

Modélisation du nombre de mort-nés par portée en élevage de porcs

Paul LASAGESSE (1), Anaïs ROUX (1), François HUSSON (2)

(1) Euronutrition SAS, 72240 Saint-Symphorien, France

(2) Agrocampus Ouest, 35042 Rennes, France

paul.lasagesse@mixscience.eu

Avec la collaboration de David GUILLOU, Mixscience

Modélisation du nombre de mort-nés par portée en élevage de porcs

La mortinatalité en élevage porcin est un caractère complexe, combinant mortalité pré-natale et néonatale. Une base de données, répertoriant les données alimentaires, les performances techniques et les informations sanitaires des truies de la station expérimentale d'Euronutrition (France, 72240) entre 2010 et début 2018 a été utilisée. Cette base recense des informations (250 variables) sur 3607 portées, soit 1030 truies et 72 bandes différentes. Une démarche de modélisation sans a priori pour la sélection des variables explicatives du nombre de mort-nés a validé des facteurs de risque couramment associés à la mortinatalité dans la littérature : taille de portée, rang de portée de la mère et antécédents concernant les mort-nés. Le coefficient de détermination R^2 du modèle retenu s'élevait à 30%. Dans une seconde étude à l'échelle de la bande, les variables contemporaines et postérieures à la mise-bas, telles que la taille de portée ou le nombre de sevrés, ont été retirées de l'analyse pour un objectif de prédiction des variations du nombre de mort-nés. La sélection de variables a fait émerger des variables liées à l'état corporel de la bande et à son passé sanitaire. En pratique, une dégradation du statut sanitaire du troupeau, consécutive à l'évolution du logement en gestation en 2011, a été constatée de façon contemporaine à la période de hausse des mort-nés (2012-2014). Le délai nécessaire à l'adaptation des routines d'élevage et du plan de prophylaxie aux modifications du bâtiment correspondait au pic de mortinatalité, suivi d'une réduction claire du caractère. Nous pouvons donc émettre l'hypothèse d'un lien entre ces événements.

Modelling stillborn piglets per litter in pig herds

Stillbirth, considered as prenatal and early mortality in pig breeding, is a complex phenomenon. A database of sow performance, feeding data and health records from the pig herd at the Euronutrition experimental farm (France, 72240) from 2010-2018 was used. The dataset contained information (250 variables) on 3607 litters from 1030 sows in 72 groups of contemporary sows. An initial exploratory model led to the selection of variables associated with stillbirth previously reported in the literature: litter size, sow parity and number of piglets stillborn in the previous farrowing. The coefficient of determination (R^2) reached 30%. In a second study at the herd scale, variables related to sows and piglets during and after farrowing were removed from the model to build a predictive model of stillbirth. Variable selection favored variables associated with the health history and body condition status of the sow described at the group level. Herd sanitary status started to deteriorate after the sow housing system changed in 2011, which was also the period with the highest rate of stillbirths (2012-2014). The time required to adapt management practices and the prophylactic plan to the new housing conditions corresponded to the increase in stillbirths, so we hypothesise the existence of a relationship between these events.

INTRODUCTION

La mortinatalité considérée comme la mortalité pré- et néonatale, est un problème qui accompagne l'augmentation constante de la prolificité des truies (IFIP, 2016). A l'échelle nationale, le nombre de mort-nés (MN) par portée est passé de 0,7 en 1995 à 1,1 en 2015 (IFIP, 2016). La taille de portée (nés vifs + mort-nés) est quant à elle passée de 11,8 à 14,7 porcelets. Cette préoccupation existait déjà au début des années 2000 (Le Cozler *et al.*, 2002), et ces auteurs prévoient une dégradation du taux de mortinatalité.

Parmi les facteurs de risques de taux de MN, il existe des paramètres directement liés à la truie : sa génétique (Raguvaran *et al.*, 2017), sa parité et prolificité (Vaillancourt *et al.*, 1994; Le Cozler *et al.*, 2002; Baxter *et al.*, 2009; Rangstrup-Christensen *et al.*, 2017). Les paramètres environnementaux tels que la saison ou le moment de la journée ont une influence sur la viabilité des porcelets (Le Cozler *et al.*, 2002 ; Pandolfi *et al.*, 2017). Des facteurs humains (assistance fournie à la mise bas, déclenchement de la mise bas) vont aussi influencer la proportion de nés vifs (Le Cozler *et al.*, 2002; Nguyen *et al.*, 2011).

