

Sélection pour l'efficacité alimentaire chez le porc en croissance : opportunités et conséquences de l'utilisation de la consommation moyenne journalière résiduelle dans les populations en sélection collective

Romain SAINTILAN (1), Isabelle MEROUR (2, a), Thierry TRIBOUT (1), Joël BIDANEL (2), Ludovic BROSSARD (3,4), Jaap VAN MILGEN (3,4), Hélène GILBERT (1,5)

(1) INRA, UMR 1313, GABI, F-78352 Jouy-en-Josas Cedex, France

(2) IFIP - Institut du porc, F-35651 Le Rheu Cedex, France

(3) INRA, UMR 1079, SENAH, F-35590 Saint Gilles, France

(4) Agrocampus Ouest, UMR 1079, SENAH, F-35000 Rennes, France

(5) INRA, UMR 444, Laboratoire de Génétique Cellulaire, F-31326 Castanet-Tolosan Cedex, France

(a) nouvelle adresse: COBIPORC - Le Val - F-35590 Saint Gilles, France

romain.saintilan@jouy.inra.fr

Sélection pour l'efficacité alimentaire chez le porc en croissance : opportunités et conséquences de l'utilisation de la consommation moyenne journalière résiduelle dans les populations en sélection collective

La consommation moyenne journalière résiduelle (CMJR) est une des sources de variabilité de la prise alimentaire. Elle est définie comme la différence entre une consommation observée et une consommation prédite d'après les besoins de production et d'entretien. L'objectif de notre étude est d'évaluer la CMJR comme critère de sélection pour améliorer l'indice de consommation (IC). Les données ont été collectées durant le contrôle de performances de quatre populations en sélection collective entre 2000 et 2009. Ces données ont permis (1) d'estimer les paramètres génétiques de la CMJR, des caractères de production mesurés en station de contrôle de performances et en ferme ainsi que des quantités de rejets azotés et phosphorés, (2) d'évaluer les réponses à la sélection attendues pour ces différents caractères à l'aide du logiciel OPTIPIG et (3) de tester différents scénarios d'intégration de la CMJR dans les indices de sélection. La CMJR est un caractère moyennement héritable dans toutes les populations (h^2 de $0,22 \pm 0,03$ à $0,33 \pm 0,05$). Elle est corrélée favorablement à l'IC et aux quantités de rejets, défavorablement aux caractéristiques de qualité de la viande. En revanche, elle est peu corrélée à la vitesse de croissance et à la composition corporelle des animaux. Les réponses à la sélection attendues au bout de 5 ans actuellement montrent une augmentation de la CMJR dans les lignées maternelles (+0,25 écart type : e-t) et une faible diminution de la CMJR dans les lignées paternelles (-0,02 à -0,17 e-t). La quantité d'azote excrétée diminue avec des intensités différentes suivant les populations (-0,03 à -0,70 e-t). D'après ces résultats, la CMJR pourrait être intégrée dans les indices de sélection en remplacement de l'IC. Nous montrons qu'il est par exemple possible de formuler un indice de sélection avec la CMJR à la place de l'IC et d'atteindre des réponses attendues sur les objectifs de sélection du même ordre de grandeur que celles des indices actuels.

Selection for feed efficiency in growing pig: opportunities and consequences of using residual feed intake in collective selection breeds

Residual feed intake (RFI), defined as the difference between observed feed intake and that predicted from production and maintenance requirements, is one source of feed intake variability. The objective of our study was to evaluate RFI as a criterion of selection to improve feed conversion ratio (FCR). Data were collected in the frame of the French pig breeding scheme for four pig breeds in collective selection schemes between 2000 and 2009. This data set was used (1) to estimate genetic parameters for RFI, for production traits measured in station and in farm and for the estimation of excretion of nitrogen and phosphorus during growth, (2) to evaluate the response to selection of all of these traits using the OPTIPIG software and (3) to test scenarios using RFI as a selection criterion. RFI showed moderate heritability for all the breeds (h^2 from 0.22 ± 0.03 to 0.33 ± 0.05). It is favorably correlated at the genetic level with FCR, with excretion, unfavorably with meat quality traits and is not well correlated with carcass composition and growth rate. Response to selection with indices currently used showed an increase of RFI in maternal breeds (+0.25 s-d) and a moderate diminution in paternal breeds (-0.02 to -0.17 s-d). Excreted nitrogen will decrease with different intensity according to the breed (-0.03 to -0.70 s-d). Thus, a selection index including RFI can be used for FCR improvement. For example, we show that a new index including RFI can be formulated to obtain similar responses to selection on the objectives as the current indices.

INTRODUCTION

L'amélioration de l'efficacité alimentaire des porcs en croissance est un objectif majeur de la production porcine. L'alimentation est le premier poste de dépenses en élevage de porc à l'engraissement (60 % du coût de revient pour un éleveur naisseur engraisseur ; Le porc par les chiffres, 2010). De plus, cette question fait l'objet d'enjeux renouvelés quant à la durabilité de la production (limiter les intrants et les rejets d'éléments polluants dans l'environnement), et à la compétition pour l'utilisation des matières premières, avec l'alimentation humaine ou la production de biocarburants par exemple. L'efficacité alimentaire des porcs en croissance a déjà fait l'objet de sélection, mais reste au centre des préoccupations des éleveurs afin de pouvoir répondre à ces différents enjeux.

