

Paramètres génétiques du nombre de porcelets nés vivants par portée et relations avec les caractères du contrôle en ferme dans les populations porcines Large White type femelle et Landrace Français

Thierry TRIBOUT, Jean-Pierre BIDANEL

INRA, UR337 Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas

thierry.tribout@jouy.inra.fr

Paramètres génétiques du nombre de porcelets nés vivants par portée et relations avec les caractères du contrôle en ferme dans les populations porcines Large White type femelle et Landrace Français

Les paramètres génétiques du nombre de porcelets nés vivants par portée en 1^{ère}, 2^{ème} et 3^{ème} portées (NNV1, NNV2 et NNV3, respectivement) ainsi que les corrélations génétiques (r_g) et phénotypiques avec l'âge et l'épaisseur de lard ajustés à 100 kg mesurés en élevages de sélection sur les jeunes candidats à la reproduction (A100 et L100, respectivement) ont été estimés dans les populations maternelles Large White type femelle (LWf) et Landrace Français (LF) à l'aide d'une procédure REML appliquée à un modèle animal multicaractère. Les données de 110 026 portées LWf, de 82 496 portées LF, et les performances de production de 255 934 candidats LWf et de 194 270 candidats LF enregistrées entre 1997 et 2006 ont été considérées dans les analyses. Les résultats obtenus sont très proches dans les deux populations. Les héritabilités estimées pour la taille de la portée à la naissance varient entre $0,10 \pm 0,01$ et $0,13 \pm 0,01$. NNV2 et NNV3 sont très fortement corrélés entre eux ($r_g = 0,94 \pm 0,03$ en LF et $0,95 \pm 0,02$ en LWf), mais présentent des corrélations génétiques plus faibles avec NNV1 (r_g de l'ordre de $0,70 \pm 0,04$). Un léger antagonisme génétique, semblant se renforcer avec le rang de la portée, a été observé entre L100 et la prolificité ($r_g = 0,09 \pm 0,02$ avec NNV1 et $r_g = 0,20 \pm 0,01$ avec NNV3 en LWf). Un antagonisme génétique plus marqué a été trouvé entre A100 et le nombre de porcelets nés vivants par portée (r_g comprises entre $0,28 \pm 0,03$ et $0,32 \pm 0,03$).

Genetic parameters of number of piglets born alive per litter and relationships with production traits measured on-farm in the French Landrace and Large White maternal pig populations

Genetic parameters of number of piglets born alive per litter recorded in first, second and third parity litters (NNV1, NNV2, NNV3, respectively), as well as their genetic (r_g) and phenotypic correlations with age and average backfat thickness at 100 kg live weight measured on-farm on young candidates (A100 and L100, respectively) were estimated in Large White female line (LWf) and French Landrace (FL) pig breeds. REML procedures applied to a multiple trait animal model were used. The data consisted of 110 026 LWf and 82 496 FL litters, and 255 934 LWf and 194 270 FL records for A100 and L100. Heritability estimates for litter size at birth ranged from 0.10 ± 0.01 to 0.13 ± 0.01 . NNV2 and NNV3 showed genetic correlations close to 1 ($r_g = 0.94 \pm 0.03$ in FL and 0.95 ± 0.02 in LWf), but were genetically correlated to a lesser extent with NNV1 ($r_g \approx 0.70 \pm 0.04$), indicating that reproductive performance in first parity litters should be regarded as a trait different from reproductive performance in later parities. Low unfavourable genetic correlations between L100 and the litter size at birth were estimated, the relation reinforcing for increasing parity (e.g., r_g augmented from 0.09 ± 0.02 to 0.20 ± 0.01 from the first to the third parity in LWf). A stronger genetic antagonism was found between A100 and the number of piglets born alive per litter (r_g ranged from 0.28 ± 0.03 to 0.32 ± 0.03).

