

# Du porc à la bande : étude des liens entre paramètres individuels pour modéliser la croissance à l'échelle de la population

Bertrand VAUTIER (1,2), Ludovic BROSSARD (2), Jaap VAN MILGEN (2), Nathalie QUINIOU (1)

(1) IFIP-Institut du Porc, BP 35104, F-35651 Le Rheu cedex, France

(2) INRA-Agrocampus Ouest, UMR 1079 SENAH, Domaine de la prise, F-35590 Saint-Gilles, France

(1)(2)Unité Mixte Technologique Ingénierie des systèmes de production porcine

*ludovic.brossard@rennes.inra.fr*

*Ce travail a été réalisé dans le cadre d'une thèse CIFRE avec un co-financement de l'appel à projets « Recherche finalisée et innovation » du Ministère de l'Alimentation, de l'Agriculture et de la Pêche*

## **Du porc à la bande : étude des liens entre paramètres individuels pour modéliser la croissance à l'échelle de la population**

Les modèles de croissance du porc actuels n'intègrent pas la variation entre individus. Les besoins nutritionnels d'un porc "moyen" n'étant pas représentatifs de ceux du groupe, un aliment formulé selon les besoins du profil moyen d'une bande ne correspond pas aux animaux dont les besoins sont supérieurs à la moyenne. La connaissance de la variation des paramètres clés d'un modèle et de leurs liens est nécessaire à la simulation des réponses individuelles d'une bande. Le but de cette étude est de rechercher, par une analyse factorielle multiple duale, les structures de covariance liant les paramètres individuels entre eux à partir d'observations réalisées sur 1028 animaux issus de 32 groupes de porcs étudiés à la station IFIP de Romillé (35). Chaque profil individuel est déterminé par cinq paramètres, dont trois décrivent la croissance et deux l'ingéré *ad libitum*. Les distributions des paramètres au sein des populations sont résumées par un vecteur des moyennes et une matrice de covariance des paramètres autour de leur moyenne. Ni le vecteur moyen ni la matrice de covariance ne peuvent être généralisés à l'ensemble des groupes étudiés, ce qui indique que la structure diffère entre populations. En pratique, il est quasiment impossible de collecter en élevage les informations définissant la structure d'une population. Néanmoins, nous proposons de recueillir, pour un élevage donné, seulement les informations permettant de construire le vecteur moyen et d'appliquer ensuite une matrice de covariance générique obtenue à partir de l'échantillon des porcs étudiés afin de simuler une réponse de population la moins biaisée possible.

## **From one pig to a group of pigs: accounting for links among individual parameters in growth modeling at the population scale**

Several pig growth models exist, but these models do not account for variation among pigs. Because the nutrient requirement of an average pig is not representative of the requirement of a group of pigs, a feed formulated upon the requirement of the average animal within a batch will not fit animals which requirements are above the mean. Knowledge of the variation and covariation of key model parameters is essential to simulate the response of a group. The objective of this study was to quantify these traits for model parameters describing feed intake and growth, based on observations obtained for individual pigs. We performed a dual multiple factorial analysis on a dataset of 1028 pigs originating from 32 different groups studied in the IFIP experimental station (Romillé, 35). Each individual pig was characterized by five model parameters; three of them described growth and two of them described *ad libitum* feed intake level. The distributions of parameters per population were summarized as a vector containing the means, with a covariance matrix describing the variation around the means. Neither the mean vector nor the covariance matrix could be generalized among the 32 groups, indicating that the population structure differed among the groups. In practical situations, it is virtually impossible to obtain all information required to describe the population structure. To simulate the on-field response of a population, we therefore propose that the mean vector of parameters has to be obtained for each situation and that a common covariance matrix structure may be used.

## INTRODUCTION

Les effets de facteurs tels que le potentiel de croissance et les conditions de milieu mis à part, la croissance d'un animal est le résultat de l'ingestion de nutriments et de l'efficacité avec laquelle ces nutriments sont utilisés et répartis entre les dépôts protéiques et lipidiques. En conditions nutritionnelles non limitantes, la fonction proposée par Gompertz (Gompertz, 1825) permet de modéliser l'évolution du poids vif (PV) ou de la masse protéique en fonction de l'âge (Whittemore *et al.*, 1988 ; Wellock *et al.*, 2004). Même si d'autres fonctions existent par ailleurs (Kebreab *et al.*, 2010), le logiciel InraPorc<sup>®</sup> s'appuie sur la fonction de Gompertz pour modéliser le dépôt de protéines. Concernant l'évolution de l'ingéré avec le poids, plusieurs équations sont également disponibles (van Milgen *et al.*, 2008), mais il semble que la fonction gamma, qui permet de considérer l'ingéré en proportion du besoin d'entretien, soit la plus précise (Vautier *et al.*, 2011).

Un profil de croissance est défini dans InraPorc<sup>®</sup> à partir des paramètres de ces équations, ajustés à partir des enregistrements de poids et de consommation.

