

# Variabilité génétique des caractéristiques numériques de la portée et de la croissance des porcelets en allaitement dans une population Landrace Français

Alban BOUQUET (1), Bruno LIGONESCHE (1), Laurianne CANARIO (2), Jean-Pierre BIDANEL (2)

(1) Nucléus, Immeuble Orchis, 35650 Le Rheu

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

*jean-pierre.bidanel@jouy.inra.fr*

## **Variabilité génétique des caractéristiques numériques de la portée et de la croissance des porcelets en allaitement dans une population Landrace Français**

Les paramètres génétiques des nombres de porcelets nés totaux (NT), nés vifs (NV) et sevrés (SEV) par portée, des nombres (MN et MOR) et des taux (TXMN et TXMOR) de morts nés et de morts en allaitement, des poids à la naissance (PN) et au sevrage (PS) et du gain moyen quotidien naissance - sevrage (GMQNS) ont été estimés sur un ensemble de 1 328 portées et 17 778 porcelets Landrace Français parmi lesquels 13 609 porcelets ont été pesés individuellement. Les caractères de productivité numérique ont été considérés comme des caractères de la truie. Par contre, les effets des gènes des porcelets, de leur mère et de leur nourrice ont été estimés sur les caractères de croissance avant sevrage. Les analyses ont été réalisées par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multicaractère. Les héritabilités des caractères de mortalité ont également été estimées à partir d'un modèle de régression logistique. Les héritabilités des caractères de reproduction sont faibles, inférieures à 0,10. Des valeurs plus élevées sont obtenues à partir des modèles de régression logistique (0,12 et 0,34, respectivement, pour MN et MOR). Les gènes des porcelets expliquent moins de 2 % de la variabilité de la croissance avant sevrage. Les effets maternels expliquent globalement 30 % de cette variabilité, dont 20 % d'origine génétique. Les effets de la nourrice sont prépondérants au sevrage. La mortinatalité est liée défavorablement à NT, mais pas à NV. NT et NV présentent tous deux un antagonisme génétique avec la mortalité naissance - sevrage et les effets maternels sur la croissance en allaitement.

## **Genetic variability of sow numerical productivity and preweaning piglet growth traits in a French Landrace population**

Genetic parameters of total number of piglets born (TNB), number of piglets born alive (NBA) and weaned (NW) per litter, of the numbers (NS and ND) and rates (SR and DR) of stillbirths and dead piglets during the suckling period, of weight at birth (WB) and at weaning (WW) and of average daily gain from birth to weaning (ADGBW) were estimated on a total of 1328 litters and 17778 French Landrace piglets among which 13609 were individually weighed. Numerical productivity traits were considered as traits of the sow. Conversely, the effects of piglet, dam and nurse genes were estimated for preweaning growth traits. The analyses were carried out using restricted maximum likelihood methodology applied to a multivariate animal model. Heritabilities of mortality traits were also estimated using a logistic regression model. Heritabilities of reproduction traits were low, below 0.10. Higher values were obtained using logistic regression models (0.12 and 0.34, respectively, for NS and ND). Piglet genes explained less than 2% of phenotypic variability of preweaning growth. Maternal effects globally explained 30% of this variability, of which 20% were of genetic origin. Nurse effects were the most important at weaning. Stillbirths were unfavourably correlated with TNB, but not NBA. Both TNB and NBA had a genetic antagonism with birth to weaning mortality and maternal effects on growth rate during the suckling period.

## INTRODUCTION

La taille de la portée à la naissance et au sevrage a augmenté de manière importante pendant ces quinze dernières années (Tribout et al., 2003), mais s'est accompagnée d'une détérioration de la survie des porcelets à la mise bas et en allaitement. Ses effets sur la croissance de porcelets en allaitement restent plus mal connus. La plupart des études font état de relations génétiques négatives entre la taille de la portée et la croissance moyenne des porcelets jusqu'au sevrage (Damgaard et al., 2003 ; Huby et al., 2003). Ces estimations ne donnent toutefois qu'une vision incomplète des relations entre les deux groupes de caractères, dans la mesure où elles ne permettent pas de dissocier les effets respectifs des gènes de la mère et des porcelets sur la croissance de ces derniers. Le recours croissant à des échanges de porcelets entre portées complexifie encore la situation, les effets maternels en allaitement pour les porcelets adoptés ne pouvant plus être affectés à leur mère génétique. A contrario, l'existence d'une proportion suffisante de porcelets adoptés peut permettre d'estimer les effets respectifs de la mère et de la nourrice sur la croissance des porcelets en allaitement.

