

Paramètres génétiques et évolutions génétiques pour les caractères de production et de reproduction dans la lignée porcine sino - européenne " Tiameslan "

S. ZHANG (1), J.P. BIDANEL (1), T. BURLLOT (2), J. NAVEAU (2), C. LEGAULT (1)

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

(2) PEN AR LAN - B.P. 3, 35380 Maxent

Paramètres génétiques et évolutions génétiques pour les caractères de production et de reproduction dans la lignée porcine sino - européenne "Tiameslan"

Les paramètres génétiques de la durée d'engraissement de 20 à 100 kg (DE), de l'épaisseur de lard dorsal à 100 kg (ELD), du nombre de tétines (TET), des nombres de porcelets nés totaux (NT), nés vivants (NV) et sevrés (SEV) par portée ont été estimés dans la lignée composite sino-européenne Tiameslan par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multicaractère. Différents modèles de description des données ont été utilisés afin d'estimer l'importance des effets maternels sur les caractères de production, ainsi que les corrélations génétiques entre les performances mâles et femelles. Les évolutions génétiques ont été obtenues en calculant la moyenne des valeurs génétiques additives estimées à partir d'un BLUP modèle animal multicaractère. Les performances de production de 5298 mâles and 5357 femelles issus de 1516 portées ont été analysées. Les résultats mettent en évidence l'existence d'effets maternels significatifs sur ELD, d'hétérogénéités de variance entre sexes sur ELD, TET et DE. Les valeurs d'héritabilités sont supérieures (TET et ELD) ou comparables (autres caractères) aux moyennes de la littérature. Un certain antagonisme génétique est observé entre caractères de production, en particulier ELD, et la taille de la portée. Malgré cet antagonisme, des progrès génétiques et phénotypiques importants ont été obtenus pour les caractères de production sans détérioration de la prolificité des truies.

Estimation of genetic parameters and genetic trends in the Sino-European "Tiameslan" line of pigs

Genetic parameters of days from 20 to 100 kg (DT), average backfat thickness at 100 kg (ABT), teat number (TN), total number of piglets born (TNB), number of piglets born alive (NBA) and weaned (NW) per litter were estimated in the Sino-European Tiameslan composite line using restricted maximum likelihood (REML) methodology applied to a multiple trait animal model (MTAM). Genetic trends were then computed by averaging MTAM best linear unbiased predictions (BLUP) of breeding values. Performance data from a total of 5298 males and 5357 females from 1516 litters were analyzed. Different models were used to describe the data in order to estimate the importance of maternal effects on production traits, as well as genetic correlations between male and female performance treated as different traits. Results show the existence of significant maternal effects on ABT and of variance heterogeneity between sexes for ABT, DT and TN. Heritability estimates are larger (ABT and TN) or similar (other traits) to average literature values. Some genetic antagonism is evidenced between production traits, particularly ABT, and litter size. In spite of this antagonism, large phenotypic and genetic trends were obtained for production traits without any deterioration of sow prolificacy.

INTRODUCTION

La productivité numérique des truies est un élément essentiel de l'efficacité économique de la production porcine (TESS et al., 1983 ; DUCOS, 1994). Ses principales composantes, la taille de la portée à la naissance et la survie des porcelets pendant la période d'allaitement sont malheureusement peu hérissables et difficiles à améliorer par sélection (HALEY et al., 1988 ; ROTHSCCHILD et BIDANEL, 1998). Une voie d'approche alternative consiste à tirer parti des performances de reproduction exceptionnelles de certaines races locales chinoises telles que la *Meishan*, la *Jiaying*, l'*Erhualian*, la *Fengjing* ou la *Min*. Les travaux menés aussi bien en France (LEGAULT et CARITEZ, 1983 ; BIDANEL, 1993) qu'en Grande-Bretagne (HALEY et al., 1995) ou aux États-Unis (YOUNG, 1995) ont en effet permis de confirmer la grande prolificité et les bonnes aptitudes maternelles des truies pures et croisées *Meishan*, *Jiaying*, *Fengjing* et *Min*. Cependant, les faibles performances de croissance et surtout de carcasse de leurs descendants croisés rend leur utilisation difficile en tant que composante du type génétique maternel dans des plans de croisement, en particulier dans les pays où les poids d'abattage sont élevés et la composition de la carcasse fortement rémunérée (BIDANEL et al., 1991). Ce problème peut être résolu en créant une lignée composite sino-européenne fortement sélectionnée sur les performances de croissance et de carcasse (BIDANEL, 1989 ; BIDANEL et al., 1991). Cette stratégie est adoptée depuis 1983 par la société Pen ar Lan qui développe, en collaboration avec l'INRA, la lignée sino-européenne *Tiameslan*. L'objectif de cette étude est d'estimer les paramètres et les évolutions génétiques de la lignée *Tiameslan* après 12 années de sélection.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Création, conduite et sélection de la lignée *Tiameslan*

