

Conséquences d'une sélection sur l'homogénéité du poids des porcelets à la naissance sur la productivité numérique des truies Large White et Landrace Français

Alban BOUQUET (1), Isabelle DELAUNAY (1), Isabelle MEROUR (1, a), Thierry BELLEC (2), Bruno LIGONESCHE (3), Michel SOURDIOUX (4), Jean-Pierre BIDANEL (5), Laurianne CANARIO (6)

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

(2) ADN, rue M. De Trésiguidy, 29190 Pleyben, France

(3) NUCLEUS, 7 rue des orchidées, 35650 Le Rheu, France

(4) GENE+, 12 rue du moulin, 62134 Erin, France

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

(6) INRA, UMR 444 LGC, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France

(a) Nouvelle adresse : COBIPORC, Le Val, 35590 Saint Gilles, France

alban.bouquet@ifip.asso.fr

Conséquences d'une sélection sur l'homogénéité du poids des porcelets à la naissance sur la productivité numérique des truies Large White et Landrace Français

L'objectif de cette étude est d'évaluer l'intérêt d'intégrer des critères d'homogénéité du poids des porcelets à la naissance dans les objectifs de sélection des lignées maternelles Large White (LW) et Landrace (LR) Français pour améliorer la productivité numérique des truies au sevrage. Les paramètres génétiques de six caractéristiques pondérales de la portée ont été estimés à partir des pesées individuelles à la naissance de porcelets issus respectivement de 9925 et 4010 portées de race pure LW et LR. Les variables analysées sont l'écart-type (ETPN), le coefficient de variation (CVPN) et l'amplitude des poids de naissance intra-portée, le poids moyen de la portée (PMN), le poids du porcelet le plus lourd (MAX) et le taux de petits porcelets dans la portée. Cette analyse a été complétée par l'étude de quatre variables de productivité numérique des truies à la naissance et au sevrage : le nombre de porcelets nés vivants (NVIV), sevrés de et sevrés par la truie, ainsi que le taux de porcelets sevrés par la truie. Des héritabilités faibles ont été estimées pour les caractères de productivité numérique ($\leq 0,10$) et de variabilité pondérale ($\leq 0,17$). Des héritabilités plus élevées ont été estimées pour PMN et MAX (0,32 à 0,37). La modélisation du schéma de sélection de ces populations avec le logiciel ZPlan+ a permis d'évaluer les réponses attendues pour une sélection selon un indice qui intègre NVIV et ETPN ou CVPN. Dans les deux cas, sélectionner sur ETPN et CVPN conduit à homogénéiser le poids des porcelets. Toutefois, le choix du critère de variabilité pondérale influence notablement les réponses observées sur les autres caractéristiques de la portée. Sélectionner sur ETPN permet d'accroître le progrès génétique sur la prolificité mais réduit le poids moyen des porcelets. Sélectionner sur CVPN permet de stabiliser le poids des porcelets mais au prix d'un progrès génétique plus faible sur la prolificité.

Consequences of a selection for within-litter homogeneity of piglet birth weights on sow productivity in the French Large White and Landrace populations

The aim of this study was to assess the interest of integrating within-litter birth weight variation traits in the selection objective of French Large White (LW) and Landrace (LR) pig populations in order to increase litter size at weaning. The genetic parameters of six traits derived from individual piglet weighings at birth were estimated, namely the within-litter birth weight standard deviation (ETPN) and coefficient of variation (CVPN), the weight difference between the heaviest and the lightest piglets, the within-litter mean weight (PMN), the weight of the heaviest piglet (MAX) and the proportion of small piglets. Four traits describing litter size at birth and weaning were also analyzed, namely the number of piglets born alive (NVIV), weaned from and by a sow, as well as the proportion of piglets weaned by a sow. After editing, the analysis included observations of 9925 LW and 4010 LR purebred litters. Low heritability values were estimated for litter size traits (≤ 0.10) and for traits measuring within-litter birth weight variation (≤ 0.17). Higher heritabilities were estimated for PMN and MAX (0.32-0.37). Breeding schemes of both breeds were then modeled with ZPlan+ in order to predict responses to a selection based on a breeding objective integrating NVIV and ETPN or CVPN. In both cases, integrating ETPN or CVPN in the breeding objective led to homogenizing the birth weight of piglets. However, the use of either criterion produced different selection responses on other litter traits. Considering ETPN in the breeding objective increased genetic gain on litter size but significantly reduced the mean birth weight of piglets. Considering CVPN stabilized the mean birth weight of piglets but reduced the genetic gain achieved on litter size.

