



HAL
open science

Optimisation de l'évaluation de la prolificité pour la race Tai Zumu

Mélanie Rui

► **To cite this version:**

Mélanie Rui. Optimisation de l'évaluation de la prolificité pour la race Tai Zumu. Sciences agricoles. 2015. dumas-01298576

HAL Id: dumas-01298576

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-01298576>

Submitted on 8 Mar 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.

Année universitaire :... 2014 – 2015 ...

Spécialité :

**Sciences de l'Animal pour l'élevage de
demain (SAED)**.....

Spécialisation (et option éventuelle) :

Parcours
professionnel.....

Mémoire de Fin d'Études

- d'Ingénieur de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage
- de Master de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage
- d'un autre établissement (étudiant arrivé en M2)

Optimisation de l'évaluation de la prolificité pour la race Tai Zumu

Par : Mélanie Rui



Soutenu à Rennes

le 17 septembre 2015

Devant le jury composé de :

Maîtres de stage : Loïc Flatrès-Grall et Damien Bahon

Enseignant référent : Sandrine Lagarrigue

Autres membres du jury (Nom, Qualité) :

Thierry Bailhache, Président

Sophie Allais, Rapporteur

Fiche de confidentialité et de diffusion du mémoire

Confidentialité :

Non Oui si oui : 1 an 5 ans 10 ans

Pendant toute la durée de confidentialité, aucune diffusion du mémoire n'est possible⁽¹⁾.

A la fin de la période de confidentialité, sa diffusion est soumise aux règles ci-dessous (droits d'auteur et autorisation de diffusion par l'enseignant).

Date et signature du maître de stage⁽²⁾ :

Droits d'auteur :

L'auteur⁽³⁾ autorise la diffusion de son travail

Oui Non

Si oui, il autorise

la diffusion papier du mémoire uniquement⁽⁴⁾

la diffusion papier du mémoire et la diffusion électronique du résumé

la diffusion papier et électronique du mémoire (joindre dans ce cas la fiche de conformité du mémoire numérique et le contrat de diffusion)

Date et signature de l'auteur :

Autorisation de diffusion par le responsable de spécialisation ou son représentant :

L'enseignant juge le mémoire de qualité suffisante pour être diffusé

Oui Non

Si non, seul le titre du mémoire apparaîtra dans les bases de données.

Si oui, il autorise

la diffusion papier du mémoire uniquement⁽⁴⁾

la diffusion papier du mémoire et la diffusion électronique du résumé

la diffusion papier et électronique du mémoire

Date et signature de l'enseignant :

(1) L'administration, les enseignants et les différents services de documentation d'AGROCAMPUS OUEST s'engagent à respecter cette confidentialité.

(2) Signature et cachet de l'organisme

(3).Auteur = étudiant qui réalise son mémoire de fin d'études

(4) La référence bibliographique (= Nom de l'auteur, titre du mémoire, année de soutenance, diplôme, spécialité et spécialisation/Option)) sera signalée dans les bases de données documentaires sans le résumé

Table des matières

Table des matières

Liste des abréviations

Table des annexes

Table des tableaux

Table des figures

Introduction	1
I. Bibliographie	3
1. L'évaluation de la prolificité	3
a. Historique de l'évaluation de la prolificité	3
b. Les paramètres génétiques des différents critères utilisés dans l'évaluation de la prolificité	4
c. Evolution selon les rangs de portée des paramètres génétiques des différents critères utilisés dans l'évaluation	4
2. Les corrélations génétiques entre les différents critères sélectionnés	5
3. Prendre en compte l'évolution du critère de prolificité	6
II. Matériel et méthodes	7
1. Matériel	7
a. Les animaux	7
b. Le pedigree	7
c. Les données	7
2. Méthodes	8
a. Analyse descriptive	8
b. Analyse des effets non génétiques	8
c. Analyse de l'effet génétique	9
d. Prise en compte de l'ensemble des critères dans un objectif de sélection	10

III.	Les critères pour évaluer précocement la prolificité	10
1.	Les performances de prolificité en début de carrière	10
2.	Identification des effets non génétiques	11
3.	Les héritabilités des critères étudiés	12
4.	Les corrélations génétiques entre les différents critères étudiés	13
a.	Corrélations génétiques entre NV1, NV2 et NV3 et +	13
b.	Corrélations génétiques entre les nouveaux critères et la référence NV	13
c.	Corrélations génétiques avec NV3et+	14
d.	Corrélations génétiques avec NV2	14
5.	Quatre scénarios intéressants dans l'optimisation de la prolificité	15
a.	Scénario 1 : NV et delta21	15
b.	Scénario 2 : NV1, delta21 et NV3et+ et scénario 3 : NV1, delta21 et NV3et+	15
c.	Scénario 4 : somme12 et NV3et+	15
IV.	Faisabilité des quatre scénarios envisagés	16
1.	Les performances des 3554 truies selon les nouveaux critères de prolificité	16
2.	Calcul des paramètres génétiques pour chaque scénario ainsi que pour la situation de référence propre à l'étude	17
3.	Les progrès génétiques envisageables selon les scénarios	17
a.	Situation de référence, propre à l'étude	18
b.	Simulation du scénario 1	18
c.	Simulation des scénarios 2 et 3	18
d.	Simulation du scénario 4	19
	Conclusions et perspectives	20
	Références bibliographiques	21
	Références sitographiques	23
	Annexes	24

Liste des abréviations

A100 : Age à 100 kg

ETPN et ETP3 : Ecart-type de poids des porcelets à la naissance et à 3 semaines

GTTT : Gestion Technique du Troupeau de Truies

IFIP : Institut de la Filière Porcine

L100 : Epaisseur de Lard à 100 kg

NT : Nombre de porcelets Nés Totaux

NTF : Nombre de Tétines Fonctionnelles

NV : Nombre de porcelets Nés Vivants

NSEVD : Nombre de porcelets Sevrés De la truie

NSEVP : Nombre de porcelets Sevrés Par la truie

PMN et PM3 : Poids moyen des porcelets à la naissance et à 3 semaines

TZ : Tai Zumu

X5 : Epaisseur de muscle à 100 kg

Table des annexes

<u>Annexe 1 : Modélisation de la sélection dans la population de référence</u>	25
<u>Annexe 2 : Distribution pour chaque caractère suivant significativement une loi normale</u>	26
<u>Annexe 3 : Relations entre les critères NV et delta21 ou somme12</u>	29
<u>Annexe 4 : Performances évaluées en fonction de delta21 ou somme12</u>	31
<u>Annexe 5 : Paramètres génétiques pour la situation de référence</u>	33
<u>Annexe 6 : Paramètres génétiques pour la situation NV et delta21</u>	34
<u>Annexe 7 : Paramètres génétiques pour la situation NV3et+, NV1 et delta21</u>	35
<u>Annexe 8 : Paramètres génétiques pour la situation NV3et+, NV1 et delta21 </u>	36
<u>Annexe 9 : Paramètres génétiques pour la situation NV3et+ et somme12</u>	37