L'objectif de cette étude est d'estimer l'importance relative des effets des gènes des porcelets, de leur mère et de leur nourrice sur la croissance des porcelets en allaitement et leurs corrélations phénotypiques et génétiques avec les caractéristiques numériques de la portée dans une population Landrace Français.

## 1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 1.1. Animaux et mesures

Les données utilisées dans cette étude proviennent d'un élevage de sélection Landrace Français de l'organisation de sélection porcine NUCLÉUS (élevage de M. Pasquet, Ste Marie Laumont, Calvados), utilisé comme élevage pilote

dans le cadre de son projet d'amélioration des qualités maternelles. L'enregistrement des données de prolificité, à la naissance et au sevrage, du nombre de morts nés et de chétifs y est complété par une pesée individuelle des porcelets nés vifs dans les 12 heures après la naissance et au sevrage à 4 semaines d'âge. Les adoptions de porcelets sont toutes enregistrées.

Le cheptel est constitué de 140 femelles, réparties en 7 bandes, avec un intervalle de 3 semaines entre mises bas. Toutes les truies sont inséminées. Les mises bas sont induites de façon systématique au 113<sup>ème</sup> jour de gestation. Les interventions sur les truies à la mise bas sont par contre limitées au minimum.

L'ensemble de données analysé est constitué de 17 778 individus nés sur l'élevage entre 2000 et début 2005 et issus de 1 328 portées, parmi lesquels 13 609 porcelets ont fait l'objet d'une pesée individuelle. Les adoptions ont concerné 13 % des effectifs totaux de porcelets au cours de la période considérée.

## 1.2. Analyses statistiques

### 1.2.1. Variables analysées

Dix caractères ont été analysés dans le cadre de cette étude, à savoir :

- 3 caractères de croissance des porcelets en allaitement : les poids à la naissance (PN) et au sevrage (PS) et le gain moyen quotidien des porcelets entre la naissance et le sevrage ( $GMQNS = (PS - PN) / DA$ ) où DA est la durée d'allaitement de la portée ;
- 7 caractères de productivité numérique de la portée : les nombre de porcelets nés totaux (NT), nés vifs (NV), morts nés (MN), morts en allaitement (MOR) et sevrés (SEV) de la truie, ainsi que les taux de morts nés (TXMN) et de morts en allaitement (TXMOR). Les variables, effectifs, moyennes et écart-types sont présentés dans le tableau 1.

**Tableau 1** - Effectifs et statistiques élémentaires pour les 10 caractères étudiés

Caractère	Abréviation	Observations	Moyenne	Ecart-type
Poids à la naissance (kg)	PN	13609	1,40	0,34
Poids au sevrage (kg)	PS	12411	7,48	1,47
GMQ individuel naissance-sevrage (kg/jour)	GMQNS	11753	0,23	0,05
Porcelets nés totaux par portée	NT	1328	13,61	3,55
Porcelets nés vifs par portée	NV	1328	12,26	3,25
Porcelets sevrés par portée	SEV	1328	10,64	2,99
Mort-nés	MN	1284	1,35	1,65
Morts naissance-sevrage	MOR	1282	1,73	1,85
Taux de mort-nés (%)	TXMN	1284	9,11	10,52
Taux de mortalité naissance-sevrage (%)	TXMOR	1282	12,55	12,09

### 1.2.2. Modèles statistiques

Les caractères de productivité numérique de la portée ont été considérés comme des caractères de la truie et analysés à l'aide d'un modèle linéaire prenant en compte les effets fixés de la bande de mise bas et du numéro de portée, les effets aléatoires de la valeur génétique additive de chaque animal et du milieu permanent lié à chaque truie. Les taux de mortalité ont également été analysés à l'aide d'un modèle de régression logistique de lien logit.