INTRODUCTION

Le nombre de porcelets sevrés par truie résulte de deux composantes : la prolificité de la truie et son aptitude à élever sa portée. Dans le schéma de sélection collectif français, un progrès génétique important a été réalisé sur la prolificité depuis 20 ans. Plus récemment, des évolutions des objectifs de sélection ont permis d'augmenter le nombre de porcelets sevrés par truie (IFIP, 2013).

Toutefois, la prolificité et les aptitudes maternelles des truies sont généralement en antagonisme. Pour améliorer la productivité au sevrage, il est donc nécessaire d'optimiser le progrès génétique réalisé sur chacune des composantes. Une alternative est d'intégrer dans l'objectif de sélection de nouveaux critères peu corrélés à la prolificité et associés à une moindre mortalité des porcelets avant le sevrage. Parmi ces critères, l'hétérogénéité intra-portée du poids des porcelets a été étudiée parce qu'elle est généralement associée à une mortalité plus élevée, notamment dans les grandes portées où la compétition alimentaire est plus importante (Quiniou *et al.*, 2002). Sélectionner contre cette hétérogénéité est donc une piste pour augmenter la productivité numérique des truies au sevrage.

L'objectif de cette étude est d'analyser le déterminisme génétique de plusieurs mesures de la variabilité pondérale des porcelets à la naissance, et leurs relations avec la productivité numérique des truies à la naissance et au sevrage. Les paramètres génétiques estimés ont été utilisés pour prédire les progrès génétiques sur la productivité numérique des truies et le taux de survie des porcelets en allaitement en réponse à différents objectifs de sélection intégrant des critères d'homogénéité pondérale des porcelets.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux et mesures

Les données analysées dans cette étude ont été extraites de la base de données nationale des lignées maternelles Large White (**LW**) et Landrace (**LR**). Elles ont été récoltées entre janvier 2003 et avril 2013 dans des élevages de sélection affiliés aux organisations de sélection porcine ADN, Gène+ et Nucléus. Les données de prolificité ont été enregistrées pour chaque portée à la naissance et au sevrage, ainsi que les nombres de porcelets retirés d'une portée et adoptés par une truie au moment de la naissance. Les porcelets nés vivants ont été pesés individuellement à la naissance avec des automates de pesée dédiés (XR3000, Maréchalle Pesage).

Pour réaliser les analyses statistiques, certaines données jugées aberrantes ont été éliminées. Elles concernent les portées 1) de moins de cinq nés vivants, 2) de primipares âgées de plus de 400 jours, 3) dont la durée de gestation est inférieure à 112 jours ou supérieure à 118 jours. Enfin, seules les portées de race pure dans lesquelles tous les porcelets nés vivants ont été pesés ont été conservées pour l'analyse, ainsi que celles de plus de 10 porcelets dans lesquelles un porcelet n'a pas été pesé. En effet, l'impact d'une pesée manquante est négligeable sur la moyenne et la variabilité des poids de naissance au sein de grandes portées. Les données au sevrage ont été éliminées pour les truies auxquelles moins de cinq

porcelets avaient été confiés et pour les portées dont la durée de lactation était inférieure à 16 jours ou supérieure à 32 jours. Enfin, au sein d'un élevage, toutes les bandes avec moins de cinq portées répondant aux critères mentionnés précédemment ont été éliminées. Au final, les analyses statistiques ont été réalisées sur les données de 9 925 et 4 010 portées en race LW et LR, correspondant respectivement à 126 957 et 55 003 pesées individuelles de porcelets nés vivants.