Sur la période 2012-2014, la station expérimentale d'Euronutrition à Saint-Symphorien (72) a connu une augmentation du nombre de mort-nés atteignant le niveau de 1,35 MN par portée, pour une prolificité moyenne de 14,9 nés totaux. Le but de cette étude est d'identifier et d'analyser les causes ayant provoqué la hausse de mortinatalité à travers une approche naïve de sélection de modèles statistiques.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Support de l'étude

La liste des acronymes utilisés dans l'article est présentée dans le tableau 1.

1.1.1. Définition d'un mort-né

Un mort-né (MN) est considéré d'après la définition de l'IFIP (IFIP, 2008 ; Boulot *et al.*, 2016) comme étant un porcelet mort avant ou pendant la naissance et n'ayant pas respiré. Les momifiés ne sont pas considérés dans cette catégorie. A l'échelle de la bande, la mortinatalité est le nombre de MN moyen par bande.

1.1.2. Bases de données utilisées

L'étude a porté sur les données de la station expérimentale d'Euronutrition, répertoriant 8 ans de données collectées entre juin 2010 et juin 2018. Cela représente l'équivalent de 3607 portées, soit 1030 truies et 72 bandes différentes. Cet élevage est conduit en quatre bandes de 55 truies. Pour répondre à la problématique, une base de données a été construite à l'échelle de la portée, regroupant des informations liées aux performances des truies (reproduction, mise bas, et lactation), aux conditions de mise bas, à leur état de santé contemporain et passé et à leur alimentation. Cette base comporte 250 variables différentes. Une deuxième base de données a été construite à l'échelle de la bande de mise bas. Elle reprend les informations de la précédente, agrégées à l'échelle de la bande. Pour la majorité des variables dites numériques, le critère d'agrégation a été la moyenne. Seules les variables de comptage d'événements sanitaires ont une agrégation différente.

Les variables de comptage pour lesquelles 90% des truies présentaient des valeurs identiques ont été retirées de l'étude. Cela a abouti au retrait de 56 variables. Ces variables étaient associées à des événements sanitaires très rares dans la base (ex : nombre de blessures à la mamelle par truie). Le but étant de faire ressortir les événements courants associés aux MN mort-nés, de façon à donner des outils de pilotage simples en élevage.

Tableau 1 – Liste des acronymes utilisés

Acronyme	Signification
adopte	nombre de porcelets adoptés par la truie
Age	âge de la truie
ELD_28	épaisseur de lard dorsal 28 jours après l'IA
EMD_IA,28	épaisseur de muscle dorsal à l'IA, 28 jours après l'IA
IA	insémination artificielle
fievre_hist	nombre de truies par bande ayant déjà connu un passage fiévreux
M1j	porcelets morts à 1 jour de vie
MN	mort-né
MN_hist	total des MN issus de la truie dans sa carrière
MN_moy_hist	nombre moyen de MN produits sur la carrière de la truie
MN_prec	nombre de MN sortis lors de la précédente MB
NesTotaux_hist	total des porcelets nés dans la carrière de la truie
NesTotaux_moy_hist	taille de portée moyenne sur la carrière de la truie
P_112.NET	poids de la truie à J112 corrigé du poids de portée
P_SEV	poids de la truie au sevrage
P_SevMB.NET	évolution du poids de la truie entre J112 après l'IA et la MB corrigé du poids de portée
PBJ85J112	ingestion de protéine brute entre 85 et 112 jours après l'IA
PdsPorteeA	poids de portée de la portée après adoption
PM_Porc_N	poids moyen des porcelets nés (morts et vifs)
Rang	rang de portée de la truie
rejete	nombre de porcelets rejetés par la truie
Sevres_hist	nombre de porcelets total sevrés par truie

Une phase de vérification de la qualité de la donnée a été menée à travers la détection de données aberrantes et de données manquantes. Quatre-vingt-cinq pourcents des variables présentaient moins de 25% de données manquantes. Certaines données (138 valeurs sur trois variables) aberrantes ont pu être corrigées par les données brutes retrouvées pour l'occasion. Les autres ont été remplacées par des données manquantes (31 valeurs réparties sur sept variables). Les données manquantes ont été complétées par la moyenne de l'ensemble des truies de la base possédant une valeur pour cette variable. Ce travail sur les données manquantes a été effectué uniquement lors de la phase de présélection. Le travail de présélection de modèle s'est effectué sur 3607 portées pour 193 variables à l'échelle de la portée, et 72 bandes pour 238 variables à l'échelle de la bande.