La lignée *Tiameslan* est issue de deux sous-populations similaires créées respectivement en 1983 et 1985 dans l'élevage de sélection de Maxent (35380, Ille-et-Vilaine) de la société Pen ar Lan en inséminant des truies de la lignée "mâle" *Laconie* par des verrats croisés F1 *Meishan* x *Jiaying*. Un total de 21 verrats *Meishan* x *Jiaying* et 55 truies multipares *Laconie* ayant sevré au moins 10 porcelets par portée en moyenne ont été utilisés comme fondateurs. Les deux sous-populations ont été conduites de façon similaire, mais indépendante, jusqu'en 1988. Au cours de cette période, les reproducteurs mâles et femelles sont systématiquement issus de la première et unique portée de leur mère afin de minimiser l'intervalle de génération et maximiser le progrès génétique. Les générations étaient de ce fait totalement disjointes. Les deux sous-populations ont été fusionnées en 1988 en accouplant des reproducteurs issus, respectivement, de la 4ème et de la 2nde génération des sous-populations 1 et 2. A partir de cette date, les truies ont eu la possibilité de produire plusieurs portées, de sorte que les générations sont devenues chevauchantes. La taille de la population, d'environ 50 truies et 12 verrats au cours des premières généra-

tions, a progressivement augmenté jusqu'à un effectif instantané de 200 truies et 15 verrats.

Le troupeau de Maxent comprend un total d'environ 500 truies appartenant à trois lignées différentes (*Laconie*, *Penshire*, *Tiameslan*). Elles sont réparties en 21 bandes de mise bas. Les futures reproductrices sont sélectionnées à l'âge de 22 semaines à l'issue du contrôle de performances. Elles font de manière systématique l'objet d'un traitement de synchronisation de l'oestrus à l'aide d'un progestagène (Régumate) débutant à environ 27 semaines d'âge. Les cochettes sont mises à la reproduction sur oestrus induit. Les femelles sont pour la majorité d'entre elles inséminées (double insémination jusqu'en 1992 ; triple insémination depuis lors). Elles sont transférées en maternité environ 10 jours avant mise bas et font l'objet d'un traitement d'induction de la mise bas au 12ème ou 113ème jour de gestation. Des adoptions sont régulièrement pratiquées afin d'adapter au mieux les tailles de portée aux aptitudes maternelles des truies. Elles peuvent avoir lieu entre types génétiques. Les nombres de porcelets nés vivants, mort nés, adoptés et/ou retirés, puis sevrés, sont enregistrés. Les porcelets sont sevrés à 4 semaines d'âge, pesés et transférés dans un bâtiment de post-sevrage pour une durée de 4 semaines. Ils sont à nouveau pesés et passent dans un bâtiment d'engraissement. Chaque bande de mise bas correspond à une bande de contrôle des performances. Les animaux sont nourris à volonté pendant toute la période de contrôle. A 22 semaines d'âge, les animaux sont pesés et font l'objet d'un dénombrement des bonnes et des fausses tétines, ainsi que d'une mesure aux ultrasons de l'épaisseur de lard de chaque côté de l'épine dorsale au niveau des épaules, de la dernière côte et de l'articulation des hanches.

Les futurs reproducteurs sont sélectionnés sur la base d'un indice combinant la durée d'engraissement de 20 à 100 kg (DE) et l'épaisseur moyenne de lard dorsal. DE est calculée comme la différence entre les âges à 100 (A100) et à 20 kg (A20), estimés par les équations :

$$A100 = 118,5378 - 1,0953 P_{22S} + 0,9081 A_{22S}$$

$$A20 = 39,5137 - 1,6436 P_{8S} + 0,9517 A_{8S}$$

où A_{8S} , A_{22S} , P_{8S} , P_{22S} sont, respectivement, les âges et les poids à 8 et à 22 semaines. Les reproducteurs font toutefois également l'objet d'une certaine sélection sur le nombre de tétines (par élimination en deçà d'un certain seuil) et la taille de la portée (les animaux issus des petites portées sont exclus du contrôle de performances) ainsi que, depuis le début des années 1990, sur la couleur de la robe (élimination des robes colorées) et le génotype au locus RN (éradication de l'allèle RN-).

