

## UTILISATION DU BLUP MODÈLE ANIMAL POUR L'ÉVALUATION GÉNÉTIQUE DES PORCS DE RACE LARGE WHITE ET LANDRACE FRANÇAIS SUR LA PROLIFICITÉ

J.P. BIDANEL (1), A. DUCOS (2)

(1) I.N.R.A., Station de Génétique Quantitative et Appliquée - 78352 Jouy-en-Josas Cédex

(2) I.T.P., Pôle Amélioration de l'Animal - BP 3, 35650 Le Rheu

La valeur génétique des animaux de race Large White (LW) et Landrace français (LF) pour le nombre de porcelets nés totaux (NT), nés vivants (NV) et sevrés (SEV) par portée a été estimée à l'aide de la méthodologie du BLUP appliquée à un modèle animal avec répétabilité. Les effets de la combinaison troupeau x année x saison, du rang de portée et du type d'accouplement sont inclus comme effets fixés dans le modèle. Les analyses ont porté sur les données issues de 153666 et 55871 portées, respectivement, en race LW et LF, collectées dans les élevages de sélection entre 1975 et 1991. L'évolution génétique au cours de cette période a été estimée en faisant la moyenne par année de naissance des valeurs génétiques estimées des animaux. Les composantes de la variance utilisées pour l'évaluation génétique ont été estimées à l'aide de la méthode du maximum de vraisemblance restreinte appliquée au même modèle que ci-dessus à partir de sous-ensembles de 21562 (LW) et 14309 (LF) portées. Les estimations de l'héritabilité et de la répétabilité des trois caractères de prolificité sont comprises, respectivement, entre 0,080 et 0,112 et entre 0,144 et 0,168. Les évolutions génétiques sont positives, mais faibles: de +0,016 (NT et NV) à +0,017 (SEV) porcelet/portée/an en race LW et de +0,011 (SEV) à +0,014 (NV) porcelet/portée/an en race LF

### **Genetic evaluation of Large White and French Landrace pigs for prolificacy using an animal model**

Estimated breeding values of Large White (LW) and French Landrace (LF) pigs for total number of piglets born (TNB), number born alive (NBA) and number weaned (NW) per litter were estimated using BLUP methodology applied to a repeatability animal model. Herd x year x season, parity and type of mating were included as fixed effects in the model. The analyses were performed on 153,666 and 55,871 litters, respectively, in LW and LF breeds, recorded between 1975 and 1991 in French selection herds. Genetic trends over that period of time were estimated by averaging predicted breeding values according to the year of birth. Variance components used for predicting breeding values were estimated from subsamples of 21,562 (LW) and 14,309 (LF) litters using a restricted maximum likelihood procedure applied to the same model as described above. Heritability and repeatability estimates varied from 0.080 to 0.112 and from 0.144 to 0.168, respectively. Genetic trends were positive, but low: from +0.016 (TNB and NBA) to +0.017 (NW) piglet/litter/year in the LW breed and from +0.011 (NW) to +0.014 (NBA) piglet/litter/year in the LF breed

## INTRODUCTION

Longtemps négligée par les sélectionneurs du fait notamment de sa faible héritabilité, la prolificité des truies prend depuis quelques années une importance croissante dans les programmes de sélection. Ainsi, en France, l'utilisation de la voie "hyperprolifique" (LEGAULT et GRUAND, 1976) connaît depuis deux à trois ans un développement sensible, qui se traduit d'ores et déjà par une augmentation significative de la taille de la portée à la naissance et au sevrage (HERMENT et al., 1994).