L'efficacité alimentaire est classiquement mesurée par l'indice de consommation (**IC**), rapport entre la quantité d'aliment consommée par un animal sur une période donnée et le gain de poids de l'animal sur cette même période. L'IC mesure directement l'efficacité de conversion de l'aliment en gain de poids sans détailler la composition du gain de poids. Ce caractère a fait l'objet d'une sélection directe, mais également d'une sélection indirecte, par exemple par l'amélioration de la vitesse de croissance. De nouveaux postes de variabilité de la prise alimentaire sont étudiés pour améliorer l'IC. La consommation moyenne journalière résiduelle (**CMJR**), qui est la différence entre consommation moyenne journalière mesurée et consommation moyenne journalière prédite à partir des besoins de production et d'entretien de l'animal (Kennedy *et al.*, 1993) apparaît être un bon critère. La CMJR représente la part de variabilité de l'ingestion non expliquée liée à la digestion, au métabolisme, à l'activité physique et à la thermorégulation.

L'objectif de cette étude est (1) d'estimer les paramètres génétiques de la CMJR et des caractères de production mesurés en station de contrôle de performances et en ferme, ainsi que des quantités de rejets azotés et phosphorés, pour quatre populations porcines en sélection collective, (2) d'évaluer les impacts des objectifs de sélection actuels sur l'ensemble des caractères, et (3) d'évaluer les possibilités d'intégration de la CMJR dans les indices de sélection.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Dispositif expérimental

Les données de performances utilisées dans cette étude ont été collectées sur les animaux collatéraux des candidats à la sélection, entre 2000 et 2009, dans les trois stations françaises de contrôle de performances (Le Rheu, Ille-et-Vilaine ; Argentré, Mayenne; Mauron, Morbihan), pour les quatre populations porcines en sélection collective : Large White lignée femelle (LWF), Large White lignée mâle (LWM), Landrace (LF) et Piétrain (PP). Les animaux LWF, LWM et LF contrôlés sont des animaux castrés alors que les animaux PP sont des femelles.

Chaque élevage participant envoie dans les stations entre 8 et 12 porcelets homogènes en poids et en âge, avec un optimum de deux porcelets par portée de naissance afin de promouvoir une plus grande variabilité génétique.

Les porcelets arrivent aux stations du Rheu ou d'Argentré soit entre 25 et 30 jours d'âge avec un poids minimal de 7 kg de

poids vif (PV), soit entre 31 et 37 jours d'âge avec un poids minimal de 8,5 kg PV. Pour la station de Mauron, les porcelets arrivent entre 9 et 14 jours d'âge avec un poids minimum de 3,5 kg, et sont placés en nurserie jusqu'à 8,5 kg PV.

Les animaux sont placés en unité de post-sevrage de 8,5 jusqu'à 28 kg PV. Une fois ce poids atteint, ils sont élevés en loge collective de 12 individus avec automate d'alimentation Acema (Labroue *et al.*, 1994), Acema 48 pour la station d'Argentré, et Acema 64 dans les deux autres stations depuis 2005. Le contrôle de performances débute lorsque le poids des animaux est proche de 35 kg (Pdc) et se termine vers 110 kg PV (Pfc). A la fin du contrôle, les animaux sont abattus dans deux abattoirs commerciaux (SOCOPA, Evron, pour la station d'Argentré; Cooperl, Montfort-sur-Meu, pour les deux autres stations) la semaine où ils atteignent le Pfc fixé. Durant le contrôle, les animaux sont nourris *ad libitum* et reçoivent une ration à base de céréales et soja contenant 9,5 MJ d'énergie nette (EN) et 156 g de matières azotées totales par kg, avec un minimum de 0,87 g de Lysine digestible par MJ EN.

1.2. Caractères mesurés

1.2.1. Caractères mesurés en station durant la croissance

Entre Pdc et Pfc, le gain moyen quotidien (**GMQ**) a été calculé, la consommation totale, la consommation moyenne journalière (**CMJ**) et l'IC ont été estimés à partir des informations enregistrées par les automates d'alimentation. Le poids métabolique moyen des animaux (**PMM**) a été estimé à partir de la formule décrite par Noblet *et al.* (1999):

$$PMM = (Pfc^{1,6} - Pdc^{1,6}) / [1,6 (Pfc - Pdc)].$$

Pour les caractères mesurés en station, seuls les animaux ayant des performances enregistrées pour l'ensemble des caractères ont été retenus dans cette étude.

