

Composantes génétiques de la taille de portée et de la croissance des porcelets en race Tai Zumu

Maxime BANVILLE (1,2), Michel SOURDIOUX (1), Damien BAHON (1), Laurianne CANARIO (2)

(1) GENE+, 12 rue du Moulin, 62134 Erin, France

(2) INRA, 24 chemin de Borde Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France

maxime.banville@toulouse.inra.fr

avec la participation des techniciens d'élevage GENE+

Genetic components for litter size and piglet growth in the Tai Zumu breed

The genetic components for litter size, piglet growth and heterogeneity of piglet weights within the litter were estimated at birth and 3 weeks of lactation in a Tai Zumu population. Weights from 19718 Tai Zumu piglets born from 1341 litters in three nucleus herds were available for genetic analyses. Heritability values and genetic correlations were estimated using the restricted maximum likelihood methodology applied to an animal model. Litter traits included the number of piglets born alive (NBA), the number of piglets nursed by the sow, the mean piglet weight (MW), the standard deviation of weight (SD) and the weight of the lightest piglet in the litter (MIN). Individual and maternal genetic effects for piglet weight were also estimated at birth (0) and at 3 weeks of age (3). Heritability for litter size at birth and heterogeneity of weights at birth and 3 weeks of age were moderate ($h^2=0.18$ and 0.16 for the two trait categories). Heritability for mean weights MW was high ($h^2=0.43$ to 0.50). Piglet genes explained a low proportion of the genetic variance of birth weight (21%) and 42% of that of weight at 3 weeks. A genetic antagonism between maternal and direct effects on piglet weight was observed at birth but not at 3 weeks of age. NBA was unfavourably correlated with MW and MIN, both at birth and at 3 weeks of age. The genetic correlations between SD3 and NBA or MW3 were low and positive ($r_g=0.18$ and 0.12 , respectively). The genetic correlations between MIN3 and MW, MW3 and SD3 were all favourable ($r=0.79$, 0.86 and -0.42 respectively).

INTRODUCTION

La sélection sur le nombre de porcelets nés vivants a permis d'augmenter la prolificité tout en limitant la mortinatalité. Elle a aussi conduit à accroître la taille de portée au sevrage, malgré une augmentation des pertes en lactation. Par ailleurs, la sélection sur la prolificité pourrait conduire à une diminution du poids des porcelets. Certains auteurs préconisent donc de sélectionner également pour le poids moyen des porcelets et/ou contre l'écart type de poids intra-portée pour améliorer la survie en allaitement (Huby *et al.*, 2003 ; Wolf *et al.*, 2008). La lignée Tai Zumu est issue du croisement entre des truies Meishan et des verrats Large White hyperprolififiques. L'objectif de cette étude était d'estimer les héritabilités (h^2) et les corrélations génétiques (r_g) pour les caractères numériques et pondéraux de la portée à la mise-bas et à 3 semaines de lactation. Nous avons aussi détaillé les composantes de la variance pour l'effet génétique direct (associé au porcelet) et l'effet génétique maternel (associé à la mère) sur le poids individuel des porcelets à la naissance et à 3 semaines.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux et collecte des données

Les données ont été collectées sur des porcelets Tai Zumu issus de trois élevages de sélection GENE+ (environ 100 truies assurent le renouvellement sur chaque élevage). De février 2009 à janvier 2012, les porcelets nés vivants, morts nés,

morts en lactation et les porcelets vivants à 3 semaines ont été pesés à l'aide d'une balance électronique à 50 g près (les données ont été collectées sur un boîtier de pesée SR3000 et XR3000 ; True-test®). La pratique de l'adoption après la mise bas ne concernait que 7% des porcelets.

Nous disposons des poids individuels à la naissance (PIN) de 19718 porcelets (1341 portées) parmi lesquels 11880 (945 portées) avaient également leur poids individuel enregistré à 3 semaines (PI3S, entre 17 et 24j d'âge). Le poids des porcelets morts nés était inclus dans les analyses. Les 2 fichiers de pedigrees, définis pour les analyses au niveau du porcelet et de la portée, comprenaient 21559 et 2190 animaux respectivement.