1.2. Analyses statistiques

Six caractères ont été analysés dans le cadre de cette étude : DE et ELD définis ci-dessus, le nombre total de tétines (TET) et les nombres de porcelets nés totaux (NT), nés vivants (NV) et sevrés (SEV) par portée. La structure des données étudiées figure dans le tableau 1. Les valeurs moyennes et les écarts-types phénotypiques pour ces 6 caractères figurent dans le tableau 2. Les paramètres génétiques ont été estimés par la

méthodologie du maximum de vraisemblance restreinte (PATTERSON et THOMPSON, 1971) appliquée à un modèle animal. Le modèle pour les caractères de reproduction inclut les effets fixés du numéro de portée et de la bande de mise bas, les effets aléatoires de l'environnement permanent de milieu commun de la portée de naissance, de la valeur génétique additive de chaque animal ainsi que l'âge intra - numéro de portée, les coefficients de consanguinité de la truie et de la portée en covariables. Quatre modèles différents ont été utilisés et comparés pour DE, ELD et TET. Les deux premiers modèles incluent des effets génétiques directs et maternels et considèrent les performances mâles et femelles comme des caractères différents (M1) ou un même caractère (M2). Les deux autres modèles (M3 et M4) sont similaires aux modèles M1 et M2, respectivement, mais sans effets maternels. Les modèles prennent également en compte l'effet fixé de la bande (M1 et M3) ou de la combinaison sexe x bande (M2 et M4), l'effet aléatoire de la portée de naissance, ainsi que le poids au contrôle (ELD) et le coefficient de consanguinité (DE) comme covariables. Les analyses ont été réalisées à l'aide de version 4.2 du logiciel VCE (NEUMAIER et GROENEVELD, 1998). Le logiciel VCE ne permettant pas de tester la signification des effets maternels, les tests ont été réalisés à l'aide du logiciel DFREML développé par K. MEYER à partir de modèles " animal " monocaractères. Les évolutions génétiques ont été obtenues en calculant la moyenne des estimations BLUP des valeurs génétiques des animaux ayant une performance par génération (jusqu'en 1988) ou par année de naissance (depuis 1989). Ces valeurs BLUP ont été obtenues à partir du même modèle que celui utilisé pour l'estimation des paramètres génétiques à l'aide du logiciel VCE mentionné ci-dessus.

Tableau 1 - Structure du fichier de données

Nombre de porcs contrôlés	
Mâles	5298
Femelles	5357
Nombre total d'animaux dans la généalogie	10751
Nombre de pères	197
Nombre de mères	691
Nombre de portées	1516
Nombre de bandes de contrôle	240
Nombre de bandes de mise bas	44

2. RÉSULTATS

Les estimations des composantes de la variance de ELD, DE et TET pour les 4 modèles utilisés figurent dans le tableau 3 (p.162). Les variances phénotypiques diffèrent de façon notable entre sexes pour les 3 caractères étudiés. ELD et TET sont plus variables chez les femelles. A l'inverse DE est plus variable chez les mâles. Les effets maternels ne sont significatifs que pour ELD, avec une héritabilité nettement plus forte chez les mâles que chez les femelles. Les héritabilités des effets directs sont fortes, à l'exception de celle de la durée d'engraissement des femelles, plus modérée. Dans le cas d'ELD et de DE, le sexe le plus variable présente également les valeurs d'héritabilité les plus élevées, de sorte que l'hétérogénéité des variances génétiques entre sexes est encore plus marquée que celle des variances phénotypiques. A l'inverse, l'héritabilité de TET est plus forte chez les mâles, sexe le moins variable, que chez les femelles. Les héritabilités des effets directs sont peu affectées par la prise en compte des effets maternels pour DE et ELD chez les femelles, mais augmentent assez nettement pour TET et ELD chez les mâles. Les valeurs des corrélations génétiques entre effets directs et maternels sont toutes négatives, avec des valeurs modérées à fortes, en particulier pour TET.

Les estimations des corrélations génétiques entre effets directs obtenues en considérant les performances mâles et femelles comme des caractères différents sont présentées dans le tableau 4 (p.162). Les corrélations génétiques entre ELD, DE et surtout TET chez les mâles et les femelles sont élevées (respectivement 0,73 ; 0,78 et 0,94) mais, tout au moins pour ELD et DE, significativement différentes de 1. Les estimations de corrélations phénotypiques et génétiques entre caractères présentent des différences entre sexes modérées, mais dans certains cas significatives (de 0,02 à 0,25 en valeur absolue). A une exception près (EDL_m et DE_m), DE et ELD présentent des corrélations génétiques légèrement positives, autrement dit favorables. Les corrélations avec TET sont également toutes positives, soit dans ce cas défavorables.

