

Résultats de quatre générations de sélection pour le taux d'ovulation et la survie prénatale chez des porcs de race Large White

J.P. BIDANEL (1), A. BLASCO (2), J.GOGUÉ (3), H. LAGANT (1)

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

(2) Universidad Politécnica de Valencia, Departamento de Ciencia Animal - P.O. Box 22012, Valencia 46071, Espagne

(3) I.N.R.A., Domaine de Galle - 18520 Avord

Résultats de quatre générations de sélection pour le taux d'ovulation et la survie prénatale chez des porcs de race Large White

Trois lignées de porcs ont été constituées à partir d'une même population de base de race Large White. Deux lignées ont été sélectionnées en vue d'accroître soit le taux d'ovulation à la puberté (lignée TO), soit la survie prénatale corrigée pour le taux d'ovulation au cours des deux premières portées (lignée SP), la troisième lignée étant une lignée témoin non sélectionnée. Les données de quatre générations de sélection ont été utilisées pour estimer les paramètres génétiques du taux d'ovulation à la puberté (TOP) ou à la saillie (TOS), le nombre de porcelets nés totaux par portée (NT) et la survie prénatale brute (SP=NT/TOS) ou corrigée pour TOS (SPC), dans la population de base à l'aide de la méthodologie du maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multivariable. Les réponses à la sélection ont été estimées par la méthode des moindres carrés et celle du modèle mixte. Les estimations de l'héritabilité s'élevaient à 0,36; 0,25; 0,12; 0,14 et 0,15 (e.s. 0,04), respectivement, pour TOP, TOS, SP, SPC et NT. TOP et TOS sont fortement corrélés et présentent des corrélations génétiques modérément négatives avec SP (-0,35±0,12). NT est plus fortement lié sur le plan génétique avec SP (0,72±0,11) qu'avec TOP ou TOS (respectivement, 0,41±0,13 et 0,35±0,13). Un accroissement significatif de TOP et TOS est obtenu dans les lignées TO et SP (+0,5 à 0,7 ovule/génération). Par contre, aucune évolution significative de la survie prénatale, ajustée ou non pour TOS, n'est par contre obtenue.

Results of four generations of selection for ovulation rate or prenatal survival in Large White pigs

Three lines of pigs were constituted from the same base Large White population. Two lines were selected for either high ovulation rate at puberty (OR line) or high prenatal survival corrected for ovulation rate over the first two parities (PS line), the third one being kept as an unselected control line. Data from four generations of selection were used to estimate genetic parameters of ovulation rate at puberty (ORP) or at mating (ORM), uncorrected (PS) or corrected for ORM (CPS) prenatal survival and total number born per litter (TNB) in the base population using restricted maximum likelihood methodology applied to a multivariate animal model. Responses to selection were computed using both least-squares and mixed-model methodology. Heritability estimates were 0.36, 0.25, 0.12, 0.14 and 0.15 (s.e. 0.04), respectively, for ORP, ORM, PS, CPS and TNB. ORP and ORM were strongly correlated (0.83±0.10) and had moderately negative genetic correlations with PS (-0.35±0.12). TNB had stronger genetic correlations with PS (0.72±0.11) than with ORP (0.41±0.13) or ORM (0.35±0.13). A significant increase in ORP and ORM was obtained in both OR and PS line (0.5 to +0.7 ova/generation). Conversely, no significant increase of SP, either adjusted or not for ORM, was obtained.

INTRODUCTION

La prolificité des truies est une composante majeure de l'efficacité de la production porcine (TESS et al, 1983; DUCOS, 1994). Elle peut être sélectionnée avec succès, notamment par l'utilisation de schémas de sélection «hyperprolifiques» (LEGAULT et GRUAND, 1976, HERMENT et al, 1994). Malgré tout, l'efficacité de cette sélection reste limitée par la faible héritabilité de la taille de la portée à la naissance (de l'ordre de 0,10 - HALEY et al, 1988; BIDANEL et DUCOS, 1994). C'est pourquoi la recherche de critères indirect de sélection plus héritables et fortement corrélés à la taille de la portée a-t-elle fait l'objet de nombreux travaux depuis plusieurs années. Une des pistes actuellement les plus étudiées concerne les possibilités d'utilisation d'un critère de sélection basé sur les composantes de la prolificité, à savoir le taux d'ovulation et la survie prénatale (JOHNSON et al, 1984). Le taux d'ovulation est sensiblement plus héritable que la taille de la portée (BIDANEL, 1989; BLASCO et al, 1993a). La seule expérience de sélection sur le taux d'ovulation réalisée chez le porc a permis d'améliorer de façon significative la taille de la portée à la naissance, mais sans que l'amélioration obtenue ne soit supérieure à celle que l'on peut attendre d'une sélection directe sur la taille de la portée (LAMBERSON et al, 1991). A l'inverse, la variabilité génétique de la survie prénatale reste très mal connue. Une expérience de sélection visant à mieux connaître la variabilité génétique de ce caractère et ses liaisons phénotypiques et génétiques avec le taux d'ovulation et la taille de la portée se déroule actuellement à l'INRA. L'objectif de cet article est de présenter les résultats d'une première analyse de cette expérience après quatre générations de sélection.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Animaux et dispositif expérimental

