2019. Journées Recherche Porcine, 51, 303-308.

Analyse du déterminisme génétique de la caudophagie chez des femelles de la lignée Tai Zumu en fin d'engraissement

Laurianne CANARIO (1) et Loïc FLATRES-GRALL (2)

(1) UMR1388 GenPhySE, INRA - INPT ENSAT - INPT ENVT, 31326 Castanet-Tolosan, France
(2) AXIOM, La Garenne, 37210 Azay sur Indre, France

laurianne.canario@inra.fr

Avec la collaboration de Aurélie Saugey (AXIOM), Jean-Luc Bouvier (AXIOM), Olivier Thomas (AXIOM), et Denis Bel (AXIOM)

Analyse du déterminisme génétique de la caudophagie chez des femelles de la lignée Tai Zumu en fin d'engraissement

Cette étude porte sur la quantification des bases génétiques de la caudophagie chez des femelles Tai Zumu. Le phénotype mesuré est la présence de morsure(s) à la queue en fin d'engraissement, traduisant le fait que l'animal n'a pas su se défendre contre l'attaque de ses congénères. Les objectifs sont de 1/ comparer les performances de croissance et d'adiposité au contrôle à 100kg entre femelles indemnes et femelles mordues à la queue, 2/ quantifier la contribution d'effets génétiques sociaux, qui sont liés aux génotypes des partenaires de groupe, à la variation phénotypique du caractère 'mordu', et enfin 3/ estimer les effets de l'environnement sur l'expression génétique de ce caractère sous forme d'interactions génétique-environnement (GxE). La présence de morsure(s) a été enregistrée sur 33266 cochettes dans les trois élevages de sélection de la lignée. La prévalence variait entre 2,8% et 10,8% selon l'élevage. Ceux-ci diffèrent par les caractéristiques des groupes (ex. taille, nombre de mélanges) et le mode d'alimentation en engraissement. Les modèles d'analyse tenaient compte d'un effet génétique direct seul ou avec un effet génétique social. Les modèles ont été appliqués à la population globale des trois élevages et à chaque élevage séparément. Les effets génétiques sociaux contribuent à plus de 80% de la variance héritable. Leur prise en compte permet d'expliquer 40 à 80% de la variation phénotypique contre seulement 6 à 8% avec un modèle direct. Les différences entre élevages de classement des verrats connecteurs selon leurs valeurs génétiques, indiquent l'existence de fortes GxE puisque leurs corrélations de rang sont non différentes de 0. Bien que la part de variance génétique directe du caractère soit très faible, une sélection contre la caudophagie est possible. Inclure des effets génétiques sociaux permet de mieux quantifier la variation héritable et leur prise en compte dans les schémas augmenterait la réponse à la sélection contre ce comportement déviant.

Analysis of the genetic determinism of tail biting in females from the Tai Zumu line at the end of the fattening period

This study focusses on quantification of the genetic basis of tail-biting in Tai Zumu females. The phenotype under measure was the presence of tail bite(s) at the end of the fattening period, reflecting that the animal was unable to defend itself from groupmates' attacks. The objectives were to (1) compare the growth and leanness performance at the monitoring at 100 kg between non-bitten females and bitten females; (2) quantify the contribution of social genetic effects, which depend on the genotypes of groupmates, to the phenotypic variation of the trait 'bitten'; and (3) estimate the effect of the environment on the genetic expression of this trait as interactions between genetics and environment (GxE). The presence of tail bite(s) was recorded on 33,266 gilts from three nucleus herds. The prevalence of tail bites varied from 2.8% to 10.8% among herds that differed according to the groups' characteristics (e.g., size, number of mixings) and feeding system during fattening. The models for analyses considered single direct genetic effects or also social genetic effects. Models were applied to the entire population including the three nucleus herds and to each herd taken separately. Social genetic effects contributed to more than 80% of total heritable variance, which equalled 40-80% of phenotypic variation, whereas only 6-8% was explained with a direct model. Differences in the ranking of connecting sires between herds according to their breeding values yielded rank correlations not different from zero, indicating strong GxE. Selection against tail-biting is possible even though the direct genetic contribution for this trait is low. Considering social genetic effects improves quantification of heritable variation, and accounting for them in breeding schemes would increase response to selection against this deviant behaviour.