1.2. Approche de recherche de facteurs de risques

Plusieurs points de vue ont été adoptés dans la sélection de facteurs de risques associés à la mortinatalité. Le premier a été de considérer l'ensemble des 193 variables de la base de données pour expliquer les MN. Dans cette approche, des variables ante mise bas (ex : état de la truie au moment de l'IA) aussi bien que post mise bas (taille de portée, nombre de sevrés) sont gardées pour l'analyse des MN. L'analyse a été menée à l'échelle de la portée (individu statistique). Le but de cette démarche est la détection des indicateurs clés sur lesquels travailler pour réduire le problème. La variable réponse étudiée est le nombre de MN par portée catégorisé en quatre niveaux : zéro, un, deux à trois et quatre et plus.

Un autre point de vue a également été considéré : choisir la bande comme individu statistique. En effet, raisonner le modèle à l'échelle de la bande implique que les critères observés à cette échelle ne sont pas la simple addition de ceux observés à l'échelle des truies. Une bande pourra être comparée à un écosystème au sein duquel des interactions ont lieu. Ce point de vue part aussi du principe que si des facteurs de risques sont bien vérifiés à l'échelle de la truie (prolificité, rang de portée, ...), les bandes sont censées être homogènes entre elles sur quelques-uns de ces critères (ex : rang de portée moyen d'une bande), ayant pour effet d'en gommer les effets. A l'échelle de la truie, l'écart type des rangs s'établissait à 1,80 (3,19 de moyenne) tandis qu'il était de 0,54 (3,08 de moyenne) à l'échelle de la bande. Suivant cette observation, l'influence du rang des truies devrait être moins visible à l'échelle de la bande. Ainsi, l'individu « bande » pourra apporter des clés de compréhension autres que l'individu « truie ». En parallèle du changement d'échelle, les variables post-mise bas ont été mises à l'écart de l'analyse, afin de prédire le nombre de MN moyen par bande. La variable réponse étudiée est ici le nombre moyen de MN par portée.

1.3. Présélection des facteurs de risques

La recherche de facteurs de risques a débuté par une présélection de variables, effectuée par la méthode de forêt aléatoire.

Dans cette étape de présélection, la variable modélisée est le nombre de MN catégorisé à l'échelle de la truie et le nombre moyen de MN par bande à l'échelle du troupeau. Les variables explicatives prises en compte sont l'ensemble des thématiques de variables pour le modèle explicatif (échelle truie) et l'ensemble des variables ante-mise bas pour le modèle prédictif (échelle bande). Cette méthode de sélection permet d'attribuer des importances à chaque facteur (critère de baisse de pouvoir prédictif utilisé). La forêt aléatoire basée sur 500 arbres permet de classer les facteurs par ordre d'importance dans la prédiction de la mortinatalité. Le choix a été fait de garder les vingt variables les plus importantes. (Figure 1), sur la base des ruptures dans les gains de précision.

Pour arbitrer entre les différents paramètres et obtenir le modèle le plus parcimonieux, une sélection exhaustive sur le critère du BIC (bayesian information criterion) suivi d'une étude des corrélations entre ces facteurs a permis de sélectionner un nombre restreint d'indicateurs. Ceux-ci ont aussi été choisis de manière plus experte, sur la base de leur pertinence zootechnique (toujours en tenant compte des corrélations entre variables).

Enfin, deux modèles finaux ont été construits. Un premier « explicatif » et à l'échelle de la truie, de type régression

logistique ordinaire (adaptée à la prédiction du nombre de MN catégorisé), un deuxième « prédictif » à l'échelle de la bande de type régression linéaire multiple (adapté à la prédiction du nombre de MN moyen par bande).

Pour établir les modèles finaux, les bases de données utilisées sont celles sans traitement des données manquantes. Les individus présentant au moins une donnée manquante sur l'ensemble des facteurs sélectionnés ont été retirés. Nous avons donc travaillé sur 3471 individus statistiques à l'échelle de la truie et avec 58 individus à l'échelle de la bande. Une vérification par validation croisée a été effectuée.

1.4. Méthode utilisée dans la constitution de groupe de bandes homogènes

Une analyse complémentaire à la construction des modèles prédictifs et explicatifs a été conduite dans le but de constituer des groupes de bandes homogènes entre elles, puis de les caractériser. Pour ce faire, une analyse factorielle multiple (AFM) suivie d'une classification ascendante hiérarchique (CAH) ont été réalisées.

Les différentes analyses ont été menées via le logiciel R version 3.4.3 et RStudio version 1.0.143. Les packages utilisés sont les suivants : car, randomForest, tidyverse, FactoMiner et MASS.

