

Construction d'un modèle de simulation des performances zootechniques et des rejets azotés d'une bande de porcs charcutiers

B. MONTEL (1), J. VAN MILGEN (2), F. PABOEUF (3), J.Y. DOURMAD (2)

(1) I.N.A. - P.G., CEREOPA - 16 rue Claude Bernard - 75231 Cedex 05

(2) INRA, Station de Recherches Porcines - 35590 Saint-Gilles

(3) Chambre d'Agriculture des Côtes d'Armor, Service Recherche et Production
BP 540, 22195 Plérin Cedex

Construction d'un modèle de simulation des performances zootechniques et des rejets azotés d'une bande de porcs charcutiers

Les éleveurs de porcs sont aujourd'hui confrontés à des impératifs multiples, en particulier maintenir les performances zootechniques de leur élevage et réduire la charge en azote produite sur leur exploitation. Ce dernier point nécessite des changements de pratique qu'il est nécessaire d'évaluer sous les angles zootechnique et environnemental.

Pour cela, nous proposons un modèle de simulation des performances zootechniques (GMQ, Poids vif à l'abattage, Indice de concommation, taux de viande maigre) et des rejets azotés (urinaires et fécaux) d'une bande de porcs charcutiers. Ce modèle est construit par agrégation de modèles élémentaires: les modules "animal". Un module "animal" correspond à un modèle de croissance protéique utilisant une fonction de Gompertz dont les paramètres ont été validés pour le contexte de l'élevage porcin conventionnel breton. Les rejets azotés sont calculés selon un bilan "azote ingéré - azote fixé". Afin de considérer la variabilité des animaux au sein d'une bande, nous proposons une différenciation des paramètres de Gompertz à la fois, selon le sexe mais aussi selon le potentiel génétique des animaux. La méthode d'agrégation intègre aussi les pratiques d'allotement mises en œuvre par l'éleveur, ce qui suppose un travail conjoint avec celui-ci.

Cette prise en compte de la variabilité intra-bande devrait nous permettre de simuler l'effet de divers niveaux d'allotement, relayés par différents programmes alimentaires, sur les rejets azotés.

A model was constructed to simulate animal performance and N excretion of a batch of growing/finishing pigs

At the present time pig producers are faced with numerous challenges. They have to maintain animal performance while reducing the nitrogen output by the farm. The latter point requires changes in rearing practices and it is necessary to be able to assess these changes from both a technical and environmental point of view.

Therefore, we propose a model to simulate animal performance (ADG, liveweight at slaughter, feed efficiency, lean meat %) and nitrogen excretion (both in urine and in faeces) of a group of pigs. This model is built by grouping together several simple models. One of the simple models used was an animal protein growth model using a Gompertz function the parameters of which have been validated for conventional pig farms in Brittany. Nitrogen excretion was calculated as the difference between nitrogen intake and nitrogen retention. In order to consider the variability within a group of pigs, we used different values for Gompertz parameters depending on sex and on genetic potential. The integrated method also includes the present practice implemented by the pig farmer of grouping together animals. This required good co-operation with the farmer.

By taking into account the variability within the group we should be able to simulate the effects of different grouping systems, with adapted feeding programs, for nitrogen excretion.

INTRODUCTION

Les éleveurs de porcs sont aujourd'hui confrontés à des impératifs multiples, en particulier maintenir les performances zootechniques de leur élevage et réduire la charge en azote produite sur leur exploitation. Cela suppose, éventuellement, des changements de pratiques d'élevage, notamment d'alimentation (LATIMIER et al, 1993 ; CHAUVEL et GRANIER, 1996). Il existe donc un besoin pour des outils d'aide à la décision permettant d'introduire la dimension " environnement " (ici les rejets azotés) dans la conduite d'élevage.

Nous nous proposons de construire un modèle permettant de simuler l'effet de certaines pratiques sur les performances zootechniques et les rejets azotés d'une bande de porcs charcutiers (l'engraissement représente environ 70% des rejets azotés dans un élevage naisseur-engraisseur). Le modèle de la bande sera construit par agrégation de modules élémentaires " porc charcutier " qui sont fondés sur un modèle de croissance protéique du porc à l'engrais. Le choix de l'agrégation est justifié par la volonté de considérer au mieux la variabilité des animaux au sein d'une bande. La prise en compte de cette variabilité devrait permettre d'affiner les programmes alimentaires en constituant des groupes d'animaux aux besoins plus homogènes.

Après avoir présenté l'élaboration, et la validation, du module " porc charcutier ", nous décrirons la méthode d'agrégation que nous avons retenue.