Les composantes de la variance des caractères de reproduction et leurs corrélations génétiques avec ELD, DE et TET figurent dans le tableau 5 (p.162). Les effets directs et maternels sont pris en compte pour ELD, mais sont ignorés pour les 5 autres caractères. Les héritabilités et les effets d'environne-

Tableau 2 - Moyenne et écart-type global des caractères étudiés

Caractère (1)	Moyenne			Écart-type		
	Mâle	Femelle	Global	Mâle	Femelle	Global
ELD (mm)	10,7	12,7	11,7	2,5	3,9	3,4
DE (j.)	114,4	114,4	114,4	10,0	8,9	9,5
TET	15,2	14,7	14,9	1,8	2,3	2,1
NT	-	12,0	-	-	3,2	-
NV	-	11,2	-	-	3,1	-
SEV	-	10,1	-	-	2,9	-

(1) ELD = épaisseur moyenne de lard dorsal ; DE = durée d'engraissement de 20 à 100 kg ; TET = nombre total de tétines ; NTOT, NVIV, NSEV = nombre de porcelets nés totaux, nés vivants et sevrés par portée

Tableau 3 - Composantes de la variance pour la durée d'engraissement de 20 à 100 kg (DE), l'épaisseur moyenne de lard dorsal (ELD) et le nombre de tétines (TET)

Caractère(1)	Sexe	Modèle	σ_p^2	h_a^2	h_m^2	r_{am}	c^2
DE	Mâle	M1	95,8	0,53	0,02	-0,56	0,11
		M3		0,50	-	-	0,12
	Femelle	M1	69,0	0,39	0,06	-0,44	0,12
		M3		0,36	-	-	0,15
	2 sexes	M2	75,7	0,38	0,02	-0,27	0,10
		M4		0,39	-	-	0,10
ELD	Mâle	M1	5,52	0,61	0,21	-0,66	0,03
		M3		0,69	-	-	0,07
	Femelle	M1	7,44	0,73	0,09	-0,26	0,03
		M3		0,75	-	-	0,06
	2 sexes	M2	5,86	0,73	0,07	-0,55	0,02
		M4		0,71	-	-	0,04
TET	Mâle	M1	3,11	0,66	0,05	-0,70	0,03
		M3		0,58	-	-	0,03
	Femelle	M1	4,77	0,62	0,07	-0,77	0,04
		M3		0,47	-	-	0,05
	2 sexes	M2	4,26	0,64	0,06	-0,77	0,02
		M4		0,53	-	-	0,02

(1) σ_p^2 = écart-type phénotypique ; h_a^2 , h_m^2 = héritabilités estimées des effets directs et maternels, respectivement ; r_{am} = corrélation génétique estimée entre effets directs et maternels ; c^2 = effet d'environnement commun de la portée de naissance.

Tableau 4 - Estimations des paramètres génétiques (1) de l'épaisseur moyenne de lard dorsal (ELD), de la durée d'engraissement (DE) et du nombre de tétines (TET) considérés comme des caractères différents chez les mâles (M) et les femelles (F)

	ELD _F	DE _F	TET _F	ELD _M	DE _M	TET _M
ELD _F	0,73	0,20	0,19	0,73	0,27	0,21
DE _F	0,11	0,36	0,12	0,25	0,78	0,10
TET _F	0,04	0,02	0,62	0,29	0,29	0,94
ELD _M	-	-	-	0,47	-0,05	0,31
DE _M	-	-	-	-0,03	0,50	0,11
TET _M	-	-	-	0,08	0,02	0,58

1) héritabilités (en gras) sur la diagonale ; corrélations génétiques et phénotypiques au-dessus et sous la diagonale, respectivement. Les écart-types d'échantillonnage héritabilités varient de 0,01 à 0,02, celles des corrélations génétiques de 0,02 à 0,05 dans le cas des modèles sans effets maternels.