Les caractères de croissance des porcelets ont été analysés à partir d'un modèle animal prenant en compte les effets fixés de la bande de naissance, du numéro de portée de la mère, du sexe du porcelet, les effets aléatoires des valeurs génétiques additives du porcelet, de sa mère, de sa nourrice et du milieu commun de la portée de naissance (pour PN) ou d'adoption (pour GMQNS et PS), ainsi que le nombre de porcelets nés totaux (pour PN) ou allaités (pour GMQNS et PS) et l'âge à la pesée (pour GMQNS et PS) comme covariables.

L'estimation des paramètres génétiques a été réalisée par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (ReML). Les calculs ont été effectués à l'aide des logiciels VCE

(version 4.5 - Neumaier et Groeneveld, 1998) et ASREML (version 1.10 - Gilmour et al., 2003).

## 3. RÉSULTATS

### 3.1. Caractéristiques de la portée

Les héritabilités et les corrélations génétiques entre caractères de productivité numérique sont présentées dans les tableaux 2 et 3, respectivement. Les valeurs d'héritabilité et d'effets de milieu permanent estimées à partir d'un modèle linéaire sont globalement faibles (inférieures à 0,10). Elles sont légèrement (MN et TXMN) ou sensiblement (MOR, TXMOR) plus élevées pour les caractères de mortalité lorsque ceux-ci sont analysés comme des caractères à seuil.

Les corrélations phénotypiques et génétiques entre les tailles de portée à la naissance et au sevrage sont élevées. De même, les caractères de croissance en allaitement sont corrélés positivement entre eux. À l'inverse, les relations entre mortalité et mortalité naissance-sevrage sont faiblement positives, ou négatives pour les corrélations impliquant les taux de mortalité.

**Tableau 2** - Héritabilités des caractères de productivité numérique et de croissance moyenne de la portée

	Caractère <sup>1</sup>	Héritabilité <sup>2</sup>	Effet de milieu permanent <sup>2</sup>	Ecart type phénotypique
Modèle linéaire	NT	0,10	0,09	3,3
	NV	0,10	0,07	3,2
	SEV	0,09	0,05	2,9
	MN	0,08	0,11	1,65
	MOR	0,05	0,06	1,4
	TXMN	0,08	0,18	12,7
	TXMOR	0,04	0,05	13,2
	Modèle à seuil	MN	0,12	0,15
MOR		0,34	0,09	1,4
TXMN		0,10	0,18	12,7
TXMOR		0,30	0,02	13,2

<sup>1</sup> Voir le tableau 1 pour la signification des abréviations

<sup>2</sup> Les héritabilités et effets d'environnement permanents sont estimés avec un écart-type d'échantillonnage compris entre 0,03 et 0,05

**Tableau 3** - Corrélations phénotypiques (au dessous de la diagonale) et génétiques (au dessus de la diagonale) entre les caractéristiques numériques de la portée

Caractère <sup>1</sup>	NT	NV	SEV	MN	TXMN	MOR	TXMOR
NT	-	0,88 <sup>2</sup>	0,98	0,36	0,18	0,46	0,13
NV	0,88	-	0,91	Ne <sup>3</sup>	-0,36	0,54	0,21
SEV	0,75	0,87	-	-0,14	-0,31	-0,70	-0,06
MN	0,41	-0,06	-0,09	-	Ne	0,19	-0,39
TXMN	0,25	-0,21	-0,22	0,95	-	Ne	-0,22
MOR	0,43	0,45	0,13	0,04	-0,03	-	Ne
TXMOR	0,30	0,29	0,01	-0,04	0,00	0,81	-

<sup>1</sup> Voir le tableau 1 pour la signification des abréviations

<sup>2</sup> Les écart-types d'échantillonnage des corrélations génétiques sont compris entre 0,07 et 0,23.

<sup>3</sup> Non estimé du fait de problèmes de convergence.