1.2.2. Caractères mesurés à l'abattoir

Après abattage, les carcasses des animaux ont été maintenues en chambre froide à 4°C pendant 24 heures. Les demi-carcasses droites ont ensuite été découpées en suivant la procédure standardisée décrite par Métayer et Daumas (1998). Le rendement de carcasse (**RDT**) a été défini comme le ratio entre le poids de carcasse froide (Pcarc) et le poids à l'abattage. L'épaisseur de lard moyenne de la carcasse (**LARD**) a été estimée par la moyenne de trois mesures réalisées aux niveaux des épaules, du dos et des reins sur la ligne médiane du dos. Le taux de muscle des pièces (**TMP**) est estimé par combinaison linéaire des poids des pièces (jambon, longe et bardière) exprimés en pourcentage du poids de la demi-carcasse droite (Daumas, 2008). Un indice global de qualité de la viande (**IQV**) est calculé tel que rapporté par Tribout *et al.* (2004).

1.2.3. Calcul de la consommation moyenne journalière résiduelle

La consommation moyenne journalière résiduelle (**CMJR**) a été calculée comme la différence entre la CMJ mesurée et la CMJ prédite d'après les besoins d'entretien et de production. La CMJ prédite est obtenue par régression linéaire multiple phénotypique de la CMJ sur le GMQ (estimation des besoins pour la croissance), LARD, TMP et RDT (estimation des besoins pour la composition tissulaire du gain de poids) et le PMM (estimation des besoins d'entretien) avec une ANOVA (GLM, SAS Inst. 2007). Une formule de prédiction de l'ingestion a été établie indépendamment pour chaque race intra sexe. Deux effets fixes ont été inclus dans le modèle : le groupe de

contemporains, et l'effectif de la loge au départ du premier animal pour l'abattoir.

1.2.4. Estimation des quantités de rejets d'azote et de phosphore durant l'engraissement

Les quantités d'azote (**Nelim**) et de phosphore (**Pelim**) éliminées par un animal durant sa période de croissance ont été calculées par différence entre les quantités d'azote et de phosphore ingérées et celles qui ont été fixées par l'animal. La quantité d'aliment consommée et la composition de cet aliment (teneurs en azote et en phosphore) ont permis d'estimer les quantités d'azote et de phosphore ingérées par les animaux. Les quantités d'azote et de phosphore retenues par l'animal durant la période de croissance ont été estimées à l'aide des normes CORPEN (2003) par différence entre les quantités fixées en fin de contrôle (à Pfc) et celle qui l'étaient déjà au début du contrôle (à Pdc). Les formules correspondantes sont explicitées par Guillou *et al.* (1993) pour l'azote et par Dourmad *et al.* (2002) pour le phosphore, d'après le poids vif et la composition corporelle de l'animal.

1.2.5. Caractères mesurés en ferme

Deux caractères mesurés en ferme - sur les candidats à la sélection - ont été également étudiés. Il s'agit de l'âge auxquels les candidats à la sélection atteignent 100 kg de poids vif (**A100**) exprimé en jours, ainsi qu'une mesure de lard dorsal (**ELD** : moyenne de 6 mesures réalisées aux niveaux des épaules, du dos et des reins de part et d'autre de la colonne vertébrale), réalisée aux ultrasons, à 100 kg de poids vif et exprimée en mm.

1.3. Analyses statistiques

1.3.1. Calcul de paramètres génétiques

Les paramètres génétiques ont été estimés par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (REML) à l'aide du logiciel WOMBAT (Meyer, 2006) appliqué à un modèle animal, à la fois pour les caractères mesurés en station et en ferme. Les fichiers de pedigrees contenaient les animaux contrôlés et leurs ascendants sur 6 générations. Pour les caractères mesurés en station, le modèle incluait l'effet fixe du groupe de contemporains (sauf pour les caractères de qualité de viande), l'effet aléatoire de la portée de naissance pour tous les caractères, l'effet aléatoire du groupe d'engraissement ($\log \times \text{station} \times \text{bande} \times \text{année}$) pour les caractères mesurés pendant la croissance et les rejets, et l'effet aléatoire de la date d'abattage uniquement pour les caractères de qualité de la viande. Le modèle incluait également comme covariable le Pdc pour les données de croissance, d'ingestion et pour les rejets, et le Pcarc pour les caractères de composition corporelle (excepté RDT) et de qualité de viande. Pour les caractères mesurés en ferme, un effet fixe du groupe de contemporains a été inclus dans le modèle, ainsi qu'un effet aléatoire de la portée de naissance.

1.3.2. Evaluation des réponses à la sélection

Les réponses à la sélection ont été estimées à l'aide du logiciel OPTIPIG (Maignel *et al.*, 1997) pour les caractères mesurés en station, et les deux caractères mesurés en ferme. OPTIPIG permet de modéliser l'évolution du niveau génétique d'une population en sélection dans le cadre d'un contrôle des verrats destinés à l'insémination artificielle en ferme à partir d'une situation de départ (niveau génétique 0). Les principaux paramètres démographiques des populations porcines en sélection collective sont renseignés (nombre de truies reproductrices, nombre de verrats en activité, % d'insémination artificielle, ...).