INTRODUCTION

Les populations porcines Large White type femelle (LWf) et Landrace Français (LF) sont sélectionnées selon un objectif combinant des caractères de production, le nombre de tétines fonctionnelles et le nombre de porcelets nés vivants par portée. Depuis 1995, l'estimation des valeurs génétiques pour la prolificité repose sur un modèle à répétabilité et est réalisée indépendamment de l'évaluation génétique des autres caractères (Tribout et al., 1998). Ces choix méthodologiques reposent sur deux hypothèses principales : l'indépendance génétique de la taille de la portée vis-à-vis des caractères de production, et un déterminisme génétique identique pour la prolificité pour tous les rangs de portée. Lors de la mise en place du dispositif d'évaluation génétique national, la première de ces hypothèses était étayée par de nombreux résultats de la littérature - voir par exemple la revue de Brien (1986) - et le modèle animal à répétabilité était communément utilisé pour l'évaluation génétique de la prolificité.

Cependant, les dernières estimations de corrélations entre caractères de production et de reproduction réalisées dans les populations LWf et LF sont aujourd'hui anciennes (Ducos et Bidanel (1996)) et, compte tenu de l'évolution génétique importante de ces populations (Tribout et al., 2003 et 2004), il est possible que les relations génétiques entre ces caractères se soient modifiées sensiblement. Par ailleurs, plusieurs auteurs remettent aujourd'hui en cause l'utilisation du modèle à répétabilité pour l'évaluation génétique de la prolificité au profit de modèles multicaractère (Hermesch et al., 2000 ; Serenius et al., 2003 ; Arango et al., 2005).

L'objectif de la présente étude est d'étudier dans les populations LWf et LF les relations génétiques entre portées successives pour le nombre de porcelets nés vivants par portée, et de réaliser une nouvelle estimation des liaisons génétiques entre la prolificité et les deux caractères de production mesurés lors du contrôle en ferme. Ces résultats contribueront à vérifier si les modèles de description des données utilisés depuis 1995 sont toujours adaptés, ou au contraire si des améliorations sont nécessaires.

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Origine et structure des données

Les informations utilisées dans cette étude proviennent des élevages de sélection LWf et LF participant au dispositif national d'évaluation génétique collectif (Tribout et al., 1998).

Les performances pour les deux caractères de production considérés - l'âge et l'épaisseur de lard ajustés à 100 kg (A100 et L100, respectivement) - ont été mesurées dans le cadre du contrôle en ferme sur les jeunes mâles et femelles candidats à la sélection. Ces individus ont été élevés dans des bandes successives et nourris à volonté pendant toute la période d'engraissement (une bande étant définie comme un groupe d'au moins 18 individus de même sexe et de même type génétique, nés sur une période d'amplitude inférieure à deux semaines et engraisés sur un même site). A la fin du contrôle (vers 145 jours d'âge en moyenne), les animaux ont été pesés et leur épaisseur de lard dorsal mesurée à l'aide d'un appareil à ultrasons. Les variables A100 et L100 ont ensuite été calculées à l'aide des équations établies par Jourdain et al. (1989).

Le nombre de porcelets nés vivants par portée a été enregistré dans le cadre de la gestion technique des troupeaux de truies, sur des femelles conduites en bandes généralement espacées de 3 semaines. Seules les performances des femelles en 1^{ère}, 2^{ème} et 3^{ème} portées ont été utilisées dans l'étude, les 3 tailles de portée étant considérées comme 3 caractères différents (NNV11, NNV12 et NNV13, respectivement).

L'analyse de l'ensemble des données de contrôle en ferme et de taille de portée des individus LWf et LF contenues dans la base nationale s'avérant impossible pour des raisons de capacité de calcul, nous nous sommes limités dans cette étude aux performances enregistrées entre début 1997 et fin 2006 sur les jeunes candidats et les reproductrices nés dans un échantillon d'élevages de sélection et sur les contemporaines de mise bas de ces dernières (éventuellement en multiplication). L'échantillon d'élevages considéré était constitué des 17 et 18 plus gros élevages de sélection LWf et LF, actifs pendant au moins 8 ans sur la période d'étude. Les principales Organisations de Sélection Porcines collectives y étaient représentées.