Les corrélations entre les caractères de taille de portée et de mortalité varient selon les caractères. NT est lié de façon positive (défavorable) à la mortinatalité et à la mortalité naissance-sevrage. L'antagonisme avec la mortinatalité disparaît pour NV, qui reste toutefois défavorablement lié à la mortalité naissance-sevrage. Enfin, SEV présente quant à lui des corrélations négatives (favorables) avec les deux composantes de la mortalité pré-sevrage.

### 3.2. Composantes de la croissance des porcelets en allaitement

La décomposition de la variabilité de la croissance pré-sevrage des porcelets en fonction des différents effets génétiques est présentée dans le tableau 4. Elle met en évidence le rôle extrêmement réduit des effets génétiques directs du porcelet jusqu'au sevrage (moins de 2 % de la variabilité totale). Les effets maternels expliquent une même proportion (environ 30 % au total) de la variabilité phénotypique des

**Tableau 4** - Composantes de la variance pour les caractères de croissance pondérale des porcelets

Composante	PN <sup>1</sup>	PS <sup>1</sup>	GMQNS <sup>1</sup>
Directe <sup>2</sup>	0,01	0,02	0,02
Maternelle <sup>2</sup>	0,21	0,06	0,05
Nourrice <sup>2</sup>	-	0,15	0,13
Commun <sup>2</sup>	0,08	0,09	0,10
Variance phénotypique	0,12	2,16	0,03

<sup>1</sup> Voir le tableau 1 pour la signification des abréviations

<sup>2</sup> Ecarts-types d'échantillonnage compris entre 0,01 et 0,04

trois caractères étudiés, dont environ les 2 tiers d'origine génétique et un tiers lié aux effets communs de la portée de naissance (qui peuvent inclure des effets génétiques non additifs). Les effets génétiques liés à la nourrice apparaissent nettement plus importants au sevrage que ceux de la mère biologique.

Les estimations de corrélations génétiques entre les différents effets génétiques sont présentées dans le tableau 5. Des problèmes de convergence du modèle à 3 composantes aléatoires pour PS et GMQNS ont conduit à le simplifier en ignorant les effets directs, très faibles, pour ces 2 caractères. Les estimations sont à considérer avec précaution compte tenu de leur faible précision. On peut néanmoins noter que les corrélations entre les 3 composantes sont systématiquement négatives pour un même caractère et plus marquées pour les 2 variables caractérisant la période d'allaitement (-0,13 pour PN, -0,38 à -0,53 pour PS et -0,38 à -0,61 pour GMQNS). Les effets directs sur PN sont positivement corrélés à ceux sur PS (0,46), mais sont en antagonisme avec ceux sur GMQNS (-0,71). La situation est similaire pour les effets maternels (0,26 entre PN et PS ; -0,74 entre PN et GMQNS). Les corrélations liées à la mère et à la nourrice entre PS et GMQNS sont quant à elles fortement positives (0,86 et 0,98, respectivement). De même, les corrélations entre effets directs et maternels pour des caractères différents sont généralement positives (0,10 et -0,24 entre PN et PS ; 0,25 et 0,44 entre PN et GMQNS). Par contre, un antagonisme génétique est obtenu entre les effets de la mère et de la nourrice sur la relation PS-GMQNS (-0,58).

**Tableau 5** - Corrélations génétiques entre les différents effets génétiques affectant la croissance en allaitement des porcelets

Caractère et composante <sup>1</sup>	PN mère	PS direct	PS mère	PS nourrice	GMQNS direct	GMQNS mère	GMQNS nourrice
PN direct	-0,13	0,46	0,10	-0,36	-0,71	0,25	-0,08
PN mère		-0,24	0,26	0,35	0,44	-0,74	0,23
PS direct			-0,45	-0,38	-	-	-
PS mère				-0,53	-	0,86	-0,58
PS nourrice					-	-0,58	0,98
GMQNS direct						-0,38	-0,61
GMQNS mère							-0,45

<sup>1</sup> Voir le tableau 1 pour la signification des abréviations

Les écarts-types d'échantillonnage sont compris entre 0,20 et 0,40

**Tableau 6** - Corrélations génétiques entre les composantes de la croissance des porcelets et les caractères de productivité numérique de la portée