1.2. Analyses statistiques

La taille de portée était mesurée par le nombre de porcelets nés vivants (NV) et le nombre de porcelets sevrés par la truie (NSEVP). Les caractères calculés à partir des poids individuels à la naissance et à 3 semaines sont: le poids moyen (PMN et PM3s, respectivement), l'écart-type de poids intra-portée (ETPN et ETP3S, respectivement) et le poids du plus petit porcelet de la portée (MINN et MIN3S, respectivement).

Les (co)variances ont été estimées par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (REML) appliquée à un modèle animal multi-caractère, avec le logiciel DMU (Madsen et Jensen, 2008).

Les modèles d'analyse des caractères de prolificité et de croissance à l'échelle de la portée étaient :

$$Y_{\text{naiss}} = \text{Rang} + \text{ASE} + \text{EnvPerm} + \text{GENmère} + e \quad (1)$$

$$Y_{35} = \text{Rang} + \text{ASE} + \text{Verrat} + \text{ENVPerm} + \text{GENmère} + \text{AGE3S} + e \quad (2)$$

où Rang représente l'effet fixe du rang de portée (1 à 6) et ASE celui de l'effet d'interaction année/saison/élevage. L'âge du porcelet (AGE3S) était inclus comme covariable pour les caractères pondéraux à 3 semaines. Les modèles prenaient également en compte les effets aléatoires suivant : l'environnement permanent associé à la truie (ENVPerm), l'effet du vertrat père de la portée (modèle 2) et l'effet génétique de la truie (GENmère).

Pour les caractères individuels de poids (PIN et PI3S), les modèles comprenaient en plus des effets du modèle 1, l'effet de la portée (POR) et l'effet génétique associé au porcelet (GENporc) en tant qu'effets aléatoires :

$$Y_{\text{PIN/PI3S}} = \text{Rang} + \text{ASE} + \text{sexe} + \text{POR} + \text{ENVPerm} + \text{GENmère} + \text{GENporc} + \text{AGE3S} + e \quad (3)$$

L'effet aléatoire génétique de la nourrice a été testé mais n'était pas significatif.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les héritabilités et corrélations génétiques pour les caractères de la portée sont présentées dans le Tableau 1. Les héritabilités sont faibles à fortes (0,06 à 0,50). Le poids moyen des porcelets est le caractère le plus héritable. L'héritabilité du nombre de porcelets sevrés par la truie est faible. D'une manière générale, les héritabilités obtenues pour la population composite Tai Zumu sont supérieures à celles obtenues dans d'autres populations (Huby *et al.*, 2003 ; Canario *et al.*, 2010).

Tableau 1 - Héritabilités et corrélations génétiques des caractères liés à la taille de portée, au poids des porcelets et à l'homogénéité des poids intra-portée dans la lignée Tai Zumu.

Caract. (h ²) ¹	NV (0,18)	PMN (0,50)	NSEVP (0,06)	PM3S (0,43)	ETP3S (0,16)
NV		-0,50	0,61	-0,59	0,18
ETPN (0,16)	0,31	0,41	0,24	0,57	0,36
MINN (0,21)	-0,72	0,93	-0,19	0,45	0,17
ETP3S (0,16)	0,05	0,21	-0,37	0,12	
MIN3S (0,15)	-0,75 ²	0,53	0,12	0,86	-0,42

Erreurs standards des corrélations comprises entre 0,02 et 0,39.

¹ Héritabilités ; erreurs standards comprises entre 0,02 et 0,08.

² Corrélation obtenue avec le nombre de nés totaux.

La prolificité est corrélée négativement avec le poids moyen des porcelets et surtout avec le poids du plus petit porcelet de

la portée. Une sélection sur NV sans tenir compte des caractères de croissance conduirait à la production de porcelets plus légers. L'ETP3S est peu corrélé au PM3S et est corrélé négativement au NSEVP. Ce résultat va dans le sens de la conclusion de Huby *et al.* (2003) qui préconisent une sélection contre l'hétérogénéité intra-portée pour améliorer la survie des porcelets et donc accroître le nombre de porcelets sevrés. La prise en compte à la fois de NV et du MIN3S ou bien de NV, du PM3S et de l'ETP3S pourrait permettre d'accroître la taille de portée au sevrage.