INTRODUCTION

L'élevage des porcs en groupes est associé à des risques de comportements sociaux anormaux, tels que la caudophagie ou l'agressivité excessive. Un paradigme du bien-être animal en production est de permettre l'expression des comportements de l'espèce en limitant toute forme de mutilation par l'homme. Les directives européennes visent à prévenir la caudophagie et éviter la caudectomie de routine (directive 2008/120/CE), ce qui constitue un défi pour la filière porcine. Des recherches récentes suggèrent que les solutions pour limiter ces comportements nuisibles impliquent non seulement une amélioration des conditions d'élevage mais aussi un recours à des méthodes de sélection plus élaborées, qui intègreraient l'information sur ces comportements déviants.

La caudophagie n'est pas seulement un problème de bien-être animal associé à du stress et de la douleur, c'est aussi un problème économique, car elle entraine une réduction de la croissance des animaux, des frais de traitement, une augmentation des éliminations et des saisies de carcasses (FAWEC, 2018). La caudophagie est un problème complexe et multifactoriel. Sa fréquence est faible en dehors de pics de recrudescence, ce qui la rend difficile à prévoir et en rend les causes difficiles à comprendre.

Les études du déterminisme génétique de la caudophagie sont très peu nombreuses, faute d'enregistrements corrects. L'information sur la présence de morsure(s) de queue est enregistrée en routine dans la population Tai Zumu. Nous proposons de modéliser ce caractère en évaluant la base génétique qui lui est associée. L'idée est de travailler sur la capacité d'un animal à ne pas être attaqué par la notation 0 (non attaqué) et 1 (attaqué). Pendant la période d'engraissement, la structure du groupe et les relations sociales peuvent influencer l'émergence de ce type d'attaques. Les porcs sont à l'origine de l'apparition de morsures de queue sur leurs congénères, d'où l'importance d'envisager la contribution d'effets génétiques sociaux dans les analyses (Bijma *et al.*, 2007 ; Canario *et al.*, 2010, 2017). Enfin, les conditions d'élevage peuvent avoir une incidence sur la prévalence de la caudophagie, ce qui nous conduira dans une dernière partie à évaluer l'existence d'interactions entre la génétique de ce comportement et l'environnement dans lequel il s'exprime, défini par l'élevage de sélection qui héberge les animaux.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux et données

Les animaux de la population Tai Zumu sont élevés dans trois élevages de sélection naisseurs-engraisseurs (E1 à E3) localisés dans différentes régions de France. Les porcelets ont leur queue coupée de moitié dans les 24 heures après la naissance et sont mélangés avec des individus non familiers après le sevrage. Les porcs qui intègrent l'unité d'engraissement soit ne sont pas re-mélangés (dans E1 et E3) soit sont séparés en deux groupes (dans E2). Pendant la période d'engraissement, les porcs sont élevés en groupes unisexe. La fréquence de morsures de queue était très faible chez les mâles de cette lignée (0,06% dans E1, 1,3% dans E2 et 3,8% dans E3). Cette étude est donc centrée sur les groupes de femelles. Les animaux sont nourris *ad libitum* dans une auge unique (E1 et E2) ou un nourrisseur individuel (E3).

L'information sur les morsures de queue est résumée par un indicateur présence oui/non, en fonction des enregistrements réalisés par un même observateur pour les trois élevages, au moment du contrôle, lorsque les animaux atteignent le poids de 100 kg. Chaque trace de morsure est notée « oui » indépendamment du niveau de sévérité. Les données utilisées pour cette étude ont été collectées entre 2006 et 2017 sur 2970 groupes d'engraissement. Le nombre de portées d'origine pour la constitution d'un groupe variait entre un et 12 et la taille des groupes variait entre six et 20. La présence de morsures de queue concernait 852 groupes, soit 31% des groupes, parmi lesquels 2,8 (écart-type 2,4) individus étaient mordus en moyenne.

1.2. Analyses statistiques

Dans la base de données, 7,9% des femelles mesurées pour le caractère devenaient ensuite mères et seulement 2,9% des femelles mordues devenaient mères. Bien que binaire, la présence de morsures a été analysée comme un caractère continu avec la procédure du maximum de vraisemblance restreinte (REML) avec le logiciel ASReml (Gilmour *et al*., 2015). Au préalable, des analyses avaient été réalisées pour sélectionner les effets fixes du modèle avec la procédure Proc Mixed du logiciel SAS/STAT (v9.4, Inst. Inc. Cary, NC). Le pedigree incluait l'information d'apparentement engrangée sur les 11 ans d'enregistrement des phénotypes et était remonté sur deux générations supplémentaires.

