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.

Marie Huby, Jean-Marcel Gogué, Laurence Maignel, Jean Pierre Bidanel

▶ **To cite this version:**

Marie Huby, Jean-Marcel Gogué, Laurence Maignel, Jean Pierre Bidanel. 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.. Journées de la Recherche porcine en France, INRA; ITP, Feb 2003, Paris, France. hal-02762133

HAL Id: hal-02762133
https://hal.inrae.fr/hal-02762133

Submitted on 26 Aug 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

2003. Journées Recherche Porcine, **35**, 293-300.

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

Marie HUBY (1), Jean GOGUÉ (2), Laurence MAIGNEL (3), Jean-Pierre BIDANEL (1)

(1) INRA Station de Génétique quantitative et appliquée 78352 Jouy-en-Josas Cedex
(2) INRA Domaine de Galle 18520 Avord
(3) ITP, Pôle amélioration de l'Animal, B.P. 3, 35651 Le Rheu Cedex

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

Les paramètres génétiques des tailles et des poids de portée, des moyennes et de l'hétérogénéité (écarts types intra-portée) des poids individuels des porcelets à la naissance, à 21 jours et au sevrage, des taux de survie à la mise bas (TSMB) et en allaitement (TSALL) ont été estimés dans une population Large White par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multicaractère. Un total de 1958 portées produites par 1131 truies a été analysé. La taille de la portée au sevrage et les taux de survie présentent une variabilité phénotypique élevée, mais sont très faiblement héritables (0,02±0,01 à 0,03±0,01). Les autres caractères ont des héritabilités plus élevées, mais qui restent faibles pour les tailles et les poids de portée (0,11±0,02 à 0,13±0,03) ou les écarts types des poids de porcelets (0,06±0,01 à 0,10±0,02) et sont modérées pour les poids moyens des porcelets (0,20±0,02 à 0,32±0,03). Un antagonisme génétique est observé entre TSALL d'une part, TSMB, la taille et le poids de la portée à la naissance d'autre part (-0,22±0,32 à -0,57±0,51). De même, l'hétérogénéité des poids de porcelets est génétiquement associée à une moindre survie des porcelets à la mise bas (-0,21±0,19 à -0,35±0,25) et surtout en allaitement (-0,44±0,23 à -0,99±0,06). Les poids moyens des porcelets présentent des corrélations génétiques modérément favorables avec TSALL (0,13±0,19 à 0,34±0,23), mais défavorables avec TSMB (-0,01±0,27 à -0,49±0,24).

Genetic correlations between litter size and weights, piglet weight variability and piglet survival from birth to weaning

Genetic parameters of litter size, litter weight, mean and heterogeneity (within-litter standard deviation) of individual piglet weights at birth, 21 days of age and at weaning, of perinatal (PSR) and birth to weaning (BWSR) survival rates were estimated in a Large White population using restricted maximum likelihood methodology applied to a multiple trait animal model. A total of 1958 litters produced by 1131 sows was analysed. Litter size at weaning and survival rates had a high phenotypic variability, but very low heritability values (0.02±0.01 to 0.03±0.01). The heritability estimates were larger for the other traits, but remained rather low for litter size and litter weights (0.11±0.02 to 0.13±0.03) as well as standard deviation of piglet weights (0.06±0.01 to 0.10±0.02), and were moderate for mean piglet weights (0.20±0.02 to 0.32±0.03). A genetic antagonism was obtained between BWSR on one hand, PSR, litter size and weight at birth on the other hand (-0.22±0.32 to -0.57±0.51). Similarly, piglet weight heterogeneity was genetically associated with lower piglet survival rates at farrowing (-0.21±0.19 to -0.35±0.25) and, above all, from birth to weaning (-0.44±0.23 to -0.99±0.06). Mean piglet weights had moderate favourable genetic correlations with BWSR (0.13±0.19 to 0.34±0.23), but unfavourable genetic relationships with PSR (-0.01±0.27 to -0.49±0.24).