1.2. Variables analysées

Quatre caractères de productivité numérique de la truie ont été étudiés à la naissance et au sevrage : le nombre de porcelets nés vivants (**NVIV**), le nombre de porcelets sevrés de la truie (**NSEVD**), le nombre de sevrés par la truie (**NSEVP**) et le taux de porcelets sevrés par la truie (**TXSEVP**) calculé comme le rapport entre NSEVP et le nombre de porcelets confiés à la truie (=NVIV+adoptés-retirés). Six caractéristiques pondérales de la portée ont été déduites des pesées individuelles réalisées à la naissance sur les porcelets NVIV : le poids moyen intra-portée (**PMN**), le poids du porcelet le plus lourd (**MAX**), l'écart-type et le coefficient de variation des poids (**ETPN** et **CVPN**) ainsi que l'amplitude de poids entre le porcelet le plus lourd et le plus léger (**AMP**). Enfin, le taux de petits porcelets (**TXPET**) a été déterminé dans chaque portée, un petit porcelet étant défini comme ayant un poids de naissance < 75% PMN. Les statistiques descriptives de l'échantillon étudié sont présentées pour chaque variable dans le Tableau 1.

1.3. Analyse statistiques

Les analyses ont été réalisées indépendamment pour les deux populations à l'aide de modèles linéaires mixtes. Les variables ont été analysées comme des caractères de la truie.

Le modèle d'analyse des caractères s'écrit sous la forme : $y = Xb + W_d p_d + W_s p_s + Zu + e$, où y est le vecteur d'observations, b est le vecteur d'effets fixes, p_d et p_s sont les effets aléatoires d'environnement permanent de la truie (**EPTr**) et du verrat père de la portée, u est le vecteur des effets génétiques additifs et e est le vecteur des effets résiduels. X , W_d , W_p et Z sont les matrices d'incidence associées respectivement aux vecteurs b , p_d , p_s et u .

Les effets fixes ayant un effet significatif à un seuil de 5% ($P < 0.05$) ont été identifiés par une analyse de variance avec le logiciel SAS (SAS Institute, 2009). Les mêmes effets fixes ont été retenus pour les deux races. Trois effets fixes ont été inclus dans le modèle d'analyse de tous les caractères : la bande de mise bas, le rang de portée et la durée de gestation. Un effectif minimum de 15 portées pesées par bande a été défini. Les bandes de moins de 15 portées ont été associées à une bande adjacente de façon à obtenir au moins 15 portées pesées. Ces regroupements ont concerné ponctuellement quelques bandes dans des élevages de petite taille. Le rang de portée comprend 5 niveaux : 1, 2, 3, 4 et ≥ 5 . La durée de gestation a été considérée comme effet fixe. L'âge de la truie à la mise bas intra rang de portée a été inclus comme covariable.

Pour NVIV, NSEVD et PMN, un effet du mode de reproduction a été pris en compte. Il comprend cinq niveaux combinant le type de semence utilisée (issue de monte naturelle, de verrat de CIA ou prélevée à la ferme) et le nombre d'inséminations (≤ 2 et ≥ 3).

Tableau 1 – Effectifs (N), moyenne (μ) et écart-type (e.t.) des caractères étudiés pour l'échantillon de portées pesées entre 2003 et 2013 dans les lignées Large White (LW) et Landrace (LR).

Variable	Population Abréviation	LW			LR		
		N	μ	e.t.	N	μ	e.t.
Porcelets nés vivants / portée	NVIV	9925	13,65	3,25	4010	12,95	2,89
Poids moyen de naissance intra-portée, kg	PMN	9925	1,41	0,25	4010	1,42	0,22
Ecart-type du poids de naissance intra-portée, kg	ETPN	9925	0,28	0,08	4010	0,27	0,08
Coefficient de variation du poids de naissance, %	CVPN	9925	20,7	6,66	4010	19,8	6,46
Amplitude du poids de naissance intra-portée, kg	AMP	9925	0,95	0,29	4010	0,91	0,29
Poids du plus lourd de la portée, kg	MAX	9925	1,83	0,27	4010	1,82	0,25
Taux de petits porcelets / portée, %	TXPET	9925	12,19	8,76	4010	11,37	8,68
Porcelets sevrés de la truie/ portée	NSEVD	9842	12,12	2,99	3974	11,42	2,74
Porcelets sevrés par la truie/ portée	NSEVP	9842	11,93	1,59	3974	11,25	1,6
Taux de porcelets sevrés par la truie, %	TXSEVP	9842	90,55	11,41	3974	88,63	11

