

Variabilité entre types génétiques et intra-race de la durée de mise bas.

Relations avec la taille de la portée et la mortalité périnatale des porcelets.

Laurianne CANARIO (1), Joseph GRUAND (2), Noël ROY (3), Jean-Claude CARITEZ (4), Yvon BILLON (4),
Thierry TRIBOUT (1), Jean-Pierre BIDANEL (1)

(1) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas Cedex

(2) INRA, Station expérimentale de Sélection porcine, 86480 Rouillé Cedex

(3) La Basse Trappe, 79700 Rorthais Cedex

(4) INRA, Domaine Expérimental du Magneraud, Saint Pierre d'Amilly, 17700 Surgères Cedex

Variabilité entre types génétiques et intra-race de la durée de mise bas. Relations avec la taille de la portée et la mortalité périnatale des porcelets.

La variabilité entre types génétiques et intra-race de la durée de mise bas (DMB), définie comme la période de temps écoulée entre les naissances du premier et du dernier porcelet de la portée, et du rythme de mise bas, estimé par l'intervalle de temps moyen entre la naissance de deux porcelets successifs ($TM = DMB / \text{nombre global de porcelets nés}$) a été étudiée. Quatre types génétiques de truies (Meishan, Large White, Duroc x Large White et Laconie) ont été comparés (respectivement 55, 591, 78 et 207 portées). Malgré des différences de taille de portée entre types génétiques, celui-ci n'affecte de manière significative ni DMB, ni TM. La variation intra-race a été étudiée dans une population Large White (1876 portées) en utilisant la méthode du maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multicausal. DMB et TM s'avèrent très peu héréditaires (respectivement $0,02 \pm 0,02$ et $0,03 \pm 0,02$, avec transformation de Box-Cox sur TM). Ils sont positivement corrélés entre eux sur le plan phénotypique ($r_p = 0,65$ et $0,70$), mais faiblement liés sur le plan génétique ($r_g = 0,20$). Le nombre total de porcelets nés présente des corrélations phénotypiques et génétiques modérées avec DMB ($r_p = 0,22$; $r_g = 0,56$) et plus fortement négatives avec TM ($r_p = -0,49$; $r_g = -0,65$). Le nombre de porcelets morts nés est modérément corrélé avec DMB ($r_p = 0,11$; $r_g = 0,37$) et TM ($r_p = -0,13$; $r_g = -0,41$). La proportion de porcelets morts nés est indépendante de DMB ($r_p = 0,0$; $r_g = -0,04$) et est négativement corrélée avec TM sur le plan génétique ($r_p = 0,0$; $r_g = -0,31$).

Between and within breed variation of farrowing length. Relationships with litter size and peripartum mortality in piglets.

Between and within breed variation of farrowing length (DMB), defined as the period of time between the birth of the first and last piglet in a litter, and of farrowing rhythm, estimated by the average time between two successive piglet births ($TM = DMB / \text{global number born}$) was investigated. Four genetic types of sows, namely Meishan, Large White, Duroc x Large White and Laconie, were compared (55; 591; 78 and 207 litters, respectively). In spite of differences in litter size, sow genetic type did not significantly affect either DMB or TM. Within-breed variation was studied in a Large White population (1876 litters) using restricted maximum likelihood methodology applied to a multiple trait animal model. Both DMB and TM appeared as lowly heritable (0.02 ± 0.02 and 0.03 ± 0.02 , respectively, with a Box-Cox transformation of TM). The two traits were positively correlated at the phenotypic level ($r_p = 0.65$ and 0.70), but presented a weak genetic correlation ($r_g = 0.20$). Total number born had moderate positive phenotypic and genetic correlations with DMB ($r_p = 0.22$; $r_g = 0.56$), and stronger negative correlations with TM ($r_p = -0.49$; $r_g = -0.65$). The number of stillbirths was moderately correlated with both DMB ($r_p = 0.11$; $r_g = 0.37$) and TM ($r_p = -0.13$; $r_g = -0.41$). The proportion of stillbirths was almost independent of DMB ($r_p = 0.0$; $r_g = -0.04$) and had a negative genetic correlation with TM ($r_p = 0.0$; $r_g = -0.31$).

INTRODUCTION

L'inclusion, depuis une dizaine d'années, de la prolificité comme une composante majeure de l'objectif et de l'indice de sélection a entraîné une forte amélioration de la taille de portée à la naissance dans les lignées de porc maternelles (TRIBOUT et al., 2003). L'augmentation de la prolificité s'est cependant accompagnée d'une détérioration de la survie périnatale. Il y a une augmentation bien connue de la proportion de porcelets morts nés dans les cas de mise bas prolongée (BÄCKSTRÖM, 1973 ; FRIEND et al., 1962 ; MACDONALD et al., 1963 ; BILLE et al., 1974 ; FRASER et al., 1995 ; 1997) et d'hétérogénéité des poids des porcelets intra-portée à la naissance (CHRISTIANSON, 1992 ; DIAL et al. 1992, cité par LUCIA et al., 2002 ; FRASER, 1990). Comme l'a suggéré RANDALL (1972 a ; b), la plupart des morts au moment de la parturition seraient causées par une asphyxie lorsque l'approvisionnement en oxygène du porcelet est interrompu par la détérioration du cordon ombilical avant l'expulsion. Dans une mise bas prolongée, les porcelets sont plus susceptibles d'être asphyxiés ou de souffrir d'un certain degré d'hypoxie. Une asphyxie prolongée ou intermittente *in utero* et pendant la délivrance des porcelets ne conduit pas nécessairement à la mort, mais serait susceptible d'affaiblir les porcelets qui, par suite, sont moins viables à la naissance et moins à même de s'adapter à la vie extra-utérine (HERPIN et al., 1996).