L'évaluation génétique des reproducteurs sur la prolificité est jusqu'à présent basée sur deux indices, l'un sur ascendance (pour les verrats et les cochettes nullipares) l'autre sur performances propres (pour les truies). Ces deux indices, qui constituent deux estimations de la valeur génétique des reproducteurs, sont difficilement combinables. De plus, ils n'utilisent que très partiellement l'information familiale disponible et ne permettent pas, en toute rigueur, de comparer des animaux contrôlés à des périodes ou dans des élevages différents. Ces problèmes peuvent être résolus par l'utilisation d'une autre méthode d'évaluation génétique, le BLUP (abréviation anglaise signifiant meilleure prédiction linéaire non biaisée) appliqué à un modèle animal. Elle consiste à prendre en compte la totalité de l'information disponible sur les candidats à la sélection et l'ensemble de leurs apparentés

connus et à estimer simultanément les valeurs génétiques et les effets du milieu (BIDANEL et al., 1990; DUCOS et al., 1992). L'objet de cette communication est de présenter les premiers résultats relatifs à l'utilisation du BLUP modèle animal pour l'évaluation génétique des porcs de race Large White et Landrace français sur la prolificité. Les paramètres génétiques de la taille de la portée ont été réestimés dans les deux races par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (PATTERSON et THOMPSON, 1971). Ces paramètres ont ensuite été utilisés pour estimer l'évolution génétique réalisée pour la prolificité entre 1975 et 1991.

## 1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 1.1. Origine et structure des données

Les données analysées ont été recueillies dans le cadre du programme de Gestion Technique des Troupeaux de Truies (GTTT - LEGAULT et al., 1971). Elles portent sur 153666 portées issues de 49721 truies de race Large White (LW) et 55871 portées issues de 18787 truies de race Landrace français (LF) contrôlées dans les élevages de sélection entre 1975 et 1991. Les variables analysées sont les nombres de porcelets nés totaux, nés vivants et sevrés par portée. Les principales informations sur la structure des données, ainsi que la valeur moyenne et l'écart-type phénotypique de chacune des variables étudiées figurent dans le tableau 1.

**Tableau 1** - Structure, moyennes et écart-types des données utilisées pour l'évaluation BLUP-modèle animal

	Large White		Landrace français	
<b>Nombre de portées</b>	153666		55871	
<b>Nombre de truies</b>	49721		18787	
<b>Nombre total d'animaux</b>	63858		25248	
<b>Nombre d'élevages</b>	112		47	
<b>Nombre d'élevage x année x saison</b>	4500		1918	
<b>Statistiques élémentaires</b>				
	<b>Moyenne</b>	<b>Écart-type</b>	<b>Moyenne</b>	<b>Écart-type</b>
<b>Nés totaux</b>	11,15	3,02	10,87	2,85
<b>Nés vivants</b>	10,43	2,87	10,22	2,69
<b>Sevrés</b>	9,00	2,57	8,99	2,46

Les fichiers de données complets ayant une taille trop importante pour permettre l'estimation des paramètres génétiques par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte, un sous ensemble de données a été constitué dans chacune des deux races. Ils comprennent les résultats relatifs à 21562 et 14309 portées, respectivement, en race LW et LF. La structure des échantillons, la moyenne et l'écart-type des caractères étudiés figurent dans le tableau 2.

### 1.2. Modèle d'analyse

Les composantes de variance et les valeurs génétiques des animaux ont été estimées indépendamment pour chacun des caractères et chacune des deux races à partir d'un même modèle animal avec répétabilité. Le modèle prend en compte

les effets fixés de la combinaison troupeau x année x saison, du rang de portée (1, 2, 3 à 5 et plus de 5) du type d'accouplement (saillie ou insémination artificielle), les effets aléatoires de la valeur génétique additive de chaque animal et de l'effet de milieu permanent à la truie, ainsi que la régression linéaire sur l'âge à la mise bas intra numéro de portée. Des analyses préliminaires ont permis d'établir que les effets du verrot père de la portée et d'interaction troupeau x année x saison x rang de portée étaient non significatives. Ils n'ont de ce fait pas été inclus dans l'analyse.