INTRODUCTION

Malgré une héritabilité faible, la sélection sur la prolificité a conduit à une augmentation importante de la taille de la portée à la naissance au cours des 10 dernières années (TRIBOUT et al., 1998 ; 2003). Cette augmentation a fortement contribué à l'amélioration de la productivité numérique des truies, mais s'est toutefois accompagnée d'une détérioration de la survie des porcelets à la mise bas et en allaitement (TRIBOUT et al., 2003). Cette mortalité supplémentaire constitue une perte de revenu importante pour les éleveurs. Elle pose également des problèmes éthiques et peut donner une image négative de la production porcine. L'amélioration de la survie péri- et postnatale des porcelets constitue donc un enjeu important pour la filière porcine.

La survie des porcelets est un caractère complexe et peu héritable. Dans la littérature, le taux de survie naissance – sevrage a une héritabilité moyenne de 0,06 (ROTHSHILD et BIDANEL, 1998 ; DAMGAARD et al., 2001; KNOL, 2001 ; LUND et al., 2002), le taux de mortinatalité de 0,07 (LEENHOUWERS et al., 1999 ; DAMGAARD et al., 2001 ; KNOL 2001; LUND et al., 2002). Les pertes de porcelets surviennent avant tout pendant la mise bas ou peu de temps après (SVENDSEN, 1992, MARCHANT et al., 2000), les porcelets mourant pour la plupart de faim ou écrasés par la truie.

La truie a naturellement un fort impact sur la survie de ses porcelets, notamment par son aptitude à mettre bas sa portée dans de bonnes conditions, sa production laitière et son comportement. Au niveau des porcelets eux-mêmes, le poids de naissance et l'homogénéité des poids intra-portée sont favorablement liés, sur le plan phénotypique, à la survie (ENGLISH et SMITH, 1975 ; VAN DER LENDE et DE JAGER, 1991 ; ROEHE et KALM, 2000). Un porcelet plus léger est en effet moins résistant et plus sensible au froid ; il stimulera moins la mamelle et obtiendra donc une moindre quantité de lait et de colostrum ; dans la compétition avec les membres de sa fratrie, il sera défavorisé et héritera d'une moins bonne tétine. Dans le cas d'une portée aux poids très hétérogènes, la compétition accrue pour la mamelle tend à exclure les porcelets les plus faibles, dont la survie est alors compromise ; des poids très hétérogènes traduisent également une disparité de viabilité des porcelets.

Sur le plan génétique, les relations entre les caractéristiques de la portée et la survie des porcelets sont mal connues. Dans une étude sur des cochettes Large White suédoises, GRANDINSON et al. (2000) ont montré que le poids à la naissance présentait une corrélation génétique fortement négative avec la proportion de porcelets écrasés, mais légèrement positive avec les taux de mortinatalité et de mortalité totale. DAMGAARD et al. (2001) ont quant à eux obtenu des corrélations génétiques positives, mais relativement faibles, entre l'écart type intra-portée du poids des porcelets à la naissance et les taux de mortinatalité et de mortalité naissance – sevrage (respectivement 0,06 et 0,25). L'objectif de la présente étude est de contribuer à une meilleure connaissance des liaisons génétiques entre les caractéristiques de la portée et la survie des porcelets en estimant les corrélations génétiques entre les caractéristiques numériques et pondérales de la portée, le poids moyen et la variabilité intra-portée du poids des porcelets et leur survie entre la naissance et le sevrage.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux et mesures

Les données utilisées dans cette étude proviennent du troupeau de race Large White (LW) du domaine expérimental INRA de Galle (18520, Avord) de 1988 à 1997. Le troupeau a été créé en inséminant une cinquantaine de femelles LW issues d'un autre élevage expérimental INRA (35500, Saint-Gilles) avec de la semence de 25 verrats LW présents en centre d'insémination artificielle. Les descendants mâles et femelles ont été répartis intra-portée dans quatre lignées contemporaines. Trois de ces lignées ont ensuite été sélectionnées en vue d'accroître le taux d'ovulation, la survie prénatale ou le potentiel glycolytique du muscle long dorsal. La quatrième lignée était une lignée témoin non sélectionnée. Le protocole expérimental est détaillé par LARZUL et al. (1995) et BIDANEL et al. (1996).