1. ÉLÉMENTS GÉNÉRAUX DE LA CONSTRUCTION DU MODULE " PORC CHARCUTIER "

Le modèle retenu est un modèle mécaniste dynamique à compartiments. Le moteur du modèle est la quantité d'aliment ingérée. Elle détermine la quantité d'azote ingérée qui va être utilisée pour la croissance et l'entretien de l'animal avec une certaine efficacité qui va engendrer des pertes plus ou moins importantes d'azote, soit sous forme fécale, soit sous forme urinaire. Cette efficacité d'utilisation est conditionnée par le potentiel génétique de l'animal, son poids vif (PV), par la nature des protéines alimentaires (digestible ou non), l'équilibre en acides aminés (concept de protéines idéales) et l'énergie métabolisable disponible pour la synthèse protéique. Le pas de temps retenu pour le modèle est la journée et ce pour plusieurs raisons : l'alimentation est gérée à la journée, ce pas de temps permet l'agrégation vers des échelles de temps plus large (semaine, mois, bande), de nombreux modèles disponibles dans la littérature ont adopté ce même pas de temps là.

Ce modèle doit utiliser, essentiellement et prioritairement, les informations couramment disponibles dans un élevage (étiquettes d'aliment, factures d'abattage, données GTE-GTTT), en raison de son objectif. En outre, les rejets azotés doivent être répartis entre rejets fécaux et rejets urinaires en raison de leur différence de comportement agronomique. Les paramètres du modèle doivent éventuellement être ajustés pour être valides dans le contexte breton (aliment type, génotypes).

2. ÉLABORATION DU SYSTÈME D'ÉQUATIONS

2.1. De l'azote ingéré à l'azote utilisable pour la croissance

2.1.1. Calcul de la quantité d'aliment ingérée ($Q_{alim_{ing}}$)

La quantité d'aliments ingérée est déterminée par le minimum de la capacité d'ingestion volontaire de l'animal (Ing_{vol}) et de la quantité totale d'aliment offerte ($Q_{alim_{off}}$)

$$Q_{alim_{ing}}(t) = \min[Ing_{vol}(t) ; Q_{alim_{off}}(t)] \quad \text{en kg} \quad (1)$$

où la capacité d'ingestion est donnée par l'équation suivante (POMAR et al, 1991) qui se fonde sur l'énergie digestible des aliments (EDa) :

$$Ing_{vol}(t) = \frac{1}{EDa} \times 55,07 \times (1 - e^{-0.0176 \times PV(t)}) \quad \text{en kg} \quad (2)$$

2.1.2. Calcul de la quantité de protéines brutes ingérées ($Prot_{Brut_{ing}}$)

Elle est déterminée par la quantité d'aliment ingérée et la teneur en protéines brutes de l'aliment.

$$Prot_{Brut_{ing}}(t) = \%Prot_{Brut} \times Q_{alim_{ing}}(t) \quad \text{en kg} \quad (3)$$

2.1.3. Calcul de l'azote excrété sous forme fécale

L'azote excrété sous forme fécale provient de la fraction protéique indigestible, mais aussi de l'azote contenu dans les constituants non protéique des aliments et de celui d'origine endogène. Cela nous est donné par la valeur de digestibilité apparente des protéines ($digest_{prot}$).

$$Prot_{fec}(t) = (1 - digest_{prot}) \times Prot_{ing}(t) \quad \text{en kg} \quad (4)$$

2.1.4. Calcul de l'azote protéique disponible pour le métabolisme

La fraction digestible des protéines brutes ingérées va alimenter le compartiment d'azote protéique disponible pour le métabolisme de l'animal.

$$Prot_{dispo}(t) = digest_{prot} \times Prot_{ing}(t) \quad \text{en kg} \quad (5)$$

Cet azote protéique disponible pour le métabolisme va être prioritairement utilisé pour la synthèse protéique permettant 1) l'entretien et 2) la croissance des tissus protéiques. De plus, nous ferons l'hypothèse que le métabolisme protéique est aussi prioritaire pour l'utilisation de l'énergie chez l'animal en croissance (QUINIOU et al, 1996).

L'efficacité d'utilisation de cet azote protéique disponible va dépendre, que ce soit pour l'entretien ou que ce soit pour la croissance, de l'équilibre du profil en acides aminés des protéines digérées - concept de protéine idéale (HENRY, 1993) - et de l'énergie métabolisable disponible.

Compte tenu des informations disponibles sur les étiquettes d'aliments, nous ne prendrons en considération que l'effet limitant de la lysine. La lysine est d'ailleurs le premier acide aminé limitant dans le contexte alimentaire breton actuel - aliment à base de céréales - mais il faut noter ici que l'effet PSC (Produit de substitution des céréales) est toujours possible. L'hypothèse sera faite de l'équivalence entre la protéine idéale pour l'entretien et celle pour la croissance, (POMAR et al, 1991) ; même si cela est discutable (SÈVE, 1994).

