

# Comment la sélection génétique peut améliorer la survie des porcelets en allaitement ?



**L'**amélioration de la survie des porcelets en allaitement constitue un enjeu majeur pour la filière porcine. Une estimation des évolutions génétiques réalisée par l'INRA en 2003 en race Large White a permis de montrer que la sélection conduite en France pour l'amélioration des caractères de reproduction depuis 1990 a certes permis d'augmenter la prolificité et le poids de naissance des porcelets, mais aussi la mortalité et potentiellement la durée de mise bas.

Une bonne connaissance des paramètres génétiques est nécessaire pour prédire les évolutions et proposer des objectifs et critères de sélection optimaux. L'objectif de cette étude, à partir d'un programme de collecte de données mené dans des élevages de sélection entre 2002 et 2005, est d'estimer les paramètres génétiques des caractères de prolificité et de survie des porcelets, et leurs relations avec la durée de mise bas et l'homogénéité des poids intra-portée.

## Matériels et méthodes

### Animaux et mesures

Les données proviennent de 29 élevages de sélection Large White lignée Femelle (LWF) et de 17 élevages de sélection Landrace Français (LF) adhérant aux organisations de sélection ADN (12 élevages), GENE+ (6 élevages) et NUCLEUS (28 élevages). Les performances à la mise bas de 29 153 portées LWF et 16 354 portées LF ont été collectées. Les nombres de nés vivants (NV) et de mort-nés (MN) étaient comptabilisés dans les 12 heures suivant la mise bas. Les pesées individuelles ou de portée des nés vivants étaient réalisées dans les 24 heures suivant la mise bas. Selon les élevages, la durée d'allaitement était de 21 ou 28 jours. La durée de mise bas (DMB) était estimée par intervalle de deux heures à partir de la naissance du premier porcelet.

### Analyses statistiques

8 caractères ont été définis à partir des mesures ci-dessus, à savoir NV, MN, les nombres de porcelets nés totaux (NT = NV + MN) et sevrés

d'une truie (SEVD) par portée, les taux de survie naissance-sevrage ( $TS = SEVD / NV$ ), DMB, le poids de la portée (PP) et l'écart type intra-portée (ETPN) des poids de porcelets à la naissance. Les analyses statistiques sont décrites dans l'article publié aux 40<sup>èmes</sup> Journées de la Recherche Porcine (février 2008).

## Résultats et discussion

Les paramètres génétiques estimés en races LWF et LF sont présentés dans le tableau 1. Les héritabilités obtenues sont globalement faibles. Les variables nés totaux, vivants et sevrés sont fortement corrélées entre elles. Le taux de survie naissance-sevrage présente un antagonisme génétique avec les nés totaux, vivants et mort-nés. Ces estimations sont proches des moyennes rapportées dans la littérature. Les relations phénotypiques et génétiques entre mortalité et taux de survie naissance-sevrage sont faiblement négatives.

La durée de mise bas est positivement corrélée avec les nés totaux et mort-nés. Les relations génétiques entre la taille de portée et les caractéristiques pondérales de la portée sont positives. Une forte corrélation entre nés vivants et écart type intra-portée est mise en évidence. La corrélation génétique négative entre les mort-nés et l'écart type intra-portée des poids de porcelets à la naissance s'explique en partie par les poids extrêmes des mort-nés : plus ils sont nombreux, plus le poids des nés vivants est homogène. Le taux de survie naissance-sevrage est génétiquement indépendant du poids de portée en LF et lui est positivement lié en LWF. Il est par

## Résumé

Le défi de la sélection aujourd'hui est d'améliorer la survie des porcelets. Pour ce faire, la connaissance des paramètres génétiques est nécessaire pour proposer des objectifs et critères de sélection optimaux. Cette étude a permis d'obtenir à partir de données récoltées à grande échelle et en conditions d'élevage, des estimations de la variabilité génétique de la survie des porcelets en allaitement. Un effet défavorable de la prolificité sur la mortalité a été confirmé. Le taux de survie en allaitement est négativement corrélé avec l'hétérogénéité des poids à la naissance. Ainsi, l'homogénéisation des poids intra-portée à la naissance permettrait de diminuer les pertes en allaitement.

Isabelle MEROUR  
Emilie BERNARD\*  
Laurianne CANARIO  
Jean-Pierre BIDANEL<sup>(1)</sup>

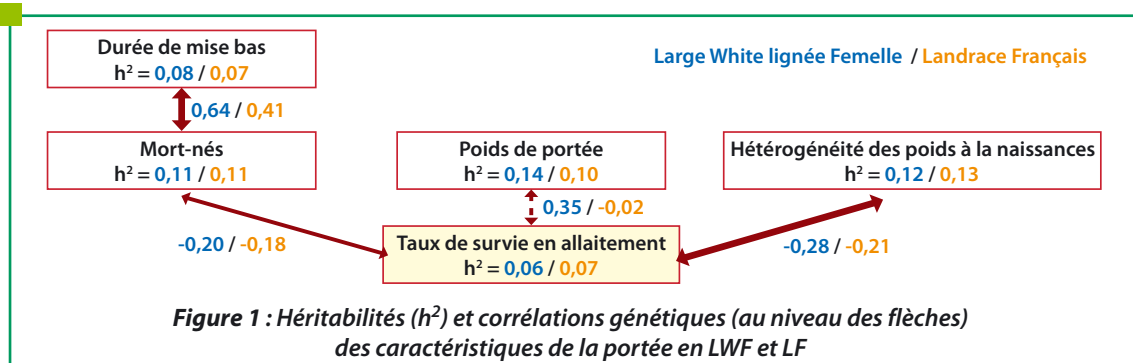
(1) INRA, UR337 Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78352 Jouy-en-Josas Cedex \* stagiaire ENITAC