Selon le type de données disponible, le profil sera défini de façon individuelle ou en moyenne pour la bande.

Dans ce cas, l'individu moyen est censé être représentatif de son groupe d'origine. Or Brossard *et al.* (2007) ont montré que le profil moyen est un mauvais indicateur pour raisonner une stratégie alimentaire à l'échelle de la bande, puisque le besoin de la moitié des porcs ne sera alors pas couvert.

La modélisation des performances d'une population en croissance en est encore à ses balbutiements (Pomar *et al.*, 2003). La prise en compte de la variabilité des besoins des animaux de la bande est actuellement réalisée de façon très empirique : les apports sont raisonnés avec des marges de sécurité plus ou moins élevées selon le contexte économique (Quiniou *et al.*, 2007). Dans les simulations réalisées par Brossard *et al.* (2009), l'ensemble des profils individuels d'une bande a été utilisé dans des simulations successives pour générer une population dont l'hétérogénéité reflète seulement celle du groupe d'origine.

D'autres auteurs ont fait l'hypothèse d'une distribution normale et d'une indépendance des paramètres utilisés dans leur modèle pour générer des populations de porcs (Knap, 1995). Toutefois, si cette démarche permet de créer de la diversité aléatoirement, elle ne permet pas de respecter les relations entre paramètres du modèle.

Or ces relations, résumables par la covariance mathématique entre paramètres, ne peuvent être ignorées pour reproduire des populations présentant une variabilité cohérente avec celle existant naturellement.

L'objectif de ce travail est d'étudier les liens entre les paramètres individuels permettant de décrire les différentes trajectoires de croissance et d'ingéré au sein d'une bande de porcs en croissance. Ceci afin de résumer ces liens par une matrice de covariance qui permet de mesurer pour chaque paramètre, d'une part, sa variance, c'est-à-dire l'étendue de sa variation autour de sa moyenne et, d'autre part, sa covariance avec chacun des autres paramètres, c'est-à-dire la part de variation liée aux variations des autres paramètres.

La matrice ainsi obtenue peut ensuite permettre de générer des populations de porcs virtuelles, utilisables pour modéliser l'impact de stratégies nutritionnelles sur les performances et les rejets en intégrant la variabilité des groupes.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Types d'animaux étudiés

Trente-deux groupes de porcs correspondant à huit bandes de 72 porcs femelles (F) et 72 mâles castrés (MC) issus de deux types de croisements dans chaque bande ont été étudiés à la station expérimentale IFIP de Romillé (35). Les porcs sont tous issus de truies croisées Large White x Landrace. La moitié de chaque bande est issue de verrats croisés Large White x Piétrain (LWxPP), l'autre moitié provient d'un autre type de verrats (Piétrain : PP, Duroc : DU, croisé PPxDU, ou trois lignées synthétiques : LS1, LS2, LS3). Certains types de verrat sont étudiés deux fois selon la source de la semence (ce qui ne constitue pas un facteur étudié spécifiquement ici mais peut contribuer à générer des populations différentes).

### 1.2. Recueil des données et obtention des profils individuels

Les 1152 porcs mis en essai sont pesés régulièrement de l'entrée en engraissement (à 62 jours d'âge) jusqu'à l'abattage. L'étude débute après une semaine d'adaptation aux conditions d'élevage. Les porcs sont logés par 12 dans des cases équipées d'un distributeur automatique de concentré (Acéma 64). Ils sont nourris *ad libitum* avec des aliments dont la teneur en énergie nette (EN) est de 9,7 MJ/kg et la teneur en lysine digestible est de 0,9 g/MJ EN en période de croissance et 0,8 g/MJ EN en finition. Les équilibres entre acides aminés respectent le profil de la protéine idéale.

Les profils individuels de croissance (fonction de Gompertz) et de consommation (fonction gamma) ont été calibrés à l'aide du logiciel InraPorc qui définit chaque profil à partir de cinq paramètres : pour la croissance, le poids vif à 70 j d'âge (PV70), le dépôt protéique moyen entre 70 j et 110 kg (PDM), le coefficient de précocité de la fonction de Gompertz ( $B_{Gomp}$ ), et pour la consommation, l'EN ingérée à 50 (QI50) et 100 kg PV (QI100). Le nombre de jours requis pour atteindre 110 kg PV est calculé (Durée) et est considéré comme un sixième paramètre. Ce calibrage a été décrit par Vautier *et al.* (2011).

Pour les porcs mis en essai après 70 jours d'âge, les données manquantes en début de croissance ont été calculées par extrapolation d'un polynôme du troisième degré ajusté sur les 20 premiers jours d'enregistrement. Les profils avec un PDM supérieur à 260 g/j sont considérés comme étant aberrants, compte-tenu des quantités d'aliment ingéré. Par ailleurs, ont aussi été rejetés les profils avec un  $B_{Gomp}$  négatif et les porcs dont le poids a diminué ou stagné sur une période donnée suite à des perturbations de l'ingéré (accident, maladie). Au final, la base est constituée de 1028 profils individuels.