Table des tableaux

Tableau 1 : Héritabilités des critères de prolificité

Tableau 2 : Héritabilités par rang du critère NV

Tableau 3 : Héritabilités par rang des critères expliquant la prolificité (Roehe et Kennedy, 1995)

Tableau 4 : Corrélations génétiques pour NV selon le rang de portée ; au-dessus de la diagonale, Fernandez et al. (2008) ; au-dessous de la diagonale, Lukovic et al. (2004)

Tableau 5 : Héritabilités et corrélations génétique entre le critère NV et l'âge de la truie en jours pour atteindre 113,5kg ainsi que l'épaisseur de lard (Arango et al. 2005)

Tableau 6 : Corrélations génétiques entre NV à chaque rang et le poids et l'épaisseur de lard à 175 jours estimée par Noguera et al. (2002)

Tableau 7 : Corrélations génétiques estimées par Holm et al. (2004)

Tableau 8 : Paramètres génétiques utilisés dans l'objectif de sélection de la race Tai Zumu (Banville et al. 2004)

Tableau 9 : Les données utilisées

Tableau 10 : Les variables créées

Tableau 11 : Performances en NV des truies selon le rang de mise bas

Tableau 12 : Modèles d'analyse des critères étudiés

Tableau 13 : Héritabilités des critères étudiés

Tableau 14 : Paramètres génétiques du critère NV pour différentes parités

Tableau 15 : Paramètres génétiques entre les critères delta21 et NV

Tableau 16 : Paramètres génétiques entre les critères |delta21| et NV

Tableau 17 : Paramètres génétiques entre les critères somme12 et NV

Tableau 18 : Paramètres génétiques entre les critères somme12 et NV

Tableau 19 : Paramètres génétiques entre les critères somme12, NV1 et NV3 et +

Tableau 20 : Paramètres génétiques entre les critères delta21, NV1 et NV3 et +

Tableau 21 : Paramètres génétiques entre les critères |delta21|, NV1 et NV3 et +

Tableau 22 : Paramètres génétiques entre les critères NV1, |delta21| et NV2 et +

Tableau 23 : Paramètres génétiques entre les critères NV2 et NVsans2

Tableau 24 : Répartition des truies selon leur delta21

Tableau 25 : Répartition des truies selon leur somme12

Tableau 26 : Progrès génétique annuel modélisé pour la situation de référence

Tableau 27 : Progrès génétique annuel avec le nouveau critère delta21

Tableau 28 : Progrès génétique annuel pour une sélection avec NV3et+, NV1 et |delta21|

Tableau 29 : Progrès génétique annuel pour une sélection avec NV3et+, NV1 et delta21

Tableau 30 : Progrès génétique annuel pour une sélection avec NV3et+ et somme12

Table des figures

Figure 1 : Présentation de la truie parentale Youna commercialisée par GENE+ (www.geneplus.com)

Figure 2 : Présentation de l'objectif de sélection en 2014 pour la truie Tai Zumu (GENE+)

Figure 3 : Evolution du nombre de nés totaux en fonction du rang de portée dans 3 groupes de truies classées selon leur prolificité en NT (Banville et al. 2015)

Figure 4 : Causes du syndrome de deuxième portée (Schéma extrait d'une présentation de Kemp et al. (2010))

Figure 5 : Evolution des performances en fonction du rang de portée, selon l'année de naissance des truies

Figure 6 : Variation entre les rangs 1 et 2 en fonction de la prolificité en rang 1 (NV1)

Figure 7 : Participation des critères à l'objectif de sélection

Figure 8 : Participation des critères pour l'objectif de sélection incluant $\Delta 21$

Figure 9 : Participation des critères pour l'objectif de sélection avec $|\Delta 21|$, NV1, NV3et+

Figure 10 : Participation des critères pour l'objectif de sélection avec $\Delta 21$, NV1 et NV3et+

Figure 11 : Participation des critères pour l'objectif de sélection avec $\text{somme}12$ et NV3et+

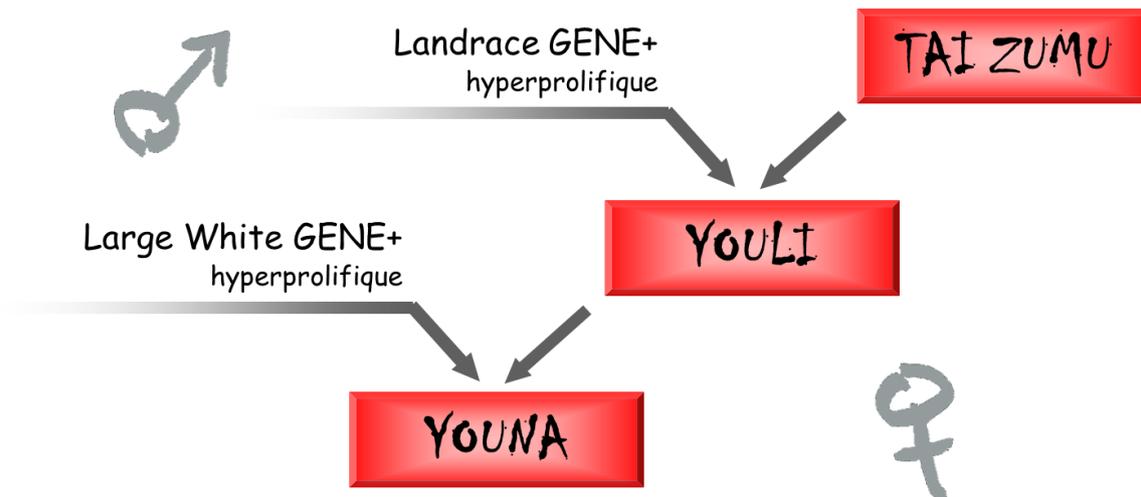
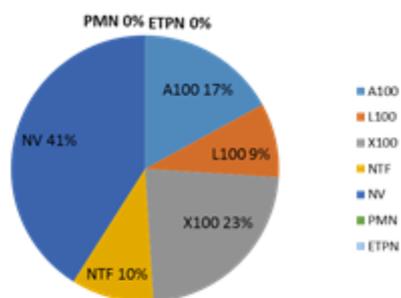


Figure 1 : Présentation de la truie parentale Youna commercialisée (GENE+)



NV: nés vivants; PMN: poids moyen à la naissance; ETPN: écart-type de poids naissance; A100: âge à 100kg; L100: Lard à 100kg; X100: muscle à 100kg; NTF: nombre de tétines fonctionnelles

Figure 2 : Présentation de l'objectif de sélection en 2014 pour la truie Tai Zumu (GENE+)

Introduction

Dans un contexte d'amélioration permanente des performances des animaux, en réponse aux attentes des éleveurs, les entreprises de sélection porcine se sont orientées vers les caractères de production, critères économiques importants pour les producteurs, comme la prolificité, la croissance. Le travail de sélection est réparti sur deux voies distinctes dites mâles et femelles, la première permet la production de verrats terminaux et la deuxième celle des truies des élevages de production. Les critères de reproduction, telle que la prolificité, sont mis en avant dans la sélection des individus des lignées femelles, quant aux critères comme la croissance, ou, l'indice de consommation, bien que sélectionnés sur les lignées femelles, ils sont primordiaux dans la sélection des individus des lignées mâles. En effet, la rentabilité économique d'un élevage porcin, repose sur le nombre d'animaux abattus, reflété par les qualités maternelles et la capacité à sevrer des truies, ainsi que sur la croissance et la carcasse de ces animaux, conséquence du choix des verrats terminaux utilisés.

