

68707

LA SÉLECTION SUR LA PROLIFICITÉ CHEZ LE PORC : RÉPONSE A UNE SÉLECTION EN LIGNÉE OUVERTE

G. BOLET (1), Christine RENARD (2), L. OLLIVIER (3), P. DANDO (4)

Institut National de la Recherche Agronomique,

(1) Station d'Amélioration Génétique des Animaux, B.P. 27, 31326 CASTANET-TOLOSAN

(2) INRA-CEA, Laboratoire de Radiobiologie appliquée, 78350 JOUY-EN-JOSAS

(3) Station de Génétique quantitative et appliquée, 78350 JOUY-EN-JOSAS

(4) Domaine expérimental de Bourges, 18520 AVORD

avec la collaboration de

H. JOUET (3), Noelle BOURGEOUX (2), J.J. LEPLAT (2) et du personnel du domaine expérimental de Bourges (4)

I. INTRODUCTION

Une expérience de sélection sur la taille de la portée à la naissance se déroule depuis 1965 au domaine expérimental de l'INRA à AVORD (Cher). Le protocole et les résultats des 10 premières générations ont été présentés par OLLIVIER et BOLET (1981).

Des modifications ont été apportées à ce protocole à partir de la 10^e génération pour améliorer l'efficacité de la sélection. En outre, une procédure particulière d'évaluation de la réponse à la sélection a été mise en œuvre par l'utilisation de semence congelée. Nous présentons ici les résultats de cette évaluation, qui a été réalisée entre octobre 1984 et mars 1986 sur la 16^e et dernière génération de l'expérience.

II. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1 - PROTOCOLE EXPÉRIMENTAL

Les modifications apportées au protocole initial décrit par OLLIVIER et BOLET (1981) sont les suivantes :

- le critère de sélection devient la taille de la 1^{re} portée, au lieu des 2 premières ;
- la sélection intra-père est maintenue pour les mâles, mais abandonnée au profit d'une sélection purement massale pour les femelles ;
- la lignée sélectionnée (LS) est ouverte à des filles de truies à forte prolificité, repérées dans les élevages en vue de constituer la lignée hyperproliférique de Rouillé (LEGAULT et GRUAND, 1976). Après insémination par des verrats de cette dernière lignée, ces jeunes femelles sont intégrées à la lignée sélectionnée et soumises au même protocole que leurs contemporaines. Au cours des générations 10 à 16 (à l'exception de la 14^e), 40 femelles, filles de truies hyperprolifériques, ont été introduites, sur un total de 671 femelles mises à la reproduction. Notons qu'à chaque génération sont ainsi constitués, d'une part 7 lots de reproducteurs « autochtones » (de 1 mâle et 10 femelles environ) et d'autre part 1 lot d'immigrants (mâles et femelles hyperprolifériques) ;
- la semence de 13 mâles de la 11^e génération de la lignée-témoin (LT11) a été congelée en 1978 en vue d'évaluer le progrès génétique réalisé, selon une procédure qui sera décrite ci-dessous et qui ne requiert plus le maintien de la lignée LT.

En 1983, à l'issue de leurs 2 premières portées, 58 femelles de la 14^e génération de la lignée sélectionnée (LS14) ont été inséminées avec la semence décongelée des 13 verrats LT11 collectés en 1978, en même temps que se déroulaient les saillies des truies nullipares LS15. Sont donc nés simultanément en octobre-décembre 1983 les reproducteurs LS16 et les produits issus de 10 verrats LT11 (sur les 13 décongelés) et de 29 femelles LS14 (sur les 58 inséminées). Ce croisement LS14 × LT11 peut être considéré comme une lignée-témoin partiellement « reconstituée » (LTR).

Tous ces animaux ont été pesés à la naissance, au sevrage et autour des poids de 30 et de 100 kg. Leur épaisseur de lard a été mesurée aux ultra-sons à 90 kg, et les carcasses des animaux non retenus pour la reproduction ont été soumises à la découpe parisienne normalisée, avec les mesures habituelles d'épaisseur de lard et de longueur de la carcasse. La qualité de la viande (pH, réflectance et temps d'imbibition du muscle « long vaste ») a été mesurée. Les truies LS16 et LTR ont réalisé trois mises bas successives, en utilisant des verrats LS16 (en 1^{re} et 3^e mise bas) et Piétrain (en 2^e mise bas). Elles ont à nouveau été saillies par des verrats Piétrain à l'issue de leur 3^e portée et abattues à 30 jours de gestation pour déterminer le taux d'ovulation (par comptage des corps jaunes) et le nombre d'embryons vivants. Un nombre identique de truies LS16 et LTR était affecté à chaque verroat.