1.2.1. *Analyses des caractères de production et relations avec le statut « mordu » ou « non mordu »*

Les caractères de production étudiés étaient l'âge ajusté à 100 kg (A100) et l'épaisseur de lard mesurée au moment du contrôle (L100). Les performances phénotypiques moyennes des femelles mordues à la queue et des femelles indemnes de morsure(s) ont été comparées, dans chaque élevage, avec la procédure PROC MIXED du logiciel SAS/STAT 9.4, avec le modèle 1 : $y = \mu + (N\text{-}1)^F + AM^F + groupe^R + portée^R + e$

où N-1 représente le nombre de partenaires de groupe de l'individu étudié au sein d'un groupe de taille N (15 niveaux) ; AM est la combinaison année-mois. Les exposants F et R représentent respectivement les effets traités comme des effets fixes et des effets aléatoires dans le modèle d'analyse. Les effets de l'identité du groupe de congénères (groupe) et de la portée de naissance (portée) ont été inclus en tant qu'effets aléatoires dans le modèle et sont définis comme non corrélés entre eux.

Ensuite, le même modèle a été modifié pour intégrer un effet génétique direct pour estimer les composantes de variances et les valeurs génétiques directes (VGD) qui décrivent le potentiel génétique à grandir et s'engraisser :

modèle 2 : $y = \mu + (N\text{-}1)^F + AM^F + groupe^R + portée^R + direct^R + e$

La composante génétique est définie comme non corrélée aux effets de groupe et de la portée d'origine. Les valeurs génétiques moyennes des femelles mordues à la queue ont été comparées à celles des femelles indemnes de morsure(s). Les comparaisons ont été réalisées avec la procédure PROC GLM du logiciel SAS/STAT 9.4 avec un modèle simple qui testait l'effet de la présence de morsure(s) (queue non mordue = 0 ; mordue=1). Les effets aléatoires sont définis comme non corrélés entre eux.

Tableau 1 – Statistiques descriptives des trois élevages de sélection[1]

Elevage	E1	E2	E3	Etr[3]	p-value[3]
Taille de groupe moyenne	8,4 (0,08) [a]	12,3 (0,08) [b]	13,4 (0,09) [c]	7,01	P<0,0001
Densité (individus / m²)	0,78	0,82	0,85		
Nombre moyen de portées / groupe	5,3 (0,05) [a]	6,7 (0,05) [b]	5,9 (0,05) [c]	2,21	P<0,0001
Nombre moyen de portées / groupe ajusté[2]	5,9 (0,05) [a]	6,4 (0,04) [b]	5,4 (0,05) [c]	1,84	P<0,0001

[1]Les moyennes indiquées d'une lettre différente en exposant sont significativement différentes les unes des autres au seuil de 5% ; le modèle d'analyse comprend l'effet fixe du statut (non mordu/ mordu) de l'animal;

[2]ajustement pour la taille de groupe moyenne ; le modèle d'analyse comprend les effets fixes du statut (non mordu/ mordu) de l'animal et de la taille de groupe.

[3]Etr correspond à l'écart-type résiduel du modèle et la p-value indique le niveau de significativité des différences entre élevages.

1.2.2. *Analyses génétiques avec effets génétiques sociaux de la présence de morsures de queue*

La/les morsure(s) de queue observée(s) sur un individu est(sont) infligée(s) par un ou plusieurs de ses congénères présents dans son groupe d'engraissement. L'expression du caractère dépend des interactions sociales et la mesure réalisée sur l'individu étudié peut être affectée par les gènes des autres individus du groupe.

Le modèle d'analyse qui décrit la présence de morsure(s) sur l'individu étudié en tenant compte d'effets génétiques sociaux est le suivant : modèle 3 :

$$y = \mu + (N\text{-}1)^F + AM^F + groupe^R + portée^R + direct^R + social^R + e$$

où les effets sont définis comme dans le modèle 2 et social^R est la somme des effets génétiques associés aux N-1 partenaires de groupe de l'individu étudié. Les effets aléatoires génétiques directs et sociaux sont définis comme corrélés entre eux. La covariance entre effets génétiques directs et effets génétiques sociaux est ainsi estimée. Les analyses à l'échelle de l'élevage tiennent compte du facteur bande avec l'effet fixe AM (modèle 3). Dans les analyses à l'échelle de la population globale, l'effet bande est analysé avec la combinaison élevage-AM. La sélection des effets aléatoires a été appliquée pour la population globale (E1 à E3) et les deux sous-populations E2 et E3, i.e., les élevages où la prévalence de morsure(s) était suffisante (>5%) pour permettre une analyse statistique. La qualité d'ajustement d'un modèle aux données est mesurée par la vraisemblance. La différence de vraisemblance entre modèles emboîtés a été utilisée pour sélectionner le modèle le plus parcimonieux en appliquant une statistique de chi-deux. La variance phénotypique se calcule comme la somme des composantes de variance des effets aléatoires du modèle. Par rapport à un modèle direct où l'héritabilité h^2 se calcule comme le ratio entre la variance génétique directe et la variance phénotypique:

- le modèle social comprend en plus la variance génétique sociale multipliée par un facteur n-1 où n représente la taille de groupe moyenne au sein de la case analysée. La composante (n-1) x la variance génétique sociale est ajoutée dans le calcul de la variance phénotypique
- la variance génétique totale σ^2_{TBV} est calculée comme la somme de la variance génétique directe plus 2(n-1) fois la covariance génétique direct-social et (n-1)² fois la variance génétique sociale
- la variance héritable totale T^2 s'exprime par analogie avec h^2 comme le ratio entre la variance génétique totale et la variance phénotypique tenant compte des effets génétiques sociaux.

La comparaison entre T^2 et h^2 révèle l'impact des interactions sociales sur la variation héritable, qui détermine le potentiel de la population à répondre à la sélection.

1.2.3. *Recherche d'interactions génétique-environnement*

Nous avons cherché à estimer l'influence de l'environnement, défini par l'élevage de sélection, sur l'expression génétique du caractère. La mise en évidence d'interactions génétique-environnement (GxE) repose sur l'utilisation de verrats dans plusieurs élevages qui, d'une part, crée des connexions et, d'autre part, permet d'étudier les interactions génétique x milieu. L'existence de GxE peut être mis en évidence par la mise en œuvre d'une évaluation génétique intra-élevage (modèle 3) puis l'analyse du reclassement entre élevages des verrats pères des femelles sur lesquelles a été mesurée la présence de morsures à la queue (0/1 où 1 correspond aux animaux attaqués) suivant les valeurs génétiques estimées. Parmi les 1010 verrats avec des informations sur la caudophagie au sein de leur descendance, respectivement 212, 249 et 227 verrats ont permis de connecter les élevages E1 à E2, E2 à E3 et E1 à E3. Les estimations des valeurs génétiques directes (VGD) se rapportent aux effets génétiques directs du modèle. Les estimations des valeurs génétiques sociales (VGS) se rapportent à la somme des effets génétiques sociaux appliqués par l'individu étudié dans un groupe de taille N sur ses partenaires de groupes. La contribution totale héritable des gènes de l'individu étudié i dans un environnement j sur la valeur moyenne du caractère, c'est-à-dire la valeur génétique totale VGT_{ij} se calcule comme $VGT_{ij} = VGD_{ij} + (N\text{-}1)\ VGS_{ij}$ où N est la taille de groupe de l'individu étudié. Nous avons calculé les corrélations de rang de Spearman entre VGDs et entre VGSs pour les 59 verrats qui étaient utilisées pour inséminer des truies dans les trois élevages, c'est-à-dire ceux avec plus de 20 filles mesurées pour la présence de morsure(s) de queue dans chaque élevage. Leur niveau de signification a été calculé avec un test de corrélation non paramétrique rho de Spearman sous le logiciel R.

2. RESULTATS

La taille de groupe moyenne dans cette population était de 12,3 truies (écart-type = 3,6). Les résultats de comparaison des caractéristiques des trois élevages de sélection sont présentés dans le tableau 1. La prévalence des morsures de queue était faible (2,8%) dans E1, intermédiaire dans E2 (6,6%) et plus élevée dans E3 (10,8%). Elle était significativement différente entre les trois élevages de sélection (P < 0,0001). Ces trois élevages différaient sur leur taille de groupe moyenne, le nombre de portées d'origine utilisées pour la constitution d'un groupe, même après ajustement pour la taille de groupe (Tableau 1). L'A100 était significativement différent entre les élevages E1, E2 et E3 comparés deux à deux (P < 0,0001) et de même pour L100 ($P \leq$ 0,0001). Dans la population en sélection (E1-E3), l'A100 était similaire entre femelles mordues à la queue et femelles indemnes de morsure. En revanche, les truies mordues étaient plus maigres que les truies indemnes

(P < 0,0001). Les estimations par élevage qui sont présentées dans le tableau 2 concluent toutes de cette façon. Selon les comparaisons des valeurs génétiques directes, dans les élevages E2 et E3, les femelles mordues ont un potentiel génétique supérieur pour la croissance et inférieur pour l'engraissement par rapport aux femelles non mordues.