La variabilité phénotypique et génétique de la durée de mise bas demeure peu connue chez le porc. L'objectif de cet article est d'obtenir des estimations de la variabilité entre et intra population de la durée et du rythme de mise bas et d'étudier leurs relations avec les caractéristiques de la portée.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Données

Deux ensembles de données ont été considérés dans cette étude. Tout d'abord, des données collectées dans l'unité expérimentale INRA du Magneraud (17700 Surgères) ont été analysées pour étudier la variabilité entre types génétiques de la durée de mise bas et des caractéristiques de la portée à la naissance. Un second jeu de données collecté dans un élevage de sélection Large White (N. ROY, La Basse Trappe, 79700 Rorthais) a été utilisé pour estimer la variabilité intra-race de la durée de mise bas, c'est-à-dire son héritabilité et ses relations génétiques avec les caractères de la portée.

1.1.1. Variation entre types génétiques

La durée de mise bas a été mesurée dans quatre types génétiques de truies aux aptitudes maternelles variées, disponibles au moment de l'étude dans l'unité du Magneraud, à savoir les lignées femelles Meishan (MS) et Large White (LW), la lignée synthétique mâle Laconie (LA) et le croisement F1 Duroc x Large White (DU x LW).

Les truies étaient conduites en bandes (intervalle de 3 semaines entre deux bandes contigües). En maternité, les

femelles étaient bloquées dans des loges de mise bas individuelles avec sol en caillebotis partiel et étaient observées par un agent pendant toute la mise bas. Des enregistrements individuels ont été obtenus sur le(s) traitement(s) procuré(s) au cours de la mise bas : injections de sergotonine, d'ocytocine et palpations vaginales qui concernaient, respectivement, 51,6 %, 10,7 % et 5,4 % des portées produites. Ces différents traitements étaient administrés lorsque la mise bas paraissait difficile (par appréciation subjective de l'agent).

Les porcelets étaient comptés, classifiés comme nés vifs ou morts nés et pesés individuellement entre 12 et 24 heures après la naissance. Un porcelet était considéré comme mort né s'il était en apparence un fœtus à terme n'effectuant aucun mouvement visible après la naissance. Selon RANDALL (1972b), l'appellation « porcelet mort né » regroupe tous les porcelets morts d'asphyxie durant le processus de naissance, ainsi que la petite minorité d'animaux asphyxiés qui possèdent un pouls détectable et un faible réflexe de sursaut mais meurent plusieurs minutes après la naissance. Dans le cas présent, les porcelets morts nés incluaient uniquement les porcelets trouvés morts juste derrière la truie, ce qui permettait d'éviter l'erreur de répertorier des porcelets comme morts nés alors qu'ils étaient mobiles à la naissance mais mouraient avant que la portée ne soit inspectée pour la première fois (EDWARDS et al., 1994). Les porcelets qui, de toute évidence, étaient morts avant la parturition (ceux pour lesquels la décomposition avait commencé) étaient classifiés comme porcelets momifiés.

La durée de mise bas (DMB) était définie comme la période de temps écoulée entre les naissances du premier et du dernier porcelet de la portée. En pratique, une fois le premier porcelet né, la naissance des porcelets suivants était enregistrée toutes les 15 minutes. Lorsque le moment de naissance du dernier porcelet ne tombait pas avec certitude dans un intervalle de 15 minutes connu (pendant la nuit), la portée était retirée de l'analyse. Cette règle a conduit à une forte réduction du nombre de portées considérées. Une analyse des caractéristiques des portées écartées ainsi que des distributions de DMB dans chaque type génétique a permis de montrer que le biais lié au retrait de ces portées était peu important. Les portées de rang de portée supérieur à 6, ainsi que les portées de très faible taille (moins de 5 porcelets nés totaux) ont également été écartées. Les petites portées sont en effet particulières sur le plan physiologique et posent en outre des problèmes pour l'estimation de l'écart type intra-portée des poids de porcelets (DAMGAARD et al., 2003) et de l'intervalle moyen entre naissances. Un total de 931 portées produites par 493 truies, distribuées en 55 portées MS, 591 LW, 78 LA et 207 portées DU x LW produites entre 1998 et 2002 ont finalement été considérées.

1.1.2. Variation intra-race

Les conditions de gestion dans l'élevage de Rorthais étaient similaires à celles décrites pour l'élevage du Magneraud. Les truies étaient également conduites en bandes espacées de 3 semaines. Aucun traitement systématique n'était donné aux truies, et les traitements administrés (ocytocine, fouille) étaient enregistrés.

De même qu'au Magneraud, les naissances de porcelets étaient enregistrées en comptant les porcelets supplémentaires nés toutes les 15 minutes. Les porcelets étaient comptés, classifiés comme nés vifs ou morts nés et pesés à la naissance. Au total, 1876 portées produites par 807 truies dont le rang de portée variait de 1 à 9 étaient disponibles.