Les femelles étaient conduites en 7 bandes avec un intervalle de 3 semaines entre chaque série de mise bas. Chaque femelle effectuait deux mises bas pour lesquelles étaient dénombrés les nombres de porcelets nés vifs, mort-nés et momifiés. Les mises bas avaient lieu dans des cases individuelles. Des adoptions de porcelets étaient pratiquées si nécessaire. Les truies étaient taries à date fixe quatre semaines après mise bas. Les porcelets nés vivants étaient pesés individuellement dans les 24 heures suivant leur naissance, à trois semaines d'âge et au sevrage.

Aucune différence notable n'ayant été obtenue entre lignées après 6 générations de sélection pour les tailles et les poids de portée, nous avons considéré pour cette étude que les quatre lignées correspondaient à une population unique et homogène pour les caractéristiques des truies et des portées entre la naissance et le sevrage.

1.2. Analyses statistiques

1.2.1. Caractères analysés

Quinze caractères ont été analysés dans cette étude : les nombres de porcelets nés totaux (NT), nés vivants (NV), sevrés issus d'une truie (SEV) ou allaités par une truie (ALL), le taux de survie des porcelets à la mise bas (TSMB), le taux de survie des porcelets allaités (TSALL), les poids de portée à la naissance (PPN), à 21 jours (PP21) et au sevrage (PPSEV), les poids moyens des porcelets à la naissance (PMN), à 21 jours (PM21) et au sevrage (PMSEV), l'écart type intra-portée des poids de porcelets à la naissance (ETN), à 21 jours (ET21) et au sevrage (ETSEV). TS est calculé comme le rapport ALL/CONF où CONF est égal à NV auquel on enlève le nombre de porcelets retirés et on ajoute le nombre de porcelets adoptés. Les caractéristiques pondérales de la portée (poids total, poids moyen, écart type) sont calculées à partir des poids individuels des porcelets nés vivants (naissance) ou

Tableau 1 - Nombre de données, moyenne et écart type des 13 caractères étudiés

	Abréviation	Nombre d'observations	Moyenne	Ecart type
Nés totaux par portée	NT	1958	10,2	2,8
Nés vivants par portée	NV	1958	9,7	2,9
Sevrés par portée	SEV	1958	8,2	2,9
Sevrés allaités par portée	ALL	1958	8,2	2,8
Taux de survie à la mise bas (%)	TSMB	1958	94,6	10,5
Taux de survie en allaitement (%)	TSALL	1914	84,4	20,6
Poids de la portée à la naissance (kg)	PPN	1958	12,6	3,7
Poids de la portée à 21 jours d'âge (kg)	PP21	1848	49,8	13,0
Poids de la portée au sevrage (kg)	PPSEV	1864	65,5	16,8
Poids moyen des porcelets à la naissance (kg)	PMN	1958	1,3	0,2
Poids moyen des porcelets à 21 jours d'âge (kg)	PM21	1848	5,8	1,0
Poids moyen des porcelets au sevrage (kg)	PMSEV	1864	7,7	1,2
Ecart type du poids des porcelets à la naissance (kg)	ETN	1945	0,21	0,08
Ecart type du poids des porcelets à 21 jours d'âge (kg)	ET21	1893	0,84	0,34
Ecart type du poids des porcelets au sevrage (kg)	ETSEV	1913	1,08	0,43

allaités (21 jours, sevrage). Les valeurs moyennes et les écarts types des 15 caractères étudiés figurent dans le tableau 1.

1.2.2. Modèle statistique

Les quinze caractères définis ci-dessus ont été considérés comme des caractères de la truie. Les composantes de la variance ont été estimées par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (REML), appliquée à un modèle animal multicaractère. Deux modèles différents ont été utilisés. Le premier modèle incluait les effets fixés du numéro de portée (1,2), de la bande de mise bas (1,98) et les effets aléatoires de la valeur génétique de chaque animal et du milieu permanent lié à chaque truie. Les coefficients de consanguinité de la truie et de la portée, ainsi que l'âge de la truie à la mise bas intra-numéro de portée et l'âge de la portée à la mesure (à l'exception des caractères mesurés à la naissance) ont été inclus comme covariables dans le modèle. Il correspond au modèle le plus couramment utilisé dans la littérature pour les caractères de reproduction. Le second modèle ne différait du premier que par la prise en compte de l'effet aléatoire de la portée de naissance de chaque truie. L'inclusion de cet effet permet de prendre en partie en compte d'éventuels effets de dominance (JOHANSSON et al., 1994 ; BOLET et al., 2001). Les calculs ont été réalisés à l'aide de la version 4.5 du logiciel VCE (NEUMAIER et GROENEVELD, 1998).