Le modèle utilisé est un modèle déterministe dynamique : chaque

cycle de sélection est modélisé afin de suivre les évolutions des valeurs génétiques moyennes pour les caractères de production. Ces évolutions sont exprimées en écart à la situation de départ, en tenant compte des réductions de variances génétiques liées à la sélection. Chaque cycle de sélection dure 5 mois (écart moyen entre deux mises bas), et les évolutions génétiques sont estimées en utilisant la méthode du BLUP modèle animal. Les pondérations appliquées dans notre étude sont dans un premier temps celles des indices de sélection actuellement utilisées dans les populations étudiées (scénario 0). Deux scénarios visant à intégrer la CMJR dans les indices de sélection ont été testés :

- Le scénario 1 consistera à reprendre les indices actuels en mettant à 0 les pondérations de l'IC et à pondérer la CMJR pour obtenir la même réponse que le scénario 0 en ce qui concerne l'IC.

- Le scénario 2 consistera à reprendre le scénario 1 et à pondérer le GMQ en cherchant à obtenir la même réponse que le scénario 0 pour l'IC et le GMQ.

Il est à noter que cette approche est exacte si l'objectif de sélection est linéaire, ce qui n'est pas le cas actuellement. En particulier, pour les populations maternelles, il y a double pondération des caractères liés à la consommation (IC et CMJ).

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Calcul de la CMJR

Les coefficients de détermination des prédictions de l'ingestion (R^2) vont de 70,5 % (LF) à 79,5% (PP). La CMJR est le terme résiduel de ces régressions phénotypiques et représente entre 20,5% et 29,5% de la variabilité de l'ingestion. Les formules obtenues pour le calcul de la CMJR pour chacune des races de notre étude sont :

$$\text{LWF} : \text{CMJR} = \text{CMJ} - 1,4 \text{ GMQ} + 31,8 \text{ TMP} - 7,8 \text{ RDT} - 2,8 \text{ LARD} - 110,9 \text{ PMM}$$

$$\text{LF} : \text{CMJR} = \text{CMJ} - 1,5 \text{ GMQ} + 33,7 \text{ TMP} - 8,2 \text{ RDT} - 2,0 \text{ LARD} - 94,1 \text{ PMM}$$

$$\text{LWM} : \text{CMJR} = \text{CMJ} - 1,4 \text{ GMQ} + 36,0 \text{ TMP} - 6,7 \text{ RDT} - 2,9 \text{ LARD} - 113,8 \text{ PMM}$$

$$\text{PP} : \text{CMJR} = \text{CMJ} - 1,4 \text{ GMQ} + 28,3 \text{ TMP} - 5,7 \text{ RDT} - 2,0 \text{ LARD} - 105,8 \text{ PMM}$$

Dans chacune de ces régressions, toutes les variables étaient significatives au seuil de 5%, excepté LARD pour le LWM pour lequel il y avait juste une tendance ($P < 10\%$). Cette variable a tout de même été gardée afin d'avoir des équations comparables entre populations. Au vu des coefficients obtenus, le Piétrain se démarque des trois autres populations.

En effet, les coefficients associés aux caractères de composition corporelle (TMP, RDT et LARD) sont les plus faibles, ce qui peut s'expliquer par le fait que les Piétrains sont des animaux très conformés et qu'il existe moins de variabilité de composition corporelle au sein de cette population. Elle expliquerait une proportion moindre de la variabilité de la CMJ.

2.2. Statistiques élémentaires

Les effectifs, performances moyennes et écarts types pour l'ensemble des caractères des quatre populations de notre étude sont donnés dans le Tableau 1.

2.3. Paramètres génétiques

Les estimations d'héritabilités et de corrélations génétiques avec la CMJR pour l'ensemble des caractères étudiés et pour chaque population sont données dans le tableau 2.

Les héritabilités pour les caractères mesurés en station sont en adéquation avec la littérature (Clutter, 2011), exception faite de l'héritabilité très faible trouvée pour le GMQ du LWM ($0,05 \pm 0,04$).

Tableau 1 - Moyennes (μ) et écart-types (e.t.) phénotypiques pour chaque caractère, et effectifs contrôlés en station

Population (effectif station)	LWF (10694)		LF (6470)		LWM (2342)		PP (2807)	
	μ	e.t.	μ	e.t.	μ	e.t.	μ	e.t.
Caractère	μ	e.t.	μ	e.t.	μ	e.t.	μ	e.t.
Pdc (kg)	34,8	1,8	34,8	1,9	34,9	1,9	34,9	2,0
Pfc (kg)	109,5	5,1	108,8	5,3	110,1	5,3	106,7	6,7
Pcarc (kg)	83,0	5,4	81,9	5,1	84,5	5,8	85,5	5,6
CMJR (g/j)	0	150	0	149	0	158	0	110
CMJ (kg/j)	2,57	0,25	2,58	0,24	2,55	0,26	2,08	0,20
IC (kg/kg)	2,69	0,21	2,79	0,23	2,62	0,21	2,49	0,17
GMQ (g/j)	958	93	928	86	978	94	839	86
RDT (%)	78,6	3,2	78,0	1,3	79,3	1,2	82,2	1,2
LARD (mm)	23,8	1,3	24,1	3,3	21,8	3,2	18,0	2,8
TMP (%)	56,1	2,8	54,0	3,1	58,3	2,6	65,3	2,0
IQV (point)	11,2	2,8	11,1	2,9	11,5	3,0	9,1	2,9
Nelim (kg)	3,18	0,51	3,36	0,54	3,03	0,50	2,60	0,41
Pelim (kg)	0,60	0,10	0,63	0,10	0,58	0,09	0,51	0,08
A100 (j)	155	13	157	11,6	146	11	153	13
ELD (mm)	11,3	1,9	12,0	1,8	10,2	1,8	7,9	1,3

Tableau 2 - Héritabilités (h^2)¹ et corrélations génétiques avec la CMJR (rg)² des caractères mesurés pour les quatre populations.