Tableau 5 - Estimations des héritabilités des caractères de reproduction et de leurs corrélations génétiques avec les caractères de production

Paramètre ou Caractère (1)	Effet (2)	Caractère (1)		
		NT	NV	SEV
h^2		0,16	0,16	0,08
c^2		0,02	0,01	0,01
p^2		0,12	0,08	0,07
		Corrélations génétiques		
DE _F	d	-0,13	-0,02	0,11
DE _M	d	-0,02	0,05	0,22
ELD _F	d	0,15	0,25	0,36
	m	-0,22	-0,14	0,15
ELD _M	d	0,07	0,21	0,37
	m	-0,31	0,11	0,05
TET	d	-0,09	-0,01	0,34

(1) NT, NV, SEV = nombre de porcelets nés totaux, nés vivants et sevrés par portée, respectivement ; DE_F, DE_M, ELD_F, ELD_M = durée d'engraissement et épaisseur moyenne de lard dorsal des femelles et des mâles, respectivement ; TET = nombre de tétines ; h^2 , c^2 , p^2 = héritabilité, effets de milieu commun de la portée de naissance et d'environnement permanent, respectivement.

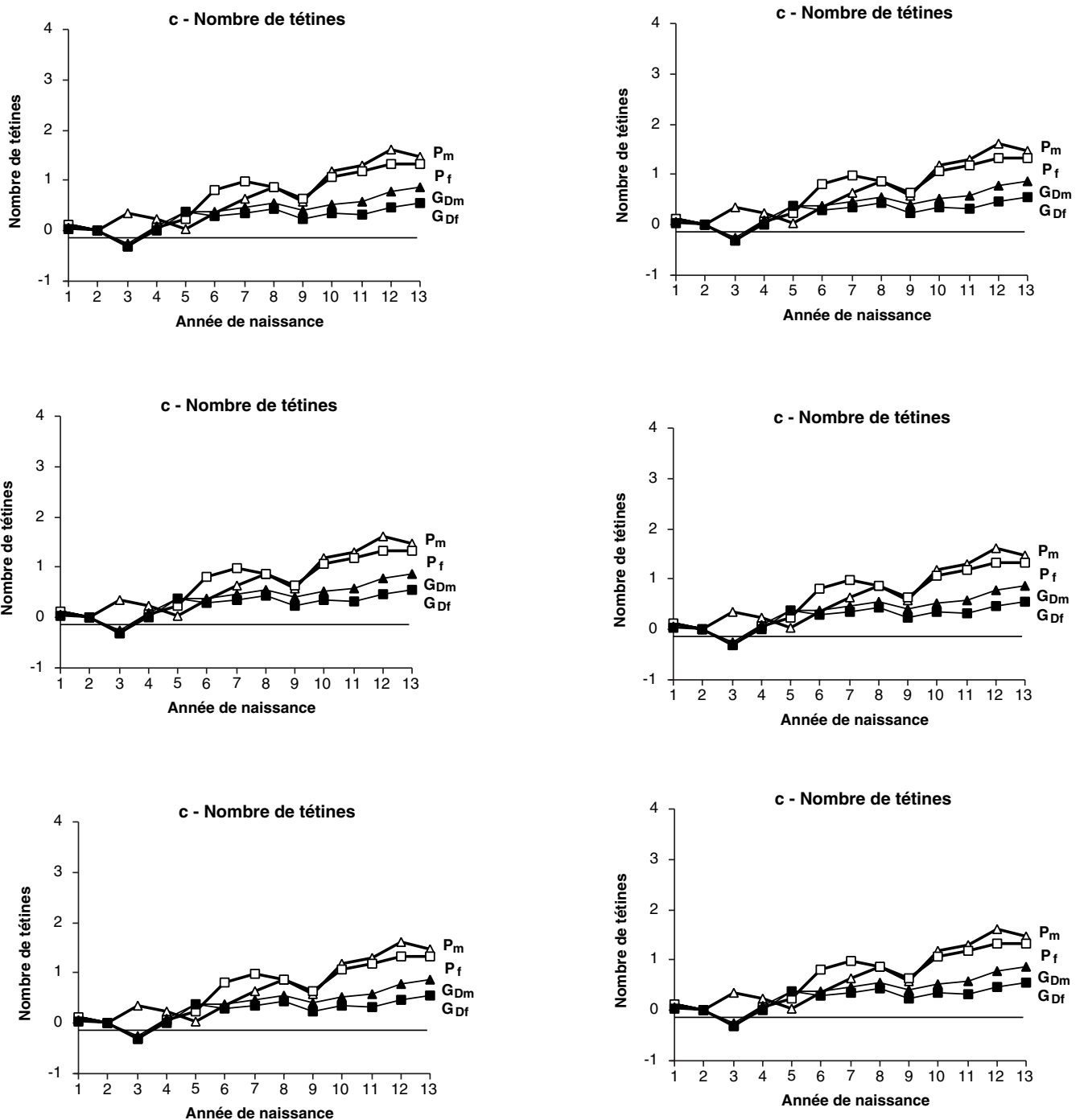
(2) d = effets directs ; m = effets maternels . Les erreurs standards des corrélations génétiques sont comprises entre 0,06 et 0,12 pour les modèles sans effets maternels