### 1.3. Analyses statistiques

Un groupe est défini par sa bande d'origine, son croisement et son type sexuel. La structure de la variabilité d'un groupe est décrite par un vecteur de la moyenne de chaque paramètre et en une matrice de covariance qui détermine les variations des paramètres autour de ces moyennes.

Ces deux éléments sont analysés séparément.

#### 1.3.1. Vecteur moyen

Les effets fixes de la bande, du type sexuel et du croisement au sein de la bande et leurs interactions sur le vecteur moyen des paramètres ont été testés par Anova en considérant comme effet aléatoire la case intra bande (proc MIXED ; SAS Inst. Inc., Cary, NC).

**Tableau 1** - Moyennes (et écarts-types) des paramètres<sup>1</sup> décrivant les cinétiques de croissance et d'ingestion par groupe et effets<sup>2</sup> de la bande, du type sexuel et du type de verrat utilisé en croisement intra-bande.

Bande	Verrat <sup>3</sup>	Sexe <sup>3</sup>	n	PV70 (kg)	Durée (j)	PDm (g/j)	B <sub>Gomp</sub> (x10 <sup>-4</sup> )	QI50 (MJ EN)	QI100 (MJ EN)
1	LWxPP	F	31	34 (4)	84 (11)	145 (14)	156 (45)	20,2 (1,5)	24,9 (2,7)
	LWxPP	MC	32	34 (4)	80 (10)	150 (15)	173 (41)	21,6 (2,1)	27,9 (3,4)
	PP	F	35	31 (2)	91 (9)	138 (13)	161 (37)	19,7 (1,9)	23,7 (3,1)
	PP	MC	33	32 (3)	85 (14)	145 (20)	182 (52)	20,8 (1,7)	27,3 (3,3)
2	LWxPP	F	23	30 (5)	89 (14)	147 (19)	161 (50)	20,0 (1,4)	25,5 (2,8)
	LWxPP	MC	21	31 (4)	85 (8)	146 (12)	192 (99)	20,7 (1,8)	27,3 (2,0)
	PP	F	34	28 (3)	90 (10)	150 (13)	180 (120)	18,6 (1,2)	25,4 (3,3)
	PP	MC	34	30 (5)	79 (10)	162 (16)	189 (94)	20,9 (1,5)	29,8 (2,7)
3	LWxPP	F	35	30 (4)	89 (9)	145 (12)	142 (49)	20,3 (1,8)	25,2 (2,8)
	LWxPP	MC	31	30 (4)	82 (10)	151 (16)	182 (53)	22,1 (1,6)	28,6 (2,7)
	PPxDU	F	35	30 (3)	89 (8)	143 (9)	138 (35)	20,0 (2,0)	25,2 (2,2)
	PPxDU	MC	35	31 (5)	82 (8)	150 (12)	155 (43)	22,0 (1,9)	29,0 (2,8)
4	LWxPP	F	33	28 (3)	97 (15)	137 (19)	221 (246)	19,9 (2,0)	24,1 (2,9)
	LWxPP	MC	34	27 (3)	87 (10)	149 (16)	183 (53)	21,8 (2,1)	28,1 (2,8)
	DU	F	30	28 (3)	90 (11)	145 (17)	186 (68)	21,4 (2,8)	25,4 (3,9)
	DU	MC	34	28 (4)	87 (17)	145 (19)	207 (62)	22,9 (3,5)	29,1 (5,0)
5	LWxPP	F	35	29 (4)	92 (15)	142 (20)	192 (153)	20,3 (1,7)	25,3 (3,5)
	LWxPP	MC	32	29 (4)	81 (10)	159 (18)	213 (240)	22,2 (2,1)	29,5 (3,4)
	DU	F	32	28 (4)	91 (11)	144 (13)	171 (39)	21,1 (1,8)	25,3 (3,0)
	DU	MC	31	29 (4)	82 (18)	156 (25)	213 (89)	22,9 (2,0)	30,4 (3,5)
6	LWxPP	F	32	30 (2)	92 (10)	143 (15)	224 (182)	19,2 (1,7)	24,3 (3,1)
	LWxPP	MC	28	30 (3)	92 (17)	138 (26)	224 (140)	20,7 (1,5)	26,5 (3,0)
	LS1	F	28	30 (3)	88 (12)	146 (18)	154 (68)	19,4 (1,5)	25,8 (2,8)
	LS1	MC	31	31 (3)	82 (11)	150 (17)	185 (84)	21,4 (2,4)	29,2 (3,3)
7	LWxPP	F	34	31 (3)	90 (8)	138 (9)	150 (39)	19,7 (1,9)	25,2 (2,4)
	LWxPP	MC	35	31 (3)	83 (9)	143 (16)	173 (45)	21,9 (2,1)	30,2 (3,8)
	LS2	F	34	31 (3)	90 (9)	141 (13)	162 (59)	19,8 (1,7)	25,3 (2,9)
	LS2	MC	33	31 (3)	80 (9)	151 (17)	213 (125)	21,9 (2,0)	29,7 (2,4)
8	LWxPP	F	33	31 (3)	90 (11)	138 (15)	133 (57)	21,5 (3,6)	24,7 (3,4)
	LWxPP	MC	34	32 (3)	79 (11)	153 (21)	154 (63)	22,9 (3,8)	28,8 (3,6)
	LS3	F	31	32 (3)	92 (9)	135 (12)	129 (44)	20,1 (3,7)	24,5 (2,0)
	LS3	MC	35	32 (3)	80 (11)	147 (22)	178 (142)	24,3 (5,4)	29,8 (3,7)
Effet Bande				***	ns	ns	***	**	ns
Effet Sexe				ns	***	***	***	***	***
Effet Croisement intra-bande				ns	ns	ns	ns	ns	ns
Effet Bande x Sexe				ns	ns	**	ns	ns	*