### 1.3. Stratégie de calcul

L'estimation des paramètres génétiques a été réalisée à l'aide d'un programme de maximum de vraisemblance res-

**Tableau 2** - Structure, moyennes et écart-types des données utilisées pour l'estimation des composantes de la variance

	Large White		Landrace français	
Nombre de portées	21562		14309	
Nombre de truies	9638		6334	
Nombre total d'animaux	14300		8698	
Nombre d'élevages	28		19	
Nombre d'élevage x année x saison	597		412	
Statistiques élémentaires				
	Moyenne	Écart-type	Moyenne	Écart-type
Nés totaux	10,99	3,15	10,83	3,05
Nés vivants	10,24	2,99	10,14	2,86
Sevrés	8,81	2,74	8,95	2,64

treinte élaboré par GROENEVELD (1991). La recherche du maximum de la fonction de vraisemblance a été réalisée à l'aide d'un algorithme dit de "Quasi-Newton", qui calcule par différences finies des approximations des dérivées premières et secondes. L'approximation de la dérivée seconde ainsi obtenue est ensuite utilisée pour calculer les erreurs standards des paramètres génétiques estimés.

L'estimation des valeurs génétiques a été réalisée à l'aide du logiciel PEST (GROENEVELD et KOVAC, 1990). Les composantes de variance utilisées pour chacun des trois effets aléatoires du modèle sont celles estimées dans cette étude. La taille du système des équations du modèle mixte s'élevait à 118088 et 45962 équations, respectivement, en race Large White et Landrace français. Différentes méthodes de résolution ont été utilisées simultanément de façon à minimiser les temps de calcul: itération sur les coefficients pour les effets fixés, itération sur les données par la méthode de Jacobi pour l'effet de milieu permanent et par la méthode de Gauss-Seidel pour l'effet de la valeur génétique additive de l'animal. L'objectif principal de l'étude étant l'estimation du progrès génétique réalisé, le système d'équations a été considéré comme ayant convergé lorsque le progrès génétique estimé, calculé à partir des moyennes annuelles de valeurs génétiques estimées, n'évolue plus.

## 2. RÉSULTATS

Les composantes de la variance, les héritabilités et les répétabilités des trois caractères de prolificité figurent dans le tableau 3. La variabilité génétique additive diminue assez fortement entre la naissance et le sevrage dans les deux races (-43 % en LW et -30% en LF). Les variances de milieu permanent et résiduelles diminuent également entre la naissance et le sevrage, mais de façon moins marquée que la variance génétique additive, de sorte que l'héritabilité diminue lorsque l'on passe de NT à NV, puis à SEV. Les variances phénotypique et génétique sont légèrement plus élevées en LW qu'en LF.