Population	LWF		LF		LWM		PP	
	h^2	rg	h^2	rg	h^2	rg	h^2	rg
Caractère	h^2	rg	h^2	rg	h^2	rg	h^2	rg
CMJR (g/j)	0,22	-	0,23	-	0,26	-	0,33	-
CMJ (kg/j)	0,34	0,55	0,27	0,61	0,21	0,72	0,45	0,57
IC (kg/kg)	0,30	0,52	0,35	0,56	0,30	0,69	0,36	0,80
GMQ (g/j)	0,33	0,16	0,26	0,05	0,05	0,09	0,42	0,06
RDT (%)	0,39	0,00	0,32	0,03	0,31	-0,09	0,45	-0,05
LARD (mm)	0,51	-0,06	0,62	-0,11	0,53	0,04	0,33	-0,01
TMP (%)	0,61	0,08	0,66	0,03	0,55	-0,04	0,48	-0,12
IQV (point)	0,24	0,18	0,29	0,07	0,12	0,01	0,26	0,23
Nelim (kg)	0,33	0,51	0,30	0,53	0,27	0,67	0,37	0,81
Pelim (kg)	0,28	0,56	0,28	0,58	0,26	0,71	0,37	0,84
A100 (j)	0,31	-0,21	0,36	-0,08	0,38	-0,14	0,40	-0,08
ELD (mm)	0,38	-0,11	0,46	-0,19	0,41	-0,09	0,52	0,01

1. E-s des h^2 comprises entre 0,02 et 0,05 en LWF, entre 0,04 et 0,08 en LWM, entre 0,03 et 0,04 en LF, entre 0,04 et 0,07 en PP.

2. E-s des rg comprises entre 0,05 et 0,09 en LWF, 0,08 et 0,30 en LWM, entre 0,06 et 0,11 en LF, entre 0,04 et 0,12 en PP.

La CMJR est un caractère moyennement héritable quelle que soit la population considérée ($0,22 \pm 0,03$ à $0,33 \pm 0,05$), ce qui est conforme aux estimations disponibles dans la littérature (Hoque et Suzuki, 2009). La part de variance due à l'effet de la portée de naissance sur la CMJR est faible dans toutes les populations ($0,13 \pm 0,02$ en LWF, $0,05 \pm 0,05$ en LWM, $0,04 \pm 0,03$ en LF et $0,04 \pm 0,04$ en PP). De même, la part de variance due au groupe de contemporains engraisés dans la même loge est faible ($0,06 \pm 0,01$ en LWF, $0,07 \pm 0,02\%$ en LWM, $0,07 \pm 0,01\%$ en LF et $0,13 \pm 0,02$ en PP).

Les corrélations génétiques entre la CMJR et les autres caractères sont semblables entre populations, sauf pour l'IC, Pelim et Nelim. La CMJR présente une corrélation génétique positive élevée avec la CMJ et l'IC. Ces corrélations élevées ont également été rapportées par Cai *et al.* (2008) et par Gilbert *et al.* (2007) en race Large White. Les corrélations génétiques entre la CMJR et les caractères intégrés dans la régression sont faibles, que ce soit pour la vitesse de croissance (GMQ) ou la composition corporelle (TMP, LARD, et RDT). Les corrélations génétiques sont nulles (LWM) ou positives entre CMJR et IQV. Les corrélations génétiques entre CMJR et quantités de rejets azotés et phosphorés sont positives pour toutes les races, avec des valeurs comprises entre 0,51 à 0,58 pour les lignées femelles et entre 0,67 à 0,84 pour les lignées mâles. La corrélation génétique entre CMJR et A100 est faiblement à moyennement négative pour toutes les populations ($-0,08$ à $-0,21$), et la corrélation génétique entre CMJR et ELD est faiblement négative pour les trois populations à robe blanche ($-0,19$ à $-0,09$) et nulle en Piétrain ($0,01$), en accord avec celles estimées sur le GMQ et le LARD respectivement.

Les corrélations génétiques avec l'IC sont de l'ordre de $-0,30$ pour le GMQ, de $-0,50$ pour le TMP, $0,50$ pour le LARD, 0 pour le RDT, $0,40$ pour la CMJ et très élevés pour les quantités de rejets azotés et phosphorés ($0,90$) (données non montrées).