1. PV70 : poids vif à 70 jours d'âge ; Durée : temps mis pour atteindre 110 kg PV à partir de 70 jours d'âge ; PDm : dépôt protéique moyen ; B<sub>Gomp</sub> : paramètre de précocité de la fonction de Gompertz ; QI50 : EN ingérée à 50 kg PV ; QI100 : EN ingérée à 100 kg PV.

2. Analyse de la variance avec la bande, le sexe, le croisement intra-bande et les interactions en effets fixes et la case intra-bande en effet aléatoire (proc MIXED, SAS). ns : effet non significatif ; \* : P < 0,05 ; \*\* : P < 0,01 ; \*\*\* : P < 0,001.

3. Abréviations : LW : Large White, PP : Piétrain, DU : Duroc, LSn : Lignées synthétiques ; F : femelle, MC : mâle castrés.

### 1.3.2. Corrélations entre paramètres

Les corrélations, qui représentent les liens entre paramètres individuels d'une façon proche des covariances, sont analysées par analyse factorielle multiple duale (AFMD) (Lê *et al.*, 2007). Cette méthode, basée sur les mêmes principes qu'une analyse en composantes principale (ACP), permet de prendre en compte l'organisation en groupe de nos données (bande x croisement x sexe). L'AFMD permet ainsi d'identifier les relations qui se répètent entre les groupes en s'affranchissant

des conséquences d'une différence de niveau de corrélation et de variance des paramètres entre groupes.

Par ailleurs, l'AFMD permet de prendre en compte les différences d'effectifs entre groupes et ainsi d'éviter le biais éventuel induit par la surreprésentation des porcs issus de verrat LWxPP dans notre base de données.

### 1.3.3. Comparaisons de matrices

Le modèle de Flury (Flury, 1988) est utilisé afin de tester les ressemblances entre les matrices de covariance des différents

groupes. Il introduit une hiérarchie dans le processus de comparaison des matrices de covariance.

L'aspect multidimensionnel de cette analyse permet de définir des liaisons intermédiaires entre matrices, plus fines que la seule distinction entre matrices différentes ou égales.

Deux matrices de covariance peuvent alors ne présenter aucun lien (non-liées), avoir la même première composante principale en commun, les deux premières, ou toutes leurs composantes principales en commun, être proportionnelles ou enfin être égales. L'application du modèle de Flury sur nos matrices de covariance a été réalisée à l'aide du programme CPC de Philips et Arnold (1999).

#### 1.3.4. Matrice générique

Fournir une matrice de covariance générique pouvant représenter toutes les bandes de porcs en simulation à partir de nos données pose les mêmes difficultés que l'analyse des corrélations par ACP. Le calcul d'une matrice de covariance sur l'ensemble de nos données revient à intégrer les différences de variance et de covariance des paramètres entre groupes et est influencé par la taille de ces groupes. Pour y pallier, nous avons utilisé une matrice de covariance médiane pondérée des différences entre groupes. Cette correction des différences utilise à la fois une pondération des individus en fonction de la taille de leur groupe d'origine et un centrage intra-groupe. L'intérêt de cette matrice médiane réside dans sa position centrale parmi les matrices de covariance extrêmes étudiées. Elle permet de représenter les liens entre profils individuels dans un contexte général. Cette matrice médiane a été calculée et comparée à une matrice de covariance brute. Cette dernière est calculée directement à partir des 1028 porcs de la base, sans distinction ni pondération entre groupes, et apparaît comme une moyenne, plus proche des structures les plus représentées, *i.e.* celles des groupes issus de verrat LWxPP.