Pour les caractéristiques pondérales, l'âge à la pesée a été inclus comme effet fixe dans le modèle (pesée à 0 ou 1 jour après la naissance). Enfin, les modèles des caractères mesurés au sevrage comprenaient en covariable l'effet de la durée de lactation intra-élevage. En ce qui concerne les effets aléatoires, l'EPT_r n'a pas été inclus dans le modèle appliqué à TXPET, ETPN, CVPN et AMP en race LW et LR parce que la variance associée n'était pas significativement différente de 0. Pour la même raison, l'effet du verrat n'a pas été inclus dans le modèle d'analyse appliqué aux caractères ETPN, CVPN, AMP, TXPET, NSEVP, TXSEVP. Dans les deux races, les (co)variances entre effets aléatoires ont été estimées selon une même méthodologie, à savoir le maximum de vraisemblance restreinte appliqué à un « modèle animal » incluant de trois à quatre caractères, à l'aide des logiciels DMU (Madsen et Jensen, 2008) pour la race LW et ASREML (Gilmour *et al.*, 2009) pour la race LR. La matrice de parenté a été construite en utilisant les généalogies remontées sur six générations. Ainsi, 13 879 et 6 309 individus ont été retenus dans les pedigrees LW et LR.

1.4. Estimation des réponses à la sélection

Pour évaluer l'intérêt d'intégrer des critères d'homogénéité pondérale de la portée dans l'objectif de sélection, les progrès génétiques ont été prédits pour l'ensemble des caractères étudiés à partir des paramètres génétiques estimés. Pour chaque race, les principaux paramètres démographiques ont été renseignés pour décrire au mieux la structure réelle de la population (nombres de truies productives, de verrats en activité, d'animaux contrôlés, etc.). Un modèle déterministe a été utilisé pour décrire l'évolution de la moyenne génétique de chaque cohorte de candidats reproducteurs et ce, pour l'ensemble des caractères étudiés. La sélection des reproducteurs est réalisée par troncature sur un indice de sélection (**H**) de type BLUP qui combine les diverses sources d'information phénotypique disponibles au moment de la sélection. Pour prédire des progrès génétiques sur les caractères de reproduction cohérents avec ceux réalisés dans la pratique, un caractère de production (PROD) ayant les caractéristiques des mesures du contrôle en ferme, c'est-à-dire ayant une héritabilité modérée ($h^2=0,3$) et étant mesuré sur l'ensemble des candidats à la sélection, a été modélisé et pris en compte dans l'objectif de sélection avec un poids de 50%.

Ce caractère a été supposé non corrélé génétiquement et phénotypiquement à l'ensemble des variables de reproduction étudiées.

Le scénario de référence considère l'objectif : H = 50% PROD + 30% NVIV + 20% NSEVP. Deux autres scénarios ont été simulés en remplaçant NSEVP dans l'objectif successivement par les caractères ETPN et CVPN en maintenant une pondération de 20%. Les réponses à la sélection sont exprimées sur une base annuelle. Elles ont été standardisées par unité d'écart-type génétique ce qui les rend comparables entre caractères. La modélisation des schémas et la prédiction des réponses à la sélection ont été réalisées à l'aide du logiciel ZPlan+ (Täubert *et al.*, 2010).

2. RESULTATS

2.1. Moyennes phénotypiques et variabilité des caractères

A partir de l'échantillon de données récoltées sur les 10 dernières années, il apparaît que les deux lignées ont des performances proches à la fois en termes de moyenne et de variance (Tableau 1). Les caractères de productivité numérique NVIV et NSEVD présentent une variabilité importante avec des coefficients de variation de l'ordre de 22 à 25%. Le coefficient de variation de NSEVP est moindre (13-14%) du fait des adoptions réalisées. La variabilité des caractéristiques pondérales de la portée à la naissance est élevée, en particulier pour les caractères ETPN, AMP et CVPN mesurant la variabilité intra-portée du poids des porcelets avec des coefficients de variation d'environ 30%.

2.2. Paramètres génétiques

Les héritabilités et composantes de la variance estimées sont proches dans les deux races (Tableau 2). Les caractères NVIV, NSEVD et NSEVP sont faiblement héritables dans les deux races (< 10%) et en accord avec les résultats de la littérature (Huby *et al.*, 2003 ; Mérour *et al.*, 2008 ; Canario *et al.*, 2010).

