

Influences génétiques sur la stabilité de la taille de portée dans la lignée sino-européenne Tai Zumu

Maxime BANVILLE (1,2), Loïc FLATRES-GRALL (1), Michel SOURDIOUX (1), Juliette RIQUET (2), Damien BAHON (1), Laurianne CANARIO (2)

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

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

maxime.banville@toulouse.inra.fr

Genetic influences on stability of litter size in the Chinese European Tai Zumu line

Records of the number of piglets born in total (NT) in the first five parities of 1663 Tai Zumu sows were included in this study. Sows with more than 16 piglets in 1st parity had a strong decrease of the prolificacy in 2nd parity and produced >1.7 piglets in next parities compared to sows with a lower prolificacy in 1st parity ($p < 0.05$). The genetic components for litter size per parity and difference in litter size from parity 1 to 2 in association with sow growth and backfat thickness at 100kg were estimated using the restricted maximum likelihood methodology applied to an animal model. Traits included the number of piglets born in total NT at each parity (n) and the difference in litter size between parity 1 and 2, $DNT_{1,2}$ as a measure of the second litter drop syndrome, the age (A_{100}) and the backfat thickness (BF_{100}) at 100kg. Heritability for litter size increased with parity ($h^2 = 0.18$ to 0.28 from the 1st parity to the 5th parity). A substantial heritability was found for $DNT_{1,2}$ ($h^2 = 0.12$). Genetic correlations between NT_1 and the next parities ($r_g < 0.70$) were lower than between higher parities' litter sizes ($r_g > 0.75$). A favorable genetic relationship between NT_1 and growth rate was found ($r_g = -0.26$). This study showed that a genetic background to second litter drop syndrome exists and that the genetic determinism of prolificacy is different in first parity and next parities.

INTRODUCTION

Améliorer la stabilité de la taille de portée serait un levier majeur d'amélioration de la longévité des truies en limitant la réforme précoce d'animaux qui présentent une contre performance en début de carrière. Trente pour cent des truies de la population Tai Zumu sont concernées par une diminution de la prolificité entre le 1^{er} et le 2nd rang de portée.

L'objectif de ce travail était d'estimer la part de variabilité génétique impliquée dans la variation de la taille de portée. Les corrélations génétiques entre la prolificité et des caractères liés à la condition corporelle des truies ont aussi été étudiées afin d'évaluer les conséquences de la sélection pour des caractères de production et la taille de portée sur la variation de taille de portée.

MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux et collecte des données

Les données utilisées ont été collectées sur 2 élevages de sélection GENE+. Le nombre de porcelets nés totaux est enregistré en routine. Seules les femelles conservées durablement en sélection, c'est-à-dire pour lesquelles les performances des 5 premiers rangs de portée étaient disponibles, ont été retenues pour cette étude. Ces informations concernaient 1632 truies Tai Zumu avec des données enregistrées entre 2001 et 2013.

1.2. Analyses statistiques

Les caractères analysés étaient le nombre de nés totaux (NT = vifs + mort-nés) à chaque mise bas n ($n \in [1,5]$), la différence de prolificité entre les rangs de portée 1 et 2 ($DNT_{1,2} = NT_2 - NT_1$) ainsi que l'épaisseur de lard (L_{100}) et l'âge (A_{100}) des animaux à 100kg.

1.2.1. Description de la population

Une première étape a consisté à séparer la population en trois groupes définis selon la prolificité au 1^{er} rang de portée (Tableau 1).

Tableau 1 - Effectifs et moyennes de nés totaux en première portée des truies du groupe G1 (petite taille de portée), G2 (portée moyenne) et G3 (grande portée).

	Groupe 1(G1)	Groupe 2(G2)	Groupe 3(G3)
NT	<13	≥13 et ≤16	>16
Effectifs	370	907	356
Moy. $NT_1(e-t)$	10,3 (2,0)	14,5 (1,1)	18,1 (1,2)

Les différences de prolificité et condition corporelle entre groupes à chaque portée ont été estimées par analyse de variance (logiciel SAS version 9.4®).