Les écarts entre matrices sont résumés par une distance de  $\chi^2$  dans le test de Flury. Une première valeur de  $\chi^2$  est calculée pour évaluer la proximité entre la matrice médiane et les matrices de covariance internes aux différentes populations et une seconde valeur de  $\chi^2$  est calculée pour évaluer la proximité entre la matrice de covariance brute et les matrices internes. Les mesures de proximité permettent ensuite de comparer ces deux matrices candidates.

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

### 2.1. Analyse du vecteur moyen

Les moyennes des paramètres des profils individuels et les effets des facteurs étudiés sont rapportés dans le Tableau 1. L'effet de la bande illustre les conséquences que les conditions d'élevage ont sur le parcours des animaux, même lorsqu'ils sont élevés dans des salles d'engraissement identiques et alimentés avec un aliment présentant des caractéristiques nutritionnelles stables. Ainsi, le PV70 (Bande :  $P < 0,001$ , Tableau 1) résulte en partie du déroulement des phases de croissance en maternité et en post-sevrage (ce stade étant réalisé dans des salles et des cases de différentes tailles), qui peuvent s'infléchir notamment en été avec l'augmentation de la température ambiante (Quiniou *et al.*, 2000). Les modalités d'allotement lors de l'entrée en engraissement, basées sur le poids minimum accepté compte-tenu du système d'alimentation utilisé et la conservation ou non de la distribution des poids de la population initiale, peuvent également intervenir sur la variabilité du PV70.

Il est possible que les effets de la bande sur la précocité des porcs ( $B_{Gomp}$ ,  $P < 0,001$ ) et l'ingéré en début d'engraissement (QI50,  $P < 0,01$ ) puissent résulter en partie de l'effet sur PV70. En revanche, sur l'ensemble de l'engraissement, le dépôt protéique (PDM) n'est pas influencé par la bande.

Le type sexuel influence significativement chaque paramètre, sauf PV70 (Tableau 1). En accord avec Quiniou *et al.* (2010), l'effet du sexe sur la croissance reste modéré voire inexistant avant la fin du post-sevrage, tandis que les écarts sont très nets en engraissement. Les mâles castrés présentent une vitesse de croissance (PDM = 150 vs. 142 g/j pour les femelles) et un niveau d'ingestion plus élevés en début (QI50 = 21,9 vs. 20,1 MJ EN/j pour les femelles) et en fin d'engraissement (QI100 = 28,9 vs. 25,0 MJ EN/j pour les femelles). Les mâles castrés sont également plus précoces ( $B_{Gomp} = 189$  vs  $166 \times 10^{-4}$  pour les femelles), en accord avec Quiniou *et al.* (2010).

Le type de croisement des animaux n'a pas d'effet significatif sur le niveau moyen des paramètres. En particulier, la valeur de  $B_{Gomp}$  n'est pas significativement influencée par ce facteur alors que des différences de précocité entre types génétiques ont été rapportées par ailleurs (Noblet et Quiniou, 1999). A partir de notre jeu de données, il semble que de tels écarts soient difficiles à mettre en évidence chez des porcs croisés. Outre le nombre somme toute restreint d'observations et la variabilité entre les porcs, le dispositif expérimental choisi peut également expliquer ce résultat. En effet, dans les installations expérimentales disponibles, l'effet du type de verrat ne peut être testé qu'intra-bande par référence au verrat LWxPP.

### 2.2. Corrélations entre paramètres

La projection des individus dans le premier plan de l'AFMD est rapportée dans la figure 1. La projection du nuage des individus, étiré selon le premier axe qui résume 43% de la variabilité, indique la présence d'une forte structuration de nos données. Les ellipses de confiance représentent la zone où les individus du groupe ont 95% de chance de se situer. Ces ellipses formées autour des populations discriminées selon le sexe ou la bande sont concentriques, ce qui montre l'apport du centrage et de la pondération permis par l'AFMD. Les liens de corrélation entre paramètres individuels au sein des bandes sont alors étudiés à partir d'une matrice de covariance corrigée des variations spécifiques de chaque groupe. L'étude des corrélations par une ACP montre aussi les différences de niveaux entre groupes. Dans le cas d'une ACP, les ellipses de confiance des différentes populations sont distantes et réparties sur le plan de l'analyse (Vautier *et al.*, 2011).