Pour ces caractères, l'effet de l'EPT_r explique une faible part de la variance phénotypique ($\leq 10\%$). De même, la part de variance associée à l'effet du verrat est très faible (< 2%) bien que différente de 0. Les héritabilités estimées pour les caractères ETPN, CVPN, AMP et TXPET sont faibles dans les deux races ($\leq 17\%$).

Tableau 2 – Héritabilités (h^2), part de la variance phénotypique expliquée par les effets d'environnement permanent de la truie (p^2) et corrélations génétiques estimées entre caractères dans les lignées Large White et Landrace, situées respectivement au-dessous et au-dessus et de la diagonale (écart-type d'erreur d'estimation entre parenthèses).

Variable ¹	NVIV	PMN	ETPN	CVPN	AMP	MAX	TXPET	NSEVD	NSEVP	TXSEVP	h^2	p^2
NVIV		-0,37 (0,12)	-0,01 (0,13)	0,35 (0,14)	0,23 (0,14)	-0,23 (0,12)	0,35 (0,11)	0,96 (0,03)	0,13 (0,26)	-0,19 (0,33)	0,08(0,02)	0,10
PMN	-0,30(0,08)		0,48 (0,07)	-0,44 (0,07)	0,47 (0,08)	0,96 (0,01)	-0,50 (0,07)	-0,31 (0,13)	-0,33 (0,17)	0,08 (0,23)	0,36(0,04)	0,12
ETPN	-0,09(0,11)	0,50(0,07)		0,63 (0,06)	0,96 (0,01)	0,75 (0,05)	0,55 (0,09)	-0,03 (0,14)	-0,23 (0,15)	-0,05 (0,22)	0,17(0,02)	-
CVPN	0,23 (0,12)	-0,43(0,07)	0,58 (0,07)		0,63 (0,06)	-0,13 (0,08)	0,96 (0,03)	0,23 (0,14)	-0,02 (0,17)	-0,36 (0,23)	0,14(0,02)	-
AMP	0,07(0,12)	0,48 (0,08)	0,99(0,01)	0,61(0,07)		0,74 (0,05)	0,55 (0,09)	0,02 (0,14)	-0,22 (0,17)	-0,15 (0,23)	0,14(0,02)	-
MAX	-0,23(0,08)	0,95(0,01)	0,75(0,05)	-0,13(0,09)	0,73(0,05)		-0,23 (0,09)	-0,17 (0,15)	-0,27 (0,18)	0,09 (0,23)	0,34(0,04)	0,09
TXPET	0,32 (0,14)	-0,42(0,09)	0,61(0,08)	NC ²	0,68(0,08)	-0,07(0,11)		0,21 (0,17)	-0,11 (0,19)	-0,45 (0,28)	0,09(0,02)	-
NSEVD	0,88(0,04)	-0,31(0,10)	-0,01(0,13)	-0,03 (0,15)	0,09(0,13)	-0,01(0,10)	0,07 (0,18)		0,26 (0,25)	0,16 (0,35)	0,07(0,03)	0,10
NSEVP	0,16(0,18)	-0,01(0,13)	-0,20(0,16)	-0,22(0,18)	-0,18(0,17)	-0,16(0,13)	-0,29 (0,21)	0,42 (0,18)		0,82 (0,25)	0,04(0,02)	0,05
TXSEVP	-0,59(0,13)	0,48(0,09)	0,04 (0,14)	-0,40(0,13)	-0,06(0,14)	0,36(0,10)	-0,42(0,16)	-0,16(0,20)	0,46(0,19)		0,03(0,02)	0,09
h^2	0,09 (0,02)	0,32 (0,02)	0,13 (0,02)	0,09 (0,02)	0,12 (0,04)	0,37 (0,02)	0,05 (0,01)	0,06 (0,02)	0,03 (0,02)	0,05 (0,01)		
p^2	0,10	0,13	0,02	0,02	0,02	0,10	0,03	0,10	0,08	0,08		

¹ NVIV : nombre de porcelets nés vivants ; PMN : poids moyen intra-portée des porcelets à la naissance ; ETPN : écart-type intra-portée du poids des porcelets à la naissance ; CVPN : coefficient de variation intra-portée du poids des porcelets à la naissance ; AMP : écart de poids intra-portée entre les porcelets de poids extrême ; MAX : poids du porcelet le plus lourd de la portée ; TXPET : taux de petits porcelets dans la portée ; NSEVD : nombre de porcelets sevrés de la truie ; NSEVP : nombre de sevrés par la truie ; TXSEVP : taux de porcelets sevrés par la truie.