L'expérimentation s'est déroulée au domaine expérimental INRA de Galle (18520, Avord). La génération de base (G0) a été procréée en accouplant une cinquantaine de femelles de race Large White issues d'un autre élevage expérimental INRA (35500, Saint-Gilles) à 25 verrats de race Large White présents dans les centres d'insémination artificielle français. Les mâles et les femelles issus de ces accouplements ont été répartis intra-portée dans trois lignées contemporaines. Deux de ces lignées ont ensuite été sélectionnées en vue d'accroître le taux d'ovulation (lignée TO) ou le taux de survie prénatale (lignée SP). La troisième lignée est une lignée témoin non sélectionnée (lignée T). A chaque génération, une cinquantaine de femelles et 6 à 8 mâles issus des premières portées des femelles de la génération précédente sont conservés pour la reproduction. Les mâles sont choisis intra-famille de père dans les trois lignées. Les femelles sont choisies au hasard intra-famille de mère dans la lignée T et sélectionnées de façon massale dans les deux autres lignées. Un plan d'accouplement a été établi de manière à minimiser la consanguinité à chaque génération.

L'ensemble des femelles engraisées fait l'objet d'un contrôle de puberté par passage quotidien d'un verrot à compter de

150 jours et jusqu'à 250 jours d'âge. Le taux d'ovulation à la puberté est estimé à partir d'un dénombrement des corps jaunes par coelioscopie entre le dixième et le quinzième jour post-puberté. Les cochettes sélectionnées sont réparties à chaque génération en 7 groupes de façon à permettre une conduite en bandes avec un intervalle de 3 semaines entre chaque série de mise bas. Cette répartition est effectuée lorsqu'un nombre suffisant de cochettes sont pubères, ce qui se traduit par un âge à la première mise bas (et donc un intervalle de génération) relativement élevé, de l'ordre de 13 à 15 mois. Les bandes sont constituées de 7 femelles de chaque lignée choisies au hasard parmi les animaux sélectionnés. Les cochettes font l'objet d'un traitement de synchronisation au Régumate et sont saillies (double saillie à 12 heures d'intervalle) sur oestrus induit. Les truies non gestantes à la première saillie intègrent la bande suivante et sont à nouveau saillies. Un dénombrement des corps jaunes par coelioscopie est réalisé dix à quinze jours après chaque saillie. Les femelles effectuent 2 mises bas pour lesquelles sont dénombrés les nombres de porcelets nés vifs, mort nés et momifiés. Les mises bas ont lieu dans des cases individuelles. Des adoptions de porcelets sont pratiquées si nécessaire. Les truies sont tarées à date fixe 4 semaines après mise bas. Les porcelets sont ensuite placés dans un bâtiment de post-sevrage jusqu'à 10 semaines d'âge, puis dans des loges d'engraissement de 10 à 12 porcs jusqu'à la fin de la période de contrôle de croissance à 100 kg de poids vif. Les animaux sont alimentés ad libitum pendant le contrôle de croissance avec un aliment du commerce à 17% de matières azotées totales et 3100 kcal d'énergie digestible par kg de matière sèche. Après la fin de la période de contrôle, les animaux sont tous rationnés, à l'exception des truies allaitantes.

Le critère de sélection dans la lignée TO est le taux d'ovulation à la puberté. Les femelles sont sélectionnées sur performance propre, les mâles sur la performance de leur mère. Le critère de sélection dans la lignée SP est le taux moyen de survie prénatale pour les deux portées réalisées par une femelle ajusté pour le taux d'ovulation (\overline{SPC}), calculé comme suit:

$$\overline{SPC} = \frac{SPC_1 + SPC_2}{2}$$

$$\text{avec: } SPC_i = (100 * \frac{NT_i}{TOS_i}) + 1,8 (TOS_i - \overline{TOS_i}) \quad (1)$$

où TOS_i , NT_i et $\overline{TOS_i}$ sont, respectivement, le taux d'ovulation à la saillie, le nombre de nés totaux et la valeur moyenne de taux d'ovulation à la saillie par génération et lignée pour la portée numéro i ($i=1, 2$).

1.2. Analyse statistique

1.2.1. Caractères analysés.

Cinq variables ont été analysées dans cette première étude, à savoir le taux d'ovulation à la puberté (TOP), le taux

d'ovulation à la saillie (TOS), le nombre de porcelets nés totaux par portée (NT), le taux de survie prénatale non corrigé (SP), défini comme le rapport NT/TOS, et le taux de survie prénatale corrigé (SPC), défini en (1). Le nombre

d'observations par génération et par lignée sont présentés dans le tableau 1. La moyenne, l'écart-type et les valeurs extrêmes pour chacune des variables analysées figurent dans le tableau 2.