Tableau 2 – Écarts de performances des femelles mordues aux femelles non mordues dans les trois élevages de sélection[1]

	E1	E2	E3
Valeurs phénotypiques			
Age à 100 kg (jours)	+0,29 (0,59)	+0,19 (0,36)	-0,06 (0,30)
Épaisseur de lard dorsal (mm)	-0,62 (0,17)***	-0,32 (0,10)***	-0,15 (0,09)°
Valeurs génétiques directes			
Age à 100 kg (jours)	+0,52 (0,38)	-0,63 (0,21)**	-1,33 (0,18)***
Épaisseur de lard dorsal (mm)	-0,16 (0,11)	-0,20 (0,06)**	-0,29 (0,05)***

[1]*Les contrastes sont exprimés comme la différence de performance moyenne des femelles mordues par rapport à celle des femelles non mordues. Les différences significatives sont indiquées par ° P<0,10 ; ** P<0,01 ; *** P<0,001.*
Le modèle sur l'épaisseur de lard dorsale à 100 kg appliqué en E3 ne comprenait pas l'effet portée

Les résultats d'estimations des composantes de variance dans les différents environnements et obtenues à partir du modèle 3 sont présentées dans le tableau 3. Le modèle 3 s'ajustait significativement mieux aux données sur la présence de morsure(s) que le modèle 2 (i.e., avec uniquement un effet génétique direct) dans toutes les (sous-)populations (P < 0,0001). L'estimation de variance liée à l'identité du groupe de congénères diminuait de moitié dans la population globale après ajout des composantes sociales. Les variances génétiques directes et de groupe variaient entre élevages. L'héritabilité directe h^2 de la présence de morsures(s) était faible. Les effets de groupe étaient modérés et représentaient 8,7% à 14,5% de la variance phénotypique dans E2 et E3. Les effets de la portée de naissance expliquaient une plus faible part de la variation observée dans E2 qu'E3 ce qui s'explique en partie par le fait qu'un plus grand nombre de portées soient impliquées dans la constitution des groupes en E2 qu'en E3. Ainsi, les effets de la portée expliquaient seulement 1,8% et 5,2% de la variance phénotypique dans E2 et E3, respectivement. La variance héritable totale augmentait fortement avec la taille moyenne de groupe de E2 à E3. La contribution des effets sociaux à la variation héritable se mesure à travers la différence entre la variance directe et la variance génétique totale. Les effets sociaux contribuaient très fortement à la variation héritable du caractère, avec des pourcentages supérieurs à 80% (*vs* 44% pour le taux de croissance, ce qui constituait déjà une proportion importante, Canario *et al*., 2017). Les valeurs de variation héritable totale T^2 étaient modérées dans E2 et E3. Les corrélations génétiques entre effets directs et effets sociaux ne différaient pas statistiquement de 0, ce qui conduit à supposer que les associations entre femelles sont neutres à l'échelle de chaque (sous)-population (pour plus d'explications, voir Canario *et al*., 2010).

Un fort reclassement des verrats a été observé entre E2 et E3 (Tableau 4). Les corrélations entre E2 et E3 n'étaient pas statistiquement différentes de 0, ce qui indique l'existence de fortes interactions avec l'élevage. A titre d'illustration, la figure 1 qui a été établie sur les 19 verrats avec des VGDs stables entre E2 et E3, montre que plusieurs d'entre eux présentent un fort reclassement selon leurs VGTs.

3. DISCUSSION

Aux plans phénotypique et génétique, les truies mordues sont en moyenne plus maigres que les truies non mordues dans tous les élevages. Dans les deux élevages les plus affectés par la caudophagie, les truies qui se font mordre ont un potentiel génétique supérieur pour la croissance et la maigreur, donc sont celles qui devraient être sélectionnées.

Camerlink *et al.* (2012) ont mis en évidence, au plan phénotypique dans une population hollandaise, que les porcs qui recevaient plus de morsures (à la queue et aux oreilles) pendant l'engraissement avaient un moindre taux de croissance. De plus, quelques études, dont celle de Sinisalo *et al.* (2012), ont montré que les individus victimes de morsures sévères ont une baisse de croissance. Nous avons précisé précédemment que, dans la population Tai Zumu, seule une faible proportion des femelles mordues est retenue (pour rappel la note 1 est donnée pour toute trace de morsure, mais celle-ci n'est pas nécessairement grave). Le phénomène de caudophagie réduit donc l'efficacité de la sélection. A l'inverse, cette baisse d'agrément traduit une pression de sélection contre les femelles qui se laissent mordre.