ment permanent sont peu élevés, mais significatifs. Les effets de milieu commun de la portée de naissance sont quant à eux extrêmement faibles et non significatifs. Les corrélations génétiques entre DE, ELD ou TET et les caractères de taille de portée sont faibles à modérées. TET est génétiquement indépendante de NT ou NV, mais présente une liaison significativement favorable avec SEV. DE est également indépendante de NT et NV, mais présente des relations légèrement défavorables avec SEV. L'antagonisme génétique est plus marqué entre les caractères de prolificité, notamment au sevrage, et ELD, tout au moins au niveau des effets directs. Les évolutions

phénotypiques (ΔP) et génétiques (ΔG) pour les six caractères étudiés sont présentées sur la figure 1. La génération 2 est prise comme référence car les performances des animaux F1 diffèrent sensiblement des générations suivantes du fait des effets d'hétérosis. L'axe des ordonnées de chaque graphique représente approximativement 3 écarts types de chacun des caractères étudiés. ELD diminue de façon importante au cours des 7 premières années, en particulier chez les femelles, mais évolue peu par la suite. Les gains sont pour l'essentiel liés aux effets directs, les effets maternels évoluant de façon beaucoup plus limitée et défavorable. Les évolu-

Figure 1 - Évolutions phénotypique et génétique des six caractères analysés

Légende : P_m, P_f = évolutions phénotypiques chez les mâles et les femelles, respectivement ; $G_{dm}, G_{df}, G_{mm}, G_{mf}$ = évolutions génétiques pour les effets directs (D) et maternels (M) chez les mâles (m) et les femelles (f), respectivement



tions phénotypiques et génétiques annuelles s'élevaient à -0,92 ; -0,42 et +0,14 mm, respectivement, pour ΔP , ΔG_d et ΔG_m chez les femelles. Les valeurs correspondantes chez les mâles sont, respectivement, de -0,59 ; -0,33 et +0,04 mm. DE présente une évolution phénotypique quelque peu "hachée" mais, sur le plan génétique, décroît de façon régulière au cours du temps. Les évolutions sont légèrement plus importantes chez les mâles (-1,06 et -0,78 jours/an, respectivement, pour ΔP et ΔG) que chez les femelles (respectivement, -0,90 et -0,64 jours/an). Des évolutions phénotypiques (+0,13 tétine/an dans les 2 sexes) et génétiques (respectivement, +0,07 et +0,05 tétine/an chez les mâles et les femelles) favorables sont également obtenues pour TET. Les évolutions phénotypiques et génétiques de NT et NV sont légèrement positives (respectivement, +0,12 et +0,14 porcelet/portée/an pour ΔP ; +0,06 porcelet/portée/an dans les 2 cas pour ΔG). Le nombre de porcelets sevrés évolue quant à lui très peu.

3. DISCUSSION

Il n'existe à notre connaissance que très peu d'études sur l'influence des effets maternels sur les caractères de production chez le porc. Les résultats de cette étude confirment ceux récemment obtenus par CRUMP et al. (1997) dans une population Landrace quant à la faible influence des effets maternels sur les caractères de croissance post-sevrage. A l'inverse, BRYNER et al. (1992) présentent une héritabilité des effets maternels de 0,23 dans une population Yorkshire. Les effets maternels significatifs obtenus sur ELD sont en accord avec les résultats de BRYNER et al. (1992) et de MAIGNEL et al. (résultats non publiés) chez le Landrace Français, mais différent de ceux de CRUMP et al. (1997) chez le Landrace et de MAIGNEL et al. (résultats non publiés) chez le Large White, qui obtiennent des valeurs d'héritabilité de 0,00 et 0,01, respectivement.

