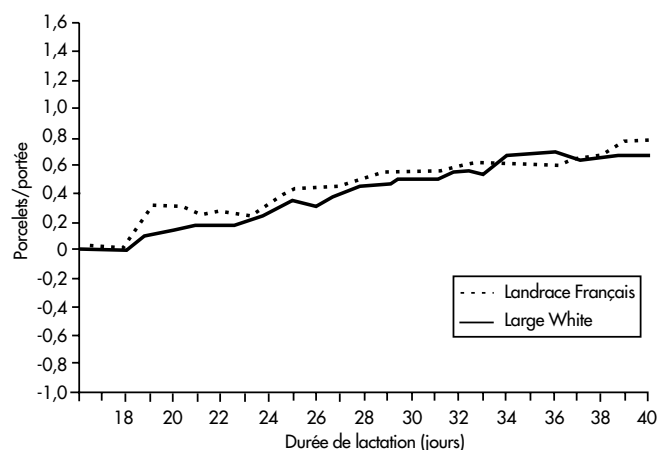


Figure 2 - Effet de l'intervalle entre le sevrage de la portée précédente et la saillie fécondante (ISSF) sur le nombre total de porcelets nés par portée dans les races porcines Landrace Français et Large White

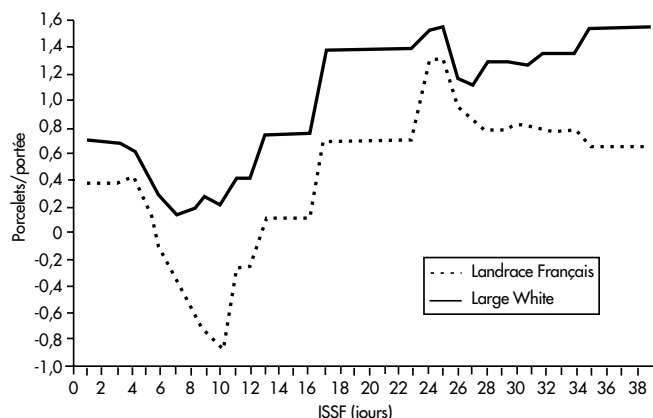
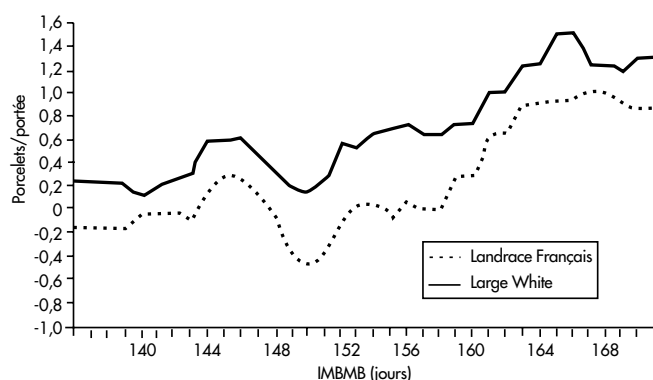


Figure 3 - Effet de l'intervalle entre la mise bas précédente et la mise bas en cours (IMBMB) sur le nombre total de porcelets nés par portée dans les races porcines Landrace Français et Large White



à augmenter avec l'allongement de l'IMBMB jusqu'à 170 jours, puis plafonne. Un décrochement assez net, qui correspond vraisemblablement aux valeurs d'ISSF de 7 à 13 jours, est toutefois observé autour de 150 jours d'IMBMB.

Les variances des effets aléatoires pour les différents modèles étudiés sont présentées dans le tableau 3. Dans l'ensemble, les estimations de variances sont très similaires quel que soit le modèle. On peut toutefois noter une légère augmentation des variances génétiques additives et de l'effet du verrat père de la portée pour les modèles avec effet ExAxFS aléatoire, en particulier en race LW. La variance génétique additive explique environ 10% de la variabilité phénotypique, les effets de milieu permanent de 7 à 8%, la combinaison ExAxFS moins de 2% et l'effet verrat environ 1%.

2.2. Comparaison des modèles

La valeur prédictive des huit modèles comparés figure dans le tableau 4 (p 358). Les modèles avec effet ExAxFS aléatoire présentent soit la moins bonne (modèle 7), soit la meilleure (modèle 8) valeur prédictive. Les modèles avec effets ExAxF et mois de mise bas fixes présentent une valeur prédictive intermédiaire. La comparaison des modèles 2 et 3 montre que l'inclusion de NtotM et RangM influence peu la valeur prédictive. Il en est de même pour la durée de la lactation précédente (modèle 4 vs. modèle 1 ou modèle 3 vs. modèle 5). En revanche, la prise en compte de l'ISSF ou de l'IMBMB améliore sensiblement la valeur prédictive (modèles 5 et 6, respectivement, vs. modèle 1). On peut également noter le meilleur classement du modèle avec IMBMB (modèle 5) par rapport à celui incluant ses composantes (modèle 3).