En outre, nous devons calculer la densité énergétique (EMa en MJ/kg) de l'aliment consommé. Pour cela, nous utiliserons les équations de NOBLET et al (1989) où les constituants de l'aliment sont exprimés en g/kgMS et en kcal/kgMS :

$$EMa = 1.00 \times EDa - 0.75 \times ProtBrut$$

$$EMa = 4293 - 12,99 \times CdB + 1,0 \times ProtBrut + 3,28 \times MGB - 5,41 \times CB$$

CdB : cendres brutes, *MGB* : matières grasses brutes et *CB* : cellulose brute

d'où :

$$EM_{ing}(t) = \frac{EMa}{238,92} \times Qalim_{ing}(t) \quad \text{en MJ} \quad (6)$$

2.2. Azote et croissance

2.2.1. Calcul de l'azote protéique utilisable pour le métabolisme protéique (effet limitant de la lysine)

prot_id est le coefficient traduisant l'effet limitant de la lysine :

$$prot_id = \frac{Ly\ sine_{al}(g/kg)}{Pr\ otBrut_{al}(g/kg)} \times \frac{1}{0,07} \quad (7)$$

d'après WHITTEMORE (1983) sous l'hypothèse qu'il n'y pas de déséquilibre parmi les acides aminés dû à un excès, et que la composition en lysine des protéines corporelles est de 7%.

$$Prot_{util}(t) = prot_id \times Prot_{dispo} \quad \text{en kg} \quad (8)$$

2.2.2. Calcul de l'azote protéique utilisable pour la croissance protéique

Les protéines potentiellement utilisables pour la croissance se déduiront des protéines utilisables pour le métabolisme protéique et de celles nécessaires pour l'entretien. L'efficacité de l'utilisation des protéines va dépendre de la disponibilité en énergie métabolisable, et du potentiel de fixation protéique de l'animal.

VAN MILGEN (1999) propose de considérer cette efficacité par rapport au potentiel théorique de fixation protéique (PD_{max}) selon l'équation suivante :

si $EM < F EM_m$

$$ProtD = PD_{max} \times \frac{(2FEM_m - E_m - EM_m)(EM - EM_m)}{EM_m^2 (F-1)^2} \quad (MJ/j) \quad (9)$$

si $EM \geq F EM_m$

$$ProtD = PD_{max} \quad (MJ/j) \quad (10)$$

Pour obtenir la valeur du dépôt protéique en kilogramme par jour, nous utiliserons la valeur en énergie brute d'un kilogramme de protéines, à savoir 23.7 MJ/kg (WHITTEMORE, 1983).

F est un paramètre donnant le niveau d'ingestion d'énergie métabolisable nécessaire pour atteindre le PD_{max} sous forme d'un multiple des besoins en énergie métabolisable pour l'entretien.

$$F = F(100)_i + dF_i(100-PV)$$

où *i* définit un groupe d'animaux (sexe, âge, génotype).

Les besoins d'entretien en énergie métabolisable (EM_m) sont donnés par (VAN MILGEN, 1999) :

$$EM_m = 0,849 \times PV^{0,6} \quad \text{en MJ} \quad (11)$$

2.2.3. Calcul du potentiel de rétention protéique quotidien

La fixation effective de l'azote protéique pour la croissance va être aussi déterminée par le potentiel de rétention protéique, $Prot_{pot_croiss}(t)$ qui est un caractère intrinsèque de l'animal (THOMPSON et al, 1996 ; POMAR et al, 1991).

Ce potentiel est donné par une fonction de Gompertz (VAN MILGEN, 1999) :

$$Prot_{pot_croiss}(t) = Prot_{pot_croiss}(100) \times \frac{\exp\left\{-50xB - \ln\left\{\frac{Prot_{pot_croiss}(150)}{Prot_{pot_croiss}(100)}\right\}\right\} + \left\{50xB + \ln\left\{\frac{Prot_{pot_croiss}(150)}{Prot_{pot_croiss}(100)}\right\}\right\} \exp\{Bx(100-t)\}}{\exp\{Bx(100-t)\} + \exp\{-50xB\} - 1} \quad \text{en kg/j} \quad (12)$$

où *t* est l'âge des animaux, $Prot_{pot_croiss}(100)$ et $Prot_{pot_croiss}(150)$ sont les potentiels de fixation protéique à 100 et 150 jours et *B* le paramètre de croissance de la formule de Gompertz.

Pour notre modèle, nous retiendrons des valeurs un peu inférieures à celles proposées par VAN MILGEN (1999). Nous faisons l'hypothèse que le potentiel génétique des animaux dans les élevages est un peu moins bon, en moyenne, que celui des animaux sur lesquels ont eu lieu ces expérimentations (QUINIOU et al, 1995 et 1996). Les valeurs retenues ont été estimées à partir d'un essai mené à Crécom en 1997 ($B=0,0115$; $Prot_{pot_croiss}(100)=160$ g/j et $Prot_{pot_croiss}(150)=150$ g/j pour les mâles entiers, 130 g/j pour les autres animaux).