Tableau 1 - Nombre de performances retenues et statistiques élémentaires pour les caractères considérés dans l'étude en race Large White type femelle et Landrace Français

		Age à 100 kg	Epaisseur de lard à 100 kg	Nombre de nés vivants en 1 ^{ère} portée	Nombre de nés vivants en 2 ^{ème} portée	Nombre de nés vivants en 3 ^{ème} portée
Landrace Français	Nombre d'individus avec performance	194 270	194 270	33 377 (dont 23 245 avec perf. de production)	26 755 (dont 17 317 avec perf. de production)	22 364 (dont 13 327 avec perf. de production)
	Moyenne	155,3	11,1	11,54	11,42	12,15
	Ecart-type	12,2	1,8	3,06	3,28	3,22
Large White type femelle	Nombre d'individus avec performance	255 934	255 934	43 890 (dont 32 556 avec perf. de production)	36 252 (dont 24 923 avec perf. de production)	29 884 (dont 18 770 avec perf. de production)
	Moyenne	153,6	11,5	12,00	12,44	13,04
	Ecart-type	12,0	1,8	3,41	3,47	3,40

Les fichiers d'analyse ont été constitués de la manière suivante. Tout d'abord, l'ensemble des femelles LWf et LF disposant à la fois de performances de production mesurées entre 1997 et 2006 dans les 17 élevages LWf et les 18 élevages LF et d'au moins une performance de reproduction (NNVI1, NNVI2 ou NNVI3) enregistrée en élevage de sélection ou de multiplication ont été extraites de la base nationale porcine génétique. Dans un second temps, tous leurs contemporains mâles et femelles de contrôle en ferme, ainsi que les truies LWf et LF ayant eu leurs 1^{ère}, 2^{ème} ou 3^{ème} portées les mêmes années et dans les mêmes troupeaux que ces femelles ont été ajoutés au fichier précédemment créé. Enfin, le fichier de généalogie nécessaire aux analyses a été constitué en recherchant les ascendants des animaux disposant de performances sur 5 générations.

Au final, pour la période retenue, les performances considérées dans l'étude représentent environ 60% de l'ensemble des données de contrôle en ferme et des mises bas de 1^{er}, 2^{ème} ou 3^{ème} rang de portée des femelles nées en sélection pour la population LWf, et 80% pour la population LF.

Le nombre de performances analysées et les statistiques élémentaires pour chacun des caractères considérés dans l'étude sont présentés pour les deux populations dans le tableau 1.

1.2. Analyses statistiques

Les composantes de variance et de covariance ont été estimées à l'aide de la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (REML) appliquée à un modèle animal. Les analyses ont été conduites de manière indépendante dans les deux populations,

à l'aide du logiciel VCE (version 4.5 – Neumaier et Groeneveld, 1998). Pour des raisons calculatoires, les analyses ont été faites en considérant les caractères pris deux à deux, à savoir A100-NNVI1, A100-NNVI2, A100-NNVI3, L100-NNVI1, L100-NNVI2, L100-NNVI3, NNVI1-NNVI2, NNVI1-NNVI3 et NNVI2-NNVI3.

Le modèle utilisé pour les deux caractères de production incluait l'effet fixe de la bande d'engraissement, l'effet aléatoire de l'environnement commun aux individus nés dans une même portée et l'effet génétique additif individuel. Le modèle d'analyse de NNVI1, NNVI2 et NNVI3 incluait pour sa part le mois de mise bas et la combinaison de l'élevage, de l'année de mise bas et du type de fertilisation (insémination artificielle ou monte naturelle) en tant qu'effets fixes, l'âge de la truie à la mise bas en tant que covariable, ainsi que les effets aléatoires du verrat père de la portée et de la valeur génétique additive individuelle. Les niveaux d'effet élevage*année*type de fertilisation de moins de 19 observations ont été regroupés intra-année. Le nombre de niveaux pour chacun des effets considérés pour chaque caractère est indiqué dans le tableau 2.

2. RESULTATS

Les analyses ayant été réalisées en considérant les caractères pris 2 à 2, plusieurs estimations ont été obtenues pour les composantes de variance (3 estimations pour chaque caractère et chaque composante). Cependant, les différentes estimées d'un même paramètre étant très proches les unes des autres, seuls les résultats moyens sont présentés dans le tableau 3.