Les pertes de « progrès génétique » par rapport au modèle 8 sont présentées dans le tableau 5 (p 358). L'utilisation

Tableau 3 - Estimations des composantes de la variance pour les différents modèles étudiés

Modèle	Composantes de variance						% variance phénotypique			
	Résiduelle	ExAxFS	Verrat	Environnement permanent	Génétique additive	phénotypique	ExAxFS	Verrat	c ²	h ²
Landrace Français - Nés totaux										
1	7,265	-	0,071	0,650	0,881	8,866	-	0,008	0,073	0,099
2	7,165	-	0,071	0,644	0,911	8,791	-	0,008	0,073	0,104
3	7,166	-	0,062	0,618	0,901	8,747	-	0,007	0,071	0,103
4	7,275	-	0,071	0,623	0,891	8,861	-	0,008	0,070	0,101
5	7,171	-	0,063	0,657	0,874	8,765	-	0,007	0,075	0,100
6	7,191	-	0,064	0,627	0,917	8,799	-	0,007	0,071	0,104
7	7,092	0,157	0,107	0,681	0,941	8,977	0,017	0,012	0,076	0,105
8	7,138	0,158	0,113	0,628	0,959	9,006	0,018	0,013	0,070	0,106
Landrace Français - Nés vivants										
6	6,561	-	0,056	0,527	0,701	7,845	-	0,007	0,067	0,089
8	6,375	0,136	0,080	0,585	0,713	7,889	0,017	0,010	0,074	0,904
Large White - Nés totaux										
6	7,310	-	0,083	0,866	0,966	9,225	-	0,009	0,094	0,105
8	7,171	0,157	0,178	0,677	1,164	9,347	0,017	0,019	0,079	0,125

Tableau 4 - Valeur prédictive comparée des différents modèles

Modèle	Erreur quadratique moyenne (1)	Corrélation entre les performances et leur prédiction	Classement des modèles
1	8,617	0,304	7
2	8,557	0,315	4
3	8,561	0,314	3
4	8,610	0,306	6
5	8,567	0,312	5
6	8,543	0,317	2
7	8,912	0,282	8
8	8,415	0,331	1

(1) Carré des écarts entre les performances et leur prédiction divisé par le nombre d'observations

Tableau 5 - Pertes de « progrès génétique » (1) par rapport au modèle de référence (modèle 8), pour différentes pressions de sélection

Modèle	Pression de sélection					
	1%		5%		30%	
	en unité d'écart type	en % (2)	en unité d'écart type	en %	en unité d'écart type	en %
1	0,140	5,3	0,109	5,3	0,066	5,7
2	0,133	5,0	0,098	4,8	0,056	4,8
3	0,133	5,0	0,098	4,8	0,056	4,8
4	0,139	5,2	0,107	5,2	0,064	5,5
5	0,134	5,0	0,100	4,8	0,057	4,8
6	0,132	4,9	0,097	4,7	0,054	4,7
7	0,037	1,4	0,003	0,0	0,002	0,0

(1) Différence entre les moyennes de valeurs génétiques estimées (VGE) des animaux sélectionnés par rapport au modèle de référence ; les VGE sont celles du modèle de référence.

(2) En pourcentage de la moyenne des valeurs génétiques des animaux sélectionnés estimées à partir du modèle de référence

d'un effet $ExAxFxS$ aléatoire se traduit par des modifications de classement non négligeables par rapport aux modèles à effets fixes, qui entraînent des « pertes » de 5 à 6 %. On peut également noter que les écarts intra - type de modèle (fixe vs. aléatoire) sont beaucoup plus faibles.

3. DISCUSSION

3.1. Méthodologie

L'utilisation des méthodologies du REML et du BLUP appliquées à un modèle animal permet d'obtenir des estimations plus précises et moins biaisées par les effets de la sélection que les méthodes basées sur les modèles linéaires à effets fixes. Leurs propriétés asymptotiques ne sont toutefois vérifiées que si le modèle inclut l'ensemble des facteurs de variation importants du caractère étudié. Dans le cas présent, si l'on peut penser que les principaux facteurs de variation du milieu sont pris en compte, des améliorations sont encore possibles sur le plan des effets génétiques. La

prise en compte des effets de dominance constituerait ainsi une amélioration notable du modèle de description des données.