Par rapport à une sélection basée sur l'indice de consommation, sélectionner pour réduire la CMJR entraînerait peu de modifications de vitesse de croissance (GMQ et A100) et de composition corporelle (TMP, LARD, ELD et RDT), et des répercussions équivalentes sur l'IQV, qui serait un peu déprécié. Par contre, les réponses sur la consommation seraient plus élevées.

2.4. Réponses à la sélection

Les poids associés à chacun des caractères dans les indices de sélection sont données dans le Tableau 3.

Tableau 3 - Poids des caractères utilisés dans les indices de sélection pour chacun des scénarios (Scén.) et pour chaque race.

Pop.	Scén.	CMJR	IC	GMQ	CMJ	TMP	RDT	IQV
LWF	0	0	-109	0,243	50	1	13	13
	1	-0,5	0	0,243	50	5,5	13	13
	2	-0,5	0	0,6	50	5,5	13	13
LF	0	0	-109	0,243	50	1	17	13
	1	-0,5	0	0,243	50	7,5	17	13
	2	-0,5	0	0,5	50	7,5	17	13
LWM	0	0	-109	0,243	0	12	13	25
	1	-0,5	0	0,243	0	12	13	25
	2	-0,5	0	0,8	0	12	13	25
PP	0	0	-109	0,243	0	4	13	13
	1	-0,2	0	0,243	0	4	13	13
	2	-0,2	0	0,3	0	4	13	13

Les évolutions des valeurs génétiques moyennes pour les caractères de chacune des quatre populations, et pour chaque scénario sont données dans les Tableaux 4 à 6. Seules les réponses attendues après 5 ans de sélection sont présentées.

Tableau 4 - Progrès génétiques attendus après 5 ans de sélection pour le scénario 0, exprimés en écart au niveau génétique actuel et en unité d'écart type phénotypique du caractère

Caractères	Population			
	LWF	LF	LWM	PP
CMJR	0,36	0,25	-0,02	-0,17
CMJ	0,85	0,27	-0,47	0,51
IC	-0,40	-0,87	-0,95	-1,02
GMQ	1,16	1,04	0,29	1,14
RDT	-0,17	-0,06	0,03	0,04
TMP	0,09	1,09	1,59	0,61
IQV	0,62	0,67	0,36	0,39
Nelim	-0,03	-0,55	-0,78	-0,42
Pelim	-0,02	-0,50	-0,70	-0,49
A100	-0,91	-0,91	-0,11	-0,73
ELD	-0,44	-1,05	-1,15	-0,64

Le scénario 0 entraîne des réponses à la sélection pour la CMJR différentes dans les lignées maternelles (LWF et LF), pour lesquelles on attend une augmentation de la CMJR au cours du temps (+0,25 à +0,36 écart type), par rapport aux lignées paternelles (LWM et PP), où l'on observe une diminution (-0,02 à -0,17 écart type) de la CMJR. Cette différence s'explique pour partie par les pondérations des caractères dans les indices de sélection des deux types de populations : pour les lignées femelles, la CMJ, génétiquement corrélée positivement avec la CMJR, est intégrée avec un poids de +50, alors qu'elle est absente des indices des lignées paternelles, pour lesquelles, par contre, la TMP, génétiquement corrélée négativement avec la CMJR, est pondérée plus fortement.

En parallèle, nos résultats montrent une augmentation de la réponse sur la CMJ attendue en LWF et LF du fait de l'intégration du caractère dans l'indice, alors que l'on observe une diminution en LWM. Par contre, une augmentation de la CMJ du Piétrain est attendue, du fait de l'existence d'une forte corrélation génétique entre le GMQ et la CMJ (+ 0,82), et d'une plus faible corrélation génétique entre IC et CMJ (+ 0,26) que dans les autres populations. Les progrès génétiques attendus pour la CMJ d'après les paramètres génétiques utilisés en sélection en routine dans les lignées maternelles ont été définis comme nuls. Nos résultats sont divergents par rapport à cet attendu, vraisemblablement en raison des nouvelles estimations de paramètres génétiques utilisées, et pourraient initier une réflexion nouvelle sur la pondération des caractères dans les indices de sélection.

Une augmentation des valeurs génétiques pour le GMQ est attendue, mais avec une intensité moindre chez le LWM du fait de la très faible héritabilité estimée pour ce caractère (0,05). De façon corrélée, l'A100 devrait quant à lui diminuer dans toutes les populations. Dans toutes les populations une diminution de l'IC est attendue au cours du temps. Cette diminution attendue est plus faible en LWF, potentiellement expliquée par des estimations de corrélations génétiques plus élevées que dans les trois autres populations entre RDT et IC (+ 0,17) et entre IQV et IC (+ 0,22), caractères pondérés positivement dans l'indice de sélection.

Les impacts de la sélection sur les rejets d'éléments azotés et phosphorés sont comparables, et très liés aux réponses à la

sélection de l'IC. Ces évolutions montrent des diminutions de rejets d'azote et de phosphore pour toutes les populations. Seule la sélection appliquée à la population LWF semble indiquer que les quantités de rejets n'évolueraient pas ou très peu, du fait d'un progrès génétique plus réduit sur l'IC, d'une corrélation génétique nulle entre N et GMQ (-0,04), alors qu'elle est négative (-0,36) en LF par exemple, et d'une corrélation génétique entre N et RDT positive (+0,20), alors qu'elle est faiblement négative en LF (-0,12).

