

Analyse génétique de la productivité numérique et pondérale et de la durée de mise bas de truies Large White et Landrace Français

Isabelle MEROUR (1), Emilie BERNARD (1)¹, Laurianne CANARIO (2), Jean-Pierre BIDANEL (2)

(1) IFIP - Institut du Porc, La Motte au Vicomte, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex

(2) INRA UR337 Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas Cedex

isabelle.merour@ifip.asso.fr

¹ Adresse actuelle : DOMAGRI, Rue des Manzats, Z.I., BP 39, 63801 Cournon Cedex

Genetic analysis of litter size and weights, and of farrowing duration in Large White and French Landrace sows

Genetic parameters were estimated for numbers of piglets born in total (TNB), born alive (NBA), stillborn (NSB) and weaned (NW) per litter, birth to weaning survival rate (SR), farrowing duration (FD), litter weight and within-litter standard deviation of individual piglet weight (SDPW) at birth. Data were collected on 29,153 and 16,354 litters in Large White (LW) and French Landrace (LR), respectively, between 2002 and 2005. The analyses were carried out using restricted maximum likelihood methodology. All traits were analysed using a mixed linear animal model including herd, year x month and parity as fixed effects, the additive genetic value and the permanent environment of each sow, as well as sire of litter, as random effects. Low heritability estimates were obtained for litter size (0.10 to 0.13) and mortality traits (0.06 to 0.11). NSB had unfavourable genetic correlations with TNB (0.49 and 0.56 in LW and LR, respectively), but low genetic correlations with NBA (0.05 and 0.18). Both TNB and NBA showed a genetic antagonism with SR (-0.24 ± 0.09 to -0.32 ± 0.07). The number of stillborn was positively correlated with FD at the genetic level (0.64 ± 0.08 and 0.41 ± 0.09 in LW and LR, respectively). Litter weight was positively correlated with litter size and had low (LR) to moderate (LW) genetic correlations with SR. SDPW was genetically associated with lower SR (-0.21 ± 0.18 to -0.28 ± 0.33 in LW and LR, respectively).

INTRODUCTION

L'amélioration de la survie des porcelets en allaitement constitue un enjeu majeur pour la filière porcine. Une estimation des évolutions génétiques réalisées en race Large White a permis de montrer que la sélection réalisée en France pour l'amélioration des caractères de production (depuis 1970) et la taille de la portée (depuis 1990) a certes permis d'augmenter la prolificité et le poids de naissance des porcelets, mais aussi la mortinatalité et potentiellement la durée de mise bas (Canario et al., 2007).

Une bonne connaissance des paramètres génétiques est nécessaire pour prédire les évolutions futures et proposer des objectifs et critères de sélection optimaux. L'objectif de cette étude, à partir d'un vaste programme de collecte de données réalisé dans des élevages de sélection entre 2002 et 2005, est d'estimer les paramètres génétiques des caractères de prolificité et de survie des porcelets, et leurs relations avec la durée de mise bas et l'homogénéité des poids intra-portée.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Animaux et mesures

Les données proviennent de 29 élevages de sélection Large White lignée Femelle (LWF) et de 17 élevages de sélection

Landrace Français (LF) adhérant aux organisations de sélection ADN (12 élevages), GENE+ (6 élevages) et NUCLEUS (28 élevages). Les performances à la mise bas de 29.153 portées LWF et 16.354 portées LF ont été collectées (72% de portées de race pures en LWF et 61% en LF). Les nombres de nés vivants (NV) et de mort-nés (MN) étaient comptabilisés dans les 12 heures suivant la mise bas. Les pesées individuelles ou de portée des nés vivants étaient réalisées dans les 24 heures suivant la mise bas. Selon les élevages, la durée d'allaitement était de 21 ou 28 jours. La durée de mise bas (DMB) était estimée par intervalle de deux heures à partir de la naissance du premier porcelet.