Les haplotypes du complexe majeur d'histocompatibilité (SLA) ont été identifiés sur les porcelets LS16 et LTR comme pour les reproducteurs des 14^e et 15^e générations (RENARD *et al.*, 1985), ce qui a permis de déterminer rétrospectivement la fréquence des différents haplotypes chez les verrats de la lignée-témoin.

2 - MÉTHODES STATISTIQUES

Les variables ont été étudiées par des modèles d'analyse de variance à effets fixés incluant :

- la lignée (LS16 et LTR) ;
- le numéro de portée (3 niveaux) et l'interaction lignée × numéro de portée pour le nombre total de porcelets nés par portée ;
- le sexe pour les poids à la naissance et au sevrage ;
- le sexe et la covariable « poids en début de contrôle » pour le gain moyen quotidien de 30 à 100 kg ;
- le sexe et la covariable « poids vif au moment de la mesure » pour l'épaisseur de lard à 90 kg (moyenne des 6 mesures aux ultra-sons) et les mesures sur la carcasse.

III. RÉSULTATS

1 - CARACTÈRES DE REPRODUCTION (tableaux 1 et 2)

TABLEAU 1
FERTILITÉ DES TRUIES DES LIGNÉES LS16 (LIGNÉE SÉLECTIONNÉE 16^e GÉNÉRATION)
ET LTR (LIGNÉE-TÉMOIN « RECONSTITUÉE » PAR CROISEMENT LS14 × LT11)

N° de portée	Nombre de truies mises à la reproduction		Pourcentage de gestations réalisées		Test de la différence
	LS16	LTR	LS16	LTR	
1 ^{re}	69	72	72,5	79,2	ns
2 ^e	55	62	74,5	85,5	ns
3 ^e	45	54	91,1	87	ns
Total	169	188	78,1	83,5	ns

ns : différence non significative (test de χ^2).

Le taux de fertilité (pourcentage de truies gestantes par rapport aux truies mises à la reproduction) des LS16 est inférieur à celui des LTR de 5,4 points sur l'ensemble des mises bas, avec une différence particulièrement marquée pour les 1^{re} et 2^e portées, mais ces différences ne sont pas significatives (tabl. 1). Sur l'ensemble des mises bas (157 pour les LTR et 132 pour les LS16), le nombre de porcelets nés par portée est significativement plus élevé chez les truies LS16 que chez les LTR (tabl. 2). Bien qu'il n'y ait pas d'interaction lignée × numéro de portée significative, on peut noter que la supériorité des LS16, faible et non significative en 1^{re} portée, devient plus marquée en 2^e et 3^e portées. En 4^e gestation, les truies LS16 ont produit 1,1 ovule et 1,1 embryon vivant de plus que les LTR, mais ces différences ne sont pas significatives.

TABLEAU 2
RÉSULTATS DES ANALYSES DE VARIANCE DES CARACTÈRES DE REPRODUCTION :
DIFFÉRENCES ENTRE LES LIGNÉES LS16 ET LTR (définies au tableau 1)

Variable	Effectif		Moyenne générale	Différence LS16-LTR
	LS16	LTR		
Nombre de porcelets nés totaux/portée				
– 1 ^{re} portée	50	57	10,66 ± 0,32	+ 0,31 ± 0,63 ns
– 2 ^e portée	41	53	11,10 ± 0,34	+ 1,26 ± 0,68 +
– 3 ^e portée	41	47	11,85 ± 0,35	+ 1,37 ± 0,70 ★
– ensemble	132	157	11,12 ± 0,19	+ 0,98 ± 0,39 ★
Taux d'ovulation en 4 ^e génération	39	46	19,22 ± 0,37	+ 1,1 ± 0,7 ns
Nombre d'embryons vivants à 30 jours	33	40	14,51 ± 0,39	+ 1,1 ± 0,8 ns

Test F ns : non significatif

+ : P < 0,10

★ : P < 0,05.