1.2. Caractères analysés

Treize caractères maternels ont été définis et analysés à partir des données collectées ci-dessus : les nombres de porcelets nés vifs (NV), morts nés (MN), momifiés (MOM), nés totaux (NT = NV+MN), le nombre global de porcelets à la naissance (NG = NT + MOM), la proportion de porcelets morts nés (P-MN = MN/NT), la durée de mise bas (DMB), l'intervalle de temps moyen écoulé entre deux naissances successives de porcelets (TM= DMB / NG), le poids de la portée à la naissance (PP), calculé en incluant les poids des porcelets morts nés, le poids moyen d'un porcelet à la naissance (PM= PP / NT), le coefficient de variation (PCV), l'écart type (PSTD) et le maximum des poids individuels des porcelets à la naissance intra-portée (PMAX).

Les distributions de DMB et de TM dans les 2 élevages sont présentées sur la figure 1. Elles présentent une certaine dissymétrie, en particulier pour l'intervalle moyen entre naissances

successives. Cette dissymétrie a conduit à analyser TM à la fois sans transformation et après une transformation de type Box-Cox $y = r/p [(x/r + 1)^p - 1]$, où x et y sont les variables initiales et après transformation respectivement, r est un paramètre d'échelle et p un paramètre de puissance. Des valeurs de p de -5,6 et -6,4 ont été utilisées pour les données du Magneraud et de Rorthais, respectivement. Au Magneraud, DMB a également été transformée avec un paramètre $p=-0,08$.

1.3. Analyses statistiques

1.3.1. Variation entre types génétiques

Les analyses ont été réalisées en utilisant des modèles mixtes incluant l'effet aléatoire de la mère de la portée, les effets fixes du type génétique de la truie (4 niveaux), du numéro de portée (6 niveaux) et de la bande de mise bas (62 niveaux) pour l'ensemble des caractères. Les modèles d'analyse utilisés pour NV, MN, P-MN, DMB et TM incluaient également les effets fixes des traitements à base de sergotonine, d'ocytocine et des palpations vaginales. Deux niveaux (traitement *versus* pas de traitement) ont été considérés pour chacun d'entre eux. Enfin, l'effet du type génétique du verrat père de la portée a été considéré pour les caractéristiques pondérales de la portée. Des analyses complémentaires ont été réalisées en incluant la taille de portée (NT) comme covariable dans le modèle.