Dans l'optique de proposer une truie parentale, montrant des performances en prolificité répondant aux attentes des producteurs adhérents des coopératives actionnaires, l'entreprise GENE+ a créé sa propre lignée femelle, la race sino-européenne, Tai Zumu (TZ). Elle est issue du croisement entre des truies Meishan et des verrats hyperprolifiques Large White. Ce croisement a permis l'obtention d'animaux combinant les aptitudes maternelles remarquables des truies Meishan, ainsi que des qualités de carcasse et de croissance de la race Large White. Le schéma de croisement, présenté figure 1, illustre l'utilisation actuelle de la TZ par l'entreprise GENE+. Le croisement de truies TZ et de verrats hyperprolifiques de race Landrace, en multiplication, donne naissance à des truies, dites Youli. Puis, le croisement des truies Youli avec des verrats hyperprolifiques de race Large White permet la production des truies parentales commercialisées, les Youna. Présentes sur les élevages, elles permettent la production des animaux terminaux destinés à l'abattoir. Les truies parentales Youna montrent une prolificité ainsi que des qualités maternelles héritées notamment des truies Tai Zumu, par la voie femelle.

Les objectifs de sélection de la TZ, portent sur des qualités maternelles, sur la prolificité, mais aussi sur des qualités de carcasse et de croissance. Les différents critères utilisés dans la sélection sont présentés dans la figure 2, ainsi que leur poids respectif dans le calcul de l'index de sélection. Le critère de prolificité, sélectionné à travers le critère nombre de nés vivants moyen sur l'ensemble des rangs de portée réalisé au moment de l'évaluation, est le plus important, représentant 41% de la valeur de l'index. Le calcul des valeurs génétiques prend aussi en compte les poids moyens des porcelets à la naissance et à trois semaines (PMN et PM3), ainsi que les écarts-types de poids des porcelets, à la naissance et à trois semaines (ETPN et ETP3). Ces critères de poids et d'écarts-types de poids des porcelets permettent de prendre en compte des qualités maternelles de lactation, ainsi que l'homogénéité des portées (Banville 2012).

Les truies TZ sont élevées dans trois élevages différents, tous propriétés de la société GENE+. Il existe un échange constant entre les responsables d'élevage et le service génétique de la société, à travers les évaluations des animaux et grâce à des réunions techniques. Ainsi, une demande fréquente a été identifiée, quant à la sélection des truies sur la prolificité en début de

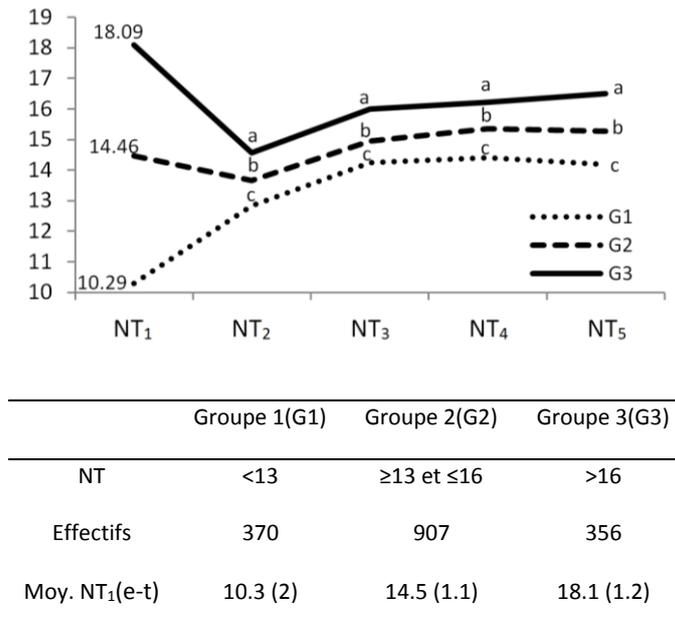


Figure 3 : Evolution du nombre de nés totaux en fonction du rang de portée dans 3 groupes de truies classées selon leur prolificité en NT (Banville et al. 2015)

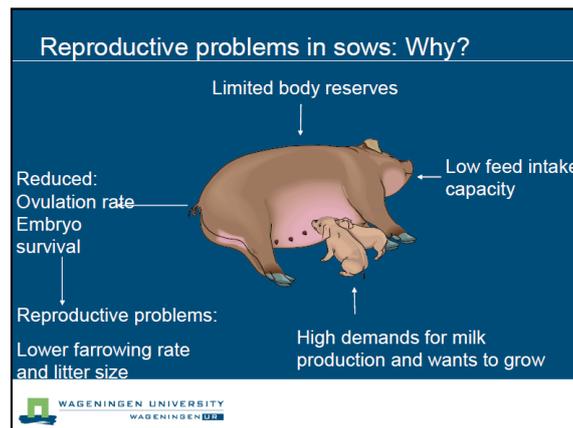


Figure 4 : Causes du syndrome de deuxième portée (Schéma extrait d'une présentation de Kemp et al. 2010)