2.2.4. Calcul des besoins en azote protéique pour l'entretien

Les besoins en azote protéique pour l'entretien sont obtenus, d'après POMAR et al (1991), selon l'équation suivante :

$$\text{Prot}_{\text{ent}}(t) = 0,00595 \times \text{Prot}_{\text{corp}}(t)^{0,75} \quad \text{en kg} \quad (13)$$

2.2.5. Calcul de la masse protéique et du poids vif

La quantité de protéines fixées pour la croissance sera donnée par :

$$\text{Prot}_{\text{croiss}}(t) = \min [(\text{Prot}_{\text{util}} - \text{Prot}_{\text{ent}}) ; \text{ProtD} ; \text{Prot}_{\text{pot_croiss}}] \quad (14)$$

Pour calculer la masse protéique nous utiliserons l'équation suivante :

$$\text{Prot}_{\text{corp}}(t) = \text{Prot}_{\text{corp}}(t-1) + \text{Prot}_{\text{croiss}}(t) \quad (15)$$

où t représente la fin de la journée t et $(t-1)$ le début de la journée t .

Le poids vif sera déduit de la fonction allométrique suivante :

$$\text{Prot}_{\text{corp}}(t) = A \times \text{PV}_{\text{vide}}(t)^B \quad (16)$$

$$\text{De plus : } \text{PV}(t) = 0,915 \times \text{PV}_{\text{vide}}(t)^{1,009} \quad R^2=0,998 \quad (17)$$

D'où :

$$\text{PV}(t) = \left[\frac{1}{0,915} \times \left(\frac{\text{Prot}_{\text{corp}}(t)}{A} \right)^{\frac{1}{B}} \right]^{\frac{1}{1,009}} \quad \text{en kg} \quad (18)$$

Les coefficients allométriques A et B sont repris des travaux de DOURMAD et al (1992).

2.2.6. Calcul de l'azote urinaire

L'azote excrété sous forme urinaire est déterminé sur la base d'un bilan.

$$\text{N}_{\text{prot}_{\text{uri}}} = \text{N}_{\text{prot}_{\text{ing}}} - \text{N}_{\text{prot}_{\text{croiss}}} - \text{N}_{\text{prot}_{\text{fec}}} \quad \text{en kg} \quad (19)$$

3. CONCERNANT LES LIPIDES ET LA VIANDE MAIGRE

3.1. La viande maigre

Pour prédire la masse de viande maigre de l'animal, nous utiliserons le modèle de QUINIOU et NOBLET (1995) :

$$\text{VM} = \left\{ 13,69 - 39,15 \times \frac{\text{Visc}}{\text{PVV}} \right\} \text{Prot}_{\text{corp}}^{0,91} + \left\{ -2,57 + 13,36 \times \frac{\text{Visc}}{\text{PVV}} \right\} \text{Lip}^{0,9} \quad (20)$$

$$\text{où Visc} = [0,407 + 0,0003 \times \text{Visc}(95)] \times \text{PVV}^{0,71} \quad (21)$$

avec $\text{Visc}(95)$, poids des viscères à 95 kg de Poids vif, estimé à 12kg pour les génotypes conventionnels.

3.2. Les lipides

Nous devons donc disposer de la masse lipidique de l'animal. Pour cela nous utiliserons l'équation proposée par VAN MILGEN (1999) pour calculer le dépôt lipidique journalier :

$$\text{LipD} = \left\{ \text{EM} - \text{EM}_m \frac{\text{PD}}{\text{K}_p} \right\} \text{K}_f \times \frac{1}{39,6} \quad (\text{kg/j}) \quad (22)$$

où 39,6 MJ/kg est la valeur énergétique des lipides (WHITTEMORE, 1983),

où k_p et k_f sont respectivement les coefficients d'efficacité énergétique des synthèses protéiques et lipidiques dont les valeurs, dans notre cas, sont 0,520 et 0,756.

La masse lipidique initiale est donnée par une relation allométrique :

$$\text{Lip}_{\text{corp}}(0) = A \times \text{PVv}(0)^B$$

avec pour les coefficients les valeurs proposées par WHITTEMORE et al (1988).

On aura finalement :

$$\text{Lip}(t) = \text{Lip}(t-1) + \text{LipD}(t) \quad \text{en kg} \quad (23)$$

4. VALIDATION

4.1. Données de validation

Afin de valider le modèle, nous utiliserons des données issues d'une expérimentation réalisée à la ferme expérimentale de Crécom (Chambre d'Agriculture des Côtes-d'Armor) en 1997 et 1998 (PABOEUF, 1999).