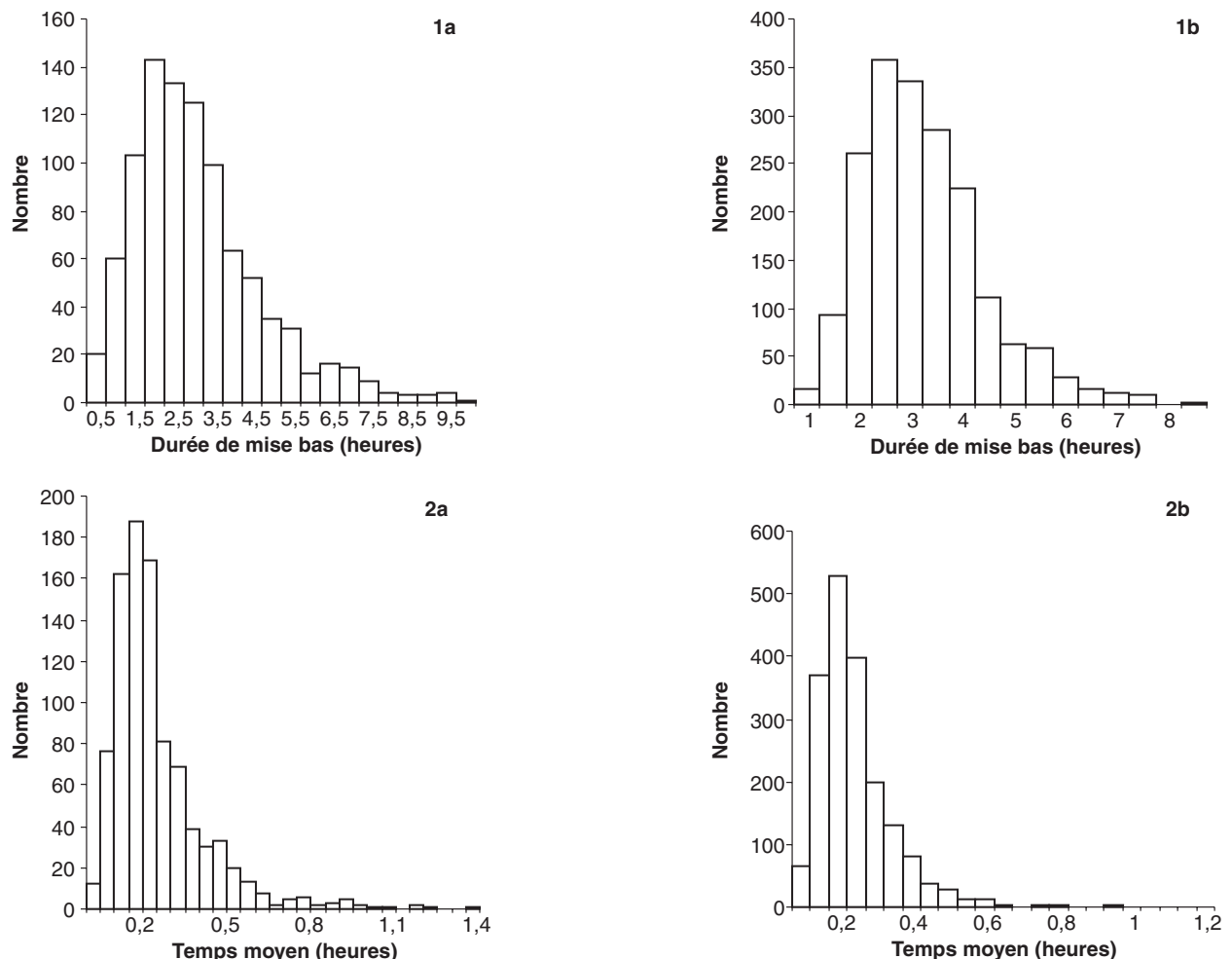


Figure 1 - Distribution de la durée de mise bas (1) et de l'intervalle moyen entre deux naissances successives de porcelets (2) au Magneraud (a) et à Rorthais (b)

Tableau 1 - Modèles d'analyse sélectionnés pour l'estimation des différences entre les quatre types génétiques (TG) Meishan, Large White, Duroc x Large White et Laconie de l'élevage du Magneraud

Modèle sélectionné		
Caractère	Effet aléatoire	Effets fixes
NG	Truie	TGtruie n° portée bande
NT	Truie	TGtruie n° portée bande
NV	Truie	TGtruie n° portée bande fouille ocytocine sergotonine n° portée x ocytocine
MN	Truie	TGtruie n° portée bande fouille ocytocine sergotonine fouille x ocytocine
P-MN	Truie	TGtruie n° portée bande fouille ocytocine sergotonine
DMB	Truie	TGtruie n° portée bande fouille ocytocine sergotonine
TM	Truie	TGtruie n° portée bande fouille ocytocine sergotonine ocytocine x sergotonine
PP	Truie	TGtruie n° portée bande
PM	Truie	TGtruie n° portée bande TGverrat
PCV	Truie	TGtruie n° portée bande
PSTD	Truie	TGtruie n° portée bande
PMAX	Truie	TGtruie n° portée bande TGverrat

Les paramètres ont été estimés avec la méthode du Maximum de Vraisemblance Restreinte (PATTERSON et THOMPSON, 1971; FOULLEY, 2002) en utilisant la procédure MIXED du logiciel SAS (SAS Institute, 2000). Les modèles retenus sur la base de la significativité des statistiques de scores de Wald (FOULLEY, 2002) pour l'estimation des effets des quatre types génétiques sont présentés dans le tableau 1. Pour un caractère donné, le même modèle a été utilisé avec et sans correction pour la taille de portée.

Les corrélations résiduelles entre caractères ont ensuite été calculées à partir de modèles similaires à ceux décrits ci-dessus, mais sans l'effet du type génétique de la mère ni l'effet aléatoire de la mère.

1.3.2. Variation intra-race

Les paramètres génétiques de huit caractères ont été estimés en utilisant la méthode du Maximum de Vraisemblance Restreinte (PATTERSON et THOMPSON, 1971) appliquée à un modèle animal à l'aide de la version 4.5 du logiciel VCE (NEUMAIER et GROENEVELD, 1998). Le modèle d'analyse incluait les effets fixes de la bande de mise bas (72 niveaux), du rang de portée de la truie (9 niveaux) ainsi que les effets aléatoires de l'environnement permanent de la truie (807 niveaux) et de la valeur génétique additive de chaque animal. Cinq générations d'ancêtres ont été considérées dans les analyses (1699 individus au total).

2. RÉSULTATS

2.1. Variation entre types génétiques

2.1.1. Effet du type génétique de la truie

Les estimations des effets du type génétique de la truie sur les caractéristiques de la portée sont présentées dans le tableau 2. Les truies Meishan ont une taille de portée plus grande (+1,6 porcelet né vif ; $P < 0,01$) et des porcelets plus légers (-0,23 kg ; $P < 0,001$) et plus homogènes en poids (-0,10 kg pour PSTD ; $P < 0,001$) que les truies Large White. La mortalité (nombre et proportion de morts nés) est globalement équivalente dans les deux types génétiques mais, après ajustement pour la taille de portée, est inférieure chez

les truies Meishan (-0,3 porcelet ; $P < 0,05$). Les truies Laconie diffèrent également des truies Large White, avec une taille et un poids de portée plus faibles (respectivement -1,0 porcelet né vif et -1,6 kg). Les truies croisées Duroc x Large White ont, quant à elles, des caractéristiques de portée proches de celles des truies Large White.

La durée de parturition d'une truie Large White est d'environ 3 heures $\frac{3}{4}$, et 20 minutes séparent deux naissances successives en moyenne. Le type génétique de la truie n'affecte pas de manière significative la durée de mise bas ou l'intervalle de temps moyen entre les naissances de deux porcelets successifs (que les données aient ou non été ajustées pour la taille de portée).

2.1.2. Corrélations résiduelles

Les corrélations (4 types génétiques regroupés), sans et avec ajustement pour la taille de portée, sont données dans le tableau 3.