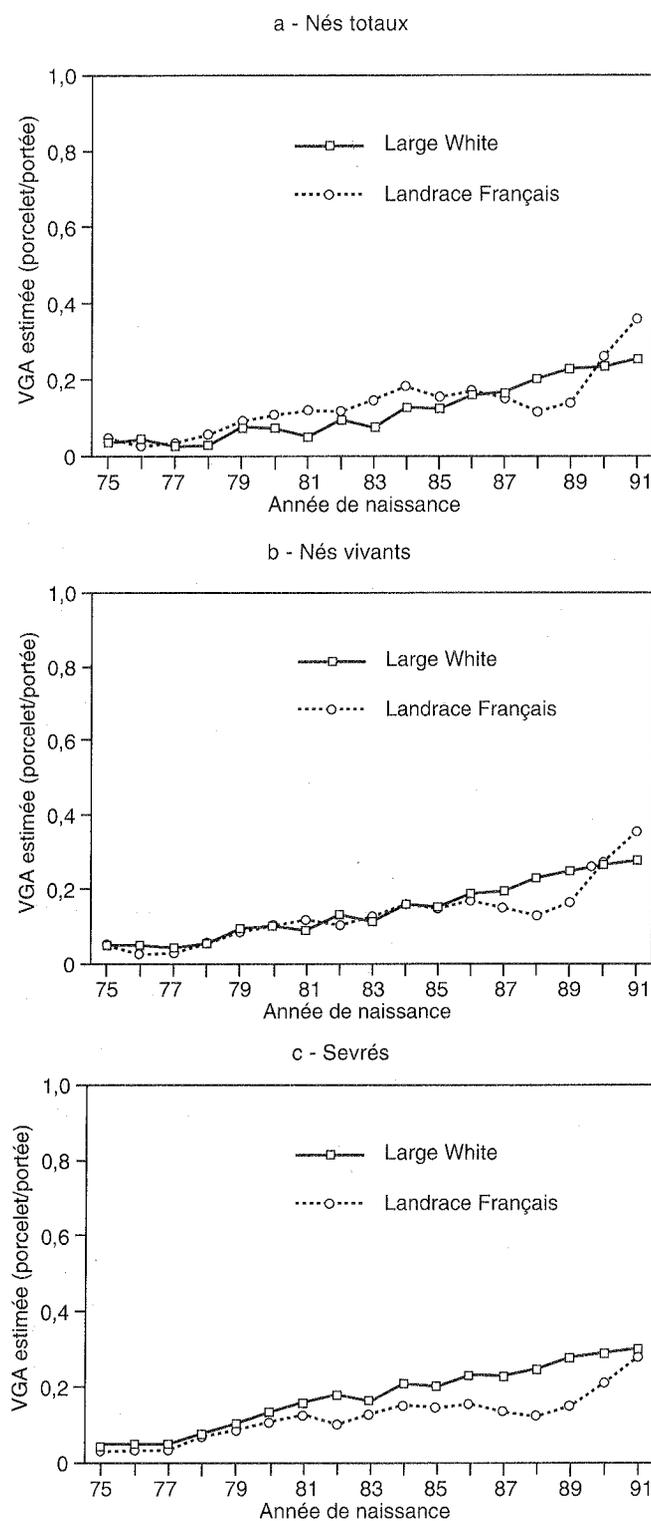
La convergence a été atteinte après 700 itérations dans les deux races. Les temps de calcul nécessaires pour la prédiction des valeurs génétiques s'élèvent à 259 et 87 minutes, respectivement, en race LW et LF. Les évolutions génétiques de NT, NV et SEV dans chacune des deux races sont représentées sur la figure 1. Globalement, les évolutions génétiques sont faibles et similaires pour les trois variables: respectivement +0,0158, +0,0160 et +0,0167 porcelet/portée/an pour NT, NV et SEV en race LW. Les valeurs équivalentes en race LF sont respectivement +0,0133 ; +0,0143 et +0,0108 porcelet/portée/an.

**Tableau 3** - Estimations des composantes de la variance et des paramètres génétiques

	Large White			Landrace français		
	Nés totaux	Nés vivants	Sevrés	Nés totaux	Nés vivants	Sevrés
Variance génétique additive	1,113	0,982	0,632	0,925	0,741	0,557
Variance de milieu permanent	0,553	0,476	0,450	0,568	0,491	0,430
Variance résiduelle	7,786	7,109	6,100	7,352	6,667	5,725
Héritabilité (1)	0,112	0,110	0,084	0,100	0,090	0,080
Répétabilité (1)	0,168	0,163	0,144	0,161	0,150	0,142

(1) Les erreurs standards de l'héritabilité et de la répétabilité sont comprises entre 0,005 et 0,014

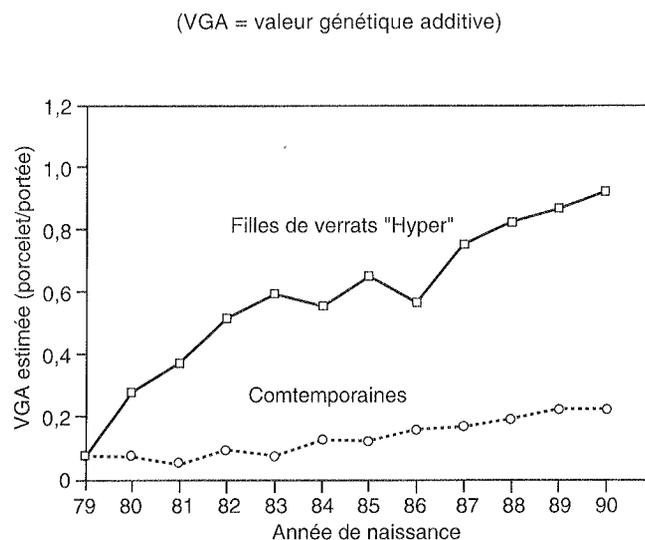
**Figure 1** - Évolution génétique estimée du nombre de porcelets nés totaux (a), nés vivants (b) et sevrés (c) par portée entre 1975 et 1991 dans les races Large White et Landrace français (VGA = valeur génétique additive)