² NC : Non estimé du fait de problèmes de convergence

Les effets de l'EPTr expliquent une part de la variance phénotypique faible en race LW (2-6%) et nulle en race LR. Les caractères PMN et MAX sont plus héréditaires et plus fortement influencés par les effets d'EPTr. Les hérédibilités obtenues pour ETPN, CVPN et PMN sont cohérentes avec les valeurs estimées antérieurement pour ces lignées ou des types génétiques proches (Hermesch *et al.*, 2001 ; Damgaard *et al.*, 2003 ; Huby *et al.*, 2003 ; Mérour *et al.*, 2008). A notre connaissance, aucune valeur d'hérédibilité n'a été publiée pour les autres mesures de variabilité pondérale des porcelets à la naissance.

Les corrélations génétiques estimées entre caractères sont similaires entre races (Tableau 2). La corrélation génétique entre NVIV et NSEVD est positive et élevée alors que celles entre NSEVP et NVIV ou NSEVD sont faibles à modérées. Les corrélations entre caractères de productivité numérique à la naissance et au sevrage sont cohérentes avec les valeurs publiées dans la littérature (Huby *et al.*, 2003 ; Su *et al.*, 2007 ; Mérour *et al.*, 2008). Les caractères NVIV et NSEVD sont défavorablement corrélés avec PMN, MAX, CVPN et TXPET et sont faiblement corrélés à ETPN et AMP. NSEVP est peu corrélé aux caractéristiques pondérales de la portée. TXSEVP est favorablement corrélé à CVPN et TXPET mais n'est pas corrélé à ETPN et AMP. Les couples de variables ETPN et AMP, d'une part, et CVPN et TXPET, d'autre part, sont très fortement corrélés et semblent décrire les mêmes caractères. Par construction, la variable CVPN est positivement corrélée à ETPN et est négativement corrélée à PMN. Au contraire, PMN et ETPN sont en antagonisme génétique : les portées avec un PMN élevé présentent une variabilité des poids plus élevée à la naissance. Bien que CVPN et ETPN mesurent la variabilité intra-portée du poids des porcelets, ces deux critères présentent des corrélations génétiques différentes avec les autres caractéristiques pondérales de la portée et la productivité numérique des truies à la naissance et au sevrage.

Tableau 3 – Progrès génétique annuel espéré (standardisé par unité d'écart-type génétique) pour une sélection sur différents objectifs de sélection

Variable ¹	Référence		Objectif ETPN		Objectif CVPN	
	LW	LR	LW	LR	LW	LR
NVIV	0,23	0,24	0,27	0,26	0,17	0,18
PMN	-0,07	-0,10	-0,23	-0,23	0,00	0,05
ETPN	-0,03	-0,01	-0,38	-0,32	-0,12	-0,15
CVPN	0,04	0,07	-0,13	-0,13	-0,10	-0,18
AMP	0,01	0,02	-0,30	-0,24	-0,08	-0,10
MAX	-0,06	-0,06	-0,29	-0,29	-0,03	0,00
TXPET	0,09	0,06	-0,12	-0,09	-0,07	-0,16
NSEVD	0,22	0,24	0,22	0,26	0,18	0,20
NSEVP	0,08	0,09	0,10	0,05	0,06	-0,04
TXSEVP	-0,10	0,03	-0,15	-0,06	-0,06	0,00
PROD	0,87	1,07	0,8	1,01	0,89	1,07

¹ Voir Tableau 1 pour les abréviations

2.3. Réponses à la sélection

Quel que soit l'objectif de sélection considéré, une grande partie du progrès génétique est réalisée sur le caractère de production (Tableau 3) du fait de son hérédibilité plus élevée

et de la plus grande quantité d'information disponible pour estimer les indices BLUP des candidats au moment de la sélection. Dans le scénario de référence, l'essentiel du progrès génétique sur les caractères de reproduction est réalisé sur NVIV et NSEVD. Malgré l'inclusion de NSEVP dans l'objectif, la réponse est modérée sur ce caractère ainsi que sur TXSEVP. Les caractères ETPN et CVPN sont maintenus à l'équilibre. En revanche, PMN et MAX sont réduits et TXPET augmente.