Tableau 1 - Répartition des données par lignée et génération pour chacun des caractères étudiés.

Caractère (1)	TOP			TOS			SP, SPC, NT		
	SP	T	TO	SP	T	TO	SP	T	TO
G0 (3)	43	36	29	77	60	62	62	49	50
G1	85	93	75	82	95	90	60	70	78
G2	65	69	93	90	94	98	75	74	80
G3	63	87	118	89	98	96	80	85	84
G4	62	103	136	99	98	101	77	83	82

(1) TOP, TOS = taux d'ovulation à la puberté et à la saillie, respectivement; SP, SPC = survie prénatale brute et corrigée pour le taux d'ovulation, respectivement; NT = porcelets nés totaux par portée.

(2) T, TO, SP = lignées témoin, sélectionnée sur le taux d'ovulation et sur la survie prénatale, respectivement (voir texte).

(3) Gi = génération numéro i (i=0 à 4)

Tableau 2 - Moyenne, écart-type et valeurs extrêmes pour les caractères étudiés

	Moyenne	Écart-type	Minimum	Maximum
Taux d'ovulation				
- à la puberté	13,65	2,58	6	27
- à la saillie	16,01	2,69	7	28
Taux de survie prénatale				
- non corrigé	63,9	19,2	5	100
- corrigé	64,2	18,6	5	100
Nés totaux par portée	10,15	2,85	1	18

1.2.2. Analyse des moindres carrés et hérabilités réalisées.

Les performances moyennes par génération et par lignée ont été estimées à partir d'un modèle linéaire incluant les effets fixés du numéro de génération (0 à 4), de la lignée (TO, SP ou T), de la bande de mise bas intra-génération (14 niveaux à chaque génération), l'interaction lignée x génération et la covariable âge à la saillie (pour TOS) ou à la mise bas (pour NT, SP et SPC) intra-numéro de portée. Une analyse de SP ajustée pour le taux d'ovulation a également été réalisée en ajoutant TOS comme covariable dans le modèle. Les hérabilités réalisées et leur précision ont été estimées à partir des différentielles de sélection cumulées de façon similaire à la procédure décrite par JOAKIMSEN et BAKER (1977) ou BOLET et al (1989). Un indice rétrospectif a également été calculé dans la lignée SP à partir des diffé-

rentielles de sélection réalisées pour chacun des caractères TOS et SP.

1.2.3. Analyses basées sur la méthodologie du modèle mixte

Dans un premier temps, les composantes de la variance ont été estimées en utilisant la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (REML - PATTERSON et THOMPSON, 1971) appliquée à un modèle animal multicaractère. Le modèle utilisé pour TOS, SP, SPC et NT est un modèle animal avec répétabilité incluant les effets fixés du numéro de portée et de la bande de saillie ou de mise bas, les effets aléatoires du milieu permanent et de la valeur génétique additive de chaque animal, ainsi que l'âge à la saillie (pour TOS) ou à la mise bas (pour NT, SP et SPC) intra-numéro de portée comme covariable. De la même façon que ci-dessus,

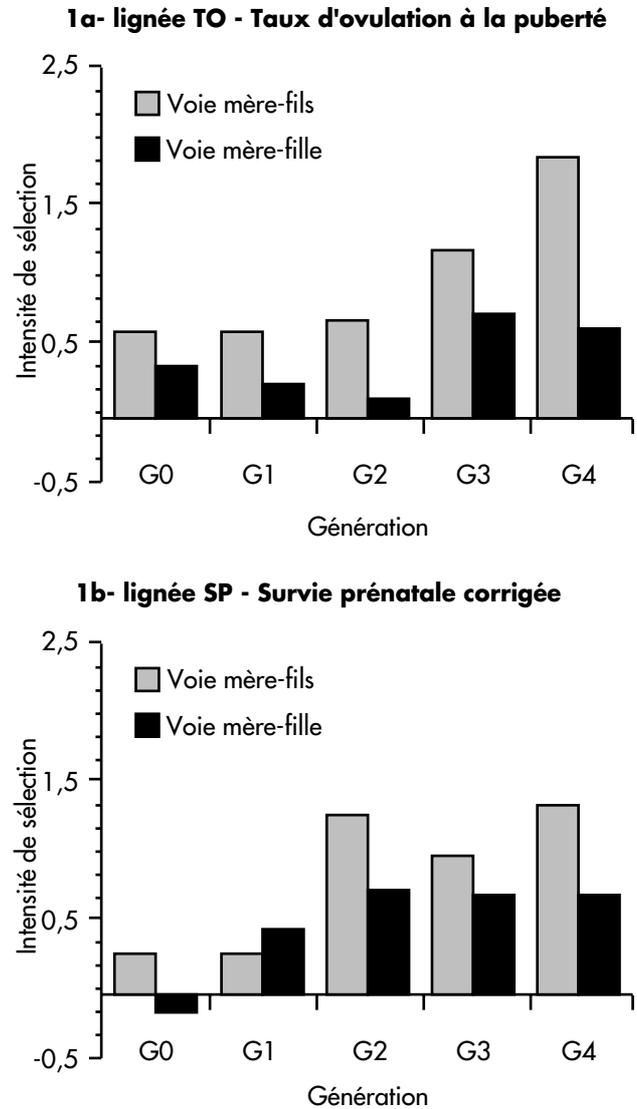
une analyse de SP ajustée pour le taux d'ovulation a également été réalisée en ajoutant TOS comme covariable dans le modèle. Le modèle pour TOP incluait quant à lui l'effet fixé du mois de mise bas et l'effet aléatoire de la valeur génétique additive de chaque animal. Les calculs ont été réalisés à l'aide de la version 3.0 du logiciel VCE (GROENEVELD, 1995). Des estimations BLUP des valeurs génétiques additives des animaux ont ensuite été obtenues à l'aide du logiciel PEST (GROENEVELD et KOVAC, 1990) en utilisant le même modèle d'analyse que pour l'estimation des composantes de la variance. Ces valeurs BLUP ont été utilisées pour estimer les évolutions génétiques dans chaque lignée en calculant des valeurs BLUP moyennes par génération et par lignée ou en les régressant intra-lignée sur le numéro de génération.