La taille de portée à la naissance (NT) est modérément corrélée avec MN (0,23) et indépendante de P-MN (0,04). Les corrélations entre DMB et taille de portée sont plutôt faibles (légèrement positives sans ajustement pour la taille de portée et légèrement négatives avec ajustement). L'intervalle de temps moyen entre deux porcelets est négativement corrélé avec la taille de la portée à la naissance (-0,35 et -0,31 avec TM1 et TM2 respectivement). L'ajustement pour la taille de portée atténue la relation entre TM et NV, mais augmente celle avec MN, qui devient significative. Les grandes portées seraient davantage associées à un rythme de mise bas plus rapide qu'à une durée de mise bas plus longue.

De faibles corrélations positives sont observées entre P-MN et la durée (0,17 et 0,19 avec ou sans transformation de Box-Cox, respectivement) ou le rythme de mise bas (0,13 et 0,16 pour TM1 et TM2, respectivement). À l'inverse, le nombre et la proportion de morts nés sont presque indépendants de l'homogénéité des poids de porcelets intra-portée. De même, la durée et le rythme de mise bas sont, à taille de portée équivalente, indépendants des caractéristiques pondérales de la portée.

Tableau 2 - Effet estimé du type génétique de la truie mère de la portée (erreur standard)

Caractère	Test ¹	Type génétique de la truie			
		Meishan	Large White	Duroc x Large White	Laconie
Sans correction pour la taille de portée					
NG	***	13,9 (0,5)**	12,5 (0,2)	12,7 (0,5)	11,5 (0,3)**
NT	***	13,8 (0,5)**	12,4 (0,2)	12,6 (0,5)	11,3 (0,3)***
NV	***	13,4 (0,5)**	11,8 (0,3)	12,1 (0,5)	10,8 (0,4)***
MN	NS	0,4 (0,1)	0,5 (0,1)	0,5 (0,1)	0,5 (0,1)
P-MN	NS	0,04 (0,01)	0,06 (0,01)	0,05 (0,01)	0,06 (0,01)
DMB1, heures	NS	3,5 (0,3)	3,6 (0,2)	3,4 (0,3)	3,4 (0,2)
DMB2, heures ³	NS	3,3	3,4	3,2	3,2
TM1, minutes	NS	18 (2)	20 (1)	18 (2)	20 (1)
TM2, minutes ³	NS	15 ⁺	17	16	18
PP, kg	***	15,9 (0,7)**	18,0 (0,3)	19,1 (0,7)	16,4 (0,4)***
PM, kg	***	1,20 (0,05)***	1,43 (0,04)	1,48 (0,08)	1,44 (0,04)
CV, kg	*	18,0 (1,1)*	21,0 (0,4)	20,9 (1,1)	19,7 (0,6) ⁺
PSTD, kg	***	0,20 (0,02)***	0,30 (0,01)	0,32 (0,01)	0,29 (0,01)
PMAX, kg	***	1,52 (0,06)***	1,88 (0,04)	1,91 (0,09)	1,86 (0,04)
Avec correction pour la taille de portée (NT)					
MN	NS	0,3 (0,1)*	0,6 (0,1)	0,6 (0,1)	0,6 (0,1)
P-MN	NS	0,04 (0,01)	0,06 (0,01)	0,05 (0,01)	0,06 (0,01)
DMB1, heures	NS	3,4 (0,3)	3,7 (0,2)	3,5 (0,3)	3,5 (0,2)
DMB2, heures ³	NS	3,2	3,4	3,2	3,3
TM1, minutes	NS	19 (2)	19 (1)	17 (2)	18 (1)
TM2, minutes ³	NS	16	17	16	16
PP, kg	***	14,1 (0,5)***	17,8 (0,2)	18,6 (0,5)	17,3 (0,3)
PM, kg	**	1,27 (0,05)***	1,44 (0,03)	1,46 (0,07)	1,38 (0,04) ⁺
PCV, kg	**	16,7 (1,1)***	20,8 (0,4)	20,5 (1,1)	20,3 (0,6)
PSTD, kg	***	0,19 (0,02)***	0,30 (0,01)	0,31 (0,01)	0,30 (0,01)
PMAX, kg	***	1,56 (0,06)***	1,88 (0,04)	1,90 (0,09)	1,83 (0,04)

Niveaux de signification : * $p < 0,10$; * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; *** $p < 0,001$ et NS= non significatif

¹ résultat du test de l'effet du type génétique de la truie sous la statistique de Wald

² résultat du test de comparaison de l'effet du type génétique considéré (MS, DU x LW, LA) à celui du Large White

³ analyse après transformation de Box-Cox. Les moyennes estimées pour chaque type génétique ont été obtenues par transformation inverse

Tableau 3 - Matrice des corrélations résiduelles pour les 14 caractères de la portée autour de la période de mise bas mesurés sur l'élevage du Magneraud (4 types génétiques regroupés) sans (1^{ère} ligne) et avec (2^{ème} ligne) correction pour la taille de portée (NT)