2. RESULTATS

2.1. Résultat de la phase de présélection de facteurs de risques

La Figure 1 montre le résultat de la présélection, obtenu dans le cadre explicatif.

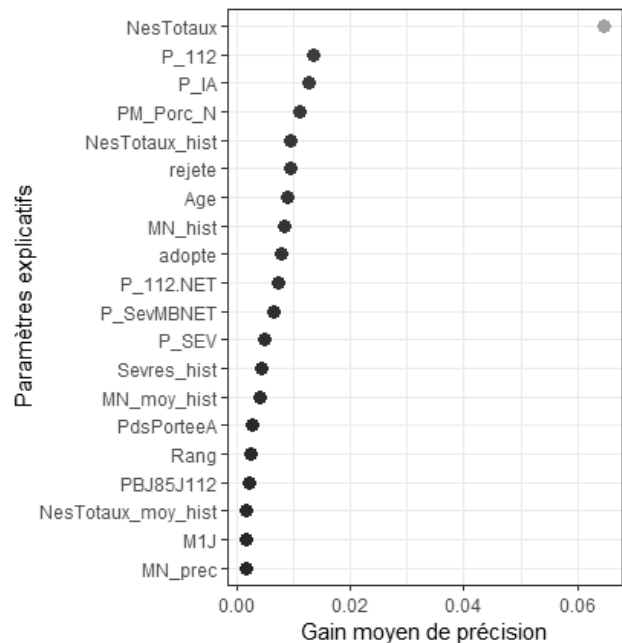


Figure 1 – Classement des facteurs explicatifs des mort-nés par importance des paramètres dans la prédiction des MN

Si la taille de portée semblait être un facteur de risque incontournable, les autres paramètres sont apparus secondaires et équivalents dans leur niveau d'explication de la mortinatalité.

Néanmoins, il a été choisi de poursuivre la construction du modèle final par la recherche d'indicateurs à la fois corrélés aux MN (présents dans la présélection, Figure 1), mais décorrélés entre eux. La sélection exhaustive de modèle a suggéré un

modèle final prenant en compte : les nés totaux, le poids moyen des porcelets, le nombre de porcelets rejetés jusqu'au sevrage, le nombre de porcelets adoptés, MN_hist, PBJ85J112, et le poids de portée après adoptions.

Sachant que la prolificité était le paramètre le plus influant sur le nombre de MN, celui-ci a été gardé d'office. Il est par ailleurs assez lié au poids moyen des porcelets, au nombre de porcelets rejetés et au nombre de porcelets adoptés (corrélations de -0,27, 0,46 et -0,53). Ces paramètres étaient alors écartés du modèle final pour ne pas biaiser les coefficients d'influence. La variable MN_hist est quant à elle remplacée par deux autres indicateurs : MN_prec et le rang de portée pour différencier ce qui relève de l'effet « âge » ou de l'historique en MN. Le poids de portée après adoption présentait de nombreuses données manquantes (15%) ; il est par ailleurs difficile à interpréter car en partie dépendant des pratiques d'adoption. Si le test d'analyse de déviance de type 3 (package car, fonction Anova) montre une influence significative ($P < 0,05$), ce paramètre n'améliore qu'à la marge le modèle (+1% de taux de bon classement). Il a donc été choisi de ne pas l'intégrer dans le modèle explicatif final. Enfin, l'effet de PBJ85J112 s'est révélé non significatif ($P > 0,05$, analyse de déviance).

Le modèle explicatif gardé comporte trois indicateurs : le rang de portée de la truie, sa prolificité et le nombre de MN catégorisé lors de la mise-bas précédente (MN_prec).

Dans le cadre de la modélisation prédictive, la même démarche a été adoptée : présélection de 20 indicateurs par forêt aléatoire, sélection exhaustive sur le critère du BIC et affinage du modèle final. Les paramètres sélectionnés à l'issue de la sélection exhaustive étaient les suivants : fièvre_hist, nombre de truie ayant déjà reçu de l'Amoxiciline (Amox_hist), nombre de truie traitées par de la Spiramycine lors de la lactation précédente (Spira_prec), EMD_IA et EMD_28. Les variables Amox_hist et Spira_prec étant corrélées à fièvre_hist à hauteur de respectivement 0,69 et -0,24, seul fièvre_hist a été conservé. Enfin, concernant les mesures d'EMD, traduisant l'état corporel de la bande en début de gestation, il a été choisi de les remplacer par l'ELD 28 jours après l'IA, car plus fiable dans la mesure (la posture d'une truie stressée entraîne une EMD plus élevée que celle d'une truie calme).