2. RESULTATS

2.1. Héritabilités

Les estimations d'héritabilité, des effets de milieu permanent et de la portée de naissance sont rapportés dans le tableau 2. Les taux de survie, les tailles et les poids de portée, ainsi que les écarts types intra-portée des poids de porcelets présentent des valeurs d'héritabilité relativement faibles mais, sauf pour la taille de portée au sevrage (SEV et ALL), significatives. Des valeurs modérées sont obtenues pour les poids moyens des porcelets. Les valeurs obtenues à partir du modèle 2 sont en général plus faibles que celles obtenues à partir du modèle 1. La différence est liée à la prise en compte dans le modèle 2 de l'effet du milieu commun de la portée de naissance, qui apparaît significatif pour la majeure partie des caractères. Seuls la moyenne et l'écart type intra-portée des poids des porcelets présentent des valeurs proches de zéro pour ce paramètre. Lorsque cet effet contribue de façon non négligeable à la variabilité du caractère, le fait de l'ignorer (modèle 1) conduit à surestimer l'héritabilité du caractère (BOLET et al., 2001).

2.2. Corrélations entre caractères

Les corrélations phénotypiques et génétiques entre les caractères de productivité numérique et pondérale de la portée sont rapportées dans les tableaux 3 et 4, respectivement. Les tailles de portée à la naissance (NT, NV) et au sevrage (SEV) sont positivement corrélées entre elles et avec le taux de survie à la mise bas (tableau 3). Par contre, le taux de survie en allaitement, favorablement corrélé au nombre de porcelets allaités, présente un antagonisme génétique avec la taille de la portée à la naissance et le taux de survie à la mise bas.

Les corrélations phénotypiques et génétiques entre les poids de portée sont moyennement à fortement positives (tableau 4). De même, les poids moyens des porcelets, ainsi que les mesures de variabilité de la portée sont fortement corrélés entre eux. Les corrélations génétiques entre poids de portée, poids moyens et écarts types sont quant à elles

Tableau 2 - Estimations des paramètres génétiques

Caractère[1]	Héritabilité[2]		Effet de milieu permanent[2]		Effet portée[2]
	Modèle 1[3]	Modèle 2[3]	Modèle 1	Modèle 2	Modèle 2
NT	0,12	0,10	0,17	0,16	0,04
NV	0,11	0,08	0,17	0,16	0,04
SEV	0,04	0,02	0,19	0,16	0,06
ALL	0,03	0,02	0,12	0,09	0,07
TSMB	0,05	0,02	0,08	0,07	0,05
TSALL	0,04	0,03	0,06	0,02	0,05
PPN	0,14	0,13	0,16	0,15	0,03
PP21	0,10	0,13	0,10	0,06	0,08
PPSEV	0,14	0,11	0,07	0,06	0,08
PMN	0,32	0,32	0,08	0,07	0,00
PM21	0,25	0,25	0,21	0,21	0,00
PMSEV	0,20	0,21	0,20	0,19	0,0
ETN	0,11	0,10	0,00	0,07	0,01
ET21	0,07	0,08	0,01	0,01	0,00
ETSEV	0,07	0,06	0,01	0,01	0,01

[1] La signification des abréviations est donnée dans le tableau 1.
[2] Les écarts types d'échantillonnage varient de 0,01 à 0,03.
[3] Modèles 1, 2 = modèles sans et avec effet commun de la portée de naissance, respectivement.

Tableau 3 - Estimations des corrélations phénotypiques (en dessous de la diagonale) et génétiques (au-dessus de la diagonale) entre les caractères de productivité numérique de la portée[1]

Caractère[2]	NT	NV	SEV	ALL	TSMB	TSALL
NT	-	0,99	0,98	0,35	0,67	-0,22
NV	0,94	-	0,96	0,28	0,75	-0,34
SEV	0,72	0,79	-	0,45	0,47	0,01
ALL	0,41	0,49	0,78	-	0,34	0,91
TSMB	0,09	0,40	0,47	0,10	-	-0,57
TSALL	-0,09	-0,04	0,52	0,78	0,16	-

[1] Les écarts types d'échantillonnage des corrélations génétiques varient de 0,01 à 0,51
[2] La signification des abréviations est donnée dans le tableau 1.

moyennement à fortement positives, les corrélations phénotypiques étant plus faibles et proches de zéro.