Tableau 2 - Structure des fichiers analysés en Landrace Français et Large White type femelle

	Nombre de niveaux pour l'effet	Age et épaisseur de lard à 100 kg	Nombre de porcelets nés vivants en :		
			1 ^{ère} portée	2 ^{ème} portée	3 ^{ème} portée
Landrace Français	bande de contrôle	3 822	-	-	-
	portée de naissance	36 149	-	-	-
	E x A x TF ⁽¹⁾	-	492	397	341
	verrat	-	3 057	2 733	2 471
Large White type femelle	bande de contrôle	4 194	-	-	-
	portée de naissance	45 990	-	-	-
	E x A x TF ⁽¹⁾	-	547	445	408
	verrat	-	3 446	3 296	2 999

⁽¹⁾Elevage x Année de mise bas x Type de Fertilisation

Tableau 3 - Estimées (\pm erreurs standards) des héritabilités (h^2) et des parts de variance expliquées par le verrat (v^2) ou par la portée de naissance (p^2), et valeurs des écarts types phénotypiques (σ_{ph}) après correction pour les effets fixes

		Age à 100 kg	Épaisseur de lard à 100 kg	Nombre de porcelets nés vivants en :		
				1 ^{ère} portée	2 ^{ème} portée	3 ^{ème} portée
Landrace Français	h^2	0,33 \pm 0,01	0,45 \pm 0,01	0,10 \pm 0,01	0,10 \pm 0,01	0,12 \pm 0,01
	v^2	-	-	0,02 \pm 0,01	0,01 \pm 0,01	0,01 \pm 0,01
	p^2	0,10 \pm 0,01	0,06 \pm 0,01	-	-	-
	$\sigma_{ph}^{(1)}$	9,1 jours	1,47 mm	3,0 porcelets	3,2 porcelets	3,2 porcelets
Large White type femelle	h^2	0,31 \pm 0,01	0,44 \pm 0,01	0,11 \pm 0,01	0,11 \pm 0,01	0,13 \pm 0,01
	v^2	-	-	0,02 \pm 0,01	0,01 \pm 0,01	0,02 \pm 0,01
	p^2	0,09 \pm 0,01	0,06 \pm 0,01	-	-	-
	$\sigma_{ph}^{(1)}$	10,0 jours	1,36 mm	3,3 porcelets	3,3 porcelets	3,3 porcelets

⁽¹⁾ pas d'erreur standard disponible pour l'écart-type phénotypique

Les caractères de production ont des héritabilités moyennes (environ $0,45 \pm 0,01$ pour L100 et $0,32 \pm 0,01$ pour A100). Le nombre de porcelets nés vivants par portée est plus faiblement héritable (h^2 de l'ordre de $0,11 \pm 0,01$), et les valeurs d'héritabilité estimées pour les 3 rangs de portée considérés dans l'étude sont voisines. On constate cependant que NNVI3 est légèrement plus héritable que NNVI1 et NNVI2 dans les deux populations (cette différence est significative).

La part de la variance due à l'effet de la portée de naissance sur les performances de production est faible (environ 6% et 10% de la variance phénotypique pour L100 et A100, respectivement). De même, l'effet du verrat père de la portée n'explique que 1 à 2 pour cent de la variabilité du nombre de porcelets nés vivants.

Les corrélations génétiques et phénotypiques estimées entre A100, L100 et le nombre de porcelets nés vivants par portée sont présentées dans le tableau 4. Ces estimations sont très proches dans les deux populations. Les caractères de production semblent phénotypiquement indépendants de la prolificité, mais présentent des corrélations génétiques légèrement défavorables avec la taille de portée. Cet antagonisme est plus marqué pour A100 que pour L100 (corrélation génétique avec le nombre de porcelets nés vivants de l'ordre de 0,30 pour A100 vs 0,14 en moyenne pour L100). La liaison génétique entre A100 et NNVI semble constante, quel que soit le rang de la portée considéré ; en revanche, l'antagonisme génétique entre L100 et NNVI semble se renforcer progressivement de la première à la troisième portée (en LWf par exemple, $r_g = 0,09 \pm 0,02$, $0,13 \pm 0,01$ et $0,20 \pm 0,01$ entre L100 et NNVI1, NNVI2 et NNVI3, respectivement).