2. RÉSULTATS

Les intensités de sélection réalisées par les voies mère-fille et mère-fils au cours des générations sont représentées sur la figure 1. Les intensités de sélection en première (G1) et, dans une moindre mesure, en deuxième génération (G2) sont plus faibles car la constitution des bandes, le traitement de synchronisation et les saillies ont démarré sur la base d'un intervalle de génération de 13 mois. Ce dernier s'est avéré un peu insuffisant du fait de l'étalement des bandes d'animaux (sur 7 bandes, soit 4,5 mois), un certain nombre d'animaux sélectionnés, notamment des mâles, issus des bandes les plus jeunes n'étant pas pubères au moment des saillies des premières bandes. Ce problème a par la suite été résolu par un allongement de l'intervalle de génération.

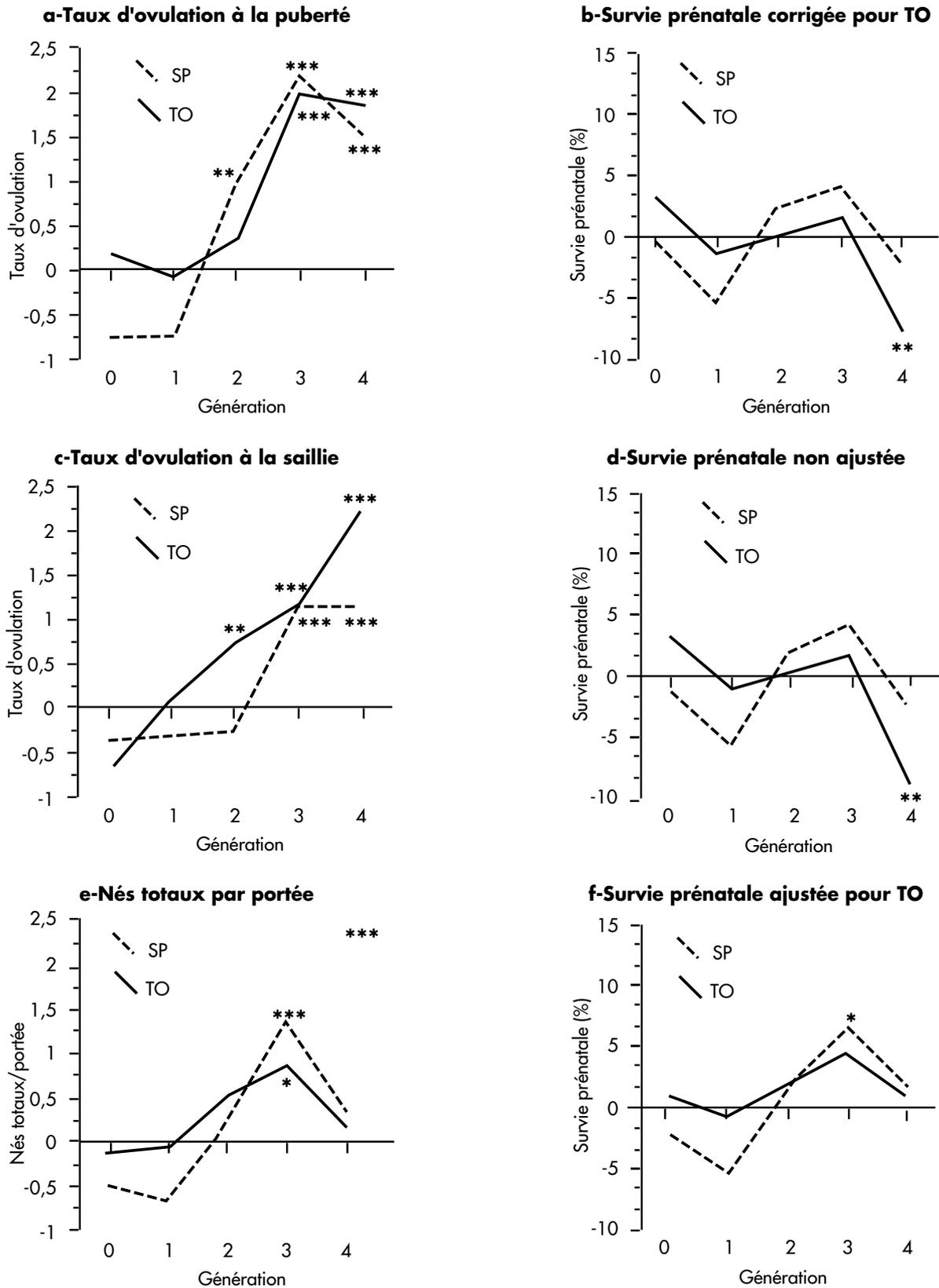
Les estimations des moindres carrés des réponses à la sélection, calculées comme les écarts de performances moyennes entre les lignées sélectionnées et la lignée témoin à chaque génération, sont représentées sur les figures 2a à 2f. Les réponses à la sélection sont en général assez similaires dans les deux lignées sélectionnées. Une réponse significative est observée pour le taux d'ovulation à la puberté à partir de la génération 2 dans la lignée SP et de la génération 3 dans la lignée TO. Les évolutions moyennes par génération s'élèvent à, respectivement, $0,62 \pm 0,23$ et $0,76 \pm 0,30$ corps jaune dans les lignées TO et SP. Le taux d'ovulation à la saillie augmente également de façon régulière dans les deux lignées, à raison de $0,68 \pm 0,25$ et $0,47 \pm 0,33$ corps jaune par génération, respectivement, dans les lignées TO et SP. Par contre, les caractères de survie prénatale n'évoluent de façon significative dans aucune des deux lignées. Les évolutions moyennes par génération s'élèvent à $-2,1 \pm 1,8$ et $0,7 \pm 1,6$ points de pourcentage pour SP, et à $-1,9 \pm 1,6$ et $0,9 \pm 1,4$ point de pourcentage pour SPC, respectivement, dans les lignées TO et SP. Des tendances plus favorables, mais toujours non significatives sont obtenues après ajustement de SP pour le taux d'ovulation ($0,6 \pm 1,5$ et $2,1 \pm 1,3$, respectivement, dans les lignées TO et SP). Les héritabilités réalisées s'élèvent à $0,45 \pm 0,10$ pour TOP et à $0,13 \pm 0,12$ pour SPC. Le rapport b_{TO}/b_{SP} des coefficients de l'indice rétrospectif dans la lignée SP s'élève à 3,75 contre 1,8 pour l'indice utilisé comme critère de sélection.