L'estimation des composantes de variance directes et sociales sur le caractère morsure(s) de queue était en partie un challenge, compte-tenu de la faible fréquence observée dans les (sous-)populations de la lignée Tai Zumu. Les estimations dépendent de la composition des groupes avec, dans le cas présent, seulement 29% de groupes informatifs c'est-à-dire qui comprennent au moins une femelle mordue. L'utilisation d'un modèle linéaire standard pour analyser ce caractère binaire (0/1) aurait pu se traduire par un biais, mais les modèles linéaires sont réputés pour leur robustesse à de grands écarts aux hypothèses de normalité, notamment lorsque la fréquence du caractère n'est pas extrême (<5% ou >95%).

La prévalence de la caudophagie varie entre races. Par exemple, une comparaison a souligné que les porcs Yorkshire tendent en moyenne à être plus mordus que des individus Landrace (Sinisalo *et al*., 2012). Les paramètres génétiques associés à la caudophagie sont très peu connus. Dans cette étude sur une lignée synthétique, nous avons estimé pour la première fois les paramètres génétiques du caractère présence de morsure(s), qui permet de travailler sur les victimes de caudophagie. Ainsi, nous avons montré que, dans la population Tai Zumu, l'héritabilité directe du caractère présence de morsure(s) de queue était faible (<0,10) et bien inférieure à celle reportée par Breuer *et al.* (2005) dans une population Landrace pour le statut de mordeur de queue (h^2=0,27) tandis qu'ils avaient obtenu une héritabilité nulle en population Large White. Si, dans leur étude, Breuer et ses collaborateurs avaient réussis à définir qui étaient les agresseurs, il convient de souligner que l'évaluation des morsures est beaucoup plus simple à mettre en œuvre. Une sélection contre les truies qui se laissent manger la queue est donc envisageable.

Breuer *et al.* (2005) ont montré au plan génétique dans la population Landrace que la caudophagie était défavorablement corrélée au taux de croissance maigre (+0,27) et à la maigreur

(-0,28 avec L100) de sorte que les agresseurs étaient génétiquement plus maigres, et ces auteurs en concluent que la sélection réalisée pour les caractères de production peut favoriser la caudophagie. Néanmoins, nous manquons de données de terrain pour vérifier cette hypothèse.

La comparaison de modèles a mis en avant un intérêt fort pour sélectionner contre la caudophagie en tenant compte des relations d'apparentement au sein du groupe, via l'ajout d'effets génétiques sociaux qui permettent d'attribuer à l'individu étudié une valeur génétique directe et aussi une valeur génétique sociale. Grâce à ce type de modélisation, la part de variation génétique identifiée est plus grande qu'avec un simple modèle à effets directs. Avec le modèle social, il est toujours possible de sélectionner contre la composante directe, ce qui revient à écarter les truies qui ont une prédisposition génétique à se laisser mordre la queue, i.e., les victimes de caudophagie. Une stratégie alternative consisterait à sélectionner contre la valeur sociale qui indique la prédisposition d'un individu aux interactions avec les congénères de la case. Cependant, pour le moment, il reste difficile d'interpréter ce qu'est un bon animal. Il serait possible de sélectionner encore plus efficacement contre ce comportement anormal, en utilisant la VGT qui combine les deux effets génétiques d'intérêt, une fois la composante sociale pleinement maîtrisée. Des suivis individuels de comportement d'animaux d'intérêt (composante sociale extrême dans la population) devraient permettre de mieux comprendre l'utilisation de ce modèle.