Une évaluation de la supériorité génétique de la lignée LW de verrats "hyperprolifiques" constituée à partir de 1973 à l'INRA (LEGAULT et GRUAND, 1976) a également été réalisée en calculant la valeur génétique estimée moyenne des filles des verrats de la lignée en fonction de leur année de naissance. Les résultats obtenus pour le nombre de porcelets nés totaux sont représentés sur la figure 2. La supériorité génétique des filles de verrats "hyperprolifiques", qui représente la moitié de

la moitié de la supériorité génétique de la lignée, est depuis plusieurs années d'environ 0,6 à 0,7 porcelet par portée.

**Figure 2** - Évolution génétique estimée du nombre de porcelets nés totaux dans la lignée "hyperprolifique" Large White de l'INRA et dans l'ensemble de la population Large White française.



### 3. DISCUSSION

Les faibles évolutions génétiques de la taille de la portée dans les deux races n'est guère surprenante. La prolificité n'a en effet pratiquement pas été sélectionnée jusqu'à ces dernières années, l'essentiel de l'effort de sélection étant dirigé vers l'amélioration des caractères de croissance et de composition corporelle. Des évolutions similaires ont été estimées au Canada par SOUTHWOOD et KENNEDY (1991) et aux Pays-Bas par KNAP et al. (1993). L'intérêt d'une sélection sur la prolificité est, depuis 2 ou 3 ans, reconnue par la majorité des acteurs de la sélection en France. Cet intérêt s'est jusqu'à présent traduit par la mise en place de schémas "hyperprolifiques" par la plupart des organisations de sélection (HERMENT et al., 1994). Les résultats au niveau génétique de la lignée "hyperprolifique" de l'INRA présentés dans cette étude et ceux de HERMENT et al. (1994) confirment l'intérêt de la voie "hyperprolifique" pour l'amélioration génétique de la prolificité. L'utilisation à grande échelle de semence de verrats "hyperprolifiques" dans les élevages de sélection et de multiplication permettra d'améliorer sensiblement le niveau génétique des races Large White et Landrace français pour la prolificité dans les années à venir.

L'utilisation du BLUP modèle animal devrait augmenter de façon notable l'efficacité de la sélection sur la prolificité. Les indices BLUP, plus précis, permettront en effet de repérer de façon plus efficace les animaux "hyperprolifiques". Ils fourniront également une évaluation de la valeur génétique sur la prolificité pour l'ensemble des candidats mâles et femelles à la sélection, qui devrait à l'avenir être prise en compte de façon systématique dans le choix des reproducteurs.

Cette première étude montre qu'une évaluation BLUP sur la prolificité à partir d'un modèle animal avec répétabilité ne pose pas de problème majeur sur le plan calculatoire. Elle nécessite par contre la mise en place d'un circuit fiable et

rapide de recueil et de transmission de l'information génétique entre les élevages de sélection et de multiplication et le site central de calcul des indices BLUP. La fiabilité des données généalogiques et de performances et la rapidité de leur transfert vers le site de calcul conditionnent en effet l'intérêt d'une évaluation BLUP. L'INRA et l'ITP mettent actuellement en place, en collaboration avec les différents partenaires de la sélection, un nouveau système d'information génétique (BIDANEL et DUCOS, 1994). La mise en place de ce système permettra, moyennant un calcul hebdomadaire, de fournir des indices BLUP dans un délai de 10 à 15 jours.