L'inclusion d'ETPN dans l'objectif de sélection permet d'augmenter le progrès génétique sur NVIV, d'homogénéiser fortement le poids des porcelets et de réduire TXPET mais au prix d'une réduction de PMN, MAX et TXSEVP. Enfin, dans le dernier scénario, la prise en compte de CVPN dans l'objectif permet aussi, mais dans une moindre mesure, d'homogénéiser le poids des porcelets au sein de la portée et de maintenir PMN et MAX à l'équilibre. Cependant, le progrès génétique réalisé sur la prolificité est réduit par rapport au scénario de référence.

3. DISCUSSION

L'augmentation de la productivité numérique au sevrage peut être réalisée en améliorant la prolificité mais aussi les aptitudes maternelles des truies pour réduire les pertes en allaitement. Cette étude confirme qu'une sélection sur la prolificité seule s'accompagne d'une dégradation du poids moyen des porcelets et contribue à augmenter le nombre de petits porcelets dans les portées. En l'absence d'un environnement d'élevage favorable, ces deux aspects compromettent le taux de survie des porcelets en phase d'allaitement. Les adoptions croisées entre portées sont alors nécessaires pour minimiser les pertes en allaitement bien qu'elles génèrent un surcroît de travail. Une sélection pour homogénéiser le poids des porcelets à la naissance semble donc pertinente pour réduire le temps de travail en maternité mais aussi le risque sanitaire lié aux échanges de porcelets entre portées.

Par ailleurs, dans un contexte de coût alimentaire élevé, il est souhaitable pour l'éleveur de sevrer des portées lourdes et homogènes, capables de valoriser précocement l'aliment en gain de poids. Puisque la moyenne et la variabilité du poids des porcelets sont favorablement corrélées entre la naissance et le sevrage (Canario *et al.*, 2010), améliorer l'homogénéité des porcelets à la naissance peut être une piste pour augmenter le nombre de porcelets sevrés ainsi que les performances zootechniques des porcs en phase de croissance (Quiniou *et al.*, 2002).

Plusieurs résultats importants se dégagent de l'étude quant à l'intérêt d'intégrer dans l'objectif de sélection un critère mesurant la variabilité pondérale de la portée. Tout d'abord, l'hérédibilité de ces critères est suffisante pour homogénéiser efficacement le poids des porcelets à la naissance par la voie de la sélection et réduire le nombre de petits porcelets. Ensuite, le choix du critère d'homogénéité intégré dans l'objectif influence notablement les progrès génétiques réalisés sur les autres caractéristiques de la portée. Cette étude s'est focalisée sur les conséquences d'une sélection sur ETPN et CVPN. Ces deux caractères ont été choisis parce qu'ils sont censés décrire précisément l'hétérogénéité des poids de naissance au sein de la portée. Leur mode de calcul requiert toutefois la pesée individuelle de tous les porcelets de la portée.

L'écart-type des poids de naissance intra-portée présente l'avantage d'être peu corrélé à NVIV. Sa prise en compte dans l'objectif ne pénalise donc pas le progrès génétique réalisé sur la prolificité. L'homogénéité des portées est alors obtenue par une diminution du poids moyen de la portée et du poids du plus gros porcelet. Cependant, une sélection sur un objectif combinant NVIV et ETPN réduit de façon conséquente le poids moyen de la portée. Une dégradation trop importante de PMN pourrait compromettre à terme le potentiel de survie des porcelets. Il semblerait donc opportun d'intégrer le PMN dans l'objectif de sélection pour veiller à le maintenir à un niveau acceptable. Un travail d'analyse de sensibilité complémentaire serait nécessaire pour définir les pondérations à accorder à ces différents caractères pour obtenir un progrès génétique équilibré sur les différentes composantes.

Dans le cas d'une sélection sur CVPN, l'homogénéité de la portée est obtenue en augmentant le poids du porcelet le plus léger (résultat non présenté) sans modifier le poids du porcelet le plus lourd. Les caractères CVPN et NVIV étant défavorablement corrélés, une sélection sur une combinaison des deux caractères se traduit également par une réduction du progrès génétique réalisé sur la productivité numérique.