4.2. Résultats

4.2.1. Validation

Nous effectuerons la validation du modèle sur la variable poids vif qui dans notre modèle est une résultante du métabolisme protéique (utilisation d'une relation allométrique). Le modèle tend à surestimer le poids vif des animaux. L'erreur de prédiction demeure importante lors de simulations individuelles ($\text{PV}_{\text{observé}} = 0,4443 \cdot \text{PV}_{\text{prédit}} + 59,454$; $R^2=0,3413$; 60 individus). Lorsque l'on simule la croissance de l'individu moyen d'un groupe de porcs, on constate que la prédiction est meilleure ($\text{PV}_{\text{observé}} = 0,6221 \cdot \text{PV}_{\text{prédit}} + 39,481$; $R^2=0,6953$; 12 individus), l'observé étant la moyenne des valeurs individuelles du groupe.

On peut aussi vérifier la validité en comparant les matrices de corrélation des données observées et des données prévues.

4.2.2. Correction des paramètres de Gompertz

Nous avons été amené à corriger à la baisse les paramètres de Gompertz pour les femelles car nous avons constaté en

simulant l'individu moyen de l'essai Crécom 98 (régime 2) une différence plus importante entre mâles et femelles.

La correction a été réalisée de la manière suivante : paramètres inchangés pour les mâles castrés ; pour les femelles itération de plusieurs simulations en faisant varier $Prot_{pot_croiss}(100)$ et $Prot_{pot_croiss}(150)$, leur différentiel étant constant. Sur cette base, nous proposons les valeurs suivantes pour les femelles : $Prot_{pot_croiss}(100)=155$ g/j et $Prot_{pot_croiss}(150)=125$ g/j.

En reprenant, avec les nouveaux paramètres, les simulations sur les individus moyens par bloc, on constate que les résultats ne sont pas sensiblement différents. Néanmoins, on peut

noter une légère amélioration car l'ensemble des points se rapprochent de la première bissectrice (figure 1).

5. DU PORC À LA BANDE : UNE MÉTHODE D'AGRÉGATION

Maintenant que nous avons constitué notre module animal, il faut pouvoir passer à la bande. Pour cela, nous nous intéresserons dans un premier temps à la variabilité des animaux à l'intérieur d'une même bande. Nous définirons une bande de porcs charcutiers comme un ensemble d'animaux nés d'une même bande de truie, i.e. ayant mis bas au même moment.

5.1. Approche de la variabilité intra-bande

Pour étudier la variabilité intra-bande, nous utiliserons les données issues de trois des expérimentations conduites à Crécom (tous sexes confondus, tous régimes confondus) (tableau 1).

Si l'on décompose chaque essai entre les différents blocs d'animaux et leur sexe (soit 5 animaux par échantillon et 18 échantillons), on peut constater, en regardant les écarts types obtenus (tableau 2), que :

- La variabilité du poids vif final n'est pas corrélée à celle du poids vif initial, ni à celle de la durée de présence.
- La variabilité du TVM n'est pas expliquée par la variabilité du GMQ, ni du poids vif, ni de la durée de présence.
- La variabilité du poids vif à l'abattage est bien expliquée par la variabilité du GMQ.

Figure 1 - Poids vif (kg). Validation du modèle sur individu moyen avec paramètres de Gompertz corrigés

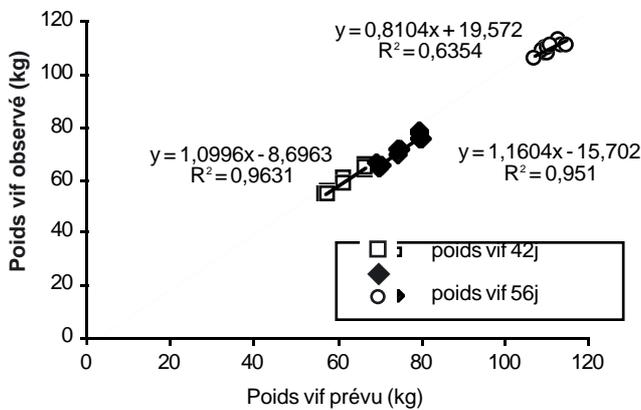


Tableau 1 - Mise en évidence de la variabilité au sein d'une bande, écart-type (EC) de quelques variables mesurées lors des expérimentations de Crécom

Essai	Nombre d'animaux	EC poids vif initial (1)	EC poids vif abattage (1)	EC GMQ (1)	EC TVM (1)	EC durée d'engrais (1)
Cz97	108	2,8 (10)	4,4 (4)	65 (8)	2,8 (5)	9 (9)
R97	108	2,6 (9)	5,3 (5)	79 (9)	3,4 (6)	9,6 (10)
P98	120	2,8 (10)	3,5 (3)	48 (6)	2,3 (4)	8,4 (8)

(1) % variation par rapport à la moyenne

Tableau 2 - Résultat de régression linéaire entre différents écarts types (EC) (18 échantillons, 5 animaux par échantillon)