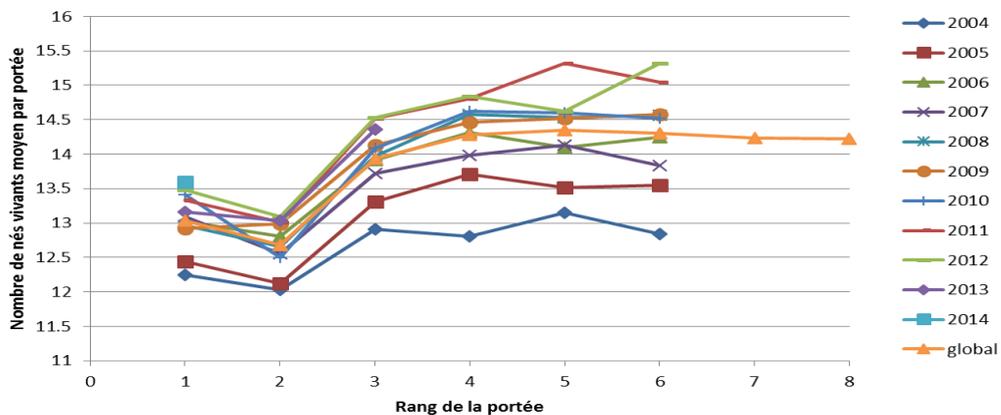


Figure 5 : Evolution des performances en fonction du rang de portée, selon l'année de naissance des truies

carrière. Les cochettes réalisent majoritairement leur première mise bas en multiplication (exception d'un élevage de 100 truies). Les meilleures primipares, sélectionnées sur leurs valeurs génétiques prenant en compte cette première performance, mettront bas des portées de race Tai Zumu. Les performances des truies varient beaucoup sur les trois premiers rangs avec une baisse notable des performances, en NT, en deuxième rang pour les cochettes très prolifiques en premier rang (Figure 3). Par conséquent, il est difficile pour les éleveurs d'estimer sereinement le potentiel des truies, après une première portée. Une truie très prolifique en rang 1 est une bonne candidate pour réaliser une mise bas de rang 2 en sélection, mais, elle risque de réaliser un mauvais résultat en rang 2 et de ne pas forcément continuer sa carrière en sélection. Par contre, une truie moyennement prolifique en rang 1 pourrait ne pas entrer en sélection et réaliser un très bon rang 2 en multiplication. Banville et al. (2015), ont montré que le potentiel d'une truie adulte est atteint à partir du rang 3 de portée et dans les élevages, les portées de sélection pour le renouvellement du troupeau sont majoritairement réalisées sur les rangs 2, 3 et 4, ce qui laisse peu de marge aux éleveurs.

Généralement, le nombre de nés vivants augmente avec la parité (Paterson et al. 1980 ; Skorput et al. 2014 ; Roehe et Kennedy 1995). Pourtant, de nombreuses études font état d'une baisse de la prolificité en rang 2 (Morrow et al. 1992 ; Hoving 2012 ; Boulot et al. 2013 ; Dagorn et al. 1984), phénomène appelé « syndrome de deuxième portée », dont les principales causes sont de nature zootechnique (Morrow et al. 1992 ; Hoving 2012). La figure 4 correspond à une diapositive d'une présentation de Kemp, Wientjes, Hoving, van Leeuwen et Soede, à l'université de Wageningen. Elle illustre le mécanisme lié à l'apparition du syndrome de deuxième portée. L'hyperprolificité en rang 1 induit un épuisement physiologique pendant la lactation, impactant la gestation suivante, notamment en diminuant la folliculogénèse et la survie embryonnaire. Après le rang 2, les truies ne sont plus impactées, et les performances repartent à la hausse. La conduite d'élevage des nullipares hyperprolifiques serait la cause de ce syndrome de deuxième portée. Récemment, Banville et al. (2015) montrent que la génétique des animaux pourrait aussi être prise en compte dans l'explication de cette baisse en rang 2. Il serait alors possible de sélectionner des animaux ayant la capacité de répéter des performances de prolificité élevée en début de carrière.

La race TZ est aujourd'hui sélectionnée sur le critère NV moyen sur l'ensemble des rangs de portée réalisés et les performances des animaux répondent parfaitement à l'objectif de sélection (Figure 5), mais globalement, les performances diminuent en rang 2 de portée. Cette étude a pour but d'investiguer différentes pistes de réponse aux interrogations des responsables d'élevage, afin d'optimiser la sélection sur la prolificité mise en place actuellement. A partir d'une étude bibliographique sur la prolificité, différents critères de sélection seront identifiés. Les paramètres génétiques pour l'ensemble de ces critères seront estimés et à partir de ces premiers résultats, seuls les critères, pouvant répondre au mieux à la problématique, seront retenus pour constituer des objectifs de sélection. Dans un deuxième temps, de nouveaux objectifs de sélection seront construits, incluant l'ensemble des critères de GENE+. Différents scénarios seront testés et modélisés afin d'estimer les progrès possibles. Ces nouveaux objectifs de sélection seront comparés à l'objectif actuel et le progrès génétique pour chaque critère sera estimé. En fonction de ces résultats, les différentes pistes de réponse à la problématique seront discutées.

Tableau 1 : Héritabilités des critères de prolificité

Lignée	Etude	NV	NT	NSEVP	NSEVD
Tai Zumu	Sourdioux et al. (2010)	0,18	0,18	0,085	0,14
Large White	Chen et al. (2003)	0,10	ND	0,05	ND
	Huby et al. (2003)	0,11	0,12	0,03	0,04
Landrace	Chen et al. (2003)	0,08	ND	0,05	ND
	Bouquet et al. (2006)	0,10	0,10	ND	0,09
Duroc	Chen et al. (2003)	0,09	ND	0,07	ND
Ibérique	Fernandez et al. (2008)	0,07	ND	ND	ND

ND : non déterminé dans l'étude

Tableau 2 : Héritabilités par rang du critère NV

	Roehre et Kennedy (1995)	Roehre et Kennedy (1995)	Lukovic et al. (2004)	Skorput et al. (2014)	Fernandez et al. (2008)
Rang	Large White	Landrace	2 lignées et leurs croisements	Cochon noir de Slavonie	Ibérique
1	0,10 (0,02)	0,09 (0,01)	0,10 (0,02)	0,03 (0,01)	0,13 (0,02)
2	0,09 (0,02)	0,10 (0,02)	0,13 (0,02)	0,20 (0,03)	0,09 (0,02)
3	0,14 (0,02)	0,11 (0,02)	0,11 (0,02)	0,21 (0,05)	0,10 (0,02)
4	0,13 (0,03)	0,13 (0,02)	0,11 (0,02)	0,17 (0,05)	0,06 (0,02)
5	ND	ND	0,12 (0,02)	0,09 (0,06)	0,11 (0,03)
6	ND	ND	0,12 (0,02)	0,04 (0,03)	0,11 (0,02)

ND : non déterminé

I. Bibliographie

1. L'évaluation de la prolificité

a. Historique de l'évaluation de la prolificité

Depuis 20 ans, la sélection de la prolificité a pris en compte des critères différents. Jusqu'au début des années 2000, le critère utilisé était le nombre de nés totaux. Il correspond à l'ensemble des porcelets mis bas par la truie, soit les nés vivants et les morts nés. Ce critère traduit la capacité de la truie à produire des porcelets. Il permet de donner une idée sur des qualités de reproduction : la folliculogénèse et la survie embryonnaire. La mise en place de cette sélection a induit une augmentation du nombre de nés vivants, mais aussi de morts nés (Mérour 2010). Le nombre de porcelets morts nés est un critère difficile à sélectionner car la distribution n'est pas normale, le nombre de nés vivants est alors utilisé comme critère de sélection, à partir de 2002. La taille de la portée est évaluée à la naissance des porcelets.