Les corrélations estimées entre NNVI1, NNVI2 et NNVI3, présentées dans le tableau 5, sont identiques dans les deux races étudiées. Les tailles des trois portées sont phénotypiquement peu corrélées entre elles (corrélations phénotypiques de l'ordre de 0,15) mais sont génétiquement très liées. La corrélation génétique entre NNVI2 et NNVI3 est proche de 1, mais le nombre de porcelets nés vivants en première mise bas semble être moins fortement liée à la taille des deux portées suivantes ($r_g \sim 0,70 \pm 0,04$).

3. DISCUSSION ET CONCLUSION

Les héritabilités et les effets d'environnement commun (p^2) pour les caractères de production A100 et L100 sont proches des valeurs précédemment obtenues dans les mêmes populations par Ducos et Bidanel (1996) et par Maignel (2001 – résultats non publiés). Ces valeurs sont également cohérentes avec les moyennes de la littérature (Clutter et Brascamp, 1998). De même, les estimations d'héritabilité obtenues pour le nombre de porcelets nés vivants par portée sont proches des précédentes estimations de Beauvois et al. (1997) et Ducos et Bidanel (1996) dans les populations LWf et LF, ainsi que des valeurs généralement obtenues par les autres auteurs : voir la revue de Rothschild et Bidanel (1998), ou plus récemment Hermes et al. (2000), Chen et al. (2003), Fernandez et al. (2006), Holm et al. (2004) ou encore Noguera et al. (2002). Nos estimations pour la part de variance associée au verrat père de la portée sont également en accord avec les résultats de Beauvois et al. (1997) qui concluaient que cet effet, bien que n'expliquant qu'environ 1% de la variance phénotypique, améliorerait significativement la valeur prédictive du modèle d'évaluation génétique.

Tableau 4 - Corrélations génétiques et phénotypiques entre caractères de production et nombres de porcelets nés vivants pour les 3 premiers rangs de portée

		Nombre de porcelets nés vivants en :		
		1 ^{ère} portée	2 ^{ème} portée	3 ^{ème} portée
Landrace Français	Age à 100 kg	$0,28 \pm 0,03^{(1)}$ <i>(0,01)⁽²⁾</i>	$0,32 \pm 0,03$ <i>(0,01)</i>	$0,31 \pm 0,03$ <i>(0,02)</i>
	Epais. de lard à 100 kg	$0,09 \pm 0,03$ <i>(0,00)</i>	$0,12 \pm 0,03$ <i>(0,01)</i>	$0,16 \pm 0,03$ <i>(0,03)</i>
Large White type femelle	Age à 100 kg	$0,31 \pm 0,02$ <i>(0,02)</i>	$0,31 \pm 0,03$ <i>(0,01)</i>	$0,28 \pm 0,03$ <i>(0,01)</i>
	Epais. de lard à 100 kg	$0,09 \pm 0,02$ <i>(0,02)</i>	$0,13 \pm 0,01$ <i>(0,01)</i>	$0,20 \pm 0,01$ <i>(0,03)</i>

⁽¹⁾corrélations génétiques \pm erreur standard ; ⁽²⁾corrélations phénotypiques (pas d'erreur standard disponible)

Tableau 5 - Corrélations génétiques et phénotypiques entre les nombres de porcelets nés vivants aux 3 premiers rangs de portée

			Nombre de porcelets nés vivants en :	
			2 ^{ème} portée	3 ^{ème} portée
Landrace Français	Nombre de porcelets nés vivants en :	1 ^{ère} portée	$0,74 \pm 0,04^{(1)}$ <i>(0,14)⁽²⁾</i>	$0,72 \pm 0,04$ <i>(0,15)</i>
		2 ^{ème} portée	-	$0,94 \pm 0,03$ <i>(0,17)</i>
Large White type femelle	Nombre de porcelets nés vivants en :	1 ^{ère} portée	$0,71 \pm 0,03$ <i>(0,16)</i>	$0,69 \pm 0,02$ <i>(0,15)</i>
		2 ^{ème} portée	-	$0,95 \pm 0,02$ <i>(0,23)</i>

⁽¹⁾corrélations génétiques \pm erreur standard ; ⁽²⁾corrélations phénotypiques (pas d'erreur standard disponible)

Actuellement, l'évaluation génétique des populations LWf et LF pour le nombre de porcelets nés vivants par portée repose sur l'utilisation d'un modèle animal à répétabilité. Le recours à ce type de modèle est justifié si les composantes de la variance et leurs rapports sont identiques pour tous les rangs de portée, et si les différentes performances d'une truie sont l'expression d'un même caractère d'un point de vue génétique.