Comme discuté ci-dessus, la qualité de l'ajustement d'un modèle aux données ne constitue pas un critère de choix totalement satisfaisant. Les deux autres approches considérées dans cette étude, bien qu'imparfaites, fournissent un certain nombre d'informations complémentaires permettant d'affiner le choix du modèle utilisé pour l'évaluation génétique. En particulier, la valeur prédictive semble relativement attractive pour juger de la pertinence de modèles d'évaluation génétique. Ceci étant, le critère utilisé dans cette étude, à savoir la qualité de la prédiction de valeurs phénotypiques, tout à fait pertinent lorsque l'objectif est de prédire des performances futures, n'est peut être pas optimal lorsqu'il s'agit de prédire des valeurs génétiques additives. De plus, la scission du fichier de données en deux sous-ensembles de taille équivalente ne constitue probablement pas une stratégie optimale. Elle peut en effet conduire à des estimations biaisées des effets du modèle, dans la mesure où

l'ensemble des données ayant servi à la sélection ne sont pas présentes dans chaque « sous - fichier ». Toutefois, les estimations très similaires des paramètres dans les deux « sous - fichiers » et dans le fichier global tendent à indiquer une absence de biais. La scission du fichier de données entraîne également une réduction de la taille des cellules, et peut ainsi favoriser artificiellement les modèles à effets aléatoires (FREY et al., 1996). Une meilleure stratégie, malheureusement extrêmement coûteuse sur le plan informatique, consisterait à extraire à plusieurs reprises un nombre limité de données du fichier d'analyse et à les prédire à partir de l'ensemble des données restantes. Ceci étant, l'approche utilisée a permis de comparer entre eux des modèles non « emboîtés » et, dans une certaine mesure, de quantifier les écarts entre modèles. De plus, la hiérarchie des modèles reste la même pour les deux races et les deux caractères étudiés (BEAUVOIS, 1996), ainsi qu'après rééchantillonnage des données.

L'estimation des corrélations de rang et des pertes de « progrès génétique » par rapport à un modèle de référence fournit également des informations utiles. Dans le cas de modèles « emboîtés », les pertes liées à la non prise en compte de chaque effet peuvent ainsi être quantifiées. Pour des modèles non emboîtés, les conclusions sont en revanche plus délicates dans la mesure où le choix, crucial, du modèle de référence n'est guère évident. Cette méthode permet néanmoins d'apprécier de façon relative les conséquences du choix de l'un ou l'autre des modèles comparés.

3.2. Résultats

Les résultats de cette étude permettent de quantifier les effets de plusieurs facteurs de variation de la taille de la portée à la naissance et d'apporter quelques améliorations au modèle utilisé pour l'évaluation génétique des races LF et LW sur la prolificité. Elle confirme chez des truies de race pure les résultats d'AUMAÎTRE et DAGORN (1982), DAGORN et al. (1984) et DAGORN et al. (1996) quant à l'effet des performances de la portée précédente sur la taille de la portée. L'effet défavorable des faibles durées d'allaitement est toutefois inférieur aux valeurs rapportées par ces auteurs ou par CLARK et LEMAN (1986). Les effets de ISSF sont globalement en accord avec les résultats de DAGORN et al. (1984) et DEWEY et al. (1994). Rappelons toutefois que, malgré l'effet favorable d'une saillie au second oestrus sur la prolificité, l'optimum économique est clairement établi pour une saillie au premier oestrus (DAGORN et al., 1984).

L'absence d'effet de NtotM et RangM sur la prolificité est en accord avec les résultats de KIRKPATRICK et RUTLEDGE (1988) et HERMENT (1993), mais contredit ceux obtenus dans plusieurs études nord-américaines anciennes (voir la revue de VAN DER STEEN, 1985a), par VAN DER STEEN

(1985b) ou LE ROY et al. (1987). L'absence d'effet défavorable de NtotM dans les études récentes s'explique vraisemblablement en partie par la diminution de la durée d'allaitement, l'amélioration des conditions d'élevage et d'alimentation des jeunes porcelets et un recours plus fréquent à l'adoption entre portées.