A partir de 2010 et jusqu'en 2014, plusieurs critères sont utilisés simultanément pour évaluer la prolificité, le nombre de nés vivants, le nombre de sevrés par et de la truie. Le nombre de sevrés par la truie correspond au nombre de porcelets que la truie a sous elle au moment du sevrage. Il dépend du nombre de porcelets laissés sous la truie par l'éleveur. Le nombre de sevrés de la truie correspond au nombre de porcelets sevrés mis bas par la truie évaluée. Ces porcelets ont pu être adoptés ou sevrés précocement. Il traduit une viabilité des porcelets d'une truie, donc d'une origine génétique. Surtout, ces critères de nombre de sevrés se rapproche de la productivité numériques des truies, critère utilisé par les éleveurs dans l'évaluation de la rentabilité de leur élevage. Les héritabilités pour les nombres de sevrés moyens sur la carrière sont plus faibles que celle du nombre de nés vivants moyen (Tableau 1). De plus, les pertes en allaitement, liées à la conduite d'élevage, ont augmenté (Mérour 2010), impactant les critères du nombre de sevrés, en plus de la génétique de la truie. Enfin, les pratiques d'élevage (adoption) impacte de façon majoritaire les résultats, limitant par conséquent la variabilité d'origine génétique.

Aujourd'hui, le nombre de porcelets nés vivants moyen sur la carrière des truies est utilisé pour évaluer la taille de la portée. Il traduit la capacité des truies à produire des porcelets. D'autres critères peuvent aussi être utilisés. Rydhmer (2005), regroupe les différents programmes de sélection dans les pays nordiques. Au Danemark, Danbred utilise un autre critère pour l'évaluation de la prolificité, le nombre de nés vivants à 5 jours d'âge, ce critère permet de décrire les capacités de reproduction de la truie, ainsi que la survie des porcelets, notamment en sélectionnant contre les pertes de chétifs et d'écrasés. Il correspond à un compromis entre le critère NV, traduisant la prolificité et le critère NSEV, traduisant la productivité.

Tableau 3 : Héritabilités par rang des critères expliquant la prolificité (Roehé et Kennedy 1995)

Large White			
Rang	NT	NV	NSEV
1	0,11 (0,02)	0,10 (0,02)	0,06 (0,01)
2	0,11 (0,02)	0,09 (0,02)	0,06 (0,02)
3	0,14 (0,02)	0,14 (0,02)	0,08 (0,02)
4	0,11 (0,03)	0,13 (0,03)	0,06 (0,02)
Landrace			
Rang	NT	NV	NSEV
1	0,10 (0,01)	0,09 (0,01)	0,07 (0,01)
2	0,10 (0,02)	0,10 (0,02)	0,09 (0,02)
3	0,12 (0,02)	0,11 (0,02)	0,05 (0,02)
4	0,15 (0,02)	0,13 (0,02)	0,06 (0,02)

Tableau 4 : Corrélations génétiques pour NV selon le rang de portée ; au-dessus de la diagonale, Fernandez et al. (2008) ; au-dessous de la diagonale, Lukovic et al. (2004)

Rang	1	2	3	4	5	6
1		0,72 (0,08)	0,80 (0,08)	0,72 (0,11)	0,28 (0,12)	0,41 (0,11)
2	0,80		0,99 (0,01)	0,99 (0,01)	0,87 (0,05)	0,93 (0,04)
3	0,72	0,89		0,99 (0,01)	0,80 (0,06)	0,87 (0,05)
4	0,71	0,87	0,88		0,87 (0,05)	0,93 (0,05)
5	0,66	0,85	0,90	0,95		0,99 (0,02)
6	0,68	0,85	0,88	0,95	1,00	

b. Les paramètres génétiques des différents critères utilisés dans l'évaluation de la prolificité

De nombreuses études ont été réalisées afin de déterminer les héritabilités des critères évaluant la prolificité. Les héritabilités de ces critères varient en fonction des races choisies dans les études. Le tableau 1 rassemble les héritabilités des critères de prolificité de diverses études.

L'étude de Chen et al. (2003), rassemble les héritabilités pour le critère NV dans différentes races. Les valeurs sont comprises entre 0,07 pour le Landrace et 0,10 pour le Large White. Pour le Duroc et le Hampshire, l'héritabilité du critère NV est de 0,08. Fernandez et al. (2008), ont estimé les paramètres génétiques du critère NV pour la race ibérique. L'héritabilité est de 0,07. L'héritabilité du critère NV pour la race qui nous intéresse a été estimée par Sourdioux et al. (2010). Elle est de 0,18. Les héritabilités du critère NV sont toujours très proches de celles du critère NT.

Les études de Chen et al. (2003), et Sourdioux et al. (2010), réalisent aussi l'estimation de l'héritabilité pour le critère du nombre de sevrés (NSEV). Globalement, elles sont inférieures à celles du critère NV. Chen et al. (2003), estiment l'héritabilité à 0,05 pour le Large White, 0,07 pour le Duroc, 0,05 pour le Hampshire et 0,05 pour le Landrace. Pour la Tai Zumu, l'estimation de l'héritabilité est supérieure, estimée à 0,14. Pour la lignée sino-européenne, Tai Zumu, les héritabilités des critères de prolificité sont plus élevées que pour les autres races. De plus, l'héritabilité du nombre de sevrés est inférieure à celle du nombre de nés vivants, du fait de la nature du critère. En effet, le nombre de sevrés dépend de la conduite de l'éleveur.

c. Evolution selon les rangs de portée des paramètres génétiques des différents critères utilisés dans l'évaluation de la prolificité

La taille de la portée définit, par le nombre de nés vivants, nés totaux ou encore par le nombre de sevrés, varie tout au long de la carrière des truies. En effet, pour une première mise bas, la nullipare n'a pas fini sa croissance et ne peut donc pas exprimer son potentiel génétique pour la prolificité à son maximum. A chaque nouvelle performance de prolificité, soit chaque mise bas, les critères sont enregistrés, ils constituent alors des variables répétées. Roehe et Kennedy (1995), introduisent la notion de biais dans l'estimation des paramètres génétiques de ces variables. En effet, entre chaque parité, les truies sont sélectionnées en fonction des performances aux rangs précédents. Dans l'étude, les effectifs des truies, réalisant une performance, passent de 11 782 à 4 587 entre le rang 1 et le rang 4. Ils citent Rothschild et al. (1979), qui ont, dans leur étude, pris en compte ce biais, en estimant les paramètres génétiques pour chaque rang de portée.