2.2. Un modèle explicatif reprenant les facteurs de risques classiques

2.2.1. Interprétation du modèle

L'approche explicative, dans laquelle tous les paramètres explicatifs ante et post-mise bas ont été gardés, a sélectionné avant tout des facteurs connus de la littérature : la taille de portée (Le Cozler *et al.*, 2002 ; Borges *et al.*, 2005 ; Canario *et al.*, 2007 ; Desrochers, 2013 ; Pandolfi *et al.*, 2017), le rang de portée de la truie (Borges *et al.*, 2005 ; Canario *et al.*, 2007 ; Pandolfi *et al.*, 2017), et le nombre de MN lors de la précédente mise bas (Desrochers, 2013). D'autres paramètres présents dans la présélection tel que le poids des porcelets mais non gardés dans le modèle final sont des facteurs de risques bien connus de la littérature (Canario *et al.*, 2007 ; Raguvaran *et al.*, 2017).

Les trois facteurs issus de la sélection de modèle explicatif avaient une influence significative sur les MN (analyse de la déviance de type 3, $P < 1.10^{-7}$).

Le Tableau 2 présente les résultats du modèle explicatif. Le modèle construit a mis en évidence que l'augmentation du nombre de nés totaux de un, augmente le risque de passer d'une classe de MN à la classe supérieure de 30% (exemple :

passage de 0 à 1 MN et plus ; ou encore, le passage de 0 ou 1 MN, à au moins 2 MN). Les rangs de portée 2 et 3 sont associés à une diminution du risque de respectivement 21% et 22% par rapport au rang 1. Le risque d'augmentation des MN augmente fortement à partir du rang 6 : +79% de risque au rang 6 et 101% aux rangs 7 et plus. La présence de 1 à 2 MN (MN_prec 1-2) lors de la mise bas précédente influence peu le risque de mortalité contemporain. Cependant, la présence d'au moins trois MN dans le cycle précédent (MN_prec 3+) donne 2,59 fois plus de risque d'augmenter la mortalité (Tableau 2).

Tableau 2 – Résultat du modèle explicatif¹ de la mortalité : odds ratio (OR) et intervalles de confiance

	OR	2,5 %	97,5 %
Nés Totaux	1,3	1,275	1,382
Rang 2 ²	0,788	0,496	1,161
Rang 3	0,778	0,573	1,279
Rang 4	1,091	0,811	1,84
Rang 5	1,168	0,899	2,216
Rang 6	1,79	1,273	3,292
Rang 7+	2,006	1,611	4,672
MN_prec ^{2,3} 1-2	1,14	0,765	1,365
MN_prec 3+	2,586	1,546	3,278

¹Régression logistique ordinale

²niveau de référence : truie de rang 1 n'ayant pas d'antécédents en MN.

³MN_prec = mort-nés lors de la mise bas précédente.

2.2.2. Validité du modèle

Le modèle a été testé par validation croisée : 80% des individus pris au hasard ont servi à l'ajustement du modèle. Les valeurs de mortalité du reste des individus ont été estimées puis confrontées aux vraies valeurs. Ce processus a été répété 100 fois. La matrice de confusion présente 49,1% de bon classement, soit 15 points de plus que le hasard. Le pourcentage de prédictions s'éloignant de plus d'une catégorie de MN par rapport au réel (ex : prédiction de un MN pour une catégorie réelle de 4 MN et plus) s'élève à 18,7% (Tableau 3).

Tableau 3 – Matrice de confusion croisant le niveau de MN prédit au réel après validation croisée sur 100 itérations.

		MN prédit			
		0	1	2-3	4+
MN réel	0	36,0 ¹	1,4	5,2	0,1
	1	16,7	1,7	6,9	0,2
	2-3	10,5	1,5	10,5	0,4
	4+	2,3	0,5	5,2	0,9

¹% de valeurs prédites à 0 MN pour un réel de 0 MN, sur les 100 itérations.

2.3. Un modèle prédictif faisant apparaître l'importance du passé sanitaire de la bande

2.3.1. Interprétation du modèle

Dans cette approche, les facteurs de risque post mise bas ont été écartés. Ainsi les paramètres « classiques » tels que la taille de portée ou le poids moyen des porcelets n'ont pas été pris en compte dans la sélection de modèle.