	NT	NV	MN	P-MN	DMB1	DMB2	TM1	TM2	PP	PM	PCV	PSTD	PMAX
NG	0,99	0,94	0,25 0,18	0,06 0,16	0,13 -0,00	0,18 -0,02	-0,35 -0,06	-0,32 -0,08	0,70 -0,05	-0,41 -0,05	0,33 0,07	0,16 0,04	-0,19 -0,00
NT		0,95	0,23 -	0,04 -	0,13 -	0,18 -	-0,35 -	-0,31 -	0,71 -	-0,40 -	0,33 -	0,15 -	-0,19 -
NV			-0,03 -0,95	-0,20 -0,17	0,08 -0,15	0,14 -0,16	-0,37 -0,14	-0,34 0,16	0,71 0,16	-0,35 0,16	0,30 -0,05	0,14 -0,02	-0,17 0,03
MN				0,94 0,95	0,18 0,16	0,18 0,14	0,05 0,15	0,05 0,13	0,05 -0,16	-0,23 -0,16	0,12 0,05	0,06 0,02	-0,07 -0,03
P-MN					0,19 0,19	0,17 0,17	0,16 0,18	0,13 0,15	-0,07 -0,14	-0,16 -0,16	0,06 0,04	0,03 0,03	-0,03 -0,03
DMB1							0,83 0,94	0,85 0,94	0,08 -0,02	-0,08 -0,03	0,05 0,00	0,02 0,00	-0,04 -0,02
DMB2							0,78 0,92	0,86 -0,02	0,12 -0,02	-0,10 -0,03	0,09 0,03	0,05 0,02	-0,05 -0,01
TM1									-0,24 -0,02	0,13 -0,02	-0,12 -0,00	-0,06 -0,00	0,05 -0,01
TM2									-0,26 -0,03	0,10 -0,03	-0,08 0,03	-0,03 0,02	0,05 -0,01
PP										0,30 0,91	0,04 -0,29	0,24 0,18	0,40 0,77
PM											-0,42 -0,34	0,04 0,12	0,82 0,83
PVC												0,84 0,85	0,01 0,08
PSTD													0,46 0,51

Les résultats significatifs au seuil de 5% sont indiqués en caractères gras

2.2. Variation intra-race

Les statistiques descriptives des 8 caractères analysés dans l'élevage de sélection Large White figurent dans le tableau 4. La forte prolificité et le faible nombre de morts nés de cette population sont à souligner. Le nombre limité de porcelets morts nés pourrait s'expliquer par la présence continue de l'éleveur pendant les mises bas. Malgré la forte prolificité des truies, la durée de mise bas moyenne était un peu plus courte que des truies Large White de l'unité du Magneraud (3,1 vs 3,6 heures), de telle manière que l'intervalle moyen entre deux naissances était plus faible (13,5 vs 20,0 minutes).

La variance phénotypique et les valeurs d'héritabilité sont présentées dans le tableau 4. Les estimations d'héritabilité des caractéristiques numériques de la portée sont proches des valeurs moyennes de la littérature (ROTHSCHILD et BIDANEL, 1998). Des valeurs d'héritabilité très faibles sont obtenues pour la durée (DMB) et le rythme de mise bas (TM), avec une estimation très légèrement supérieure pour TM après transformation de Box-Cox.

Les estimations des corrélations phénotypiques (tableau 5) sont globalement concordantes avec les valeurs des corrélations résiduelles du tableau 3. La corrélation phénotypique entre DMB et taille de portée est modérément positive (0,22), légèrement plus marquée que la corrélation résiduelle obtenue au Magneraud (0,13). Inversement, les corrélations avec le nombre et la proportion de morts nés sont plus faibles (respectivement 0,11 et 0,00 vs 0,18 et 0,19). Les corrélations entre TM (avec ou sans transformation de Box-Cox) et la taille de portée sont très négatives (respectivement -0,50 et -0,49) et supérieures à celles obtenues au Magneraud (-0,35 et -0,31 respectivement) ; elles sont négatives avec MN (-0,14) et proches de zéro avec P-MN.

Les corrélations génétiques sont de même signe que les corrélations phénotypiques, mais plus fortes en valeur absolue. Les corrélations génétiques de DMB sont modérées à fortes avec la taille de portée et le nombre de morts nés (respectivement 0,56 et 0,37), mais faibles avec la proportion de porcelets mort-nés (-0,04). La transformation de Box-Cox ne modifie que légèrement les valeurs des corrélations génétiques entre le rythme de mise bas et les autres caractères. TM1 et TM2 présentent des corrélations génétiques très négatives avec la taille de portée à la naissance (respectivement -0,86 et -0,65) et modérément négatives avec MN (respectivement, -0,56 et -0,41) et P-MN (-0,52 et -0,31). Les faibles corrélations génétiques entre DMB et TM1 ou TM2 sont également à souligner (respectivement -0,06 et 0,20).

3. DISCUSSION ET CONCLUSION

Il n'existe que très peu d'études dans la littérature sur les facteurs de variation de la durée et du rythme de mise bas et sur leurs relations avec les caractéristiques de la portée à la naissance (FRASER et al., 1997). Cette étude fournit les premières estimations des paramètres génétiques de ces caractères et de leurs relations avec les caractéristiques de la portée. Des travaux contemporains sur le Landrace danois doivent toutefois être mentionnés (HOLM et al., 2003).