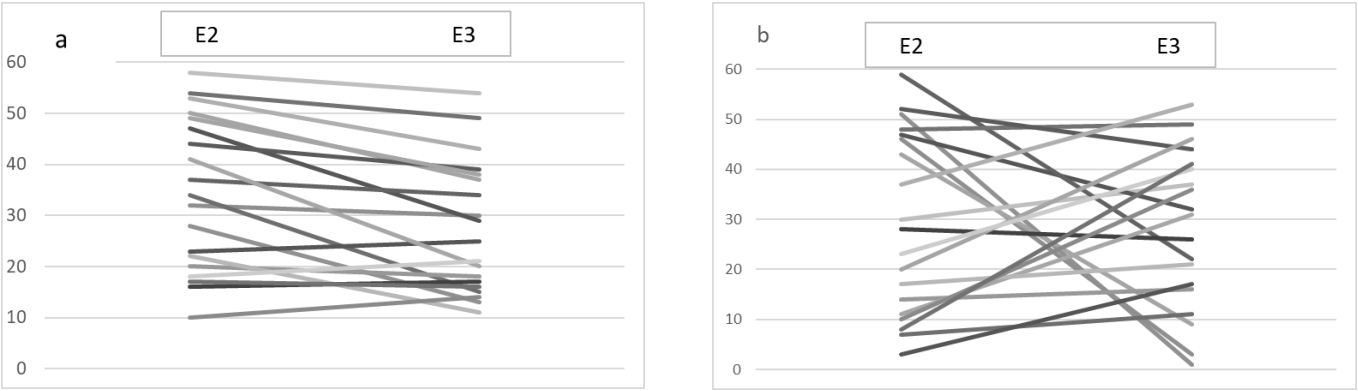

Figure 1 – Classements des 19 verrats connecteurs entre les élevages E2 et E3 choisis pour avoir une valeur génétique directe (VGD) considérée comme stable entre les 2 élevages, selon cette VGD (a) et leur valeur génétique totale (VGT ; b)

Tableau 3 – Estimation des composantes de variance pour la présence de morsure(s) au niveau de la queue selon l'élevage (E1 à E3)

Elevage(s)	E1-E2-E3	E2	E3
Nombre d'observations	33266	12375	11856
Fréquence des morsure(s) de queue (%)	7,1	6,6	10,8
Variance non-génétique du groupe	0,519 (0,049)[1]	0,717 (0,077)	1,323 (0,143)
Variance non-génétique de la portée	0,235 (0,027)	0,103 (0,037)	0,467 (0,076)
Variance génétique directe	0,353 (0,049)	0,322 (0,066)	0,759 (0,157)
Variance génétique sociale	0,032 (0,0037)	0,012 (0,0038)	0,019 (0,005)
Variance phénotypique	5,932 (0,055)	5,753 (0,087)	8,94 (0,157)
Variance héritable totale	4,749 (0,529)	2,300 (0,610)	3,966 (0,944)
h^2	0,06 (0,01)	0,06 (0,01)	0,08 (0,02)
T^2	0,80 (0,09)	0,40 (0,11)	0,44 (0,11)
Contribution des effets sociaux à la variance héritable	93%	86%	81%
Corrélation génétique effets directs-effets sociaux	0,11 (0,10)	0,19 (0,19)	-0,13 (0,18)

[1]Les estimations de variance sont à multiplier par un facteur 10^{-2}. Les écarts-types d'estimation sont indiqués entre parenthèses.

Tableau 4 – Moyennes et écart-types des valeurs génétiques, corrélations de rangs de Spearman et intervalles de confiance associés (IC) entres les valeurs génétique directes (VGDs), les valeurs génétiques sociales (VGSs) et les valeurs génétiques totales (VGTs) estimées sur les 59 verrats les plus utilisés entre élevages de sélection (E2 et E3)

	E2		E3		E2 vs E3	
	Moyenne	Ecart-type	Moyenne	Ecart-type	Corrélation de rangs (IC)	p-value H0 : r=0
VGD	0,0023	0,0285	-0,0128	0,0490	0,09 (-0,17 / 0,34)	0,49
VGS	-0,0007	0,0045	0,0030	0,0069	0,12 (-0,14 / 0,36)	0,37
VGT	-0,0038	0,0617	0,0163	0,0804	0,13 (-0,13 / 0,38)	0,32

Nous avons montré que les morsure(s) de queue sont en partie influencées par des gènes différents dans les deux élevages E2 et E3. Les différences en taille de groupe moyenne et mode d'alimentation sont vraisemblablement impliquées dans la détection de GxE. Selon les valeurs génétiques directes (VGDs), les verrats connecteurs les plus utilisés étaient classés différemment en E2 et E3.

Ces corrélations étaient de loin plus faibles que celles estimées par Wallenbeck *et al.* (2009) dans la comparaison du taux de croissance et de l'épaisseur de gras entre élevages conventionnels et élevages biologiques (r=0,48). Il n'est pas surprenant de mettre en évidence de fortes interactions verrat-environnement pour la présence de morsure(s) de queue en lien avec les différences de fréquence du caractère, de la taille

de groupe et des modes de conduite (accès à la nourriture) entre élevages. Il est important de tenir compte des interactions GxE pour accroître la réponse à la sélection. Il peut être recommandé de sélectionner les verrats qui sont moins sensibles aux conditions d'environnement, c'est-à-dire qui produisent des descendantes qui ont une prédisposition génétique faible à se laisser mordre la queue quel que soit l'élevage où elles grandissent. La corrélation entre VGTs était aussi de zéro entre E2 et E3. Une sélection sur la VGT plutôt que la VGD n'atténuerait pas les écarts entre élevages dans le classement des verrats les plus utilisés. Elle conduirait soit à une diminution soit à une augmentation du contraste entre élevages dans le classement des verrats reproducteurs.