2 - CROISSANCE ET COMPOSITION CORPORELLE (tableau 3)

Les porcs de la lignée sélectionnée (LS16) ont un poids à la naissance et au sevrage significativement plus faibles que ceux de la lignée-témoin « reconstituée » (LTR). Il n'apparaît aucune différence significative pour la vitesse de croissance entre 30 et 100 kg. Par contre, les porcs LS16 ont une épaisseur de lard significativement plus faible que les LTR à 90 kg (– 2,4 mm, P < 0,01) et à l'abattage (– 4 mm, P < 0,01), avec des poids de morceaux maigres (jambon et longe) significativement plus élevés et de gras (bardière et panne) significativement plus faibles. Il n'apparaît aucune différence significative pour les critères de qualité de viande.

3 - HAPLOTYPES DU COMPLEXE MAJEUR D'HISTOCOMPATIBILITÉ (tableau 4)

Chez les porcelets de la lignée sélectionnée 4 haplotypes (01 02 04 et 08) représentent à eux seuls 80 % des haplotypes présents, alors que 6 haplotypes sont communs à 2 verrats au moins dans la lignée-témoin. Notons aussi que l'haplotype 06 est absent chez les verrats LS, alors qu'il est le plus fréquent chez les verrats LT.

IV. DISCUSSION

A l'issue de six générations de sélection en lignée ouverte, il est clair que la lignée sélectionnée a divergé de la lignée-témoin pour la taille de la portée à la naissance, alors que aucune réponse significative n'apparaissait après 10 générations de sélection en lignée fermée. Mais il faut souli-

TABEAU 3
RÉSULTATS DES ANALYSES DE VARIANCE DES CARACTÈRES DE CROISSANCE
ET DE CARCASSE : DIFFÉRENCES ENTRE LES LIGNÉES LS16 ET LTR
 (définies au tableau 1)

Variable		Moyenne générale	Différence LS16-LTR
• Poids individuel à la naissance	(kg)	1,11 ± 0,01	- 0,07 ± 0,02 ★★
• Poids individuel au sevrage	(kg)	8,39 ± 0,08	- 0,41 ± 0,19 ★
• Gain moyen quotidien 30-100 kg	(g)	678 ± 4,5	- 5 ± 10 ns
• Épaisseur de lard moyenne à 90 kg	(mm)	18,4 ± 0,15	- 2,3 ± 0,4 ★★
• Poids net à l'abattage	(kg)	73,4 ± 0,13	+ 0,7 ± 0,3 ★
• Poids des morceaux	(kg)		
- Jambon		8,23 ± 0,03	+ 0,15 ± 0,06 ★★
- Longe		11,62 ± 0,05	+ 0,52 ± 0,10 ★★
- Bardière		6,18 ± 0,06	- 0,69 ± 0,13 ★★
- Panne		0,78 ± 0,01	- 0,09 ± 0,03 ★★
• Longueur de la carcasse	(mm)	980 ± 0,8	+ 11 ± 4 ★★
• Épaisseur de lard moyenne	(mm)	35 ± 0,3	- 4 ± 0,7 ★★
• Qualité de viande			
- pH		6,04 ± 0,02	+ 0,03 ± 0,04 ns
- Réflectance	(échelle 0-1 000)	375 ± 0,4	+ 11 ± 7 ns
- Temps d'imbibition	(s)	143 ± 3,2	+ 4 ± 7 ns

Test F ns : non significatif

★ : P < 0,05

★★ : P < 0,01

TABEAU 4
FRÉQUENCE (1) DES HAPLOTYPES SLA CHEZ LES PORCELETS DES LIGNÉES LS16 ET LTR
 (définies au tableau 1) ET CHEZ LEURS PÈRES LS15
 (lignée sélectionnée 15^e génération) ET LT11 (lignée-témoin : semence congelée en 11^e génération)