1.2. Analyses statistiques

Huit caractères ont été définis à partir des mesures ci-dessus, à savoir NV, MN, les nombres de porcelets nés totaux ($NT = NV + MN$) et sevrés d'une truie (SEVD) par portée, les taux de survie naissance-sevrage ($TS = SEVD / NV$), DMB, le poids de la portée (PP) et l'écart type intra-portée (ETPN) des poids de porcelets à la naissance. Les analyses ont été réalisées à l'aide d'un REML modèle animal multicaractère prenant en compte les effets fixés de l'élevage, de la bande intra-élevage et du rang de portée, les effets aléatoires du verrat père de la portée, de la valeur génétique additive et de l'environnement permanent de la truie. Le type génétique de la portée de naissance n'a pas été pris en compte

Tableau 1 - Effectifs (N), moyennes (Moy), écart-types (ET), héritabilités (sur la diagonale), corrélations phénotypiques (au-dessous de la diagonale) et génétiques (au-dessus de la diagonale) des caractéristiques de la portée en race LWF

	N	Moy	ET	Paramètres génétiques							
				NT	NV	MN	SEVD	TS	DMB	PP	ETPN
NT ¹	29153	15,2	3,9	0,11	0,89	0,49	0,68	-0,36	0,23	0,33	NE ²
NV ¹	29153	13,5	3,5	0,90	0,10	0,05	0,82	-0,32	-0,07	0,42	NE ²
MN ¹	29153	1,6	1,9	0,39	-0,05	0,11	-0,07	-0,20	0,64	-0,13	NE ²
SEVD ¹	29153	11,3	3,1	0,64	0,77	-0,11	0,09	0,28	0,05	0,53	NE ²
TS ¹	29153	84,3	14,9	-0,29	-0,26	-0,11	0,38	0,06	-0,03	0,35	-0,28
DMB ¹	2774	2,5	0,9	0,19	0,12	0,18	0,08	-0,07	0,08	NE ¹	NE ²
PP ¹	12202	18,4	4,5	0,60	0,73	-0,13	0,73	0,05	NE ²	0,14	NE ²
ETPN ¹	386	0,28	0,08	0,18	0,14	0,10	0,12	-0,05 ³	NE ²	0,28	0,12

¹ NT, NV, MN, SEVD = nés totaux, nés vivants, mort-nés et sevrés de la truie par portée, respectivement ; TS = taux de survie naissance – sevrage ; DMB = durée de mise bas ; PP = poids de portée ; ETPN = écart-type intra - portée du poids des porcelets à la naissance

² NE = non estimé du fait d'un problème de convergence ³ Corrélation non significative au seuil de 5%

Tableau 2 - Effectifs (N), moyennes (Moy), écart-types (ET), héritabilités (sur la diagonale), corrélations phénotypiques (au-dessous de la diagonale) et génétiques (au-dessus de la diagonale) des caractéristiques de la portée en race LF

	N	Moy	ET	Paramètres génétiques							
				NT	NV	MN	SEVD	TS	DMB	PP	ETPN
NT ¹	16354	13,8	3,5	0,13	0,91	0,56	0,76	-0,29	0,33	0,43	0,56
NV ¹	16354	12,6	3,2	0,87	0,10	0,18	0,88	-0,24	0,19	0,43	0,85
MN ¹	16354	1,2	1,6	0,43	-0,06	0,11	0,08	-0,18	0,41	0,18	-0,44
SEVD ¹	16354	10,9	3,1	0,72	0,83	-0,11	0,09	NE ²	0,09	0,45	0,63
TS ¹	16354	87,4	13,7	-0,20	-0,16	-0,12	0,40	0,07	-0,14	-0,02	-0,21
DMB ¹	8489	1,2	0,9	0,20	0,13	0,19	0,06	-0,10	0,07	NE ²	NE ²
PP ¹	5507	17,3	4,3	0,66	0,78	-0,14	0,72	-0,01 ³	NE ²	0,10	0,76
ETPN ¹	883	0,27	0,09	0,28	0,27	0,08	0,19	-0,13	NE ²	0,28	0,13

¹ Voir tableau 1 pour la définition des noms des variables ² NE = non estimé du fait d'un problème de convergence ³ Corrélation non significative au seuil de 5%

dans les modèles car les résultats différaient peu. Les calculs ont été effectués avec le logiciel VCE (Neumaier et Groeneveld, 1998).