Nos résultats suggèrent cependant une héritabilité très légèrement croissante pour le nombre de porcelets nés vivants en fonction du rang de portée de la truie. Arango et al. (2005), Noguera et al. (2002) et Fernandez et al. (2006) ont obtenu des résultats similaires dans des populations Large White et Landrace. Cependant, les estimations obtenues dans la présente étude sont le résultat d'analyses bi-caractère, ne prenant en compte pour chacune d'entre elles qu'une partie seulement de l'information utilisée pour la sélection. On ne peut donc totalement exclure que nos paramètres soient biaisés, et que cette différence d'héritabilité entre rangs de portée ne soit qu'un artefact.

Les corrélations génétiques estimées dans la présente étude entre NNVI2 et NNVI3 sont extrêmement élevées ($0,94 \pm 0,03$ et $0,95 \pm 0,02$ en LF et LWf, respectivement). En revanche, NNVI1 apparaît dans les deux populations génétiquement moins lié à la taille de portée aux rangs suivants ($r_g \approx 0,70 \pm 0,04$). Ceci semble indiquer que le déterminisme génétique du nombre de porcelets nés vivants diffère entre la première portée et les portées suivantes. Des résultats très similaires ont été obtenus par Arango et al. (2005), Hermesch et al. (2000) ou encore Serenius et al. (2003) en Large White et Landrace, ces auteurs concluant sur la nécessité de considérer la première portée et les portées ultérieures comme deux caractères distincts. Noguera et al. (2002) et Fernandez et al. (2006), ayant en revanche trouvé des corrélations génétiques nettement plus faibles entre portées non successives de rangs supérieurs à 2 (r_g comprises entre 0,3 et 0,7), recommandent pour leur part l'utilisation d'un modèle strictement multicaractère pour l'évaluation génétique de la taille de portée.

Nos résultats semblent donc indiquer qu'un modèle multicaractère serait a priori mieux adapté que le modèle à répétabilité actuellement utilisé pour l'évaluation génétique nationale. Cependant, nous n'avons considéré que les 3 premières portées des femelles. Des analyses complémentaires prenant en compte l'ensemble de la carrière des truies devraient être conduites, afin de juger notamment de la pertinence de distinguer uniquement la première portée des suivantes, ou au contraire de considérer chaque portée comme un caractère différent. Par ailleurs, le gain d'efficacité de la sélection apporté par un tel changement de modèle devra être estimé et mis en balance avec l'augmentation des temps de calculs ainsi engendrée, afin de mesurer l'intérêt d'une telle évolution.

Les corrélations génétiques entre la taille de la portée à la naissance et la vitesse de croissance en engraissement ont été passées en revue par Brien (1986) et Haley et al. (1988), qui ont conclu à l'absence de liaison génétique marquée entre ces caractères. Plus récemment, les études de Arango et al. (2005), Chen et al. (2003), Noguera et al. (2002) et Zhang et al. (2000) confirment ces résultats. Plusieurs auteurs rapportent cependant une relation défavorable plus ou moins forte entre la vitesse de croissance et le nombre de porcelets nés vivants par portée, tels

Ducos et Bidanel (1996) (r_g comprise entre 0,13 et 0,17 en Large White et Landrace Français en 1^{ère} et 2^{ème} portées), Do (2007) ($r_g = 0,17$ en Berkshire), Hermesch et al. (2000) (r_g comprise entre 0,26 et 0,35 selon le rang de portée en Large White et Landrace) et surtout Holm et al. (2004) ($r_g = 0,42 \pm 0,06$ et $0,60 \pm 0,05$ en 1^{ère} et 2^{ème} portée en Landrace). Les valeurs estimées dans la présente étude se situent donc dans la moyenne des valeurs de la littérature.