Y	X	Équation de régression	R^2
EC PAB	EC Durée	$Y=0,1512x+3,2275$	0,0518
EC PAB	EC PO	$Y=0,9718x+3,2946$	0,0415
EC PAB	EC GMQ	$Y=0,0556+0,9794$	0,6083
EC TVM	EC Durée	$Y=0,1738x+1,1236$	0,223
EC TVM	EC GMQ	$Y=0,0184x+1,2049$	0,2167
EC TVM	EC PAB	$Y=0,0341x+2,1366$	0,0038

Tableau 3 - Paramètre de Gompertz. Propositions pour prendre en compte la variabilité des animaux

	Inférieur (Gomp_Inf)		Moyen (Gomp_Moy)		Supérieur (Gomp_Sup)	
	mc	f	mc	f	mc	f
Prot_{pot_croiss}(100)	153	145	160	155	167	160
Prot_{pot_croiss}(150)	123	115	130	125	137	130

5.2. Passage à la bande : comment prendre en compte cette variabilité ?

Au niveau du modèle animal, nous pouvons agir, pour un animal donné (génotype et sexe), sur l'âge à l'entrée en engraissement, sur la durée de présence ainsi que sur les paramètres du modèle de Gompertz (Gomp) de l'équation 14. Au regard de ce qui précède, la variabilité est due à des paramètres internes de l'animal. Aussi, nous devons chercher à construire la variabilité des paramètres de Gompertz.

5.2.1. Paramètres de Gompertz et variabilité

Nous poserons, en accord avec la littérature (VAN MILGEN, 1999) que B est relativement stable et nous conserverons la valeur de 0.0115. Pour ce qui est de Prot_{pot_croiss}(100) et Prot_{pot_croiss}(150), nous déterminerons trois valeurs pour chaque sexe, une inférieure, une moyenne et une supérieure. Pour cela, nous chercherons à atteindre PAB-EC et PAB+EC (tableau 3) pour un individu moyen (P0 = 29 kg, âge initial=67j) engraisé pendant une durée moyenne (99j), avec un aliment moyen (moyenne établie sur la base des trois essais menés à Crécom).

La bande est une unité de gestion pour l'éleveur. Aussi ce dernier peut avoir intégré la variabilité des animaux à travers des pratiques d'allotement, notamment. Néanmoins pour certaines raisons (sanitaires en particulier) l'éleveur ne va pas alloter ses animaux. En règle générale, ces pratiques fournissent le poids moyen des lots à l'entrée en engraissement.

5.2.2. Cas 1 : aucune pratique d'allotement

Dans ce cas, on pourra éventuellement connaître un poids vif initial moyen. A partir de là, il nous faut affecter à une classe d'animaux les paramètres de Gompertz inférieurs (Gomp_Inf), à une autre les paramètres moyens (Gomp_moy) et enfin à la dernière les paramètres supérieurs (Gomp_sup).

Nous pouvons procéder de deux manières :

- soit l'éleveur ne peut pas évaluer de manière satisfaisante la proportion d'animaux correspondants à chaque classe, auquel cas nous retiendrons la répartition suivante : 10% des animaux seront représentés par Gomp_Inf, 80% par Gomp_moy et 10% par Gomp_sup.
- soit il peut le faire et alors nous pourrions adopter les proportions qu'il propose.

5.2.3. Cas 2 : il existe des pratiques d'allotement

Il nous faut affecter un ensemble de paramètres (Poids vif entrée, âge à l'entrée en engraissement, Gomp) à chacune des classes définies par l'éleveur. Ces règles de décision sont à établir pour chaque élevage ; cela se fera au cours d'entretiens avec l'éleveur.

La plupart des pratiques d'allotement se fondent sur l'évaluation des performances des animaux à l'entrée en engraissement à travers le poids vif moyen de groupes d'animaux de même gabarit et, voire de même sexe. Or, nous avons vu précédemment que le poids vif initial détermine peu le poids vif final.

Aussi, nous veillerons à intégrer la variabilité à travers l'utilisation des trois classes Gomp_inf, Gomp_moy et Gomp_sup. En effet, en reprenant les allotements par poids vif initial réalisés à Crécom, et en s'intéressant à la répartition des GMQ au sein de ces classes, on constate que la fréquence de GMQ inférieur à 750 g/j (moyenne-EC) augmente avec la diminution du poids vif initial alors que celle de GMQ supérieur à 900 g/j (moyenne+EC) diminue (tableau 4).

Beaucoup d'éleveurs distinguent trois classes d'animaux leur permettant de constituer des lots : les " bons ", les " moyens " et les " moins bons " selon leur gabarit à l'entrée en engraissement et leur santé apparente. Nous pourrions proposer de répartir a priori – cette répartition pouvant (devant) être discutée avec l'éleveur – les animaux selon les proportions qui suivent (tableau 5).