Les relations entre les caractéristiques numériques et pondérales de la portée figurent dans le tableau 5. Les poids de portée présentent des corrélations phénotypiques et génétiques positives avec les tailles de portée. A l'inverse, le poids moyen des porcelets à la naissance présente des corrélations phénotypiques et génétiques modérément négatives avec la taille de la portée à la naissance et au sevrage. Les relations s'inversent par la suite, puisque le poids moyen des porcelets au sevrage est positivement corrélé, sur le plan génétique, à la taille de la portée à la naissance et surtout au sevrage. Les liaisons génétiques entre la taille de la portée et les écarts types des poids de porcelets sont quant à elles positives à la naissance, mais deviennent assez fortement négatives au sevrage. Le taux de survie périnatale présente des liaisons génétiques négatives avec l'ensemble des caractères de productivité pondérale à l'exception du poids de portée à la naissance. Les liaisons phénotypiques sont faibles ou même positives avec les poids de portée. En revanche, le taux de survie en allaitement est, sur le plan génétique, lié de façon modérément favorable aux poids moyens des porcelets et très favorable aux poids de portée à 21 jours et au sevrage, ainsi qu'à l'homogénéité des poids de portée. Les relations phénotypiques sont comparables pour les poids de portée, mais plus faibles pour les moyennes et les écarts types des poids de porcelets.

Tableau 4 - Estimations des corrélations phénotypiques (en dessous de la diagonale) et génétiques (au-dessus de la diagonale) entre les caractères de productivité pondérale de la portée[1]

Caractère[2]	PPN	PP21	PPSEV	PMN	PM21	PMSEV	ETN	ET21	ETSEV
PPN	-	0,34	0,41	0,32	0,33	0,19	0,57	0,43	0,55
PP21	0,49	-	0,97	0,87	0,89	0,86	0,33	0,42	0,37
PPSEV	0,49	0,97	-	0,58	0,84	0,92	0,37	0,54	0,29
PMN	0,09	0,07	-0,04	-	0,55	0,52	0,59	0,45	0,37
PM21	-0,07	0,30	0,26	0,47	-	0,98	0,36	0,89	0,77
PMSEV	-0.11	0,20	0,23	0,43	0,94	-	0,37	0,75	0,80
ETN	0,15	-0,02	0,07	0,00	0,03	0,03	-	0,67	0,49
ET21	0,12	-0,01	-0,01	-0,06	-0,03	-0,01	0,32	-	0,98
ETSEV	0,12	-0,03	-0,04	-0,05	-0,03	-0,03	0,28	0,86	-

[1] Les écarts types d'échantillonnage des corrélations génétiques varient de 0,04 à 0,21
[2] La signification des abréviations est donnée dans le tableau 1.

Tableau 5 - Estimations des corrélations génétiques (r_G) et phénotypiques (r_P) entre les caractères de productivité numérique et pondérale de la portée[1]

r_G (r_P)	NT[2]	NV	SEV	ALL	TSMB	TSALL
PPN	0,66 (0,79)	0,67 (0,88)	0,64 (0,77)	0,05 (0,52)	0,49 (0,43)	-0,13 (0,09)
PP21	0,06 (0,28)	0,07 (0,36)	0,15 (0,66)	0,65 (0,89)	-0,06 (0,36)	0,69 (0,70)
PPSEV	0,18 (0,29)	0,05 (0,35)	0,25 (0,64)	0,74 (0,89)	-0,35 (0,27)	0,62 (0,70)
PMN	-0,24 (-0,40)	-0,35 (-0,32)	-0,14 (-0,17)	-0,37 (-0,03)	-0,01 (0,00)	0,13 (0,23)
PM21	-0,11 (-0,27)	-0,24 (-0,30)	0,29 (-0,25)	0,03 (-0,33)	-0,49 (-0,08)	0,30 (0,03)
PMSEV	0,13 (-0,27)	0,03 (-0,31)	0,56 (-0,31)	0,33 (-0,35)	-0,14 (-0,04)	0,34 (-0,12)
ETN	0,29 (0,15)	0,13 (-0,06)	0,06 (-0,06)	-0,23 (0,03)	-0,21 (-0,03)	-0,44 (-0,13)
ET21	0,13 (0,13)	0,17 (0,14)	-0,59 (0,09)	-0,69 (-0,01)	-0,39 (0,13)	-0,72 (-0,04)
ETSEV	0,39 (0,11)	0,27 (0,13)	-0,75 (0,11)	-0,82 (0,04)	-0,35 (0,07)	-0,99 (-0,06)