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Les paramètres génétiques estimés en race LWF et LF sont présentés respectivement dans les tableaux 1 et 2. Les héritabilités obtenues sont globalement faibles. Les variables NT, NV et SEVD sont fortement corrélées entre elles. TS présente un antagonisme génétique avec NT, NV et MN. Ces estimations sont proches des moyennes rapportées dans la littérature (Canario, 2006a). Les relations phénotypiques et génétiques entre mortalité et taux de survie naissance-sevrage sont faiblement négatives, en accord avec les résultats de Huby et al. (2003).

DMB est positivement corrélée avec NT et MN, en accord avec Holm et al. (2004) et Canario et al. (2006b). Les relations génétiques entre la taille de portée et les caractéristiques pondérales de la portée sont positives. Une forte corrélation entre NV et ETPN est mise en évidence, en accord avec Huby et al. (2003). La corrélation génétique négative entre MN et ETPN s'explique en partie par les poids extrêmes des morts nés : plus ils sont nombreux, plus le poids des nés vivants est homogène. TS est génétiquement indépendant de PP en LF et lui est positivement lié en LWF. TS est par ailleurs négativement corrélé avec ETPN, ce qui montre que la survie en allaitement est génétiquement plus liée à l'homogénéité des poids intra-portée qu'au poids des porcelets.

CONCLUSION

Cette étude a permis d'obtenir, à partir de données récoltées à grande échelle et en conditions d'élevage, des estimations de la variabilité génétique de la survie des porcelets en allaitement. Un effet défavorable de la prolificité sur la mortalité et la survie a été confirmé. Les corrélations génétiques obtenues confortent le remplacement de NT par NV comme critère d'amélioration de la prolificité depuis 2002, afin de maîtriser les pertes périnatales. L'homogénéisation des poids intra-portée à la naissance semble être une voie possible pour diminuer les pertes en allaitement. Des études complémentaires sont nécessaires afin de mieux connaître les liaisons génétiques de la survie avec la croissance en allaitement et les aptitudes maternelles des truies (production laitière, comportement maternel) pour définir des critères d'amélioration génétique simples et efficaces.

REMERCIEMENTS

Cette étude a été réalisée avec le concours financier du Ministère de l'Agriculture et de la Pêche dans le cadre de l'action innovante QUALIMAT en 2005. Les auteurs remercient les éleveurs et les organisations de sélection adhérentes des Livres Généalogiques Porcins Collectifs pour leur implication dans le projet et la récolte de données.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Canario L., 2006a. Aspects génétiques de la mortalité des porcelets à la naissance et en lactation précoce. Relations avec les aptitudes maternelles des truies et la vitalité des porcelets. Thèse de doctorat, INA Paris-Grignon, France, 306 p.
- Canario L., Roy N., Gruand J., Bidanel J.P., 2006b. Genetic variation of farrowing kinetics traits and relationships with litter size and perinatal mortality in French Large White sows. *J. Anim. Sci.*, 84, 1053-1058.
- Canario L., Rydhmer L., Gogué J., Tribout, T., Bidanel J.P., 2007. Estimation of genetic trends from 1977 to 1998 for farrowing characteristics in the French Large White breed using frozen semen. *Animal*, 1, 929-938.
- Holm B., Bakken M., Vangen O., Rekaya R., 2004. Genetic analysis of litter size, parturition length, and birth assistance requirements in primiparous sows using a joint linear-threshold animal model. *J. Anim. Sci.*, 82, 2528-2533.
- Huby M., Gogué J., Maignel L., Bidanel J.P., 2003. Corrélations génétiques entre les caractéristiques numériques et pondérales de la portée, la variabilité du poids des porcelets et leur survie entre la naissance et le sevrage. *Journées Rech. Porcine*, 35, 293-300.
- Neumaier A., Groeneveld E., 1998. Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. *Genet. Sel. Evol.*, 30,3-26.