Le choix d'un modèle approprié de description des données et une estimation précise des paramètres de ce modèle constituent également des éléments essentiels à la qualité d'une évaluation génétique. Le modèle animal avec répétabilité utilisé de la présente étude est le modèle le plus employé pour l'évaluation génétique BLUP sur la prolificité (SORENSEN, 1990; ESTANY et al., 1992; KNAP et al., 1993; SCHAEFFER et al., 1993; WOODWARD et al., 1993). Ce modèle a pour avantages d'être simple à mettre en oeuvre et d'avoir fait la preuve de son efficacité dans le cadre de la théorie des indices de sélection. Les paramètres génétiques utilisés dans le cadre de ce modèle peuvent être estimés facilement et sont de ce fait bien connus (voir les revues de LEGAULT, 1970; HILL et WEBB, 1982; HALEY ET AL., 1988). Les estimations réalisées dans cette étude sont du reste très proches des moyennes de la littérature.

Un certain nombre de résultats peuvent toutefois laisser à penser que le modèle animal avec répétabilité n'est pas optimal. Ainsi, certains résultats obtenus en France ces dernières années (BOLET et FELGINES, 1981; LE ROY et al., 1987) laissent suggérer que les portées successives d'une truie pourraient avoir un déterminisme génétique différent. Un certain nombre d'auteurs (NELSON et ROBISON, 1976; VANGEN, 1980; VAN DER STEEN, 1983; KIRKPATRICK et RUTLEDGE, 1988; JORGENSEN, 1989) suggèrent par ailleurs que les effets maternels (effets de la mère d'un animal sur les performances de ce dernier) pour-

raient être un facteur de variation important de la prolificité des truies.

Les différents travaux visant à étudier ces deux problèmes n'ont jusqu'à présent pas permis de conclure à l'intérêt de modèles génétiques complexes. Plusieurs estimations des corrélations génétiques entre les portées successives d'une truie ont certes été réalisées ces dix dernières années (BOLET et FELGINES, 1981; VIDOVIC, 1982; LOBKE et al., 1983; AVALOS, 1985; JOHANSSON et KENNEDY, 1985; VANGEN, 1986). Elles utilisent malheureusement toutes des méthodes sensibles à une sélection des données. La taille de la portée étant une cause importante de réforme des truies, les corrélations obtenues présentent vraisemblablement un certain biais lié à la sélection (HALEY et al., 1988). De façon similaire, la plupart des travaux sur les effets maternels se sont limités à l'étude de l'effet de la taille de la portée de naissance et n'ont pas permis d'estimer de façon précise l'importance des effets génétiques maternels et leur liaison avec les effets génétiques directs. L'utilisation de méthodes d'estimation des paramètres génétiques robustes à une sélection des données et flexibles vis à vis du modèle génétique utilisé comme le maximum de vraisemblance restreinte, combinée à une comparaison par simulation de l'efficacité des différents modèles envisagés (SOUTHWOOD et KENNEDY, 1990; ROEHE ET KENNEDY, 1993) permettra d'étudier de façon plus satisfaisante ces problèmes et de choisir de façon plus précise le modèle génétique le plus approprié.