1.2.2. Estimation des paramètres génétiques

L'estimation des paramètres génétiques pour NT_n et $DNT_{1,2}$ a été réalisée par la méthode de maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multi-caractères avec le logiciel ASREML® 3.0 (Guilmour *et al.*, 2009). Les modèles utilisés pour NT_n , $DNT_{1,2}$, A_{100} et L_{100} étaient respectivement :

$$y_{NT_n} = \text{AnnéeSaison} + \text{Elevage} + \text{AMB1} + \text{IMB}_{n-1,n} + \text{Race}_n + \text{truie} + e$$

$$y_{DNT_{1,2}} = \text{Elevage} + \text{Race2} + \text{IMB}_{1,2} + \text{Truie} + e$$

$$y_{A_{100}/L_{100}} = \text{Elevage} + \text{bande de contrôle} + \text{Truie} + e$$

où AnnéeSaison, Elevage, Race, IMB et AMB1 sont les effets fixés de la période de mise bas de l'animal, de l'élevage, du type génétique de la portée (pour NT_4 et NT_5 ; portée croisée Landrace ou Tai Zumu pure), de l'intervalle entre mises-bas (pour NT_2 et NT_3) et de l'âge à la première mise-bas (pour NT_1), respectivement. Truie et e sont respectivement l'effet aléatoire de la valeur génétique additive de la truie et l'effet aléatoire lié à la variance résiduelle.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Ce travail préliminaire vise à estimer la stabilité de la taille de portée en lignée Tai Zumu. Les résultats seront ré-estimés sur un jeu de données de plus grande taille, avec des modèles d'analyse longitudinaux.

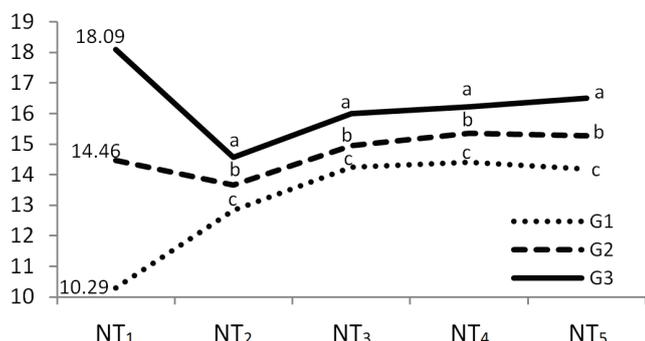


Figure 1 - Evolution du nombre de nés totaux par rang de portée selon leur appartenance aux groupes G1, G2, G3 (a, b, c : différences significatives entre groupes pour $P < 0,05$).

De la 1^{ère} à la 2nd portée, la prolificité augmente en moyenne de 25% dans le groupe G1 et diminue de 19,5% dans le groupe G3 (Figure 1). Bien que la prolificité des animaux G3 soit celle diminuant le plus entre le 1^{er} et le 2^{ème} rang de portée, sa valeur en seconde portée reste, en moyenne, supérieure à celle des autres groupes. L'écart entre les 3 groupes se maintient sur les portées suivantes. Les truies G3 ont une croissance plus rapide que les truies G1 et G2 ($A_{100} = 160,27$ contre 163,7j et 162,2j à 100kg pour G1 et G2 respectivement ; $P < 0,05$) mais une adiposité plus faible (16,36 mm contre 16,83 et 16,79 pour G1 et G2 respectivement ; $P < 0,05$). Guéblez *et al.* (1985) et King (1989) ont montré que des cochettes plus lourdes à 24 semaines ont une puberté plus précoce et un taux d'ovulation supérieur. Ce résultat peut expliquer la prolificité supérieure des truies G3.

La part de variance génétique augmente jusqu'au 3^{ème} rang de portée puis se stabilise (Table 2) ($h^2 = 0,28$ au rang 5). Hanenberg *et al.* (2001) ont trouvé un résultat similaire sur une population de Landrace néerlandais, mais avec des variations moins importantes. La différence de prolificité entre rangs 1 et 2 (DNT₁₂) est un caractère héritable mais pas celles associées aux rangs de portée supérieurs ($h^2 \leq 0,04$). Les tailles de portées des rangs 2 et 3 sont fortement corrélées génétiquement (Table 2). Il en est de même pour les tailles de portée aux rangs suivants (résultats non détaillés, $r_g > 0,75$). En revanche, la corrélation génétique entre NT₁ et NT₂ est seulement de 0,37 et elle est inférieure à 0,65 entre NT₁ et la taille de portée aux rangs suivants. Ce résultat concorde avec les études d'Hanenberg *et al.* (2001) et Lukovic *et al.* (2004).