La comparaison de types génétiques a permis de mettre en évidence des différences globalement conformes aux résultats de la littérature pour les caractéristiques de la portée, avec une plus grande prolificité et des poids individuels de porcelets plus faibles et plus homogènes à la naissance chez les truies Meishan que dans les autres types génétiques. La différence de prolificité et de mortinatalité entre truies Meishan et Large White est toutefois nettement inférieure aux valeurs précédemment rapportées par BIDANEL et al. (1989) ; BIDANEL (1993) ou LEE et HALEY (1995). Malgré

Tableau 4 - Valeurs moyennes et paramètres génétiques estimés dans la population Large White

Caractère	Moyenne	Ecart type brut	Minimum	Maximum	Variance résiduelle	Variance phénotypique	Héritabilité
NG	14,9	4,1	5	27	12,0	15,8	0,11 (0,03)
NT	14,3	3,8	5	27	10,6	13,9	0,11 (0,03)
NV	13,2	3,5	3	24	9,7	12,1	0,10 (0,03)
MN	1,0	1,3	0	12	1,47	1,72	0,15 (0,02)
P-MN (%)	6,8	8,4	0	60	0,06	0,07	0,11 (0,02)
MOM	0,6	1,0	0	11	0,95	0,98	0,02 (0,01)
DMB (h)	3,1	1,2	0,5	8,5	1,07	1,32	0,02 (0,02)
TM1 (min)	13,5	6,4	3,6	72,0	32,4	39,6	0,02 (0,02)
TM2 (x100)	8,8	2,4	3,2	17,9	4,5	5,6	0,03 (0,02)

Tableau 5 - Estimées des corrélations phénotypiques (au-dessous de la diagonale) et génétiques (au-dessus de la diagonale)

	NG	NT	NV	MN	P-MN	MOM	DMB	TM1	TM2
NG		1	0,92	0,57	0,40	0,54	0,63	-0,81	-0,60
NT	0,97		0,93	0,55	0,37	0,49	0,56	-0,86	-0,65
NV	0,90	0,94		0,23	0,03	0,36	0,48	-0,70	-0,58
MN	0,37	0,37	0,02		0,97	0,48	0,37	-0,56	-0,41
P-MN	0,16	0,15	-0,18	0,92		0,36	-0,04	-0,52	-0,31
MOM	0,36	0,12	0,09	0,09	0,08		0,83	-0,08	-0,16
DMB	0,24	0,22	0,19	0,11	0	0,14		-0,06	0,20
TM1	-0,49	-0,50	-0,47	-0,14	-0,03	-0,13	0,65		
TM2	-0,50	-0,49	-0,47	-0,13	0	-0,13	0,70		

leurs caractéristiques de reproduction différentes, aucun effet significatif du type génétique n'a pu être mis en évidence sur la durée ou le rythme de mise bas. Ce résultat pourrait en partie être lié aux faibles effectifs disponibles pour certains types génétiques, notamment la Meishan. En effet, la durée de mise bas plus courte et la prolificité supérieure des truies Meishan devraient être associées à un rythme de mise bas accéléré. Les résultats obtenus vont dans ce sens, mais sans que les différences n'apparaissent significatives.

L'analyse des relations entre caractères dans les deux élevages montre clairement que, sur le plan phénotypique, une augmentation de la taille de portée est principalement associée à un rythme de délivrance plus rapide des porcelets (en opposition avec l'hypothèse avancée par RANDALL 1972), et est peu liée à la durée de mise bas, en accord avec les résultats de WEBER et TROXLEY (1988) et WÜLBERS-MINDERMANN (2002). La mortalité périnatale est également faiblement associée à la durée de mise bas, mais la proportion de morts nés augmente avec l'intervalle entre deux naissances. Ce dernier résultat est en accord avec FRASER et al. (1997), qui observent toutefois une relation entre mortinatalité et durée de mise bas plus nettement positive que dans la présente étude. Enfin, l'absence de relation entre la durée ou le rythme de mise bas et les variables caractérisant l'homogénéité en poids de la portée à la naissance tend à montrer que l'hétérogénéité des portées, et notamment la présence de porcelets de poids élevé, n'est pas associée à des mises bas plus longues.

Il convient toutefois de souligner que la méthode de recueil des données se traduit par un suivi intensif de la mise bas, qui s'accompagne d'un nombre élevé d'interventions humaines. Ce mode de conduite peut avoir réduit les variations de durée de mise bas et ses relations avec les caractéristiques de la portée.

Les estimations d'héritabilité sont proches des valeurs moyennes de la littérature pour les caractéristiques numériques de la portée (HALEY et al., 1988 ; ROTHSCCHILD et BIDANEL, 1998) et légèrement supérieures pour la proportion et le nombre de morts nés (BLASCO et al., 1995 ; ROTHSCCHILD et BIDANEL, 1998). La durée et le rythme de mise bas apparaissent comme des caractères très peu héréditaires. Les valeurs obtenues sont légèrement plus faibles que celles rapportées par HOLM et al. (2003) à partir d'une mesure moins précise de la durée de mise bas.

Contrairement aux liaisons phénotypiques, les corrélations génétiques obtenues en race Large White suggèrent qu'une augmentation de la taille de portée se traduirait par une réponse corrélative positive sur la durée de mise bas. Il serait difficile d'éviter cette évolution en sélectionnant directement sur la durée de mise bas, à la fois parce qu'il s'agit d'un caractère très fastidieux à mesurer et parce que sa faible hérédité limiterait l'efficacité de la sélection. De plus, maintenir ou diminuer la durée de mise bas n'est pas ici un objectif en soi, mais l'intérêt de son analyse réside principalement dans ses relations potentielles avec la survie des porcelets. De fait, il semble préférable de se concentrer soit sur la survie du porcelet elle-même (caractère très facile à mesurer mais également faiblement héréditaire), soit sur la recherche de critères indirects plus héréditaires et ayant des relations génétiques étroites avec la survie périnatale du porcelet.