Figure 1 - Intensité de sélection réalisée sur le critère de sélection dans chacune des deux lignées TO et SP



Les estimations REML des paramètres génétiques figurent dans le tableau 3. Les mesures de taux d'ovulation ont une héritabilité modérée, avec une valeur légèrement plus élevée à la puberté qu'à la saillie. Les valeurs d'héritabilité des mesures de survie prénatale et de taille de la portée sont faibles, mais significatives. Les valeurs des effets de milieu permanent sont similaires pour les différents caractères. Les taux d'ovulation à la puberté et à la saillie présentent une très forte liaison génétique. De même, une corrélation génétique proche de l'unité est obtenue entre SP et SPC. SP est corrélée de façon défavorable au taux d'ovulation à la saillie, mais semble peu liée au taux d'ovulation à la puberté. La survie prénatale corrigée est quant à elle pratiquement indépendante des deux mesures de taux d'ovulation. La taille de la portée à la naissance présente des corrélations génétiques sensiblement plus fortes avec les caractères de survie prénatale qu'avec les mesures de taux d'ovulation.

Figure 2 - Réponses à la sélection dans les lignées sélectionnées pour le taux d'ovulation (TO) ou la survie prénatale (SP) : écarts entre les performances moyennes (moyenne des moindres carrés) des lignées sélectionnées et de la lignée témoin à chaque génération.



* $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$;

Tableau 3 - Paramètres génétiques estimés
(héritabilités -en caractères gras- et effets de milieu permanent - entre parenthèses - sur la diagonale, corrélations phénotypiques et génétiques sous et sur la diagonale, respectivement).

	Taux d'ovulation à :		Survie prénatale :		Nés totaux par portée
	la puberté	la saillie	brute	corrigée	
Taux d'ovulation à :					
- la puberté	0,36	0,83	-0,13	0,09	0,41
- la saillie	0,33	0,25 (0,10)	-0,35	-0,08	0,35
Survie prénatale:					
- brute	-0,06	-0,33	0,12 (0,09)	0,90	0,72
- corrigée	0,06	-0,03	0,94	0,14 (0,09)	0,90
Nés totaux par portée	0,10	0,21	0,85	0,89	0,15 (0,12)

Les écart-types d'échantillonnage des héritabilités sont compris entre 0,03 et 0,05, ceux des corrélations génétiques entre 0,08 et 0,17.