Les corrélations génétiques négatives entre effets directs et maternels sont en accord avec les résultats de BRYNER et al. (1992) et de MAIGNEL et al. (résultats non publiés). Elles peuvent refléter un réel antagonisme génétique entre les caractères de production et les aptitudes maternelles des truies. Toutefois, elles peuvent également s'expliquer par un éventuel biais lié au fait que la corrélation de milieu entre effets directs et maternels est supposée nulle a priori (MEYER, 1992). Un tel biais, mis en évidence dans certaines études (voir par exemple MEYER, 1992), ne semble toutefois absolument pas systématique (CANTET et al., 1988 ; KOERHUIS et THOMPSON, 1997).

De même, peu de résultats sont actuellement disponibles sur les interactions génotype x sexe. OLLIVIER (1983), MERKS (1986) et plus récemment CRUMP et al. (1997) concluent à l'absence d'effet marqué du sexe sur le déterminisme des caractères de production. Cette étude confirme en partie ces conclusions, dans la mesure où les performances mâles et femelles présentent des corrélations génétiques élevées dans la lignée Tiameslan. Cependant, ces corrélations sont significativement différentes de l'unité et les deux sexes présentent d'importantes hétérogénéités de variance. Ce phénomène est vraisemblablement en partie liée au dimorphisme sexuel particulier des races chinoises fondatrices

(BIDANEL et al., 1991 ; HALEY et al., 1992). Cette situation a des conséquences importantes sur le plan de l'estimation de la réponse à la sélection. Les conséquences en matière d'efficacité de la sélection sont vraisemblablement beaucoup plus limitées, mais restent à étudier de façon approfondie.

Les héritabilités d'ELD et de TET sont nettement plus élevées que les valeurs moyennes de la littérature (STEWART et SCHINCKEL, 1990 ; DUCOS, 1994 ; LIGONESCHE et al., 1995) et celles obtenues dans la lignée Tiameslan après 4 années de sélection (DUCOS et al., 1992). Ces valeurs élevées pourraient en partie s'expliquer par la ségrégation dans la lignée Tiameslan de gènes à effets importants sur ELD et TET. L'existence d'un gène majeur sur l'épaisseur de lard dorsal a notamment été mis en évidence dans la lignée Laconie (LE ROY et al., 1990). La Laconie étant une des populations à l'origine de la lignée Tiameslan, l'hypothèse que ce gène soit en ségrégation dans la lignée Tiameslan est loin d'être invraisemblable. Certains locus à effets quantitatifs mis en évidence dans le croisement entre les races Meishan et Large White (BIDANEL et al., 1998) peuvent également se retrouver en ségrégation dans la lignée Tiameslan.

Les valeurs d'héritabilité de DE et des caractères de taille de portée sont proches des moyennes de la littérature (HALEY et al., 1988 ; DUCOS, 1994). Par contre, la liaison génétique favorable entre ELD et DE, et surtout l'antagonisme génétique entre ELD et la taille de la portée diffèrent sensiblement des relations habituellement rencontrées. ELD et DE présentent en effet un léger antagonisme génétique dans la plupart des populations (DUCOS, 1994), mais sont considérés comme indépendants de la taille de la portée à la naissance et au sevrage. Ces différences peuvent en partie être dues au fort déséquilibre de liaison créé par le croisement entre populations génétiquement très différentes au moment de la création de la lignée Tiameslan, partiellement maintenu depuis lors sous l'effet de la sélection, ou à des effets pléiotropiques de certains locus.

Les évolutions génétiques estimées sont nettement supérieures à la plupart des résultats de la littérature utilisant la même méthodologie. TIXIER et SELLIER (1986) et DUCOS et BIDANEL (1993) rapportent des évolutions génétiques annuelles de -0,26 mm et -0,12 mm, respectivement, chez le Large White et de -0,16 mm et -0,11 mm, respectivement, chez le Landrace Français. Des valeurs similaires sont obtenues au Canada (KENNEDY, 1987) et en Suisse (HOFER et al., 1992). Des augmentations de 0,6 à 2,9 g de GMQ, soit -0,05 à -0,3 jours d'engraissement, sont présentés par TIXIER et SELLIER (1986), HOFER et al. (1992) et DUCOS et BIDANEL (1993). Des valeurs plus importantes (-0,66 et -0,78 jour/an, respectivement, en race Large White et Landrace) sont toutefois rapportées par KENNEDY (1987).

Les évolutions phénotypiques et génétiques de la taille de portée sont nulles ou légèrement positives malgré l'existence de corrélations génétiques défavorables avec ELD et DE. Elles tendent à montrer l'absence de perte de recombinaison épistatique (DICKERSON, 1969 ; 1973) dans les générations avancées de croisement et à indiquer que la légère pression de sélection sur la prolificité a permis d'éviter toute dégradation de ce caractère.