Caractère et composante <sup>1</sup>	NT	NV	SEV	TXMN	TXMOR
PN direct	0,99	0,98	0,98	0,01	0,77
PN maternel	-0,29	-0,18	-0,01	-0,10	-0,39
PS direct	0,15	-0,34	0,60	-	-
PS maternel	-0,63	-0,31	-0,22	-	-0,64
PS nourrice	-0,05	-0,25	-0,32	-	-0,48

<sup>1</sup> Voir le tableau 1 pour la signification des abréviations

Les écarts-types d'échantillonnage sont compris entre 0,20 et 0,40

Les corrélations entre les différents effets génétiques affectant la croissance des porcelets et les critères de productivité pondérale de la portée sont présentés dans le tableau 6. Les estimations sont également peu précises et ne permettent que d'avoir une première appréciation du signe et de l'ordre de grandeur des corrélations. Elles semblent aller dans le sens de liaisons génétiques positives entre effets directs et caractères de productivité numérique ; à l'inverse, les relations entre effets de la mère ou de la nourrice et ces critères de productivité sont toutes négatives et donc défavorables.

#### 4. DISCUSSION

Les paramètres génétiques des caractères de taille de portée sont proches des moyennes de la littérature (Rothschild et Bidanel, 1998). De même, les héritabilités des caractères de mortalité pré-sevrage, tout au moins celles obtenues à partir d'un modèle linéaire, sont comparables à celles obtenues par Damgaard et al. (2003), Huby et al. (2003) ou Canario et al. (2005). Les valeurs supérieures obtenues à partir d'un modèle de régression logistique tendent toutefois à indiquer que le modèle linéaire sous-estime la variabilité génétique de ces caractères. L'absence d'outils logiciels, notamment dans un cadre multicaractère, limite malheureusement encore l'utilisation de modèles plus pertinents.

L'indépendance, voire l'antagonisme génétique, entre mortalité et mortalité naissance-sevrage confirme les résultats obtenus par Huby et al. (2003) en population Large White. De même, les relations différentes entre la mortalité et NT vs NV sont tout à fait similaires aux relations obtenues par Canario et al. (2005) en population Large White. Elles tendent à montrer que, si une sélection sur NT conduit à une réponse corrélative défavorable sur la mortalité, une sélection sur NV n'aurait pas cet inconvénient. Par contre, aucun des deux critères ne permet d'éviter une dégradation de la survie naissance-sevrage.

Le faible rôle des gènes des porcelets et le rôle majeur des effets maternels sur la croissance pré-sevrage mis en évidence dans cette étude est en accord avec les résultats de Kaufmann et al. (2000). Si ces effets maternels sont exclusivement liés à la mère à la naissance, ils semblent dépendre davantage de la nourrice au sevrage. Ce résultat doit toutefois être interprété avec une certaine prudence compte tenu du caractère non aléatoire et de la faible proportion des adoptions.

Les faibles corrélations entre effets directs et maternels sur le poids à la naissance sont en accord avec les résultats de Kaufmann et al. (2000). L'antagonisme génétique est par contre beaucoup plus marqué au sevrage que dans cette

même étude. La différence pourrait être en partie liée aux différences de prolificité entre les deux études (13,6 contre 10,2 porcelets nés totaux par portée); l'accroissement de taille de portée peut, du fait d'une compétition accrue entre porcelets, exacerber l'antagonisme génétique entre effets directs et maternels (Roehe, 1999). L'antagonisme génétique entre les effets de la mère et de la nourrice apparaît quant à lui plus difficile à expliquer.