Le tableau 2 rassemble différentes études, les héritabilités pour NV ont été estimées par rang de portée. Globalement, l'héritabilité augmente avec le rang.

Le tableau 3 présente les résultats de l'étude de Roehe et Kennedy (1995). Il permet de comparer l'évolution des héritabilités des différents critères expliquant la prolificité avec le rang de portée. Pour tous les critères expliquant la prolificité, l'héritabilité augmente avec le rang.

Tableau 5 : Héritabilités et corrélations génétique entre le critère NV et l'âge de la truie en jours pour atteindre 113,5kg ainsi que l'épaisseur de lard (Arango et al. 2005)

	NV	Age à 113,5kg	Epaisseur de lard
NV	0,09	0,08	0,05
Age à 113,5kg		0,37	-0,22
Epaisseur de lard			0,31

Tableau 6 : Corrélations génétiques entre NV à chaque rang et le poids et l'épaisseur de lard à 175 jours estimée par Noguera et al. (2002)

NV au rang	Poids de la truie	Epaisseur de lard
1	-0,03 (0,04)	-0,05 (0,07)
2	-0,08 (0,04)	-0,06 (0,05)
3	-0,11 (0,03)	0,11 (0,05)
4	0,01 (0,04)	0,14 (0,05)
5	-0,05 (0,06)	0,06 (0,06)
6	0,11 (0,07)	-0,14 (0,07)

Tableau 7 : Corrélations génétiques estimées par Holm et al. (2004)

	A100	Epaisseur de lard	Taux de Muscle par Pièce	Indice de Consommation
NV1	0,60 (0,05)	0,00 (0,05)	-0,12 (0,07)	0,23 (0,08)
NV2	0,42 (0,06)	0,08 (0,05)	-0,24 (0,09)	0,20 (0,10)

NV1, NV2 : NV respectivement aux rangs 1 et 2 de portée

Tableau 8 : Paramètres génétiques utilisés dans l'objectif de sélection de la race Tai Zumu (Banville et al. 2004)

Traits ^a	BF ₁₀₀	LD ₁₀₀	NFT	NBA	MW0	SDW0	NW	MW3	SDW3	LWG0-3
A ₁₀₀	0.36 (0.03) ^b	0.44 (0.04)	0.04 (0.05)	0.28 (0.08)	-0.43 (0.06)	-0.24 (0.10)	0.13 (0.13)	-0.41 (0.09)	-0.33 (0.12)	-0.23 (0.10)
BF ₁₀₀	-	0.17 (0.04)	-0.06 (0.03)	0.15 (0.07)	-0.37 (0.05)	-0.25 (0.09)	0.28 (0.11)	-0.34 (0.09)	-0.37 (0.11)	-0.07 (0.09)
LD ₁₀₀	-	-	0.03 (0.04)	-0.08 (0.08)	-0.04 (0.06)	-0.16 (0.10)	0.30 (0.11)	0.01 (0.10)	-0.14 (0.12)	0.13 (0.10)
NFT	-	-	-	-0.08 (0.07)	0.11 (0.06)	0.11 (0.09)	0.45 (0.12)	-0.05 (0.09)	-0.21 (0.11)	0.07 (0.09)

^aNBA, number born alive; MW0-MW3, within-litter mean piglet weight at birth and 3 weeks; SDW0-SDW3, standard deviation of weight within litter at birth and at 3 weeks; NW, number of piglets weaned of the sow; LWG0-3, litter weight gain from birth to 3 weeks; A₁₀₀, age at 100 kg; BF₁₀₀, backfat thickness at 100 kg; LD₁₀₀, loin depth at 100 kg; NFT₁₀₀, number of functional teats.

^bStandard errors of estimates are given in brackets.

Le tableau 4 présente les résultats des études de Lukovic et al. (2004) et Fernandez et al. (2008). Bien que les études portent sur des races différentes, une même tendance s'en dégage. Les corrélations génétiques entre les performances augmentent avec la parité. La performance en rang 1 se distingue des suivantes, les corrélations génétiques entre elles étant plus faibles, elle pourrait même être considérée comme une variable génétique à part entière (Lukovic et al. 2004 ; Noguera et al. 2002). L'augmentation des corrélations génétiques avec le rang traduit une meilleure connaissance du potentiel des animaux à leur maturité.

2. Les corrélations génétiques entre les différents critères sélectionnés

Pour les lignées sino-européennes, il est important d'introduire des critères de production dans l'objectif de sélection (Legault, 1998). En effet, les performances de ces individus sont comparées à celles des lignées européennes actuelles, Large White et Landrace, meilleures sur les critères de carcasse et de croissance. Ainsi, dans la sélection, des critères de production en plus de ceux de reproduction, sont inclus. L'objectif de sélection actuel pour la Tai Zumu, présenté par la figure 2, regroupe différents critères. Afin de pouvoir améliorer tous les critères simultanément et avoir un objectif de sélection cohérent, il est nécessaire de connaître les paramètres génétiques de tous ces critères, notamment, les corrélations génétiques entre eux.

Les tableaux 5, 6, 7 présentent les corrélations génétiques entre différents critères. L'âge à 100 kg ou à 113,5 kg correspond à un critère traduisant la croissance des truies. Les épaisseurs de lard et de muscle traduisent l'état corporel des truies. Arango et al. (2005) montrent que les performances en NV sur la carrière et l'âge à 113,5kg ou l'épaisseur de lard sont peu corrélées chez les truies Large White. Noguera et al. (2002) estiment les corrélations avec le critère NV pour chaque rang. Pour les parités 3 et 6, les corrélations sont significativement différentes de zéro, entre la performance en NV et le poids de la truie. Un poids plus élevés en parité 3, entraîne une performance moindre en NV, au contraire, pour le rang 6, un poids plus élevé entraîne une meilleure prolificité. Les corrélations génétiques entre NV et l'épaisseur de lard sont positives pour les rangs 3 et 4, pour le rang 6, la corrélation est négative. L'étude de Holm et al. (2004), montre que les corrélations génétiques entre NV aux rangs 1 et 2 et l'âge à 100kg sont fortement défavorables. Diminuer l'âge à 100kg induit une baisse de la prolificité aux rangs 1 et 2. L'étude montre aussi qu'un fort taux de muscle par pièce induit une prolificité moindre. Les animaux hyperprolififiques ont donc tendance à être plus léger, moins musclés et plus gras à leur maturité.

L'étude de Banville et al. (2014), correspond à l'estimation des paramètres génétiques pour la Tai Zumu, utilisés actuellement dans les évaluations. Il est important de tenir compte de ces paramètres dans l'optimisation de l'évaluation de la prolificité, pour ne pas dégrader d'autres critères de l'objectif de sélection. Les animaux Tai Zumu à forte prolificité ont génétiquement une croissance plus lente, une épaisseur de lard plus élevée, une épaisseur de muscle plus faible ainsi que, dans une moindre mesure, un nombre de tétines fonctionnelles abaissé.