Sur le plan du choix du modèle d'évaluation génétique, les résultats démontrent l'intérêt de considérer les caractéristiques de la portée précédente, même si leur impact sur le classement des reproducteurs est relativement modéré. Sur ce plan, il semble plus judicieux d'intégrer l'effet de l'IMBMB plutôt que ses composantes (DL, ISSF) dans le modèle de description des données. Cette solution permet en effet d'obtenir une meilleure valeur prédictive et utilise des informations (dates de mise bas) d'ores et déjà renseignées de façon systématique dans les fichiers d'évaluation génétique.

En revanche, le choix d'un modèle pour les effets élevage, année, saison et type de fertilisation apparaît plus délicat. Les résultats d'ESTANY et SORENSEN (1995), de FREY et al. (1996) et de la présente étude mettent certes en évidence la meilleure valeur prédictive d'un modèle à effet ExAxFxS aléatoire. De plus, l'examen des liaisons entre valeurs génétiques estimées sur les « sous - fichiers » et le fichier complet, ainsi qu'entre les valeurs génétiques estimées et les effets élevage ou ExAxFxS militent en faveur de l'absence de biais marqué lié à l'utilisation de ce modèle. Cependant, l'avantage du modèle aléatoire en terme de valeur prédictive étant vraisemblablement surestimé (voir ci-dessus) et la taille des élevages de sélection et de multiplication tendant à augmenter, son utilisation ne peut être conseillée avant un examen plus approfondi de ses avantages et de ses inconvénients.

CONCLUSION

Cette étude a permis de préciser l'influence de divers facteurs de variation de la prolificité des truies. Si les effets de la taille et du rang de portée de naissance apparaissent réduits, ceux des caractéristiques de la portée précédente sont notables et ne peuvent être ignorés dans le cadre de l'évaluation génétique des races Large White et Landrace Français sur la prolificité. En pratique, la meilleure façon de les prendre en compte consiste à intégrer l'effet de l'intervalle entre mises bas comme effet fixe dans le modèle de description des données.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient Hervé GARREAU et Thierry TRIBOUT pour la fourniture des fichiers de données.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- AUMAÎTRE A., DAGORN J., 1982. *Ann. Zootech.*, 31, 431-444.
- BEAUVOIS E., 1996. Mémoire de fin d'études, E.N.I.T.A. de Bordeaux, 65p.
- BIDANEL J.P., DUCOS A., 1994. *Journées Rech. Porcine en France*, 26, 321-326.
- BIDANEL J.P., DUCROCQ V., OLLIVIER L., 1990. *Journées Rech. Porcine en France*, 22, 1-10.
- CLARK L.K., LEMAN A.D., 1986. *Pig News and Information*, 7, 303-310.
- DAGORN J., SAULNIER J., GREAU P., 1984. *Journées Rech. Porcine en France*, 16, 145-152.
- DAGORN J., LE COZLER Y., AUMAÎTRE A., 1996. *Journées Rech. Porcine en France*, 28, 287-294.
- DEWEY C.E., WAYNE MARTIN S., FRIENDSHIP R.H., WILSON M.R., 1994. *Prevent. Vet. Med.*, 18, 213-223.
- ESTANY J., SORENSEN D., 1995. *Animal Science*, 60, 315-324.
- FREY M., HOFER A., KÜNZI N., 1996. *Livest. Prod Sci.*, sous-presse.
- GROENEVELD E., 1995. 46th Annual Meeting of the E.A.A.P., September 4-7, Prague, Czech Republic, 6p.
- GROENEVELD E., KOVAC M., 1990. *J. Dairy Sci.*, 73, 513-531.
- HENDERSON C.R., 1973. In : *Proc. Anim. Breed. Genet. Symp. in Honor of Dr. J.L. Lush, ASAS and ADSA*, Champaign, Illinois, pp 10-41.
- HERMENT A., 1993. Mémoire de fin d'études, E.N.I.T.A. de Bordeaux, 85p.
- KIRKPATRICK B.W., RUTLEDGE J.J., 1988. *J. Anim. Sci.*, 66, 2530-2537.
- LEGAULT C., GRUAND J., 1976. *Journées Rech. Porcine en France*, 8, 201-212.
- LE ROY P., LEGAULT C., GRUAND J., OLLIVIER L., 1987. *Journées Rech. Porcine en France*, 19, 55-62.
- SAS INSTITUTE, 1992. *S.A.S./STAT User's Guide : statistics*. S.A.S., Inst., Inc., Cary, NC.
- SHAO S., 1993. *Journal of the American Statistical Association*, 88, 486-494.
- VAN DER STEEN H.A.M., 1985a. *Livest. Prod. Sci.*, 13, 147-158.
- VAN DER STEEN H.A.M., 1985b. *Livest. Prod. Sci.*, 13, 159-168.