[1] Les écarts types d'échantillonnage des corrélations génétiques varient de 0,01 à 0,35
[2] La signification des abréviations est donnée dans le tableau 1.

3. DISCUSSION

Les estimations d'héritabilité sont proches des moyennes de la littérature (ROTHSHILD et BIDANEL, 1998) pour les nombres de porcelets nés totaux et nés vivants, mais inférieures pour la taille de la portée au sevrage et les taux de survie. Pour ces derniers caractères, il convient toutefois de noter que les estimations obtenues avec le modèle 1 sont proches des valeurs obtenues avec ce même modèle dans la plupart des études (voir la revue de KNOL, 2001), qui seraient donc surestimées. Quoi qu'il en soit, les très faibles valeurs d'héritabilité des taux de survie confirment la difficulté d'une sélection visant à réduire la mortalité des porcelets avant sevrage, malgré l'élément favorable que constitue l'existence d'une forte variabilité phénotypique de la survie à la mise bas et surtout en allaitement. On peut par contre s'attendre, compte tenu des liaisons génétiques défavorables entre la taille de la portée à la naissance et le taux de survie en allaitement, à une réponse corrélative défavorable sur la survie des porcelets, ainsi qu'à un accroissement de l'hétérogénéité des portées.

De plus, nos résultats confirment, en accord avec ceux de DAMGAARD et al. (2001), KNOL (2001) et LUND et al. (2002), le fait que les taux de survie pendant la mise bas et en cours d'allaitement sont génétiquement très différents, même s'il est difficile de conclure à l'existence d'un antagonisme génétique compte tenu de la faible précision de l'estimation de leur corrélation génétique. On peut penser que cette différence justifie de considérer indépendamment chacun des deux caractères plutôt que d'essayer d'agir sur la survie globale.

De fait, la survie périnatale est d'ores et déjà implicitement intégrée dans les objectifs de sélection de nombreuses lignées maternelles. Le remplacement du nombre de porcelets nés totaux par les nés vifs comme critère de sélection sur la prolificité vise en effet essentiellement à tenter d'éviter la dégradation de la survie périnatale liée à une sélection sur les nés totaux (BLASCO et al., 1995). A cet égard, il convient de noter que l'estimation largement positive de la corrélation entre les nés totaux et le taux de survie à la mise bas dans la présente étude est en désaccord avec cette évo-

lution défavorable. Ce désaccord peut en partie s'expliquer par la faible précision de l'estimation de la corrélation génétique, mais peut également traduire une liaison non linéaire entre les deux caractères. La liaison serait positive pour les faibles taille de portée, puis tendrait à devenir négative avec l'augmentation du nombre de porcelets nés totaux.