Il semble que la prolificité au rang 1 ait un déterminisme génétique différent de la prolificité aux rangs de portée supérieurs. L'analyse du nombre de porcelets nés vivants donne des résultats similaires à ceux obtenus avec NT.

Tableau 2 - Héritabilités (sur la diagonale), corrélations génétiques (au dessus de la diagonale) et corrélations phénotypiques (en dessous de la diagonale) sur la prolificité, la différence de prolificité entre rangs 1 et 2, la croissance et l'épaisseur de lard dorsal des truies à 100 kg

	NT ₁	NT ₂	NT ₃	DNT ₁₂	A100	L100
Moyenne	14,30	13,67	15,02	0,63	162,11	16,71
NT ₁	0,18⁽¹⁾	0,37	0,65	-0,50	-0,26	0
NT ₂	0,18	0,21	0,93	0,60	0,07	0,24
NT ₃	0,16	0,26	0,27	0,33	-0,03	0,05
DNT ₁₂	-0,62	0,66	0,09	0,12	0,15	0,17
A100	-0,10	-0,03	-0,05	0,04	0,25	0,01
L100	-0,04	0	0	0,02	0,23	0,43

⁽¹⁾ Les erreurs d'estimation pour les héritabilités, les corrélations génétiques et les corrélations phénotypiques sont comprises entre 0,04 et 0,05, 0,11 et 0,21, et 0,02 et 0,05 respectivement.

La corrélation génétique entre NT₁ et A₁₀₀ est en accord avec ce qui a été obtenu au plan phénotypique pour les animaux du groupe G3 : les animaux avec un potentiel génétique de croissance supérieur ont aussi un potentiel génétique supérieur pour la prolificité en 1^{er} rang de portée. Il y a indépendance entre L₁₀₀ et NT₁ ou NT₃ alors que la corrélation génétique est de 0,24 avec NT₂. Après la première lactation, on peut supposer que les truies primipares avec des réserves corporelles plus importantes avant la mise bas, ont moins de difficultés à surmonter le déficit nutritionnel causé par la production laitière ; un déficit qui selon Quesnel (2005), peut entraîner une réduction du taux d'ovulation et de la survie embryonnaire à la 2nd reproduction. Une étude tenant compte de l'état corporelle des truies au moment de la mise à la reproduction serait plus informative quant aux influences génétiques de la condition corporelle sur la prolificité.

CONCLUSION

Au plan génétique, la prolificité des truies TZ au cours des premiers rangs de portée est faiblement à modérément associée à leur condition corporelle à 100kg. Ce travail montre également que dans la population TZ, une sélection distinguant la prolificité en premier rang de portée et la prolificité aux rangs suivants serait a priori plus appropriée que de sélectionner pour la taille de portée comme un caractère répétable. La présence de variabilité génétique pour DNT₁₂ laisse entrevoir une possibilité de sélection conjointe pour améliorer la prolificité et réduire sa variation entre portées.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Guéblez R., Gestin J.M., Le Hénaff G., 1985. Incidence de l'âge et de l'épaisseur de lard dorsal à 100kg des truies Large White. *Recherche Porcine en France*, 17, 113-120.
- Guilmour A.R., Gogel B.J., Cullis B.R., Thompson R., 2009. ASReml User Guide.
- Hanenberg E.H.A.T., Knol E.F., Merks J.W.M., 2001. Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in Dutch Landrace pigs. *Livestock Prod. Sci.*, 69, 179-186.
- Hoving L.L., 2012. The second parity sow. Thèse Wageningen University. Pays-Bas.
- King R.H., 1989. Effect of live weight and body composition of gilts at 24 weeks of age on subsequent reproductive efficiency. *Animal Prod.*, 49(01), 109-115.
- Lukovic Z., Malovrh S., Gorjanc G., Kovac M., 2004. A random regression model in analysis of litter size in pigs. *South African J. of Animal Sci.*, 34, 241-248.
- Quesnel H., 2005. Etat nutritionnel et reproduction chez la truie allaitante. *INRA Productions animales*, 18, 277-286.