Tableau 4 - Répartition des GMQ au sein de trois essais réalisés à Crécom en fonction du poids vif initial moyen des lots

GMQ	Poids vif initial moyen					
	Femelle			Mâle castré		
	31,5	28,4	25,6	31,6	28	25,2
< 750 g/j (1)	9	9	11	4	7	14
750 à 900 g/j (1)	81	89	87	83	86	79
> 900 g/j (1)	10	2	2	13	7	7

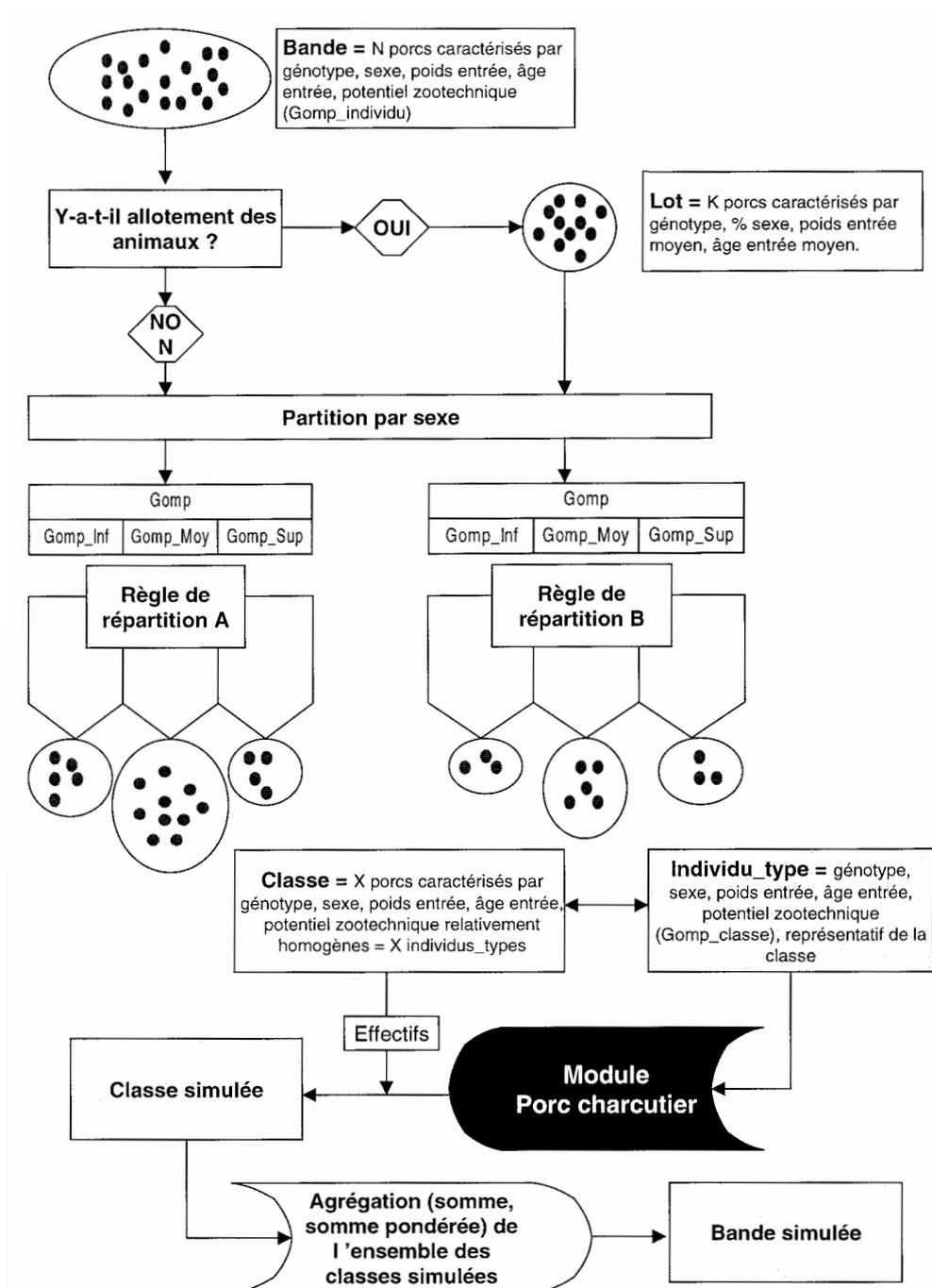
(1) Exprimé en % intra case (56 animaux / case)

Tableau 5 - Proposition d'une clé de répartition des animaux de trois lots constitués selon un niveau de performances a priori entre les trois classes de paramètres de Gompertz

	Sexe	Gomp_inf	Gomp_moy	Gomp_sup
Lot « Bon » (1)	F	10	80	10
	Mc	5	80	15
Lot « Moyen » (1)	F	10	85	5
	Mc	7	85	7
Lot « Moyen Bon » (1)	F	10	87	3
	Mc	13	80	7

(1) Exprimé, pour chaque lot, en % par sexe.