REMERCIEMENTS

Nous remercions le personnel de l'unité expérimentale du Magneraud pour la collecte des données de mise bas et M. Noël ROY pour la mise à disposition des données recueillies dans son élevage. Cette étude a été réalisée dans le cadre d'une thèse co-financée par l'ITP et l'INRA.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BACKSTRÖM L., 1973. *Acta Vet. Scand.*, Suppl., 41, 1-240.
- BILLE N., NIELSON N.C., LARSEN J.L., SVENDSEN J., 1974. *Nord. Vet. Med.*, 26, 294-313.
- BIDANEL J.P., CARITEZ J.C., LEGAULT C., 1989. *Genet. Sel. Evol.*, 21, 507-526.
- BIDANEL J.P., 1993. *Genet. Sel. Evol.*, 25, 263-281.
- BLASCO A., BIDANEL J.P., HALEY C.S., 1995. In: Varley M.A. (Eds.), *The Neonatal Pig: Development and Survival*. CAB International, 17-38.
- CHRISTIANSON W.T., 1992. Dans: Tubbs R.C., Leman A.D. (Eds.), *Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice. Swine Reproduction*. Vol. 8. No. 3. Saunders. Philadelphia, PA, 623-639.
- DAMGAARD L.H., RYDHMER L., LØVENDAHL P., GRANDINSON K., 2003. *J. Anim. Sci.*, 81, 604-610.
- DIAL G.D., MARSH W.E., POLSON D.D., VALLAINCOURT J.P., 1992. In: Leman A.D., Straw B.E., Mengeling W.L., D'Allaire S., Taylor D.J. (Eds.), *Diseases of Swine*, 7th edition. Iowa State University Press, Ames, IA, 88-137.
- EDWARDS S.A., SMITH W.J., FORDYCE C., MACMENEMY F., 1994. *Vet. Record*, 135, 324-427.
- FOULLEY J.L., 2002. Cours ENSAI. Rennes-DEA de Génétique Multifactorielle. Paris VII-XI-INA.PG. 131p.
- FRASER D., 1990. *J. Reprod. Fertil.*, 40, 355-370.
- FRASER D., PHILLIPS P.A., THOMPSON B.K., PAJOR E.A., WEARY D.M., BRAITHWATE L.A., 1995. In: Varley M.A. (Eds.), *The Neonatal Pig: Development and Survival*. CAB International. 287-312.
- FRASER D., PHILLIPS P.A., THOMPSON B.K., 1997. *Appl. Anim. Behav. Sci.*, 55, 51-66.
- FRIEND D.W., CUNNINGHAM H.M., NICHOLSON J.W.G., 1962. *Can. J. Comp. Med.*, 26, 127-130.
- HALEY C.S., AVALOS E., SMITH C., 1988. *Anim. Breed. Abst.*, 56, 317-332.
- HERPIN P., LE DIVIDICH J., HULIN J.C., FILLAUT M., DE MARCO F., BERTIN R., 1996. *J. Anim. Sci.*, 74, 2067-2075.
- HOLM B., OLSEN D., TAJET H., 2003. EAAP, 54th Annual Meeting, Rome. Poster.
- LEE G.J., HALEY C.S., 1995. *Anim. Sci.*, 60, 269-280.

- LUCIA T.J.R., CORREA M.N., DESCHAMPS J.C., BIANCHI I., DONIN M.A., MACHADO A.C., MEICKE W., MATHEUS J.E.M., 2002. *Prev. Vet. Med.*, 53, 285-292.
- MACDONALD M.A., HOLNESS D.E., MOXLEY J.E., 1963. *Can. J. Comp. Med. Vet. Sci.*, 27, 237-240.
- NEUMAIER A., GROENEVELD E., 1998. *Genet. Sel. Evol.*, 30, 3-26.
- PATTERSON H.D., THOMPSON R., 1971. *Biometrika*, 58, 545-554.
- RANDALL G.C.B., 1972a. *Vet. Rec.*, 90, 178-182.
- RANDALL G.C.B., 1972b. *Vet. Rec.*, 90, 183-186.
- ROTHSCHILD M.F., BIDANEL J.P., 1998. In: Rothschild M.F., Ruvinsky A.(Eds), *The Genetics of the Pig*. CAB International, 313-344.
- SAS Institute, 2000. Inc., SAS Campus Drive, Cary, North Carolina 27513, USA.
- TRIBOUT T., CARITEZ J.C., GOGUE J., GRUAND J., BILLON Y., BOUFFAUD M., LAGANT H., LE DIVIDICH J., THOMAS F., QUESNEL H., GUEBLEZ R., BIDANEL J.P., 2003. *J. Rech. Porc.*, 35, 285-292.
- WEBER R., TROXLEY J., 1988. In: *Aktuelle Arbeiten zur artgemäßen Tierhaltung*. KTBL.Schrift Nr. 323, 172-184.
- WÜLBERS-MINDERMANN M., ALGERS B., BERG C., LUNDEHEIM N., SIGVARDSSON J., 2002. *Livest. Prod. Sci.*, 73, 285-297.