3. Prendre en compte l'évolution du critère de prolificité

L'étude de Dagorn et al. (1984), montre qu'un tiers des truies des adhérents à la Gestion Technique des Troupeaux de Truies (GTTT) de l'IFIP ont une prolificité au rang 2 inférieure à celle du rang 1. Dans leur étude Lucbert et Lavorel (1984), tentent de trouver des raisons à cette baisse. Ils concluent que la baisse de prolificité au rang 2 est liée à la prolificité élevée au cycle précédent, augmentant les besoins énergétiques en lactation, ainsi qu'à l'intervalle entre les deux mises bas, ne permettant pas la reprise d'état des truies hyperprolifiques. Hoving (2012), ainsi que Lucbert et Lavorel (1984), étudient l'impact de la conduite d'élevage dans la baisse de prolificité au rang 2. Notamment, la prolificité élevée en rang 1 induirait une contre-performance au rang suivant. Il semble alors intéressant d'étudier le nombre de sevrés par la truie au rang 1. De plus, Quesnel et al. (2005) ainsi que King (1989), mettent en avant l'impact de l'état nutritionnel de la truie sur la prolificité. Son déficit induit une baisse du taux d'ovulation et de la survie embryonnaire, induisant le syndrome de deuxième portée, expliqué par la figure 4. La prolificité en rang 2, inférieure à celle attendue après le rang 1, pourrait être considérée comme un « accident de conduite », selon cette hypothèse, il faudrait distinguer cette performance des autres dans l'évaluation génétique de la prolificité sur l'ensemble de la carrière des truies.

Le déterminisme génétique de la prolificité en rang 1 est différent de celui pour les rangs suivants (Lukovic et al. 2004). La baisse de prolificité pourrait être liée à ce changement de déterminisme. Il semble alors intéressant de séparer la performance de rang 1 du reste de la carrière. La prolificité du rang 1 correspond à la performance de truies nullipares, alors que les prolificités aux rangs suivants correspondent aux performances de multipares.

Toutefois, les truies qui sont très prolifiques en rang 1 et malgré une baisse de prolificité en rang 2 restent les meilleures sur l'ensemble de leur carrière. Ce qui est confirmé par l'étude de Banville et al. (2015) pour les truies Tai Zumu. La prolificité en rang 1 permet de prévoir la prolificité moyenne sur l'ensemble de la carrière de la truie. Même si, Koketsu et al. (1999) ainsi que Banville et al. (2015), montrent que les truies sont à leur meilleur niveau pour le critère NV à partir du rang 3 et jusqu'au rang 5. Le critère NV varie donc en début de carrière, pour se stabiliser à partir du troisième rang. Il paraît alors intéressant de travailler avec au moins les trois premières parités.

Banville et al. (2015), mettent en avant une composante génétique dans cette baisse de performance. En effet, la variation de prolificité entre les rangs 1 et 2 est héritable, avec une héritabilité estimée à 0,04 dans l'étude. La différence de prolificité entre les deux premiers rangs pourrait constituer un critère traduisant la stabilité de prolificité en début de carrière.

Dagorn et al. (1984), et Sasaki et al. (2011), comparent tous deux l'utilisation de la somme des nés vivants sur les deux premiers rangs ou la variation du nombre des vivants entre les deux rangs. Dagorn et al. (1984), concluent que la somme avantage les truies à forte prolificité en rang 1, mais que sur leur carrière, ces truies sont moins prolifiques. Au contraire, Sasaki et al. (2011), mettent en avant que la somme permet de mieux prévoir la prolificité sur l'ensemble de la carrière que le delta entre les deux premiers rangs.

II. Matériel et méthodes

1. Matériel

a. Les animaux

Les truies Tai Zumu (TZ) sont réparties dans trois élevages, propriétés de GENE+. L'ensemble des données de ces élevages sont enregistrées. L'étude portant sur une optimisation de l'évaluation précoce de la prolificité, il est intéressant de conserver les truies sélectionnées ayant réalisé un nombre de rangs minimum, afin d'étudier les variations en début de carrière pour toutes les truies. Considérant que les performances en NV se stabilisent à partir du troisième rang de portée (Banville et al. 2015), le jeu de données de l'étude se compose des truies ayant réalisé au moins trois mises bas. La taille du cheptel Tai Zumu est stable depuis le 1 janvier 2004 avec le peuplement du dernier des trois élevages, cette date a été choisie comme point de départ du jeu de données. L'étude porte sur 3554 truies nées entre le 07/01/2004 et le 25/04/2013 et ayant au minimum 3 performances de mise bas avant le 16/02/2015 sur les 5877 truies nées sur la même période. Les mises-bas enregistrées ont eu lieu entre le 07/12/2004 et le 21/01/2015.

b. Le pedigree

La généalogie de toutes les truies Tai Zumu est connue et enregistrée depuis la création de la lignée (1994). La construction du fichier de parenté est réalisée à partir des 3554 truies utilisées dans le jeu de données grâce au logiciel SAS (SAS Institute Inc 2011). Le pedigree final de l'étude comprend 18 générations, il remonte jusqu'aux premiers croisements Meishan x Large White, soit aux premiers individus Tai Zumu. Il comprend 5298 individus de race Tai Zumu ainsi que deux codes parents inconnus qui correspondent aux fondateurs de la race : un groupe étant celui des verrats Large White et un groupe étant celui des truies Meishan. Le lien entre le fichier « pedigree » et le fichier « performance » se fait par le numéro de l'animal, son père et sa mère.

c. Les données

L'ensemble des performances des truies TZ sont collectées dans les bases de données GENE+. Pour cette étude, l'ensemble des variables utilisées dans l'évaluation génétique actuelle de la Tai Zumu sont conservées. En plus de ces éléments, un certain nombre de variables sont construites afin de répondre à la problématique.

Les données, élevage d'origine (EDE), rang de la portée (rang), race de la portée (race), année, mois et saison de la mise bas sont intégrés au jeu de données. La bande de mise bas, correspondant à un groupe de truies contemporaines, est également renseignée. A partir de ces données brutes, certaines modifications sont faites afin de faciliter le traitement futur.

Les variables herd-year-season (hys : élevage, année, saison) et herd-year-month (hym : élevage, année, mois) sont créées afin de regrouper les différents paramètres de date et lieu de naissance des portées.