Dans le scénario 1, remplacer l'IC par la CMJR dans les indices de sélection pour obtenir les mêmes réponses en termes d'efficacité alimentaire s'est révélé difficile pour les lignées maternelles sous la contrainte de ne modifier aucune autre pondération. Afin d'obtenir la réponse escomptée pour l'IC, une pondération de -0,50 appliquée à la CMJR s'est accompagnée d'une modification de la pondération appliquée au TMP. Cette dernière est passée de 1 à 5,5 en LWF et à 7,5 en LF. Ce résultat pour ces populations a été obtenu au détriment des évolutions du GMQ (de -0,40 à -0,60 écart type par rapport au scénario 0), de l'IQV (-0,10 écart type), et des caractères mesurés en ferme (jusqu'à -0,70 écart type pour l'A100 en LWF). Par contre, la réponse sur le TMP n'a pas été modifiée alors que les réponses sur les quantités de rejets d'azote et de phosphore ont été améliorées (-0,10 écart type en LF et -0,20 écart type en LWF).

Tableau 5 - Progrès génétiques attendus après 5 ans de sélection pour le scénario 1, exprimés en écart au niveau génétique actuel et en unité d'écart type phénotypique du caractère

Caractères	Population			
	LWF	LF	LWM	PP
CMJR	-0,17	-0,05	-0,57	-0,45
CMJ	0,12	-0,19	-0,75	0,23
IC	-0,39	-0,89	-0,93	-0,98
GMQ	0,43	0,61	0,00	0,83
RDT	0,05	0,07	0,13	0,15
TMP	0,09	1,14	1,05	0,42
IQV	0,42	0,55	0,32	0,46
Nelim	-0,23	-0,66	-0,81	-0,48
Pelim	-0,21	-0,61	-0,76	-0,58
A100	-0,21	-0,45	0,11	-0,59
ELD	-0,21	-0,89	-0,52	-0,26

Une faible pondération de la CMJR en LWM et en PP (-0,50 et -0,20 respectivement) a permis d'obtenir la réponse corrélative souhaitée sur l'IC, accompagnée d'une diminution de la CMJR de l'ordre de -0,50 écart type. Par rapport au scénario 0, cette évolution de l'IC s'est accompagnée d'une forte diminution du progrès attendu sur le GMQ en PP et en LWM (-0,90 écart type par rapport au scénario 0), d'une moindre augmentation du TMP (-0,20 écart type en PP et -0,50 écart type en LWM), d'une amélioration de la réponse sur le RDT (+0,10 écart type) et d'une réponse à peu près équivalente sur l'IQV et les rejets d'éléments polluants. Le scénario 1 présente une base de réflexion pour proposer de nouveaux indices de sélection utilisant la CMJR plutôt que l'IC pour améliorer l'efficacité de transformation des aliments.

Les simulations pour obtenir la même réponse pour l'IC et le GMQ en utilisant la CMJR et non l'IC (scénario 2) ont montré qu'il fallait reprendre les pondérations du scénario 1 et augmenter la pondération du GMQ de 0,243 à 0,6, 0,5, 0,8 et 0,3 en LWF, LF, LWM et PP respectivement.

Tableau 6 - Progrès génétiques attendus après 5 ans de sélection pour le scénario 2, exprimés en écart au niveau génétique actuel et en unité d'écart type phénotypique du caractère

Caractères	Population			
	LWF	LF	LWM	PP
CMJR	0,09	0,04	-0,36	-0,37
CMJ	0,76	0,09	-0,39	0,59
IC	-0,55	-1,05	-0,86	-0,99
GMQ	1,20	1,01	0,30	1,17
RDT	-0,15	-0,04	0,04	0,03
TMP	-0,01	1,19	1,01	0,15
IQV	0,43	0,51	0,41	0,41
Nelim	-0,15	-0,70	-0,63	-0,38
Pelim	-0,14	-0,65	-0,59	-0,47
A100	-0,93	-0,86	-0,47	-0,84
ELD	-0,36	-1,02	-0,74	-0,16

Les réponses sur les autres caractères montrent des résultats équivalents au scénario 0 pour l'A100 et un peu moindres pour l'ELD100. Pour les caractères mesurés en station autres que le GMQ et l'IC, les réponses sont un peu modifiées par rapport au scénario 1 mais n'atteignent pas les réponses du scénario 0. Comme le montre ce dernier exemple, l'utilisation de la CMJR pour améliorer l'IC permet d'ajuster plus facilement les

pondérations des autres caractères, tels que le GMQ, le TMP et le RDT, qui sont très peu corrélés génétiquement avec la CMJR, ce qui n'était pas le cas avec l'IC.