L'origine de cet antagonisme génétique n'est pas claire. Une hypothèse parfois avancée est que la sélection d'animaux à plus forte vitesse de croissance conduirait à la mise à la reproduction de femelles sexuellement moins matures. Cependant, l'âge moyen à la première mise bas dans les élevages de sélection LWf et LF ne semble pas avoir diminué au cours de la période considérée pour notre étude (source : Le Porc par les Chiffres 1997 et 2006, IFIP), ce qui tend à invalider cette explication.

Les corrélations génétiques entre le nombre de porcelets nés vivants par portée et l'adiposité de la carcasse sont généralement nulles (Holm et al. (2004), Arango et al. (2005), Ducos et Bidanel (1996), Noguera et al. (2002)) ou faiblement défavorables (par ordre croissant de corrélations, Hermesch et al. (2000) : $r_g = 0,10$ à $0,15$ pour les deux premières portées ; Chen et al. (2003) : $r_g \approx 0,20$; Do (2007) : $r_g \approx 0,24$; Zhang et al. (2000) $r_g = 0,19$ à $0,34$). Le léger antagonisme génétique trouvé dans la présente étude est donc en accord avec ces résultats. Des analyses complémentaires, non présentées dans cet article, indiquent que l'adiposité de la carcasse en fin d'engraissement semble génétiquement indépendante du nombre total de porcelets nés (NTOT = nés vivants + morts nés) en première portée ($r_g = 0,02 \pm 0,03$ en LF et $r_g = 0,03 \pm 0,02$ en LWf). Une relation génétique légèrement défavorable a cependant également été trouvée entre L100 et NTOT en 2^{ème} et 3^{ème} portées, d'amplitude toutefois un peu plus faible que celles des corrélations génétiques estimées entre L100 et NVIV (en LF par exemple, $r_g = 0,10 \pm 0,03$ et $0,10 \pm 0,01$ en 2^{ème} et 3^{ème} portées, respectivement). Compte tenu de l'ensemble de ces résultats, le léger antagonisme génétique observé entre l'adiposité de la carcasse et la taille de la portée à la naissance pourrait s'expliquer par une moindre capacité des truies «maigres» à subvenir aux besoins nutritionnels de nombreux embryons en fin de gestation (ayant pour conséquence une augmentation de la mortalité), mais également par un effet défavorable du déficit nutritionnel en fin de lactation de ces truies sur le taux d'ovulation lors de l'oestrus suivant le sevrage ou sur l'implantation des embryons en début de gestation.

On peut noter que les corrélations génétiques estimées dans la présente étude sont environ deux fois plus fortes que celles obtenues par Ducos et Bidanel (1996) dans les mêmes populations dix ans plus tôt. Il est possible que la sélection au cours de cette période selon un objectif de sélection visant à accroître la prolificité tout en diminuant l'adiposité des carcasses se soit traduite par une augmentation des phénomènes de compétition énergétique entre les fonctions de croissance et de reproduction, qui aurait entraîné un renforcement des antagonismes génétiques entre caractères de production et prolificité. Sous cette hypothèse, on peut cependant supposer que cet antagonisme ne se renforcera plus à l'avenir, ou seulement de façon modérée, compte tenu de la forte diminution du poids accordé à la composition de la carcasse dans l'objectif de sélection des populations femelles depuis 2002.

Au vu de ces nouveaux résultats, les évaluations génétiques pour les caractères de production et la prolificité devraient en toute rigueur être réalisées conjointement, et non pas de manière indépendante comme c'est actuellement le cas. Cependant, les valeurs génétiques estimées à partir d'évaluations réalisées selon ces deux modalités en utilisant les paramètres estimés ici se sont révélées très corrélées entre elles, si bien que l'efficacité des schémas de sélection ne devrait qu'être légèrement diminuée par l'hypothèse d'indépendance entre les caractères actuellement faite.