CONCLUSION

Bien que sa prévalence soit souvent indiquée comme faible, la caudophagie constitue une problématique majeure pour la production porcine, à l'aube de décisions européennes qui vont vers l'élevage de porcs avec des queues intactes. Les recommandations pour réduire la caudophagie sont d'améliorer les conditions environnementales et de rechercher des solutions génétiques.

Nous avons montré qu'une sélection contre la caudophagie est envisageable. Une stratégie consisterait à réduire le nombre de femelles qui ont une prédisposition génétique à se laisser mordre la queue. Une stratégie complémentaire pourrait être de réduire la prédisposition sociale des femelles à avoir des congénères mordus, soit sélectionner pour des interactions sociales neutres. Dans le cas de relations neutres voire positives, les individus coopératifs sont vraisemblablement des cochettes qui ne sont pas impliquées dans ces comportements déviants, avec un comportement calme. Cela suppose néanmoins que l'accès à la nourriture ne soit pas un facteur limitant. Ces hypothèses liées à l'effet de la taille de groupe et de la disponibilité alimentaire pourraient être vérifiées dans un dispositif plus large.

Il est recommandé de tenir compte des effets génétiques sociaux, en plus d'effets génétiques directs, pour accroître considérablement la réponse à la sélection. Compte-tenu des fortes interactions génétique-environnement sur ce caractère, soulignées par le reclassement marqué des verrats connecteurs entre élevages de sélection, il apparaît pertinent de choisir les verrats qui expriment un faible potentiel génétique à ce que leurs filles se fassent mordre la queue dans les différents environnements.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bijma P., Muir W.M., van Arendonk J.A.M., 2007. Multilevel selection 1: Quantitative genetics of inheritance and response to selection. Genetics, 175, 277–288.
- Breuer K., Sutcliffe M.E.M., Mercer J.T., Rance K.A., O'Connell N.E., Sneddon I.A., 2005. Heritability of clinical tail-biting and its relation to performance traits. Livest. Prod. Sci., 93, 87-94.
- Camerlink I., Bijma P., Kemp B., Bolhuis J.E., 2012. Relationship between growth rate and oral manipulation, social nosing, and aggression in finishing pigs. Applied Anim. Behav. Sci., 142, 11 – 17.
- Canario L., Rydhmer L., Roehe R., Lundeheim N., Lawrence A.B., Knol E.F., Bergsma R., Turner S., 2010. Compétition ou coopération pour la croissance : relations génétiques avec l'agressivité des porcs élevés en groupe. Journées Rech. Porcine, 42, 155-160.
- Canario L., Lundeheim N., Bijma P., 2017. The early-life environment of a pig shapes the phenotypes of its social partners in adulthood. Heredity, 118, 534-541.
- Directive 2008/120/CE du Conseil du 18 décembre 2008 établissant les normes minimales relatives à la protection des porcs (version codifiée) (JO L 47 du 18.2.2009, p. 5–13) https://eur-lex.europa.eu/legal-content/FR/TXT/HTML/?uri=LEGISSUM:sa0009&from=FR. accédé le 07/11/2018.
- FAWEC, 2018. Farm Animal Welfare Education Centre. https://www.fawec.org/fr/ accédé le 07/11/2018.
- Flatrès-Grall L., Banville M., Bahon D., Sourdioux M., 2014. Genetic evaluation of pig ability to resist to a tail-biting attack using a logistic regression. Session 11; communication 572. Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Vancouver, Canada.
- Gilmour A.R., Gogel B.J., Cullis B.R., Welham S.J., Thompson R., 2015. ASReml User Guide Release 4.1.
- Sinisalo A., Niemi J.K., Heinonen M., Valros A., 2012. Tail biting and production performance in fattening pigs. Livest. Sci., 143, 220–225.
- Wallenbeck, A., Rydhmer L., Lundeheim N., 2009. GxE interactions for growth and carcass leanness: Re-ranking of boars in organic and conventional pig production. Livest. Sci., 123, 154-160.