La composante génétique directe du poids individuel à la naissance représente une faible part de la variance génétique totale (h²_d=0,05±0,03) par rapport à celle associée à l'effet maternel (h²_m=0,19±0,03). A 3 semaines, l'héritabilité pour l'effet direct est de 0,08±0,03 et celle pour l'effet maternel est de 0,11±0,03. Au cours de sa croissance, le porcelet exprime donc son potentiel génétique de croissance. L'antagonisme entre les effets génétiques directs et maternels à la naissance (r_g=-0,34±0,20) est plus élevé que celui estimé en population Landrace française (Bouquet *et al.*, 2006 ; r_g=-0,13). Pour le PI3S, l'antagonisme est faible entre les deux effets génétiques (r_g=-0,13±0,26) contrairement au résultat obtenu par Canario *et al.* (2010) dans la population Landrace norvégienne (r_g=-0,43). Le potentiel génétique de croissance du porcelet semble donc pour la Tai Zumu indépendant de la capacité génétique laitière de la truie. Cet antagonisme génétique pourrait augmenter si une pression de sélection plus forte est appliquée sur la taille de portée (Roehle et Kalm, 2000). Les composantes directe et maternelle pour le PI3S sont corrélées positivement à l'hétérogénéité des poids intra-portée à 3 semaines (r_g=0,45±0,31 et r_g=0,30±0,20).

CONCLUSION

Cette étude a permis de mieux connaître les mécanismes génétiques intervenant sur les aptitudes maternelles de la truie Tai Zumu. En plus d'une sélection sur le nombre de nés vivants, l'amélioration du poids des porcelets et plus précisément du poids du plus petit porcelet de la portée à 3 semaines est une piste d'amélioration conjointe de la croissance uniforme des porcelets et de la prolificité des truies. Un résultat similaire pourrait être obtenu en sélectionnant pour le poids moyen des porcelets et contre l'hétérogénéité intra-portée à 3 semaines.

Une sélection sans prendre en compte la composante génétique directe pour la croissance naissance-3 semaines n'affecterait a priori pas le potentiel de croissance du porcelet. Ces résultats seront confirmés par l'analyse d'un jeu de données de plus grande taille et les corrélations génétiques avec la croissance entre 0 et 100 kg seront évaluées car la sélection sur l'âge à 100 kg peut influencer les caractéristiques des portées à la naissance.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bouquet A., Ligonésche B., Canario L., Bidanel J.P. 2006. Effets directs et maternels sur la survie et la croissance des porcelets en allaitement dans une population Landrace Français. Journées Rech. Porcine, 38,125-130.
- Canario et al., Lundgren H., Haandlykken M., Rhydmer L., 2010. Génétique de la croissance et de l'hétérogénéité des poids des porcelets dans les portées de Landrace norvégien. Journées Rech. Porcine, 42, 181-182.
- Huby M., Gogué J., Maignel L., Bidanel J.P., 2003 Corrélations génétiques entre les caractéristiques numériques et pondérales de la portée, la variabilité de poids des porcelets et leur survie entre la naissance et le sevrage. Journées Rech. Porcine, 35, 293-300.
- Madsen P., Jensen J., 2008. An User's Guide to DMU. A package for analyzing Multivariate Mixed models. Version 6 release 4.7. 8830 Tjele DK.
- Roehle, R., Kalm, E., 2000. Estimation of Genetic and Environmental Risk Factors Associated with Pre-weaning Mortality in Piglets using Generalized Linear Mixed Models. Anim. Sci., 70, 227-240.
- Wolf J., Zakova E., Groeneveld E., 2008. Within litter variation of birth weight in hyperprolific Czech Large White sows and its relation to litter size traits, stillborn piglets and losses until weaning. Livest. Sci., 115, 195-205.