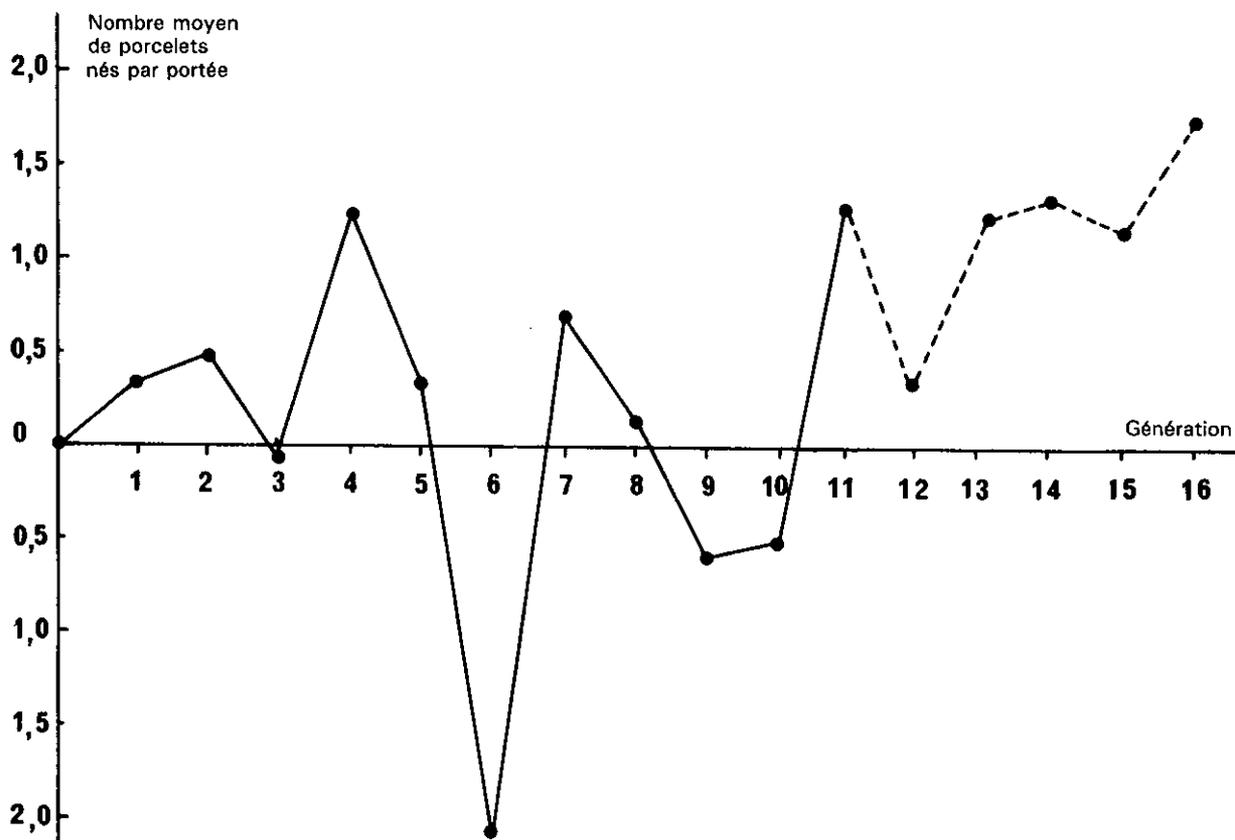
Effectif Haplotype	Verrats		Porcelets	
	LS15	LT11	LS16	LTR
	10	10	546	269
01	25	—	25	11
02	20	5	16	6
03	—	10	1	5
04	20	—	25	17
05	—	10	2	9
06	—	25	2	12
07	5	—	3	2
08	20	10	14	9
10	5	—	4	1
12	—	20	5	12
15	—	—	1	3
19	—	15	—	11
24	—	—	1	1
28	—	5	—	1
38	5	—	1	—
% homozygotes	0	0	15	1,1

(1) Pourcentage arrondi à l'unité.

gnier que l'effectif génétique de notre témoin LTR est limité à 10 verrats et 26 truies — conséquence des aléas de la technique de congélation — ce qui limite la précision de la comparaison effectuée. Notons que cette limitation n'est pas prise en compte dans nos tests statistiques.