Dans le cas de la survie en allaitement, une sélection indirecte sur un caractère plus héritable et fortement corrélé à la survie pourrait constituer une alternative intéressante. Un caractère fréquemment évoqué est le poids individuel des porcelets, qui est favorablement lié, sur le plan phénotypique, à leur survie (KERR et CAMERON, 1995 ; ROEHE et KALM, 2000). De fait, les héritabilités des poids moyens des porcelets sont certes légèrement inférieures aux valeurs moyennes rapportées par RYDHMER (2000) dans sa revue bibliographique et à celles obtenues par DAMGAARD et al. (2001), mais sont comparables à d'autres résultats de la littérature (HÖGBERG et RYDHMER, 2000 ; KNOL, 2001) et sont nettement supérieures à celles des taux de survie des porcelets. Elles traduisent le rôle important des gènes de la truie sur la croissance des fœtus et des porcelets avant sevrage. Ces effets sont prépondérants à la naissance et restent plus importants que les gènes des porcelets jusqu'au sevrage, comme a pu le montrer une analyse des poids individuels des porcelets sur les mêmes données (KAUFMANN et al., 2000). Néanmoins, une sélection sur le poids moyen des porcelets, qui ne prend en compte que la variabilité génétique maternelle, peut poser problème du fait d'un certain antagonisme génétique avec les effets des gènes du porcelet à la naissance (ROEHE, 1999) et au sevrage (KAUFMANN et al., 2000 ; ZHANG et al., 2000).

Plus généralement, une sélection visant à accroître le poids à la naissance poserait d'autres problèmes liés en particulier aux liaisons génétiques positives assez marquées (0,4 à 0,8 dans cette étude) entre la moyenne et l'écart type intra-portée des poids de porcelets. Nos résultats montrent en effet une liaison génétique très favorable entre l'homogénéité des portées et la survie des porcelets. Une telle association a été mise en évidence sur le plan phénotypique par de nombreux auteurs (ENGLISH et SMITH, 1975 ; VAN DER LENDE et DE JAGER, 1991 ; MILLIGAN et al., 2002), mais n'a été que très récemment étudiée sur le plan génétique (HÖGBERG et RYDHMER, 2000 ; DAMGAARD et al., 2001 ; KNOL, 2001). Nos résultats confirment ceux de ces trois études quant à l'existence d'une héritabilité faible, mais significative, de la variabilité intra-portée des poids de porcelets. Par contre, seuls DAMGAARD et al. (2001) et KNOL (2001) mettent en évidence un antagonisme génétique, moins marqué que dans la présente étude, avec la survie des porcelets en allaitement. Nos résultats tendent à montrer que la survie en allaitement est, génétiquement, liée de façon plus étroite à l'homogénéité des portées qu'au poids moyen des porcelets. Ces résultats sont en accord avec les conclusions de KNOL (2001), qui considère qu'une amélioration de la survie des porcelets avant sevrage passe par une diminution de la moyenne et de la variabilité des poids de porcelets. Une telle évolution est à rapprocher du cas de la race Meishan, qui présente un taux de mortalité avant sevrage nettement plus faible qu'en race Large White (ROTHSCHILD et BIDANEL, 1998). Cette faible mortalité est associée à une moyenne et un écart type intra-portée du poids à la naissance nettement plus réduit chez la Meishan que chez la Large White (respectivement, 1,01±0,16 kg contre 1,47±0,28 kg). Il est possible de réduire la variabilité d'un caractère par les techniques de sélection « canalisante », qui consistent à agir sur la part sous contrôle génétique de la variance de milieu (SAN CRISTOBAL et al., 1998). L'efficacité de ces techniques pour l'amélioration de l'homogénéité des portées et de la survie des porcelets reste toutefois à évaluer.

CONCLUSION

Cette étude a permis d'obtenir les premières estimations de la variabilité génétique de la survie des porcelets entre la naissance et le sevrage et de ses liaisons avec les caractéristiques numériques et pondérales de la portée. Elle a notamment permis de confirmer l'existence de liaisons défavorables entre la prolificité et la survie des porcelets et mis en évidence la difficulté d'une sélection directe sur la survie dans la population étudiée. L'importance relative des caractéristiques de la portée (moyenne et variabilité des poids de porcelets) sur leur survie a également été quantifiée. Des analyses complémentaires restent néanmoins nécessaires pour mieux prendre en compte les particularités de la distribution des taux de survie, étudier l'intérêt d'une sélection visant à accroître l'homogénéité des portées et préciser l'importance des effets des gènes des porcelets sur leur propre survie. Des études complémentaires sont également nécessaires afin de mieux connaître les relations génétiques entre la survie et le déroulement de la mise bas, les caractéristiques physiologiques du porcelet nouveau-né, les caractéristiques comportementales de la truie et des porcelets.