Les évolutions génétiques moyennes par génération obtenues à partir des estimations BLUP-modèle animal des valeurs génétiques figurent dans le tableau 4. Les valeurs obtenues sont en général très proches de celles obtenues à partir des modèles à effets fixés. La seule exception concerne le taux d'ovulation à la puberté dans la lignée SP, qui s'explique par

l'écart de performances important entre les lignées SP et T. Bien que les écart-types d'échantillonnage des estimations n'aient pas pu être calculées, les valeurs obtenues confirment les évolutions importantes obtenues pour le taux d'ovulation dans les deux lignées et les faibles progrès obtenus pour la survie prénatale et la taille de la portée à la naissance.

Tableau 4 - Estimations des réponses à la sélection par les méthodes des moindres carrés et du BLUP - modèle animal

Lignée	SP		TO	
	Moindres carrés (1)	BLUP modèle animal (2)	Moindres carrés	BLUP modèle animal
Taux d'ovulation à :				
- la puberté	0,76 ± 0,30	0,55	0,62 ± 0,23	0,60
- la saillie	0,47 ± 0,33	0,35	0,68 ± 0,25	0,59
Survie prénatale :				
- brute	0,7 ± 1,6	0,4	-2,1 ± 1,8	-0,3
- corrigée	0,9 ± 1,4	1,0	-1,9 ± 1,6	0,0
- ajustée	2,1 ± 1,3	1,9	0,6 ± 1,5	0,6
Nés totaux par portée	0,37 ± 0,23	0,29	0,14 ± 0,25	0,21

(1) Régression des différences entre lignées à chaque génération (lignées sélectionnées - lignée témoin) sur le numéro de génération.

(2) Différences (lignées sélectionnées - lignée témoin) entre les coefficients de régression intra-lignée des valeurs génétiques estimées sur le numéro de génération.

3. DISCUSSION ET CONCLUSION

Les résultats obtenus dans la lignée sélectionnée sur le taux d'ovulation, à savoir une augmentation notable du taux d'ovulation sans réponse corrélative nette sur la taille de la portée à la naissance, sont en accord avec les résultats obtenus dans l'expérience du Nebraska (CUNNINGHAM et al, 1979; LEYMASTER et al, 1991). Les héritabilités obtenues sont dans l'ensemble conformes aux valeurs de la littérature (BIDANEL, 1989; BLASCO et al, 1993a) avec une héritabilité réalisée légèrement plus élevée que les moyenne de la littérature et des héritabilités estimées de la population de base conforme à ces moyennes à la puberté et légèrement plus faibles à la saillie. La valeur plus élevée obtenue pour l'héritabilité réalisée peut s'expliquer par le fait qu'elle sur-estime l'héritabilité de la population de base lorsque la sélection porte sur plusieurs générations, car elle ne prend pas en compte la diminution de variabilité génétique liée à l'établissement d'un déséquilibre gamétique (BULMER, 1971). L'héritabilité plus faible du taux d'ovulation à la saillie peut quant à elle s'expliquer par le plus grand nombre d'ovules pondus (environ trois ovules de plus qu'à la puberté), qui rend plus difficile un dénombrement exact des corps jaunes. Cette étude permet également d'estimer pour la première fois les liaisons phénotypiques entre mesures successives du taux d'ovulation, en l'occurrence entre mesures réalisées à la puberté, puis à âge constant en première et en seconde portée. Les liaisons étroites obtenues tendent notamment à indiquer que le taux d'ovulation à la puberté peut constituer un bon prédicteur du taux d'ovulation ultérieur de la femelle.

L'absence de réponse significative à la sélection pour la survie prénatale au bout de quatre générations n'est pas surprenante compte tenu de la faible héritabilité du caractère et de l'application d'intensités de sélection légèrement inférieures aux valeurs initialement prévues. Néanmoins, les valeurs d'héritabilité estimée de la population de base tendent à indiquer qu'une certaine variabilité de la survie prénatale existe dans la population Large White étudiée. Ces valeurs sont assez similaires aux valeurs obtenues par JOHNSON et al (1984) et NEAL et JOHNSON (1986) pour la survie à 50 jours de gestation, mais supérieure à celles rapportées par GAMA et al (1991) (également à 50 jours de gestation), BIDANEL et al (1995) (à 30 jours de gestation) et surtout HALEY et LEE (1992), qui n'observaient aucune variabilité génétique de la survie prénatale dans une population Large White britannique. L'évolution significative du taux d'ovulation dans la lignée SP est plus étonnante. Les coefficients de l'indice utilisé - voir (1) - conduisent, sur la base des paramètres génétiques estimés de la population de base, à une évolution génétique prédite du taux d'ovulation proche de zéro. La pondération du taux d'ovulation dans l'indice rétrospectif est certes supérieure à son poids dans le critère de sélection et indique que la part de l'effort total de sélection portée sur le taux d'ovulation est plus forte qu'initialement prévue. Cet accroissement du poids relatif du taux d'ovulation ne suffit toutefois pas à expliquer en totalité la réponse observée sur ce caractère. D'autres hypothèses,