PERSPECTIVES

Les résultats de la présente étude ouvrent plusieurs pistes d'amélioration des modalités actuelles de l'évaluation génétique des populations collectives maternelles. Des études complémentaires seront cependant nécessaires afin de déterminer quels sont les gains, en termes d'efficacité de la sélection, qu'on peut attendre de chacune de ces évolutions et de trouver le meilleur compromis entre efficacité et temps de calculs.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Arango J., Misztal I., Tsuruta S., Culbertson M., Herring W., 2005. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. *J. Anim. Sci.*, 83, 499-506.
- Beauvois E., Labroue F., Bidanel J.P., 1997. Etude de facteurs de variation de la taille de la portée à la naissance dans les races porcines Large White et Landrace Français. Conséquences pour l'évaluation génétique sur la prolificité. *Journées Rech. Porcine en France*, 29, 353-360.
- Brien F.D., 1986. A review of the genetic and physiological relationships between growth and reproduction in mammals. *Anim. Breed. Abstr.*, 54, 975-977.
- Chen P., Baas T.J., Mabry J.W., Koehler K.J., 2003. Genetic correlations between lean growth and litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *J. Anim. Sci.*, 81, 1700-1705.
- Clutter A.C., Brascamp E.W., 1998. Genetics of performance traits. In : M.F. Rothschild and A. Ruvinsky (Eds), *The genetics of the pig*, 427-462. CAB International, Wallingford, UK.
- Do C.H., 2007. Relation of production and reproduction traits in swine. *J. Anim. Sci. Technol.*, 49(3), 303-308.
- Ducos A., Bidanel J.P., 1996. Corrélations génétiques entre caractères de production et de reproduction en élevage dans les races porcines Large White et Landrace Français. *Journées Rech. Porcine en France*, 28, 15-22.
- Fernandez A., Rodriguez M.C., Sillio L., 2006. Genetic evaluation of litter size for multiple parities in a dam line of Large White pigs. *ITEA* 102(2), 122-132.
- Haley C.S., Avalos E., Smith C., 1988. Selection for litter size in the pig. *Anim. Breed. Abstr.*, 56, 317-322.
- Hermesch S., Luxford B.G., Graser H.U., 2000. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs. 3. Genetic parameters for reproduction traits and genetic correlations with production, carcass and meat quality traits. *Livest. Prod. Sci.*, 65, 261-270.
- Holm B., Bakken M., Klemetsdal G., Vangen O., 2004. Genetic correlations between reproduction and production traits in swine. *J. Anim. Sci.*, 82, 3458-3464.
- Jourdain C., Guéblez R., Le Hénaff G., 1989. Ajustement, à poids vif constant, des critères de contrôle en ferme chez le Large White et le Landrace Français. *Journées Rech. Porcine en France*, 21, 399-404.
- Neumaier A., Groeneveld E., 1998. Restricted maximum likelihood of covariances in sparse linear models. *Genet. Sel. Evol.* 30, 3-26.
- Noguera J.L., Varona L., Babet D., Estany J., 2002. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. *J. Anim. Sci.*, 80, 2540-2547.
- Rothschild M.F., Bidanel J.P., 1998. Biology and genetics of reproduction. In : M.F. Rothschild and A. Ruvinsky (Eds), *The genetics of the pig*, 313-343. CAB International, Wallingford, UK.
- Serenius T., Sevon-Aimonen M.L., Mäntysaari E.A., 2003. Effect of service sire and validity of repeatability model in litter size and farrowing interval of Finnish Landrace and Large White populations. *Livest. Prod. Sci.*, 81, 213-222.
- Tribout T., Bidanel J.P., Garreau H., Fleho J.Y., Gueblez R., Le Tiran M.H., Lignesche B., Lorent P., Ducos A., 1998. Présentation du dispositif d'évaluation génétique porcin collectif français pour les caractères de production et de reproduction *Journées Rech. Porcine en France*, 30, 95-100.
- 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. *Journées Rech. Porcine en France*, 35, 285-292.
- Tribout T., Caritez J.C., Gogué J., Gruand J., Bouffaud M., Billon Y., Péry C., Griffon H., Brenot S., Le Tiran M.H., Bussièrès F., Le Roy P., Bidanel J.P., 2004. 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 production et de qualité des tissus gras et maigres. *Journées Rech. Porcine en France*, 36, 275-282.
- Zhang S., Bidanel J.P., Burlot T., Legault C., Naveau J., 2000. Genetic parameters and genetic trends in the Chinese x European Tiameslan composite pig line. I. Genetic parameters. *Genet. Sel. Evol.*, 32, 41-56.