CONCLUSION

Les résultats de cette étude montrent clairement qu'il est possible, moyennant certaines précautions, de sélectionner de façon efficace une lignée sino-européenne pour les caractères de production sans détériorer les performances de

reproduction. La meilleure connaissance des gènes responsables des différences de performances entre les races chinoises prolifiques et les races européennes actuellement en cours d'acquisition devrait dans un proche avenir rendre encore plus efficace la sélection et la gestion génétique de ces populations.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BIDANEL J.P., 1989. Journées Rech. Porcine en France, 21, 361-366.
- BIDANEL J.P., 1993. Genet. Sel. Evol., 25, 263-281.
- BIDANEL J.P., CARITEZ J.C., LEGAULT C., 1991. Pig News & Information, 12, 239-243.
- BIDANEL J.P., MILAN D., CHEVALET C., WOLOSZYN N., BOURGEOIS F., et al., 1998. Journées Rech. Porcine en France, 30, 117-125.
- BRYNER S.M., MABRY J.W., BERTRAND J.K., BENYSHEK L.L., KRIESE L.A., 1992. J. Anim. Sci., 70, 1755-1759.
- CANTET R.J.C., KRESS D.D., ANDERSON D.C., DOORNBOS D.E., BURFENING P.J., BLACKWELL R.L., 1988. J. Anim. Sci., 66, 648-660.
- CRUMP R.E., HALEY C.S., THOMPSON R., MERCER J., 1997. Anim. Sci. 65, 275-283.
- DICKERSON G.E., 1969. Anim. Breed. Abstr., 37, 191-202.
- DICKERSON G.E., 1973. In : Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in honor of Dr JL Lush, American Society of Animal Science and Dairy Science Association, Champaign, Illinois, pp 54-77.
- DUCOS A., 1994. Thèse de Doctorat, Institut National Agronomique Paris-Grignon, 222 p.
- DUCOS A., BIDANEL J.P., 1993. Journées Rech. Porcine en France, 25, 59-64.
- DUCOS A., BIDANEL J.P., NAVEAU J., 1992. J. Anim. Breed. Genet., 109, 108-118.
- GROENEVELD E., KOVAC M., WANG T., 1990. Proc. 4th WCGALP, XIII, 488-491.
- HALEY C.S., AVALOS E., SMITH C., 1988. Anim. Breed. Abstr., 56, 317-332.
- HALEY C.S., D'AGARO E., ELLIS M., 1992. Anim. Prod., 54, 105-115.
- HALEY C.S., LEE G.J., RITCHIE M., 1995. Anim. Sci., 60, 259-267.
- HOFER A., HAGGER C., KUNZI N., 1992. Livest. Prod. Sci., 30, 83-98.
- KENNEDY B.W., 1987. In: 38ème Réunion Annuelle de la FEZ, Lisbonne, Portugal, Septembre 1987, Commission de génétique animale.
- KOERHUIS A.N.M., THOMPSON R. (1997) Genet. Sel. Evol. 29, 225-249.
- LEGAULT C., CARITEZ J.C., 1983. Genet. Sel. Evol., 15, 225-240.
- LE ROY P., NAVEAU J., ELSÉN J.M., SELLIER P., 1990. Genet. Res., 55, 33-40.
- LIGONESCHE B., BAZIN C., BIDANEL J.P., 1995. Journées Rech. Porcine en France, 27, 121-126.
- MERKS J.W., 1986. Livest. Prod. Sci., 14, 365-381.
- MEYER K., 1992. Livest. Prod. Sci., 31, 179-204.
- NEUMAIER A., GROENEVELD E., 1998. Genet. Sel. Evol., 30, 3-26.
- OLLIVIER L., 1983. Genet. Sel. Evol., 15, 99-118.
- PATTERSON H.D., THOMPSON R., 1971. Biometrika, 58, 545-554.
- ROTHSCHILD M.F., BIDANEL J.P., 1998. In : " The genetics of the pig ". M.F. Rothschild et A. Ruvinsky (Ed.), CAB International, 313-343.
- STEWART T.S., SCHINCKEL A.P., 1990. In : genetics of swine, pp 84-87. USDA publication.
- TESS M.W., BENNETT G.L., DICKERSON G.E., 1983. J. Anim. Sci., 56, 354-368.
- TIXIER M., SELLIER P., 1986. Génét. Sél. Evol., 18, 185-212.
- YOUNG L.D., 1995. J. Anim. Sci., 73, 711-721.