Compte-tenu de la taille du jeu de données, toutes les corrélations sont significatives ( $P$  de la plus faible corrélation  $< 0,001$ ). Cependant, l'intensité de la liaison entre variables, indiquée par la valeur de la corrélation, est différente selon les variables considérées. Sur la figure 2, la projection des variables est matérialisée par des flèches. Si deux flèches vont dans la même direction, les paramètres qu'elles représentent sont très corrélés ; si elles sont perpendiculaires, les paramètres correspondants sont indépendants. La Durée et PDM sont ainsi fortement et négativement corrélés ( $r = -0,87$ ). Le GMQ étant très lié au dépôt de protéines (Whittemore *et al.*, 1988), un PDM élevé implique un GMQ élevé et donc une période d'engraissement plus courte pour atteindre 110 kg PV. Le paramètre PDM est également corrélé avec le niveau d'ingéré QI100 ( $r = 0,37$ ). Contrairement à Brossard *et al.* (2006) qui observent un lien entre le GMQ sur la période 65 j - 110 kg et le poids à 65 jours, d'une part, et QI50, d'autre part,

la valeur PDm ( $\approx$  GMQ) est peu corrélée avec le poids des porcs en début de croissance (PV70,  $r = 0,13$ ) ou QI50 ( $r = -0,10$ ). Ainsi, deux animaux de poids différent à 70 jours d'âge et/ou présentant un niveau d'ingestion différent à 50 kg PV peuvent réaliser le même PDm entre 70 j et 110 kg PV. L'indépendance entre performance moyenne et dynamique de croissance dans notre étude se manifeste également par un  $B_{Gomp}$  indépendant du PDm ( $r = -0,02$ ) ; deux animaux pouvant réaliser le même PDm l'un par une croissance précoce, l'autre par une croissance tardive. Ce résultat conforte celui obtenu antérieurement par Brossard *et al.* (2006) entre le GMQ sur la période 65 j – 110 kg et  $B_{Gomp}$ . Enfin, les corrélations proches de 0 entre PV70 et PDm ( $r = 0,13$ ), QI50 ( $r = -0,10$ ) et QI100 ( $r = 0,01$ ) montrent que l'état des animaux à l'entrée en engraissement ne conditionne pas leur croissance ultérieure, tant en termes d'évolution du poids que de l'ingéré. Ce résultat va à l'encontre de ceux obtenus par Quiniou *et al.* (2004) d'après lesquels les porcs les plus légers à l'entrée en engraissement consomment moins d'aliment par la suite. Toutefois, dans leur étude, les écarts de poids initiaux reflétaient en réalité des écarts de poids de naissance ce qui n'est pas nécessairement le cas dans notre jeu de données.

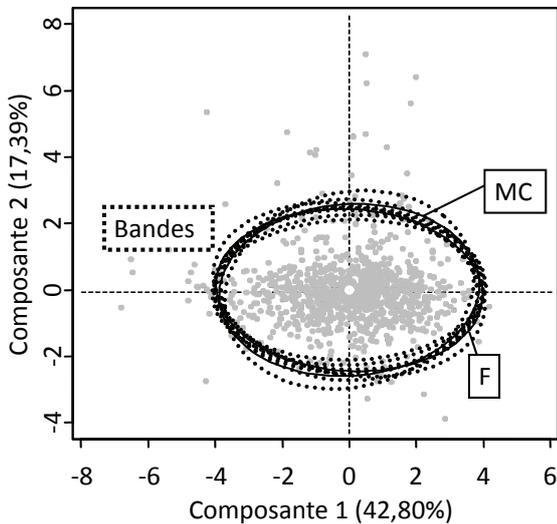


Figure 1 - Représentation des individus par AFMD et ellipses de confiance autour des groupes discriminés selon la bande et le sexe (MC = mâles castrés ; F= femelles).

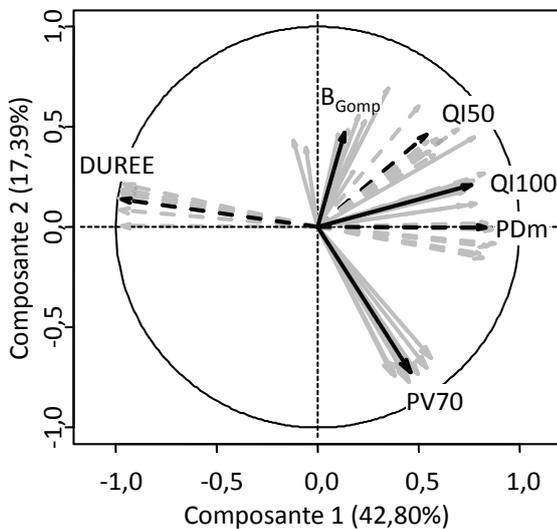


Figure 2 - Représentation des paramètres dans l'AFMD (voir Tableau 1 pour la signification des paramètres, en gris les paramètres partiels pour chaque bande).

### 2.3. Comparaison des matrices de covariance

Les matrices de covariance ont été comparées entre elles selon plusieurs critères de regroupement potentiels.

Les matrices de covariance calculées par type sexuel et par bande ne possèdent pas de lien entre elles ( $P < 0,001$ ). Chacun de ces groupes a donc une structure qui lui est propre et ils ne peuvent être confondus. De même, les matrices de covariance calculées par sexe intra-bande et par type de verrat intra-sexe x bande ne sont pas liées, à l'exception des mâles castrés et des femelles de la bande 1 qui ont une structure de covariance égale et de certains croisements qui ont une, deux, voire toutes leurs composantes principales communes avec les porcs contemporains de même sexe issus de verrat LWxPP. Cette absence de lien entre matrices de covariance est surprenante venant de populations dont la conduite est orientée vers une croissance maximale.