CONCLUSION

La CMJR est un caractère nouveau qui décrit une partie de l'utilisation de l'aliment qui, jusqu'à présent, n'est pas explicitement utilisée en sélection. Ce caractère d'efficacité alimentaire est héritable dans toutes les populations étudiées. La CMJR présente une corrélation génétique favorable avec l'indice de consommation et les quantités de rejets d'éléments azotés et phosphorés, une corrélation génétique légèrement défavorable avec les caractéristiques de qualité de la viande, et est peu corrélée génétiquement à la vitesse de croissance et à la composition corporelle des animaux.

Aux approximations près faites sur la linéarité des objectifs de sélection, nous montrons que la sélection actuellement en cours dans les quatre populations porcines en sélection collective entraîne une diminution de l'IC dans toutes les races mais une augmentation de la CMJR en lignées maternelles. Par contre, dans tous les cas, les quantités de rejets azotés et phosphorés ont tendance à diminuer. De nouveaux indices de sélection intégrant la CMJR à la place de l'IC peuvent être proposés afin d'améliorer ce dernier. Ceci permettrait de modifier les pondérations des autres caractères pour les améliorer en limitant les réponses corrélatives directes liées à leurs corrélations génétiques avec l'IC. Nous rapportons des augmentations attendues de la CMJ dans les lignées femelles contrairement aux objectifs de stabilité définis originellement par les organisations de sélection. L'utilisation de la CMJR dans les indices pourrait permettre de corriger cela, et reformuler des objectifs linéaires et par conséquent de mieux prédire la réponse sur l'IC.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Cai W., Casey D.S., Dekkers J.C.M., 2008. Selection response and genetic parameters for residual feed intake in Yorkshire swine. *J. Anim. Sci.*, 86, 287-298.
- Clutter A.C., 2011. Genetics of performance traits. In: M.F., Rothschild, and A., Ruvinsky (Eds), *The Genetics of the Pig*, 2nd edition, 325-354, CAB International., Wallingford, UK.
- CORPEN, 2003. Estimation des rejets d'azote, phosphore, potassium, cuivre et zinc des porcs. Influence de la conduite alimentaire et du mode de logement des animaux sur la nature et la gestion des déjections produites. Rapport du groupe Porc, CORPEN, 41p.
- Daumas G., 2008. Taux de muscle des pièces et appréciation de la composition corporelle des carcasses. *Journées Rech. Porcine*, 40, 61-67.
- Dourmad J.Y., Pomar C., Massé D., 2002. Modélisation du flux de composés à risque pour l'environnement dans un élevage porcin. *Journées Rech. Porcine*, 34, 183-194.
- Gilbert H., Bidanel J.P., Gruand J., Caritez J., Billon Y., Guillouet P., Lagant H., Noblet J., Sellier P., 2007. Genetic parameters for residual feed intake in growing pigs, with emphasis on genetic relationships with carcass and meat quality traits. *J. Anim. Sci.*, 85, 3182-3188.
- Guillou D., Dourmad J.Y., Noblet J., 1993. Influence de l'alimentation, du stade physiologique et des performances sur les rejets azotés du porc à l'engrais, de la truie et du porcelet. *Journées Rech. Porcine*, 25, 307-314.
- Hoque M.A., Suzuki K., 2009. Genetics of Residual Feed Intake in Cattle and Pigs: A Review. *Asian-Austr. J. Anim. Sci.*, 22, 747-755.
- Kennedy B.W., van der Werf J.H., Meuwissen T.H.E., 1993. Genetic and statistical properties of residual feed intake. *J. Anim. Sci.*, 71, 3239-3250.
- Labroue F., Guéblez R., Sellier P., Meunier-Salaün M.C., 1994. Feeding behaviour of group-housed Large White and Landrace pigs in French central test stations. *Livest. Prod. Sci.*, 40, 303-312.
- Le porc par les chiffres, édition 2010. IFIP – Institut du porc, 44p.
- Maignel L., Phocas F., Bidanel J.P., 1997. Etude de modalités d'utilisation des stations publiques de contrôle de performances porcines en France. *Journées Rech. Porcine*, 29, 343-352.
- Métayer A., Daumas G., 1998. Estimation par découpe de la teneur en viande maigre des carcasses de porc. *Journées Rech. Porcine*, 30, 7-11.
- Meyer K., 2006. "WOMBAT" - digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006, 27-14.
- Noblet J., Karege C., Dubois S., van Milgen J., 1999. Metabolic utilization of energy and maintenance requirements in growing pigs: effects of sex and genotype. *J. Anim. Sci.*, 77, 1208-1216
- SAS. Institute. 2007. SAS online documentation, version 9.1. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Tribout T., Caritez J.C., Gogué J., Gruand J., Bouffaud M., Billon Y., Péry C., Griffon H., Brenot S., Le Tiran M.H., Bussièrès F., Le Roy P., Bidanel J.P., 2004. Estimation, par utilisation de semence congelée, du progrès génétique réalisé en France entre 1977 et 1998 dans la race porcine Large White: résultats pour quelques caractères de production et de qualité des tissus gras et maigres. *Journées Rech. Porcine*, 36, 275-282.