Les comparaisons présentées n'offrent elles-mêmes qu'une évaluation indirecte du niveau génétique de la 16^e génération par rapport à la lignée-témoin. Il y a en effet 2 inconnues, qui sont le niveau génétique des femelles LS14 mères de la lignée LTR (puisque LS14 n'a pas été comparé à LT) et l'effet d'hétérosis dans le croisement LS × LT. Si l'on suppose une évolution linéaire de LS-LT au cours des 16 générations de l'expérience et l'absence d'effet d'hétérosis, on peut poser $LTR - LT = LS7 - LT$. D'où il vient $LS16 - LTR = (9/16) (LS16 - LT)$ et le gain génétique obtenu par rapport à LT serait ainsi estimé à 1,74 porcelet par portée ($0,98 \times 16/9$). La figure ci-dessous récapitule l'évolution de la prolificité au cours des 16 générations de l'expérience, et sur la base des hypothèses qui viennent d'être indiquées pour la dernière génération. On peut remarquer que les deux hypothèses faites sont sans doute violées dans un sens qui revient, pour l'une à surestimer le progrès obtenu et pour l'autre à le sous-estimer. En effet la figure suggère que l'évolution de la différence LS-LT n'est pas linéaire avec le temps. On peut donc penser que LS14 est plus proche de LT qu'on ne l'a supposé. Par contre, un effet d'hétérosis dans le croisement LS14 × LT11 n'est pas à exclure, ce qui peut avoir contribué à accroître la prolificité des truies LTR, et donc à sous-évaluer la différence génétique LS16-LTR. La meilleure fertilité des truies LTR (tableau 1) pourrait être un indice de cet effet d'hétérosis.

ÉVOLUTION DE LA PROLIFICITÉ AU COURS DES 16 GÉNÉRATIONS DE L'EXPÉRIENCE



Génération 1 à 11 : différence à chaque génération entre la lignée sélectionnée (LS) et la lignée-témoin (LT).

Génération 12 à 15 : différence exprimée par rapport à la moyenne des 12 générations de la lignée-témoin (y compris la génération 0), soit LS-9,65.

Génération 16 : $16/9$ de la différence $LS16 - (LS14 \times LT11)$ (voir texte).

Il reste à interpréter génétiquement la divergence observée et à établir la part qui revient à l'immigration et celle qui revient à la sélection. Une discussion détaillée de cet aspect sera présentée dans un autre article. Nous nous bornerons ici à esquisser un raisonnement théorique permettant de prédire le gain attendu de l'immigration. Avec un taux d'immigration de 1/8 (voir II.1) par génération, le taux de gènes « immigrants » doit atteindre 55 p. 100 au bout de 6 générations — soit $1 - (7/8)^6$: voir OLLIVIER (1981, p. 111 et suiv.) — en l'absence de sélection des gènes au moment de leur entrée dans la lignée LS. Cette dernière hypothèse paraît admissible puisque la sélection de LS s'effectue sur la taille de la 1^{re} portée, critère pour lequel diverses comparaisons montrent l'absence de supériorité de la lignée hyperprolifique : voir, en particulier, BOLET et LEGAULT (1982), BOLET (1986) et LE ROY *et al.* (1986). Avec la supériorité génétique de la lignée hyperprolifique estimée à 1,7 porcelet/portée par LE ROY *et al.* (1986), et en supposant que la supériorité des immigrants par rapport à la 10^e génération est de 1,3 porcelet (soit $1,7 \times 0,75$, puisque le grand-père maternel des immigrants ne fait l'objet d'aucune sélection, on voit que le gain génétique attendu de cette immigration est de 0,7 porcelet/portée ($0,55 \times 1,3$), valeur assez nettement en dessous du gain de 1,74 estimé plus haut. On peut donc supposer que ce gain résulte à la fois de l'introduction de reproducteurs de la lignée hyperprolifique et de la sélection pratiquée au sein de la lignée LS. Il est toutefois surprenant de constater que pour le taux d'ovulation LS16 se situe à peu près au même niveau que LS10, avec environ 2 ovules de plus que LT, malgré la supériorité démontrée des truies hyperprolifiques pour ce caractère (BOLET *et al.*, 1986).

L'expérience suggère par ailleurs une réponse moindre de la 1^{re} portée comparée aux 2 suivantes, comme le montre également l'expérience similaire de sélection en lignée ouverte de TOMES et NIELSEN (1985), et en accord avec les héritabilités réalisées mises en évidence par LE ROY *et al.* (1986), ce qui confirme les spécificités physiologiques (LEGAULT *et al.*, 1981) et génétiques (BOLET *et al.*, 1984) de la truie primipare.