Le résultat issu de la sélection d'indicateurs a donné, dans ce contexte, beaucoup d'importance au passé sanitaire de la bande. La présence dans une bande d'une truie supplémentaire ayant eu des antécédents de fièvre (fièvre_hist) augmente ainsi le nombre de MN moyen de 0,02. Dans la base, 75% des 72

bandes présentait entre 9 et 16 truies ayant déjà eu un passage fiévreux (pour 53 truies par bande en moyenne). Par ailleurs, une épaisseur de lard dorsal moyenne plus élevée 28 jours après l'IA (ELD_28) semblait aussi annoncer un niveau de MN plus élevé (Tableau 4).

Tableau 4 – Résultat du modèle prédictif¹ de la mortalité : coefficients et significativité

Facteur	Coefficient	Ecart-type	Significativité ²
(Intercept)	0,91	0,07	***
fièvre_hist	0,02	0,00	***
ELD_28	0,04	0,02	*

¹Régression linéaire multiple.

²*** : $P < 0,001$; * : $P < 0,05$

2.3.2. Validité du modèle

Après validation croisée (de type *leave-one-out*), le modèle s'est avéré parfait. Le CV-R² (R² après validation croisée) s'élève à 29%. Le modèle a été soumis à d'autres validations (de type 2/3, 1/3). Ces tests ont montré une instabilité relative du modèle concernant l'impact de ELD 28, notamment liée au nombre trop faible d'individus (57 bandes). La figure 2 représente la confrontation du modèle aux données brutes.

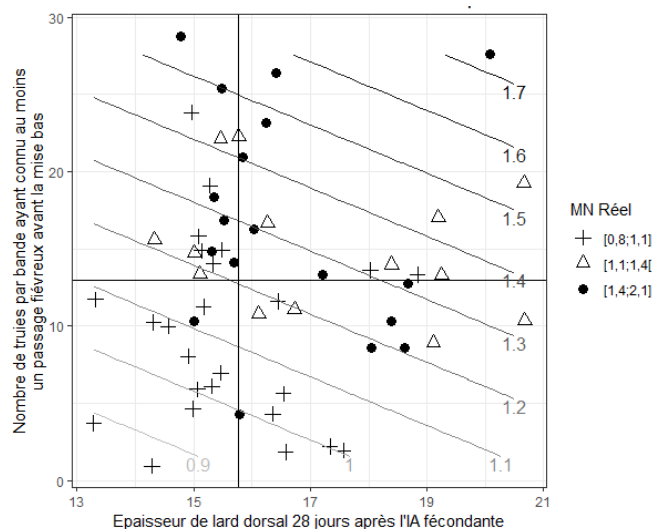


Figure 2 – Représentation du modèle prédictif du nombre moyen de morts nés (MN) par portée. Les lignes de niveaux représentent la prédiction de la mortalité par le modèle, les points (cercles et triangles) sont les valeurs réelles

2.4. Mise en perspective des modèles à travers l'évolution temporelle des facteurs de risques sélectionnés

La figure 2 représente les évolutions conjointes de la mortalité et du nombre de truies par bande ayant eu un passage fiévreux au cours de leur carrière.

La classification des bandes (CAH) a abouti à la formation de trois classes. Aucune variable liée au temps n'était présente. Néanmoins, on peut observer une ségrégation nette des trois classes dans le temps. Chaque classe pouvait ainsi être associée à une période précise sur le graphe : 2010-2012 (P1), 2012-fin 2013 (P2), et après 2014 (P3). Ces classes étaient aussi caractérisées par des niveaux de mortalité différents, correspondant aux périodes de niveau bas, hausse, puis baisse des MN. Cette étude vient donc conforter les conclusions du modèle prédictif : la période associée aux plus hauts niveaux de mortalité correspondait à celle où le nombre de truies ayant connu un passage fiévreux était le plus élevé.

Ces phénomènes se sont déroulés après la mise aux normes du bâtiment d'élevage des truies pour le logement en groupe des truies gestantes en 2011. L'augmentation des MN sur la période 2012-2014 pourrait donc être une conséquence d'un déséquilibre microbien provoqué par le regroupement des truies en gestation.

Ainsi, à travers ces modèles, il est apparu qu'à l'échelle de la truie la mortalité était principalement liée à la taille de portée. L'échelle de la bande a permis d'ajouter une nouvelle grille de lecture et de faire émerger de nouveaux critères : l'état sanitaire global d'une bande et la gestion des réserves corporelles.

