

# Compromis entre caractères de production et de reproduction en lignée mâle

Denis CUDREY, Tifenn VISSAULT, Guillaume LENOIR, Florence YTOURNEL

Axiom, La Garenne 37310 Azay sur Indre, France

[dcudrey@axiom-genetics.com](mailto:dcudrey@axiom-genetics.com)

## Reproduction and production trade-offs in sire line selection

Adding the feed-consumption ratio (ratio between feed intake and growth FCR) to selection schemes leads to some trade-offs between genetic gains in reproduction and those in production traits. Although the literature shows that genetic correlations between production and reproduction traits are usually unfavourable, they remain low. Thus, genetic correlations do not provide a full picture of these trade-offs. Genetic correlations have been studied mainly in dam lines, less is known about what happens to prolificacy in lines selected for years for production traits when FCR is added. Impacts on prolificacy were studied based on data from a single farm on which protocols, practices and reproduction management did not change when FCR was added to the selection goals. Before adding FCR to the selection goals, prolificacy's breeding values were relatively stable. Thus, selecting for growth and body composition did not lead to a trade-off with prolificacy. When FCR was added to the selection goals, the breeding values of number born alive (NBA) and number total born (NTB) decreased (-0.07 piglets in breeding values after 4 years of selection including FCR). Genetic correlations between NBA and growth or body-composition traits (ranging from -0.16 to -0.27) were higher than that between NBA and FCR (-0.065). We didn't expect such a high impact on NBA based on this low correlation with FCR. To investigate the effect of adding FCR into the breeding program, genetic parameters and breeding values were subsequently reestimated with and without FCR information. It therefore appears that the decrease in prolificacy is due more to the addition of FCR itself to the breeding goal than to its genetic correlation with prolificacy.

## INTRODUCTION

La sélection porcine repose sur des compromis de sélection entre des caractères antagonistes. Les différents caractères sont liés entre eux et ces liaisons se caractérisent mathématiquement par les corrélations génétiques.

Le progrès des méthodes de sélection et les nouvelles exigences économiques et sociétales amènent à l'inclusion de caractères toujours plus nombreux dans les objectifs de sélection (Merks *et al.*, 2011 ; Bidanel *et al.*, 2018). Ces caractères peuvent concerner tant des performances de production de l'animal proprement dit (croissance, composition corporelle, efficacité alimentaire, ...) que des caractères de reproduction (prolificité, qualités maternelles, ...).

La littérature rapporte des corrélations défavorables mais relativement faibles entre les caractères de production et de reproduction (Ogawa *et al.*, 2020 ; Bouquet *et al.*, 2022). Cette relative faiblesse des corrélations ne donne qu'une image partielle des compromis entre les évolutions génétiques des caractères de production et de reproduction.

Le poids relatif attribué à l'indice de consommation (IC) dans les objectifs de sélection des lignées porcines est en augmentation continue depuis plusieurs années. La finalité de ce travail était d'évaluer l'impact de cette importance croissante de l'IC sur l'évolution génétique des certains critères de reproduction (au-delà de l'impact directement prévisible à partir des corrélations génétiques)

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Population considérée

La population considérée est une lignée mâle sélectionnée dans une ferme où les protocoles et les pratiques sont restées stables sur les années étudiées, à l'exception de l'introduction du critère IC dans l'index de sélection en année 0.

Les paramètres génétiques évalués pour cette lignée comprennent les caractères de production (poids au contrôle (PDS), épaisseur de gras au contrôle (GRAS) et épaisseur de muscle au contrôle (MUS)), l'IC et les caractères de reproduction : nombre de porcelets nés vifs (NV) et nombre de porcelets morts nés (MN), bien que ces caractères ne fassent pas l'objet d'une sélection.

### 1.2. Effectifs pour l'estimation des paramètres génétiques

Les performances PDS, GRAS et MUS ont été mesurées lors du contrôle individuel en fin d'engraissement sur 34780 animaux. Les caractères NV et MN ont été mesurés sur 3216 portées. Les performances d'IC sur la période d'engraissement sont disponibles sur 2994 mâles entiers. Le fichier de généalogie remonte sur 8 générations (à partir des animaux mesurés) soit 38114 animaux.

Les paramètres génétiques ont été estimés avec le logiciel remlf90 (Misztal *et al.*, 2014). Dans un premier temps, Les valeurs génétiques (vg) ont été calculées avec le jeu de données complet (Avec IC) à l'aide de le logiciel blupf90 (Misztal *et al.*, 2014). Dans un second temps les paramètres et les valeurs génétiques ont été réestimés, a posteriori, en excluant les informations d'IC (sans IC). Les corrélations entre valeurs génétiques ont été calculées avec le logiciel R (R Core Team, 2024).