Les différences significatives de composition corporelle entre les lignées LS16 et LTR doivent être interprétées comme la conséquence de l'immigration en LS plutôt que de la sélection sur la prolificité. La lignée-témoin, qui avait dû être partiellement renouvelée à la 4^e génération, a en effet été maintenue fermée depuis lors, alors que la lignée sélectionnée a pu bénéficier du progrès génétique réalisé dans les élevages fournisseurs des truies hyperprolifiques.

Les données du tableau 4 montrent le polymorphisme relativement faible du système SLA dans la lignée sélectionnée, comme cela avait déjà été noté à la 14^e génération (RENARD *et al.*, 1985). Il se confirme ainsi que la sélection exerce un effet négatif sur le polymorphisme d'un système dont nous commençons seulement à appréhender les nombreuses relations avec les caractères zootecniques chez le Porc (CAPY *et al.*, 1981 ; RENARD *et al.*, 1985 ; ROTHCHILD *et al.*, 1986). Il est intéressant de remarquer le maintien en LT de l'haplotype O6, dont nous avons mis en évidence l'effet défavorable sur la croissance (CAPY *et al.*, 1981), et sa quasi-disparition en LS malgré un effet favorable sur la prolificité (RENARD *et al.*, 1985).

V. CONCLUSION

Dans la sélection sur la prolificité chez le Porc, nous avons jusqu'à présent expérimenté dans deux directions, d'une part la sélection intra-troupeau dont l'efficacité théorique est non négligeable et surtout sans limites (jusqu'à un plateau hypothétique), d'autre part la création d'une « lignée hyperprolifique » dont le principe est de viser un objectif élevé, fixé au départ, grâce à la sélection d'individus extrêmes dans une vaste population. L'expérience que nous avons réalisée combine les deux approches, par une sélection en troupeau ouvert à l'immigration d'individus à haute prolificité. Les résultats présentés indiquent que le gain de prolificité obtenu résulte à la fois de la supériorité génétique des immigrants et de la sélection pratiquée au sein du troupeau expérimental. La sélection intra-troupeau a donc ici été efficace, et on peut penser que l'immigration y a contribué en permettant de réaliser une forte intensité de sélection, ce qui est difficile dans un troupeau fermé de taille limitée.

BIBLIOGRAPHIE

- BOLET G., 1986. In SREENAN J.M., DISKIN M.G. (ed.). Embryonic mortality in farm animals, 12-43, Martinus Nijhoff Publisher, Bruxelles.
- BOLET G., LEGAULT C., 1982. 2^e Congrès mondial de Génétique appliquée à l'Élevage, Madrid, 4-8 octobre 1982, **5**, 548-567, Éditorial Garsi, Madrid.
- BOLET G., MARTINAT-BOTTE F., LOCATELLI A., GRUAND J., TERQUI M., BERTHELOT F., 1986. Génét. Sél. Évol., **18**, 333-342.
- BOLET G., TARTAR M., LALOE D., FELGINES C., 1984. Journées Rech. Porcine en France, **16**, 475-480.
- CAPY P., RENARD C., SELIER P., VAIMAN M., 1981. Ann. Génét. Sél. Anim., **13**, 441-446.
- LEGAULT C., GRUAND J., 1976. Journées Rech. Porcine en France, **8**, 201-206.
- LEGAULT C., GRUAND J., BOLET G., 1981. Journées Rech. Porcine en France, **13**, 255-260.
- LE ROY P., LEGAULT C., GRUAND J., OLLIVIER L., 1986. 37^e réunion annuelle de la Fédération européenne de Zootechnie, 1-4 septembre 1986, Budapest, **1**, 127 (Rés.).
- OLLIVIER L., 1981. Éléments de génétique quantitative. Masson, Paris.
- OLLIVIER L., BOLET G., 1981. Journées Rech. Porcine en France, **13**, 261-268.
- RENARD C., BOLET G., DANDO P., VAIMAN M., 1985. Journées Rech. Porcine en France, **17**, 105-112.
- ROTHSCHILD M.F., RENARD C., BOLET G., DANDO P., VAIMAN M., 1986. Anim. Genet., **17**, 267-272.
- TOMES G.J., NIELSEN H.E., 1985. Anim. Breed. Abstr., **53** (3) (Rés. n° 1494).