Sur la figure 3, les périodes P1, P2, P3 correspondent aux plages de temps occupées par les différentes classes obtenues par CAH. Au sein de ces périodes une droite de régression linéaire est ajustée pour mettre en valeur la tendance d'évolution des indicateurs MN et fièvre_hist sur chacune des classes formées.

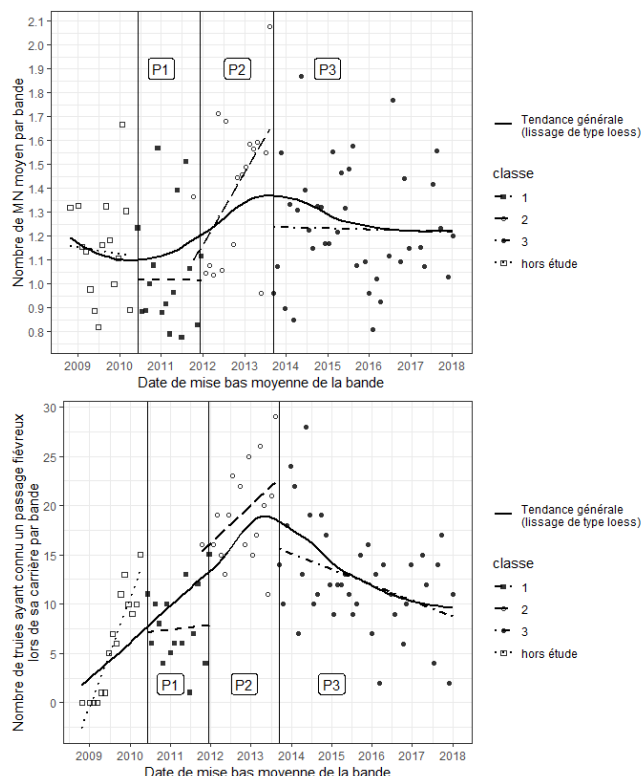


Figure 3 – Evolutions conjointes de la mortalité et du passé fiévreux d'une bande (nombre de truie par bande ayant déjà connu un passage fiévreux) au cours du temps

3. DISCUSSION

3.1. Facteurs de risque retenus

La sélection de variables a nécessité des choix importants, notamment de remplacer dans un premier temps les données manquantes par la moyenne. Cette option, par rapport à l'imputation non paramétrique des données manquantes utilisant les forêts aléatoires (Stekhoven et Bühlmann, 2011), présente l'avantage de ne pas gonfler les corrélations entre facteurs explicatifs et variable cible. Dans les deux cas, une validation croisée est nécessaire à la validation des relations trouvées.

Les modèles explicatifs et prédictifs retenus expliquent une partie intéressante de la variabilité, mais laissent une grande partie de la mortalité inexplicée. Il aurait été assez « facile » de construire des modèles aux performances

équivalentes en choisissant d'autres indicateurs (épaisseur de muscle dorsal, usage de médicaments contre la fièvre, ...), car de nombreux facteurs explicatifs étaient corrélés entre eux.

Ces variables doivent être comprises comme des indicateurs du critère Morts Nés, car la relation de causalité n'est pas toujours documentée.

Une autre limite des modèles est la simplification de la mortalité. En effet, comme stipulé par Pandolfi *et al.* (2017), les causes de mortalité des porcelets sont multiples et influencées par des facteurs de risques différents. La mortalité décrite comme un simple dénombrement de MN, et la simplification des risques pathologiques sous l'indicateur « nombre de truies ayant connu des passages fiévreux », entraîne sûrement une dégradation de la qualité d'ajustement des modèles.

3.2. Apport de la modélisation à l'échelle de la bande

Cette étude a fait le choix de se placer sur deux échelles de modélisations et sur l'exclusion/inclusion de variables post-mise bas. Le changement d'échelle a bien apporté une nouvelle grille de lecture du phénomène, faisant émerger l'importance des états sanitaire et d'engraissement des bandes comme facteurs prédictifs de la mortalité. Néanmoins, pour tester le réel apport de la modélisation à l'échelle de la bande, une démarche ultérieure de validation reste à entreprendre.

La plupart des études rencontrées dans la littérature adoptent un point de vue centré sur l'individu « porcelet » ou « truie » (Le Cozler *et al.*, 2002 ; Canario *et al.*, 2007 ; Baxter *et al.*, 2009 ; Rangstrup-Christensen *et al.*, 2017) ; peu se placent à l'échelle de la bande ou de l'élevage (Pandolfi *et al.*, 2017). Néanmoins,

tous les résultats technico-économiques se raisonnent à l'échelle de l'élevage. La prise de recul procurée par ce changement d'échelle permet d'adapter le conseil en élevage par la mise en perspective des résultats d'un élevage avec celui d'un bassin de production.