comme l'existence de différences de variabilité génétique entre lignées ou l'évolution, sous les effets de la sélection ou de la dérive, des fréquences géniques à un locus ayant un effet majeur sur le taux d'ovulation, peuvent contribuer à expliquer l'écart entre les évolutions génétiques prédites et observées. La première hypothèse reste difficile à tester du fait du nombre restreint de données par lignée. La seconde hypothèse est étayée par le fait que le gène ESR codant pour un récepteur aux oestrogènes, qui semble lié à des différences importantes de prolificité des truies dans certaines populations (ROTHSCHILD et al, 1994) est en ségrégation dans la population Large White étudiée (ROTHSCHILD et al, 1996). Les éventuels effets liés à ce gène sur les composantes de la prolificité dans cette population restent toutefois à démontrer.

Cette étude permet également de préciser les corrélations phénotypiques entre la taille de la portée et ses composantes. La corrélation génétique élevée entre la survie prénatale et la taille de la portée à la naissance est en accord avec les valeurs obtenues dans l'expérience de sélection sur un indice combinant le taux d'ovulation et la survie embryonnaire réalisée au Nebraska (NEAL et al, 1989) et avec les estimations obtenues chez le lapin (BLASCO et al, 1993b) et la souris (CLUTTER et al, 1990). Les liaisons génétiques moyennement positives entre le taux d'ovulation et la taille de la portée à la naissance et l'antagonisme modéré entre le taux d'ovulation et la survie prénatale sont également similaires à celles observées à 50 jours de gestation dans l'expérience du Nebraska (NEAL et al, 1989). Une association plus forte entre le taux d'ovulation et le nombre d'embryons et un antagonisme plus faible ou inexistant entre le taux d'ovulation et la survie embryonnaire sont par contre obtenues à 30 jours de gestation par YOUNG et al (1977), BOLET et al (1989) et BIDANEL et al (1995). Cette différence peut être liée aux populations étudiées, mais peut également indiquer que la compétition utérine tend à augmenter au cours de la gestation. L'augmentation de la compétition intra-utérine en cours de gestation dans des situations de peuplement utérin important a été démontrée à plusieurs reprises chez le porc, notamment par des expériences de superovulation et de transfert d'embryons (DZIUK, 1968; POPE et al, 1972; WEBEL et DZIUK, 1974) ou plus récemment par des expériences d'hémi-hystéro-ovariectomie (CHRISTENSON et al, 1987; LEGAULT et al, 1995). Chez le lapin, où le dénombrement des embryons par laparoscopie permet de dissocier la survie embryonnaire et foetale (SANTACREU et al, 1990), l'accroissement de l'antagonisme génétique entre le taux d'ovulation et la survie en cours de gestation a récemment pu être démontré de façon plus formelle (BLASCO et al, résultats non publiés).

Les paramètres génétiques obtenus dans cette étude permettent également d'envisager une comparaison de différentes stratégies de sélection pour la prolificité. Une telle étude nécessite toutefois de considérer l'existence de relations non linéaires entre la taille de la portée et ses composantes (BLASCO et al, 1995). PEREZ-ENCISO et al (1995) ont comparé par simulation deux modèles pour la taille de la

portée à la naissance à partir des paramètres de la présente expérimentation: une généralisation du modèle de capacité utérine proposé par BENNETT et LEYMASTER (1989) et une adaptation du modèle à seuil proposé par PEREZ-ENCISO et al (1994) pour modéliser la taille de la portée chez la brebis. Il est apparu que le modèle de capacité utérine permet une description plus satisfaisante de la variabilité observée, mais que les deux modèles fournissent des prédictions très similaires des réponses à la sélection. Les résultats de cette étude montrent également que l'utilisation de l'information sur le taux d'ovulation et la survie prénatale n'augmente pas de façon sensible l'efficacité de la sélection pour la

prolificité si cette information est connue à la mise bas (PEREZ-ENCISO et al, 1996). Par contre, l'utilisation de mesures du taux d'ovulation à la puberté peut permettre d'accroître de façon sensible l'efficacité de la sélection (PEREZ-ENCISO et BIDANEL, résultats non publiés).