Figure 2 - Proposition d'une méthode d'agrégation pour simuler les performances zootechniques et les rejets d'une bande de porcs charcutiers



5.2.4. Définition de classes et agrégation

La méthode complète d'agrégation est synthétisée sur la figure 2 (p.57). Nous rappellerons ici qu'elle repose en grande partie sur un travail conjoint entre l'éleveur et le chercheur ou le technicien. Que l'éleveur allote ses animaux ou non, nous pouvons définir des classes qui sont un ensemble d'animaux pouvant être considérés comme relativement homogènes. Elles résultent de partitions successives :

- 1) allotement (s'il existe)
- 2) différenciation des sexes
- 3) répartition selon le niveau de performances.

Elles sont constituées d'animaux réels, tous différents. Pour pouvoir utiliser notre module animal, nous devons les caractériser, chacune, par un individu-type, animal virtuel. Cette individu-type sera représenté par le sexe et le génotype de la classe, par le poids d'entrée moyen, par l'âge moyen à l'entrée en engraissement et par les paramètres de Gompertz correspondant à sa classe.

Pour passer aux résultats de la classe simulée (constituée d'individus virtuels), nous multiplierons les résultats de l'individu-type par le cardinal de la classe. Ensuite, le passage aux résultats de la bande simulée se fera par addition (pondérée ou non selon la nature des variables considérées) des différentes classes simulées.

CONCLUSION

Par rapport au bilan réel simplifié tel que proposé par la méthode BILSIMPL[®], ce modèle permet de s'affranchir de la

connaissance des performances finales (entre autres poids vif à l'abattage) des animaux, mais aussi d'intégrer plus explicitement la dimension temporelle en se plaçant dans une situation de type " loi de réponse ". De plus, il permet de prendre en compte la variabilité des animaux d'une même bande. Nous pouvons maintenant envisager d'évaluer l'intérêt de divers niveaux d'allotement, en lien avec divers programmes alimentaires, pour la réduction des rejets azotés d'une bande de porcs charcutiers.

Nous devons souligner que ce modèle a été paramétré et validé pour le contexte précis de l'élevage porcin breton. Ainsi le génotype et les niveaux de performances potentiels sont-ils relativement spécifiques de la Bretagne, et dans une moindre mesure des élevages conventionnels français. Néanmoins, cela est suffisant au regard de l'objectif de ce modèle, qui est de pouvoir simuler l'impact de changement de pratiques alimentaire et/ou d'allotement sur les rejets azotés des porcs.

La prochaine étape de ce travail consistera à utiliser ce modèle dans des élevages, en collaboration avec les éleveurs, pour confronter les résultats des simulations à leur critique, mais aussi pour évaluer leurs hypothèses de changement de pratique.

REMERCIEMENTS

Ce travail est mené dans le cadre d'une thèse financée par le programme Bretagne Eau Pure 2 (convention n°97/09-071). Remerciements aussi à Daniel SAUVANT pour ses précieux conseils.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- CHAUVEL J., GRANIER R., 1996. Journées Rech. Porcine en France, 28, 249-256.
- DOURMAD J.Y., GUILLIOU D., NOBLET J., 1992. Livest.Prod.Sci., 31,95-107.
- HENRY Y., 1993. INRA Prod. Anim., 6 (3), 199-212.
- LATIMIER P., DOURMAD J.Y., NOBLET J., 1993. Journées Rech. Porcine en France, 25, 295-300.
- NOBLET J., FORTUNE H., DUBOIS S., HENRY Y., 1989. Nouvelles bases d'estimation des teneurs en énergie digestible. métabolisable et nette des aliments pour le porc. Noblet ed., INRA, Paris.
- PABOEUF F., 1999. Communication personnelle.
- POMAR C., HARRIS D.L., MINVIELLE F., 1991. J.Anim.Sci., 69,1468-1488.
- QUINIOU N., NOBLET J., 1995. J.Anim.Sci, 73 ,1567-1575.
- QUINIOU N., DUBOIS S., NOBLET J., 1995. Anim.Sci., 61,133-143.
- QUINIOU N., DOURMAD J.Y., NOBLET J., 1996. Anim.Sci., 63,277-288.
- SÈVE B., 1994. Prod.Anim., 7,4,275-291.
- THOMPSON J.M., SUN F., KUCZEK T., SCHINCKEL A.P., STEWART T.S., 1996. Anim.Sci., 63,265-276.
- VAN MILGEN J., 1999. Communication personnelle.
- WHITTEMORE C.T., 1983. Agric.Syst., 11,159-186.
- WHITTEMORE C.T., TULLIS J.B., EMMANS G.C., 1988. Anim.Prod., 46,437-445.