CONCLUSION

Dans la recherche d'explication de la hausse de mortalité, sur la période 2012-2014 et dans la station expérimentale d'Euronutrition, l'approche de sélection naïve de modèle s'est avérée utile. Elle a permis de mettre en évidence des facteurs de risques déjà connus de la littérature, comme la prolificité, et d'autres facteurs spécifiques à la situation de cet élevage, comme l'état sanitaire de la bande. D'autres éléments de réponse ont aussi été apportés par un changement d'échelle de modélisation. Ainsi, là où la majorité de la littérature étudie les mort-nés à l'échelle de la portée, l'échelle de la bande peut mettre en évidence d'autres facteurs de risques liés à l'ambiance et à l'environnement d'élevage des truies. Enfin, l'appui technique d'expert permet de compléter les approches développées par l'analyse de données.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient l'ensemble du groupe porc d'Euronutrition, ainsi que le personnel de la station sans qui ce travail n'aurait pas été possible. Ils ont apporté leur expertise sur le sujet et un œil critique aux résultats. Un grand merci à Flavien Mougenot pour avoir suivi de près cette étude et à Clément Favier pour son appui statistique.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Baxter E.M, Jarvis S., Sherwood L.; Robson S. K., Ormandy E., Farish, M., Smurthwaite, K.M., Roehe R., Lawrence A. B., Edwards S. A. , 2009. Indicators of piglet survival in an outdoor farrowing system. *Livest. Sci.*, 124, 266-276.
- Boulot S., Loiseau D., Richard R., Quiniou N., 2016. Vrai ou faux porcelets mort-nés: une nouvelle méthode rapide d'évaluation par échographie. *Journées de la Recherche Porcine*, 48, 253-254.
- Borges V.F., Bernardi M.L., Bortolozzo F.P., Wentz I., 2005. Risk factors for stillbirth and foetal mummification in four Brazilian swine herds. *Prev. Vet. Med.*, 70, 165-176.
- Canario L., Foulley J.L., Cantoni E., Le Bihan E., Caritez., Billon Y., Bidanel J.P., , 2007. Analyse des facteurs de variation de la mortalité des porcelets. *Journées de la Recherche Porcine*, 39, 273-280.
- Desrochers S., 2013. Comment diminuer l'incidence des mort-nés. *Courr. - Cent. Insémination Porc. Qué.*, 17. Consultable : http://www.cipq.com/documents/_lecourrier_dec2013_LR.pdf [Consulté le 18 avril 2017].
- IFIP, 2008. Fiche technique 4 :Taux de pertes.
- IFIP, 2016. GTTT : Evolution des résultats moyens nationaux de 1970 à 2015.
- Le Cozler Y., Guyomarç'h C., Pichodo X., Quinio P.-Y., Pellois H., 2002. Factors associated with stillborn and mummified piglets in high-prolific sows. *Anim. Res.*, 51, 261-268.
- Nguyen K., Cassar G., Friendship R.M., Dewey C., Farzan A., Kirkwood R.N., 2011. Stillbirth and preweaning mortality in litters of sows induced to farrow with supervision compared to litters of naturally farrowing sows with minimal supervision. *J. Swine Health Prod.*, 19, 214-217.
- Pandolfi F., Edwards S.A., Robert F., Kyriazakis I., 2017. Risk factors associated with the different categories of piglet perinatal mortality in French farms. *Prev. Vet. Med.*, 137, 1-12.
- R Core Team (2017). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Raguvaran R., Sangeetha P., Prabakar G., Ravindra V.J., 2017. Still birth and mummification in swine-A review. *Agric. Rev.*, 38. Consultable : <http://arccjournals.com/journal/agricultural-reviews/R-1625> [Consulté le 29 octobre 2018].
- Rangstrup-Christensen L., Krogh M.A., Pedersen L.J., Sørensen J.T., 2017. Sow-level risk factors for stillbirth of piglets in organic sow herds. *animal*, 11, 1078-1083.
- Stekhoven D.J., Bühlmann P., 2011. MissForest—non-parametric missing value imputation for mixed-type data. *Bioinformatics*, 28, 112-118.
- Vaillancourt J.-P., Marsh W.E., Dial G.D., 1994. Perinatal mortality in 48 North American swine herds. Consultable : <https://aasv.org/shap/issues/v2n3/v2n3p13.pdf> [Consulté le 13 avril 2017].