**Tableau 1 : Effectifs (N), moyennes (Moy), écart-types (ET), héritabilités (sur la diagonale), corrélations phénotypiques (au-dessous de la diagonale) et génétiques (au-dessus de la diagonale) des caractéristiques de la portée en race LWF et en race LF**

		N	Moy	ET	Paramètres génétiques							
					NT	NV	MN	SEVD	TS	DMB	PP	ETPN
Large White lignée Femelle	NT <sup>1</sup>	29153	15,2	3,9	0,11	0,89	0,49	0,68	-0,36	0,23	0,33	NE <sup>2</sup>
	NV <sup>1</sup>	29153	13,5	3,5	0,90	0,10	0,05	0,82	-0,32	-0,07	0,42	NE <sup>2</sup>
	MN <sup>1</sup>	29153	1,6	1,9	0,39	-0,05	0,11	-0,07	-0,20	0,64	-0,13	NE <sup>2</sup>
	SEVD <sup>1</sup>	29153	11,3	3,1	0,64	0,77	-0,11	0,09	0,28	0,05	0,53	NE <sup>2</sup>
	TS <sup>1</sup>	29153	84,3	14,9	-0,29	-0,26	-0,11	0,38	0,06	-0,03	0,35	-0,28
	DMB <sup>1</sup>	2774	2,5	0,9	0,19	0,12	0,18	0,08	-0,07	0,08	NE <sup>1</sup>	NE <sup>2</sup>
	PP <sup>1</sup>	12202	18,4	4,5	0,60	0,73	-0,13	0,73	0,05	NE <sup>2</sup>	0,14	NE <sup>2</sup>
	ETPN <sup>1</sup>	386	0,28	0,08	0,18	0,14	0,10	0,12	-0,05 <sup>3</sup>	NE <sup>2</sup>	0,28	0,12
Landrace Français	NT <sup>1</sup>	16354	13,8	3,5	0,13	0,91	0,56	0,76	-0,29	0,33	0,43	0,56
	NV <sup>1</sup>	16354	12,6	3,2	0,87	0,10	0,18	0,88	-0,24	0,19	0,43	0,85
	MN <sup>1</sup>	16354	1,2	1,6	0,43	-0,06	0,11	0,08	-0,18	0,41	0,18	-0,44
	SEVD <sup>1</sup>	16354	10,9	3,1	0,72	0,83	-0,11	0,09	NE <sup>2</sup>	0,09	0,45	0,63
	TS <sup>1</sup>	16354	87,4	13,7	-0,20	-0,16	-0,12	0,40	0,07	-0,14	-0,02	-0,21
	DMB <sup>1</sup>	8489	1,2	0,9	0,20	0,13	0,19	0,06	-0,10	0,07	NE <sup>2</sup>	NE <sup>2</sup>
	PP <sup>1</sup>	5507	17,3	4,3	0,66	0,78	-0,14	0,72	-0,01 <sup>3</sup>	NE <sup>2</sup>	0,10	0,76
	ETPN <sup>1</sup>	883	0,27	0,09	0,28	0,27	0,08	0,19	-0,13	NE <sup>2</sup>	0,28	0,13

<sup>1</sup> NT, NV, MN, SEVD = nés totaux, nés vivants, mort-nés et sevrés de la truie par portée, respectivement ; TS = taux de survie naissance – sevrage ; DMB = durée de mise bas ; PP = poids de portée ; ETPN = écart-type intra-portée du poids des porcelets à la naissance

<sup>2</sup> NE = non estimé du fait d'un problème de convergence <sup>3</sup> Corrélation non significative au seuil de 5%



**Figure 1 : Héritabilités (h<sup>2</sup>) et corrélations génétiques (au niveau des flèches) des caractéristiques de la portée en LWF et LF**

Cette étude a été réalisée avec le concours financier du **Ministère de l'Agriculture et de la Pêche** dans le cadre de l'action innovante QUALIMAT (2005). Les auteurs remercient les éleveurs et les organisations de sélection adhérentes des Livres Généalogiques Porcins Collectifs pour leur implication dans le projet et la récolte de données.

ailleurs négativement corrélé avec l'écart type intra-portée des poids de porcelets à la naissance, ce qui montre que **la survie en allaitement est génétiquement plus liée à l'homogénéité des poids intra-portée qu'au poids des porcelets.**

## Conclusion

Cette étude a permis d'obtenir, à partir de données récoltées à grande échelle et en conditions d'élevage, des estimations de la variabilité génétique de la survie des porcelets

en allaitement. Un effet défavorable de la prolificité sur la mortalité et la survie a été confirmé.

Les corrélations génétiques obtenues confortent le remplacement des nés totaux par les nés vivants comme critère d'amélioration de la prolificité depuis 2002, afin de maîtriser les pertes périnatales. **L'homogénéisation des poids intra-portée à la naissance semble être une voie possible pour diminuer les pertes en allaitement.**

Des études complémentaires sont nécessaires afin de mieux

connaître les liaisons génétiques de la survie avec la croissance en allaitement et les aptitudes maternelles des truies (production laitière, comportement maternel) pour définir des critères d'amélioration génétique simples et efficaces.

Pour les éleveurs-sélectionneurs, la réalisation de pesées individuelles est coûteuse en temps de travail. Une recherche d'automate de pesées est en cours pour simplifier et fiabiliser au maximum cette récolte de données. ■

## Contact :

isabelle.merour@ifip.asso.fr