REMERCIEMENTS

Les auteurs tiennent à remercier l'ensemble du personnel de l'élevage porcin du Domaine de Galle, Pierre PANDO et Jérôme FLEURY pour leur contribution au bon déroulement de l'expérimentation.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BENNETT G.L., LEYMASTER K.A., 1989. *J. Anim. Sci.*, 67, 1230-1241.
- BIDANEL J.P., 1989. *INRA Prod. Anim.*, 2, 159-170.
- BIDANEL J.P., DUCOS A., 1994. *Journées Rech. Porcine en France*, 26, 321-326.
- BIDANEL J.P., GRUAND J., LEGAULT C., 1996. *Genet. Sel. Evol.* (sous presse).
- BLASCO A., BIDANEL J.P., BOLET G., HALEY C.S., SANTACREU M.A., 1993a. *Livest. Prod. Sci.*, 37, 1-21.
- BLASCO A., SANTACREU M.A., THOMPSON R., HALEY C.S., 1993b. *Livest. Prod. Sci.*, 34, 163-174.
- BLASCO A., GOGUE J., BIDANEL J.P., 1996. *Anim. Sci.* (sous presse).
- BOLET G., OLLIVIER L., DANDO P., 1989. *Genet. Sel. Evol.*, 21, 93-106.
- BULMER M.G., 1971. *Am. Nat.*, 105, 201-211.
- CHRISTENSON R.K., LEYMASTER K.A., YOUNG L.D., 1987. *J. Anim. Sci.*, 65, 738-744.
- CLUTTER A.C., NIELSEN M.K., JOHNSON R.K., 1990. *J. Anim. Sci.*, 68, 3536-3542.
- DUCOS A., 1994. Thèse de Doctorat, Institut National Agronomique Paris-Grignon, 222 p.
- DZIUK P.J., 1968. *J. Anim. Sci.*, 27, 673-676.
- GAMA L.T., BOLDMAN K.G., JOHNSON R.K., 1991. *J. Anim. Sci.*, 69, 4801-4809.
- GROENEVELD E., 1993. In: *Proc. EC seminar on application of mixed linear models in the prediction of genetic merit in pigs* (E. Groeneveld, ed.), 83-102.
- GROENEVELD E., 1995. 46th Annual Meeting of the EAAP, Prague, September 4-7, 1995.
- GROENEVELD E., KOVAC M., 1990. *J. Dairy Sci.*, 73, 513-531.
- HALEY C.S., AVALOS E., SMITH C., 1988. *Anim. Breed. Abstr.*, 56, 317-332.
- HALEY C.S., LEE G.J., 1992. *Livest. Prod. Sci.*, 30, 99-113.
- HERMENT A., RUNAVOT J.P., BIDANEL J.P., 1994. *Journées Rech. Porcine en France*, 26, 3215-320.
- JOAKIMSEN O., BAKER R.L., 1977. *Acta Agric. Scand.*, 27, 301-318.
- JOHNSON R.K., ZIMMERMAN D.R., KITOK R.J., 1984. *Livest. Prod. Sci.*, 11, 541-558.
- LAMBERSON W.R., JOHNSON R.K., ZIMMERMAN D.R., LONG T.E., 1991. *J. Anim. Sci.*, 69, 3129-3143.
- LEGAULT C., GRUAND J., 1976. *Journées Rech. Porcine en France*, 8, 201-212.
- LEGAULT C., CARITEZ J.C., LAGANT H., POPESCU P., 1995. *Journées Rech. Porcine en France*, 27, 25-30.
- LEGAULT C., GRUAND J., LEBOST J., GARREAU H., OLLIVIER L., MESSER L.A., ROTHSCHILD M.F., 1996. *Journées Rech. Porcine en France*, 28, 9 - 14.
- NEAL S.M., JOHNSON R.K., 1986. In : *3rd World Congress on Genetics applied to Livestock Production, Lincoln, Nebraska, USA, Vol XI*, 228-233.
- NEAL S.M., JOHNSON R.K., KITOK R.J., 1989. *J. Anim. Sci.*, 67, 1933-1945.
- PATTERSON H.D., THOMPSON R., 1971. *Biometrika*, 58, 545-554.
- PEREZ-ENCISO M., FOULLEY J.L., BODIN L., POIVEY J.P., 1994. *J. Anim. Sci.*, 72, 2775-2786.
- PEREZ-ENCISO M., BIDANEL J.P., BAQUEDANO I., NOGUERA J.L., 1995. 46th Annual Meeting of the E.A.A.P., Prague, September 4-7, 1995
- PEREZ-ENCISO M., BIDANEL J.P., NOGUERA J.L., 1996. *Anim. Sci.* (soumis pour publication).
- POPE C.E., CHRISTENSON R.K., ZIMMERMAN-POPE V.A., DAY B.N., 1972. *J. Anim. Sci.*, 35, 805-808.
- ROTHSCHILD M.F., JACOBSON C., VASKE D.A., TUGGLE C.K., SHORT T.H., SASAKI S., ECKARDT G.R., Mc LAREN D.G., 1994. In : *5th World Congress on Genetics applied to Livestock Production, Guelph, Ontario, Canada, Vol 21*, 225-228.
- SANTACREU M.A., GOU P., BLASCO A., 1990. *Reprod. Nutr. Dev.*, 30, 583-588.
- TESS M.W., BENNETT G.L., DICKERSON G.E., 1983. *J. Anim. Sci.*, 56, 354-368.
- WEBEL S.K., DZIUK P.J., 1974. *J. Anim. Sci.*, 38, 960-963.
- YOUNG L.D., JOHNSON R.K., OMTVEDT I.T., 1977. *J. Anim. Sci.*, 44, 557-564.