Les corrélations négatives entre la prolificité des truies et les effets maternels sur la croissance pré-sevrage, tendent à montrer que l'augmentation de la prolificité des truies conduit à une réduction du poids à la naissance et de la croissance des porcelets en allaitement. Celle-ci peut être partiellement atténuée par une réponse positive sur les effets directs et/ou par une réponse corrélative à une sélection sur la croissance post-sevrage, comme le suggèrent les résultats de Tribout et al. (2003). Les relations génétiques négatives entre les effets maternels sur la croissance en allaitement et le taux de mortalité naissance-sevrage semblent indiquer qu'une réduction des poids et de la croissance des porcelets en allaitement aurait des conséquences défavorables sur leur survie. Ce résultat est en accord avec les relations phénotypiques entre le poids des porcelets et leur probabilité de survie (e.g. Roehe et Kalm, 2000), mais est en désaccord avec Knol et al. (2002), qui suggèrent qu'une réduction des poids à la naissance pourrait avoir des effets favorables sur la survie des porcelets si elle est associée à une plus grande maturité physiologique des nouveaux-nés.

#### CONCLUSION

Cette étude contribue à une meilleure connaissance de la variabilité génétique des caractères de reproduction et de croissance pré-sevrage. Elle met une nouvelle fois en évidence la complexité des relations entre caractères et le rôle essentiel des aptitudes maternelles de la truie sur la survie et la croissance de ses porcelets. S'il apparaît qu'une sélection sur les porcelets nés vivants peut permettre de contrôler la mortalité, des travaux restent nécessaires pour mieux connaître les principaux facteurs de variation de la mortalité naissance-sevrage et proposer les critères de sélection les plus pertinents.

#### REMERCIEMENTS

Ce travail a été réalisé dans le cadre d'un stage de fin d'études d'ingénieur agronome, financé par Nucléus et encadré par Nucléus et l'INRA. Un grand merci aux encadrants et à l'éleveur qui a rassemblé toutes ces données pendant 5 ans.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Canario, L., Roy, N., Gruand, J., Bidanel, J.P., 2006. Genetic variation of farrowing kinetics traits and relationships with litter size and perinatal mortality in French Large White sows. *J. Anim. Sci.*, (accepté).
- Damgaard, L.H., Rydhmer, L., Lovendhal, P., Grandinson, K., 2003. Genetic Parameters for Within-litter Variation in piglet Birth Weight and Change in Within-litter Variation During Suckling. *J. Anim. Sci.*, 81, 604-610.
- Gilmour, A.R. et Cullis, B.R., 2002. ASREML Reference Manual Release 1.10. Edition VSN International 234p.
- Huby, M., Gogué, J., Maignel, L., Bidanel, J.P., 2003. Corrélations génétiques entre les caractéristiques numériques et pondérales de la portée, la variabilité du poids des porcelets et leur survie entre la naissance et le sevrage. *J. Rech. Porc.*, 35, 293-300.
- Kaufmann, D., Hofer, A., Bidanel, J.P., Künzi, N., 2000. Genetic Parameters for Individual Birth and Weaning Weight and for Litter Size of Large White Pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, 117, 121-128.
- Knol E.F., Leenhouwers, J.I., Van der Lende, T., 2002. Genetic Aspects of Piglet Survival, *Livestock Production Science*, 78, 47-55.
- Neumaier, A. et Groeneveld, E., 1998. Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. *Genet. Sel. Evol.*, 30, 3-26.
- Roehe, R., 1999. Genetic Determination of Individual Birth Weight and Its Association with Sow Productivity Traits Using Bayesian Analyses. *J. Anim. Sci.*, 77, 330-343.
- Roehe, R., et Kalm, E., 2000. Estimation of Genetic and Environmental Risk Factors Associated with Pre-weaning Mortality in Piglets using Generalized Linear Mixed Models. *Anim. Sci.*, 70, 227-240.
- Rothschild, M.F. et Bidanel, J.P., 1998. Biology and genetics of reproduction. In: *Genetics of the Pig*. CAB International, Oxford, p. 313-343.
- Tribout, T., Caritez, J.C., Gogué, J., Gruand, J., Billon, Y., Bouffaud, M., Lagant, H., Le Dividich, J., Thomas, F., Quesnel, H., Guéblez, R., Bidanel, J.P., 2003. Estimation, par utilisation de semence congelée, du progrès génétique réalisé en France entre 1977 et 1998 dans la race porcine Large White: résultats pour quelques caractères de reproduction femelle. *J. Rech. Porc.*, 35, 285-292.