A l'opposé, à partir de deux populations sauvages de serpents *Thamnophis elegans*, Arnold et Phillips (1999) observent des matrices de covariance de caractères phénotypiques qui ont toutes leurs composantes principales communes. Les règles de mise en lot des animaux à l'entrée en engraissement ont évolué pendant l'expérimentation (voir §2.1).

Ainsi, pour chaque bande, 144 porcs ont été choisis parmi 280 en sortie de post-sevrage, ce qui peut réduire la variabilité entre les porcs et perturber l'estimation de la covariance naturellement présente initialement. Sur la base des résultats obtenus, nous ne pouvons généraliser une matrice décrivant les liens entre profils individuels dans un groupe.

Néanmoins, dans l'optique de choisir une matrice de référence permettant de générer des populations virtuelles de porcs réalistes, nous avons comparé la matrice de covariance médiane calculée à la matrice de covariance brute (Tableau 2).

Tableau 2 - Proximité des matrices de covariance brute et médiane avec les matrices de covariance des bandes étudiées.

	Matrice de covariance	Brute (B)	Médiane (M)	Ecart M-B
Toutes les populations	Distance de $\chi^2$ moyenne <sup>1</sup>	19,1	20,2	1,1
	% estimations plus précises	59%	41%	18%
Uniquement celles issues de verrat LWxPP	Distance de $\chi^2$ moyenne <sup>1</sup>	19,4	21,2	1,8
	% estimations plus précises	62%	38%	24%
Sans celles issues de verrat LWxPP	Distance de $\chi^2$ moyenne <sup>1</sup>	18,8	19,1	0,3
	% estimations plus précises	56%	44%	12%

1. Les valeurs de  $\chi^2$  sont données par le test de  $CPC_1$  du programme CPC ; plus faible est la distance de  $\chi^2$ , plus proche est la matrice des matrices réelles.

Il apparaît que la matrice de covariance brute est plus proche des matrices des groupes étudiés que la matrice de covariance médiane. La distance de  $\chi^2$  moyenne de la matrice de covariance brute est plus faible et la fréquence de cas où elle donne une estimation plus précise de la population comparée est plus élevée. La matrice de covariance brute ayant été calculée sur l'ensemble de nos données, il est normal qu'elle soit, en moyenne, leur meilleur estimateur.

Cependant, on peut s'attendre à ce que, comparativement à la matrice de covariance brute, la matrice de covariance médiane soit plus adaptée à la diversité des populations de porcs élevées en croisement en France actuellement.

Cette tendance se matérialise par un écart plus faible entre les distances de  $\chi^2$  calculées pour les comparatifs qui ne concernent que les populations issues de verrats autres que LWxPP (écart de 0,3), par rapport à l'écart des distances de  $\chi^2$  calculées pour les populations issues uniquement de verroat LWxPP (écart de 1,8) qui de par leur nombre ont orienté la matrice de covariance brute. Afin de valider la robustesse supposée de la matrice de covariance médiane pour représenter les liens génériques entre animaux, cette comparaison de matrices devra être réalisée sur de nouvelles données. Cette évaluation pourrait notamment intégrer d'autres types de porcs que ceux étudiés ici (mâles entiers, immunocastrés, autres croisements).

## CONCLUSION ET PERSPECTIVES

Notre étude, basée sur les profils obtenus sur plusieurs bandes, types sexuels et croisements a permis d'analyser les paramètres de modélisation de la croissance et de l'ingestion selon deux modalités qui décrivent leur variabilité : le vecteur des moyennes des paramètres et leur matrice de covariance. Ces analyses avaient pour but d'en extraire une matrice de référence représentant les populations de porcs en croissance dans leur diversité de croisements génétiques présente en France. Compte tenu de l'absence d'une matrice répétable d'un groupe à l'autre, il apparaît difficile de proposer une

matrice générique représentant les relations de variance-covariance au sein de toute bande de porcs en croissance.

Dans l'optique de simulations futures appliquées à un élevage donné, le vecteur des moyennes devra être évalué en intégrant des informations sur les performances dans l'élevage en question (poids d'entrée, intermédiaire et de départ pour l'abattoir, âges correspondants, quantités d'aliment ingérées avant/après la pesée intermédiaire).

Le vecteur moyen étant influencé par le type sexuel, une estimation par sexe devra être réalisée.

Concernant la matrice de covariance associée à ce vecteur, l'impossibilité de suivre individuellement les animaux nous oblige à utiliser une matrice de covariance unique, la plus proche possible des relations entre les profils réels des animaux.