REMERCIEMENTS

Ce travail a été réalisé dans le cadre d'une bourse de thèse cofinancée par l'INRA et l'ITP.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIEQUES

- BIDANEL J.P., TRIPARD C., BLASCO A., GOGUE J., 1996. Journées Rech. Porcine en France, 28, 1-8.
- BLASCO A., BIDANEL J.P., HALEY C.S., 1995. Genetics and Neonatal Survival, in : «The Neonatal Pig, Development and Survival».; M.A. Varley, CAB International, 1995, 17-38.
- BOLET G., OLLIVIER L., BIDANEL J.P., 2001. Genet. Sel. Evol., 33, 515-528.
- DAMGAARD L.H., RYDHMER L., LØVENDAHL P., GRANDINSON K., 2001. In : 52nd Annual Meeting of the EAAP, Budapest, Hungary, August 2001, Commission on animal Genetics.
- ENGLISH P.R., SMITH W.J., 1975. Vet. Ann., 15, 95-104.
- GRANDINSON K., RYDHMER L., STRANDBERG E., LUND S. M., 2000. In : 51st Annual of the EAAP, The Hague, Netherlands, September 2000.
- HÖGBERG A., RYDHMER L., 2000. Acta Agric. Scand. Sect. A., Anim. Sci. 50, 300-303.
- JOHANSSON K., KENNEDY B.W., WILHELMSON M., 1994. In: Proc 5th WCGALP 1994, Guelph, Ontario, Canada, 22, 386-389.
- KAUFMANN D., HOFER A., BIDANEL J.P., KUNZI N., 2000. J. Anim. Breed. Genet., 117, 121-128.
- KERR J.C., CAMERON N.D., 1995. Anim. Sci., 60, 281-290.
- KNOL E.F., 2001. Genetic aspects of piglet survival. ; PhD dissertation, Wageningen University, Wageningen, The Netherlands.
- LARZUL C., LE ROY P., GOGUE J., TALMANT A., VERNIN P., LAGANT H., MONIN G., SELLIER P., 1995. Journées Rech. Porcine, 27, 171-174.
- LEENHOUWERS J.I., VAN DER LENDE T., KNOL E.F., 1999. Livest. Prod. Sci., 57, 243-253.
- LUND S.M., PUONTI M., RYDHMER L., JENSEN J., 2002. Anim. Sci., 74, 217-222.
- MARCHANT J.N., RUDD A.R., MENDL M.T., BROOM D.M., MEREDITH M.J., CORNING S., SIMMINS P.H., 2000.Vet. Rec. 2000, 147, 209-214.
- MILLIGAN B.N., FRASER D., KRAMER D.L., 2002. Livest. Prod. Sci., 76, 181-191.
- NEUMAIER A., GROENEVELD E., 1998. Genet. Sel. Evol., 30, 3-26.
- ROEHE R., KALM E., 2000. Anim. Sci. 70, 227-240.
- ROTHSCHILD M.F., BIDANEL J.P., 1998. Biology and genetics of reproduction, in M.F. ROTHSCHILD, A. RUVINSKY, The Genetics of the Pig, CAB International, Oxon, 313-343.
- RYDHMER L., 2000. Livest. Prod. Sci., 66, 1-12.
- SAN CRISTOBAL-GAUDY M., ELSEN J.M., BODIN L., CHEVALET C., 1998. Genet. Sel. Evol., 30, 423-451.
- SVENDSEN J., 1992. Anim. Reprod. Sci., 28, 59-67.
- TRIBOUT T., BIDANEL J.P., GARREAU H., FLEHO J.Y., GUEBLEZ R., LE TIRAN M.H., LIGONESCHE B., LORENT P., DUCOS A., 1998. Journées Rech. Porcine, 30, 95-100.
- TRIBOUT T., CARITEZ J.C., GOGUE J., GRUAND J., BILLON Y., LE DIVIDICH J., THOMAS F., QUESNEL H., BIDANEL J.P., 2003. Journées Rech. Porcine, 35, 285-292.
- VAN DER LENDE T., DE JAGER D., 1991. Livest. Prod. Sci. , 28, 73-84.
- ZHANG S.Q., BIDANEL J.P., BURLOT T., LEGAULT C., NAVEAU J., 2000. Genet. Sel. Evol., 32, 57-71.