## CONCLUSION

Le niveau génétique des races Large White et Landrace français pour la prolificité a peu évolué au cours des quinze dernières années. L'intérêt accru des acteurs de la sélection vis à vis de ce caractère extrêmement important sur le plan économique se traduit à l'heure actuelle par la mise en place de méthodes et d'outils performants de sélection sur ce caractère. Ces efforts devraient rapidement porter leurs fruits et permettre une amélioration substantielle de la productivité numérique des truies utilisées en France dans les années à venir.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- AVALOSE., 1985. PhD Thesis, University of Edinburgh, Edinburgh, UK
- BIDANEL J.P., DUCROCQ V., OLLIVIER L., 1990. Journées Rech. Porcine en France, 22, 1-10.
- BIDANEL J.P., DUCOS A., 1994. In: Proceedings of the Symposium on application of mixed linear models in the prediction of genetic merit in pigs, Mariensee, Germany, May 27, 1993 (sous presse)
- BOLET G., FELGINES C., 1981. In: 32nd Annual Meeting of the EAAP, Zagreb, Yugoslavia, September 1981, Commission on animal genetics.
- DUCOS A., BIDANEL J.P., DUCROCQ V., 1992. Journées Rech. Porcine en France, 24, 39-46.
- ESTANY J., ALFONSO L., BABOT D., NOGUERA J.L., 1992. In: Proceedings of the satellite symposium on pig management information systems, EAAP, Madrid, 1992, 163-168.
- GROENEVELD E., KOVAC M., 1990. J. Dairy Sci., 73, 513-531.
- GROENEVELD E., 1991. In: 42nd Annual Meeting of the EAAP, Berlin, Germany, September 1991, Commission on animal genetics.
- HALEY C.S., AVALOS E., SMITH C., 1988. Anim. Breed. Abst., 56, 317-332.
- HERMENT A., RUNAVOT J.P., BIDANEL J.P., 1994. Journées Rech. Porcine en France, 26, 315-320.
- HILL W.G., WEBB A.J., 1982. In: Control of pig reproduction. D.J.A. Cole and G. R. Fowcroft. (Ed.), Butterworths, 541-564.
- JOHANSSON K., KENNEDY B.W., 1985. Acta Agric. Scand., 35, 421-431.
- JORGENSEN J.N., 1989. Acta Agric. Scand., 39, 421-429.
- KIRKPATRICK B.W., RUTLEDGE J.J., 1988. J. Anim. Sci., 66, 2530-2537.
- KNAPP P.W., VAN ALST G.J.M., VERSTEEG J.G., KANISE., 1993. Pig News and Information, 14, 119N-121N.
- LEGAULT C., 1970. Ann. Génét. Sél. Anim., 2, 209-227.
- LEGAULT C., GRUAND J., 1976. Journées Rech. Porcine en France, 8, 201-212.
- LEGAULT C., MOLENAT M., STEIER G., TEXIER C., ZICKLER G., 1971. Journées Rech. Porcine en France, 3, 11-17.
- LE ROY P., LEGAULT C., GRUAND J., OLLIVIER L., 1987. Génét. Sél. Evol., 19, 351-364.
- LOBKE A., WILLEKE H., PIRCHNER F., 1983. In: 34th Annual

- Meeting of the EAAP, Madrid, Spain, September 1983, Commission on animal genetics.
- NELSON R.E., ROBISON O.W., 1976. *J. Anim. Sci.*, 42, 1150-1157.
  - PATTERSON H.D., THOMPSON R., 1971. *Biometrika*, 58, 545-554.
  - ROEHE R., KENNEDY B.W., 1993. *J. Anim. Sci.*, 71, 2353-2364.
  - SCHAEFFER L.R., KENNEDY B.W., KEMP R.A., 1993. *Can. J. Anim. Sci.*, 73, 223-230.
  - SØRENSEN D.A., 1990. In: 4th World Congress on Genetics applied to Livestock Production, Edinburgh, Scotland, vol XV, 435-438.
  - SOUTHWOOD O.I., KENNEDY B.W., 1990. *J. Anim. Sci.*, 68, 1841-1847.
  - SOUTHWOOD O.I., KENNEDY B.W., 1991. *J. Anim. Sci.*, 69, 3177-3182.
  - VANDER STEEN H.A.M., 1983. Doc. thesis Agric. Univ. Wageningen, The Netherlands.
  - VANGEN O., 1980. *Acta Agric. Scand.*, 30, 309-319.
  - VANGEN O., 1986. In: 3rd World Congress on genetics applied to livestock production, Lincoln, Nebraska, Vol XI, 168-179.
  - VIDOVIC V., 1982. In: 2nd World Congress on Genetics applied to Livestock Production, Madrid, Spain, vol V, 95-103.
  - WOODWARD B.W., MABRY J.W., SEE M.T., BERTRAND J.K., BENYSHEK L.L., 1993. *J. Anim. Sci.*, 71, 2040-2046.