Nous proposons une matrice de covariance médiane, pondérée des groupes constitutifs de notre base de données. Cette matrice, se plaçant au milieu des matrices de groupes observées, devrait permettre de générer les bandes virtuelles les plus proches des bandes réelles en performances moyennes et en hétérogénéité.

Cette position d'estimateur par défaut reste à évaluer à partir de nouvelles données afin d'en quantifier la robustesse. Il restera ensuite à comparer la variabilité des réponses de la bande virtuelle à celle observée en conditions réelles.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Arnold S.J., Phillips P.C., 1999. Hierarchical comparison of genetic variance-covariance matrices. II. Coastal-inland divergence in the garter snake, *Thamnophis elegans*. *Evolution*, 53, 1516-1527.
- Brossard L., van Milgen J., Lannuzel P.Y., Bertinotti R., Rivest J., 2006. Analyse des relations entre croissance et ingestion à partir de cinétiques individuelles : implications dans la définition de profils animaux pour la modélisation. *Journées Rech. Porcine*, 38, 217-224.
- Brossard L., Dourmad J.Y., van Milgen J., Quiniou N., 2007. Analyse par modélisation de la variation des performances d'un groupe de porcs en croissance en fonction de l'apport de lysine et du nombre de phases dans le programme d'alimentation. *Journées Rech. Porcine*, 39, 95-102.
- Brossard L., Dourmad J.Y., Rivest J., van Milgen J., 2009. Modelling the variation in performance of a population of growing pig as affected by lysine supply and feeding strategy. *Animal*, 3, 1114-1123.
- Flury B., 1988. Common principal components and related multivariate models. J. Wiley and Sons (Eds), New York, USA, 258 pp.
- Gompertz B., 1825. On nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies. *Philosophical Trans. Royal Soc., London*, 115, 513-583
- Kebreab E., Strathe A.B., Nyachoti C.M., Dijkstra J., Lopez S., France J., 2010. Modelling the profile of growth in monogastric animals. In : *Modelling nutrient digestion and utilisation in farm animals*, D. Sauvant, J. van Milgen, P. Faverdin, N. Friggens (Eds), Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherlands, 386-393.
- Knap P.W., 1995. Aspects of stochasticity: variation between animals. In : *Modelling growth in the pig*, P.J. Moughan, M.W.A. Verstegen, M.I. Visser-Reyneveld (Eds), Wageningen Pers., Wageningen, The Netherlands, 165-172.
- Lê S., Husson F., Pagès J., 2007. DMFA: Dual Multiple Factor Analysis. *Proc. 12<sup>th</sup> Intern. Conf. on Applied stochastic models and data analysis*, La Chanée, Crète, Grèce, 109.
- Noblet J., Quiniou N., 1999. Principaux facteurs de variation du besoin en acides aminés. *TechniPorc*, 22(4), 9-16.
- Phillips P.C., Arnold S.J., 1999. Hierarchical comparison of genetic variance-covariance matrices. I. Using the Flury hierarchy. *Evolution*, 53, 1506-1515.
- Pomar C., Kyriazakis I., Emmans G.C., Knap P.W., 2003. Modeling stochasticity: Dealing with populations rather than individual pigs. *J. Anim. Sci.*, 81, E178-E186.
- Quiniou N., Renaudeau D., Collin A., Noblet J., 2000. Effets de l'exposition au chaud sur les caractéristiques de la prise alimentaire du porc à différents stades physiologiques. *INRA Prod. Anim.*, 13, 233-245.
- Quiniou N., Gaudré D., Pichodo X., Le Cozler Y., 2004. Caractérisation de l'indice de consommation pendant l'engraissement selon le poids des porcelets à la naissance *Journées Rech. Porcine*, 36, 403-408.
- Quiniou N., Brossard L., Gaudre D., van Milgen J., Salaün Y., 2007. Optimum économique du niveau en acides aminés dans les aliments pour porcs charcutiers. *TechniPorc*, 30(3), 25-36.
- Quiniou N., Courboulay V., Salaün Y., Chevillon P., 2010. Conséquences de la non castration des porcs mâles sur les performances de croissance et le comportement : comparaison avec les mâles castrés et les femelles. *Journées Rech. Porcine*, 42, 113-118.
- van Milgen J., Valancogne A., Dubois S., Dourmad J.Y., Sève B., Noblet J., 2008. InraPorc: A model and decision support tool for the nutrition of growing pigs. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 143, 387-405.
- Vautier B., Quiniou N., van Milgen J., Brossard L., 2011. Modelling the dynamics of feed intake in growing pigs; interest for modelling populations of pigs. *Proc. 23<sup>rd</sup> EAAP Annual meeting*, Stavanger, Norvège, 105.
- Wellock I.J., Emmans G.C., Kyriazakis I., 2004. Describing and predicting potential growth in the pig. *Anim. Sci.*, 78, 379-388.
- Whittemore C.T., Tullis J.B., Emmans G.C., 1988. Protein-growth in pigs. *Anim. Prod.*, 46, 437-445.