Enfin, une sélection sur ETPN ou CVPN ne permet pas d'augmenter le taux de porcelets sevrés par la truie. Le TXSEVP a été considéré dans cette étude pour refléter l'aptitude d'une truie à élever les porcelets qui lui ont été confiés.

D'autres études ont préféré l'analyse du taux de sevrés de la mère biologique calculé comme le rapport entre NSEVD et NVIV (Su *et al.*, 2007 ; Mérour *et al.*, 2008). Bien que plus facile à calculer, le taux de porcelets sevrés de la truie ignore totalement l'effet des adoptions en dépit du rôle essentiel des aptitudes maternelles de la mère adoptive sur la survie du porcelet (Bouquet *et al.*, 2006). Les résultats de la présente étude et de la littérature montrent que les taux de sevrés de et par la truie sont très faiblement héritables. Toutefois, l'analyse génétique de TXSEVP a supposé par simplicité une distribution normale du caractère. Une modélisation prenant mieux en compte l'asymétrie de la distribution de ce caractère pourrait permettre d'estimer plus précisément la variance d'origine génétique (Bouquet *et al.*, 2006) et les covariances avec les autres caractéristiques numériques et pondérales de la portée.

CONCLUSION

Cette étude contribue à une meilleure connaissance de la variabilité génétique des caractéristiques pondérales de la portée et ses relations génétiques avec la productivité numérique des truies et le taux de porcelets sevrés par la truie.

Il ressort de cette étude que le choix du critère d'homogénéité de la portée pris en compte dans l'objectif de sélection a des conséquences importantes sur les réponses à la sélection observées sur l'ensemble des caractéristiques numériques et pondérales de la portée.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bouquet A., Ligonesche B., Canario L., Bidanel J.-P., 2006. Variabilité génétique des caractéristiques numériques de la portée et de la croissance des porcelets en allaitement dans une population Landrace Français. Journées Rech. Porc., 38, 125-130.
- Canario L., Lundgren H., Haandlykken M., Rydhmer L., 2010. Genetics of growth in piglets and the association with homogeneity of body weight within litters. J. Anim. Sci., 88, 1240-1247.
- Damgaard L.H., Rydhmer L., Løvendahl P., Grandinson K., 2003. Genetic parameters for within-litter variation in piglet birth weight and change in within-litter variation during suckling. J. Anim. Sci., 81, 604-610.
- Gilmour A.R., Gogel B J, Cullis B R, Thompson R, 2009. ASReml User Guide - Release 3.0. VSN International Ltd, Hemel Hempstead HP1 1ES, UK, 398 p.
- Hermes S., Luxford B.G., Graser H.U., 2001. Genetic parameters for piglet mortality, within litter variation of birth weight, litter size and litter birth weight. Consultable : <http://www.aaabg.org/livestocklibrary/2001/ab01054.pdf>.
- 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. Porc., 35, 293-300.
- IFIP, 2013. Gestion Technique des Troupeaux de Truies : Evolution des résultats moyens nationaux de 1970 et 2012. Consultable : <http://www.ifip.asso.fr/PagesStatics/resultat/pdf/retro/00gttt.pdf>.
- Madsen P., Jensen J., 2008. DMU: A package for analyzing multivariate mixed models. User's guide - Version 6, release 4.7. Consultable : http://www.dmu.agrsci.dk/dmuv6_guide-R4-6-7.pdf.
- Mérour I., Bernard E., Canario L., Bidanel J.-P., 2008. Analyse génétique de la productivité numérique et pondérale et de la durée de mise bas des truies Large White et Landrace Français. Journée Rech. Porc., 40, 133-136.
- Quiniou N., Dagorn J., Gaudré D., 2002. Variation of piglets' birth weight and consequences on subsequent performance. Livest. Prod. Sci., 78, 63-70.
- SAS Institute. 2009. SAS/STAT 9.2 User's Guide, Second Edition. Cary, NC, USA. 7886 p.
- Su G., Lund M.S., Sorensen D., 2007. Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. J. Anim. Sci., 85, 1385-1392.
- Täubert H., Reinhardt F., Simianer H., 2010. ZPLAN+, a new software to evaluate and optimize animal breeding programs. In Proc. 9th WCGALP, Leipzig, Germany, p. 138.