Tableau 9 : Les données utilisées

Information (nom de la variable)	Modalités
Elevage d'origine (EDE)	3
Rang de la portée (rang)	7
Race de la portée (race)	2
Année de la mise bas (année)	12
Mois de la mise bas (mois)	12
Saison de la mise bas (saison)	4
Bande de mise bas (bande)	858
herd-year-season (hys)	124
herd-year-month (hym)	363
Environnement permanent (ENVP)	3554

Tableau 10 : Les variables créées

Variable	Signification
NV1	Nombre de NV au rang 1
NV2	Nombre de NV au rang 2
NV3	Nombre de NV au rang 3
NV123	Moyenne des NV sur les rangs 1, 2 et 3
NV2 et +	Moyenne des NV sur les carrières à partir du rang 2
NV3 et +	Moyenne des NV sur les carrières à partir du rang 3
NVsans2	Moyenne des NV sur les carrières sans le rang 2
NSEVP1 ou NSEVP2	Nombre de sevrés par la truie au rang 1 ou au rang 2
NV _p , NT _p ou NSEVP _p	NV, NT ou NSEVP au rang précédent
delta21	NV2 - NV1
delta32	NV3 - NV2
somme12	NV1 + NV2
somme23	NV2 + NV3
delta21 ou delta32	Valeur absolue de delta21 ou delta32

Les performances des truies vont du rang 1 à 15. Pour l'étude, les rangs 7 à 15 sont regroupés, le rang numéroté 7 regroupant les performances des rangs 7 et plus, compte tenu du faible nombre d'animaux avant une performance à partir du rang 7. L'étude portant sur l'analyse de données répétées selon le rang de portée, il est nécessaire de définir un effet d'environnement permanent (ENVP), qui, ici, correspond à l'effet de la truie indépendamment de la liaison au pedigree. Le tableau 9 présente le nombre de modalités pour les différentes informations enregistrées. Pour chaque mise bas, les performances de prolificité des truies sont enregistrées, notamment, les critères NV, NT et NSEVP qui sont actuellement utilisés pour les évaluations génétiques. A partir de ces variables, d'autres, nécessaires à l'étude, sont créées, leur description est présentée dans le tableau 10.

2. Méthodes

a. Analyse descriptive

Une première étude descriptive du jeu de données est réalisée à l'aide du logiciel Excel. Elle permet de mieux comprendre les variations des performances des truies, ainsi que des corrélations entre les variables. L'analyse descriptive est complétée par l'utilisation des procédures UNIVARIATE et CORR du logiciel SAS (SAS Institute Inc 2011). L'option NORMAL de la procédure UNIVARIATE a été utilisée pour valider la normalité des différentes distributions.

b. Identification des effets non génétiques

Afin de réaliser une analyse génétique des différents caractères, il est nécessaire de définir les effets fixes et aléatoires pouvant expliquer les variations d'origine environnementale et donc non génétique. Différents paramètres sont testés, ceux ayant une probabilité critique inférieure à 5%, et en lien zootechnique avec les variables où ils s'appliquent, sont retenus. Il n'est pas exclu qu'un effet non significatif mais important d'un point de vue zootechnique soit conservé dans le modèle. La procédure MIXED (SAS Institute Inc 2011) est utilisée pour cette étape.

- Les effets fixes

Le nombre d'individus par modalité de ces variables doit être suffisant pour une estimation fiable de l'effet sur les variables analysées. Ainsi, les effets fixes testés sont l'élevage (EDE), le rang de portée (rang), la race de la portée (race), l'année, le mois, la saison de la mise bas (année, mois, saison), ainsi que la variable hys. La variable hym aurait pu être utilisée comme un effet fixe mais le nombre de truies par modalité varie de façon importante et n'est pas toujours suffisant pour une estimation fiable. Le test permettant de définir les effets fixes significatifs est un Wald F test.

- Les effets aléatoires

Les effets aléatoires sont définis par une grande quantité de modalités, à chacune d'elles correspondant un nombre restreint d'individus. Ainsi, les effets aléatoires testés sont la bande de mise bas (bande) et l'environnement permanent (ENVP).

- Les covariables

D'après la bibliographie, exposée en première partie, les performances de prolificité au rang précédent impacteraient la performance. Ainsi les covariables testées sont la NSEVP1 et NVp, NTp et NSEVPp (p pour rang précédent).

c. Analyse de l'effet génétique

A partir du pedigree et du jeu de données, l'objectif est d'identifier la part de variance d'origine génétique de chaque caractère. L'analyse de variance est réalisée selon la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (Restricted maximum likelihood – ReML), à l'aide du logiciel ASReml (Gilmour et al. 2009). Elle permet d'estimer les variances et les covariances entre les différentes variables, nécessaires aux calculs des paramètres génétiques.

La formule permettant de calculer les héritabilités est :

$$h^2 = \frac{\sigma^2_g}{\sigma^2_g + \sum \sigma^2_{effets\ aléatoires} + \sigma^2_{résiduelle}}$$

Avec, σ^2_g , la variance génétique additive, $\sum \sigma^2_{effets\ aléatoires}$, les variances des effets aléatoires et $\sigma^2_{résiduelle}$, la variance liée à la résiduelle.

Afin de déterminer si les critères étudiés permettraient d'optimiser l'évaluation de la prolificité, il est important d'étudier les corrélations phénotypiques et génétiques entre ces critères et celui utilisé actuellement, NV. Ainsi, différents modèles bi-caractères et tri-caractères sont définis. A partir des estimations des covariances entre les caractères, les corrélations sont calculées. Les effets fixes et aléatoires s'appliquant aux variables pour les modèles multivariés sont ceux mis en évidence pour les modèles mono-caractères.

La formule permettant de calculer les corrélations phénotypiques entre deux caractères i et j est :

$$corr_p(i, j) = \frac{\sum cov(i, j)}{\sqrt{\sigma^2_{p\ i} * \sigma^2_{p\ j}}}$$

Avec, $\sum cov(i, j)$, la somme des covariances entre les caractères i et j, $\sigma^2_{p\ i}$ et $\sigma^2_{p\ j}$, les variances phénotypiques associées aux caractères i et j.

La formule permettant de calculer les corrélations génétiques entre deux caractères i et j est :

$$corr_g(i, j) = \frac{cov_g(i, j)}{\sqrt{\sigma^2_{g\ i} * \sigma^2_{g\ j}}}$$

Avec, $cov_g(i, j)$, la covariance génétique entre les caractères i et j, $\sigma^2_{g\ i}$ et $\sigma^2_{g\ j}$, les variances génétiques associées aux caractères i et j.

Les différents modèles constituent des pistes de réponse. Seuls ceux considérés comme potentiellement intéressants, au vue des paramètres génétiques estimés, seront choisis.

Tableau 11 : Performances en NV des truies selon le rang de mise bas

Rang	1	2	3	4	5	6	7 et +	Total
Effectifs de truies	3554	3554	3554	2677	1937	1318	977	17 561
Min	0	0	0	0	0	0	2	0
Max	22	22	25	25	25	24	23	25
Moyenne	13,46	13,05	13,94	14,28	14,35	14,30	11,47	13,80
Ecart type	3,06	3,07	3,28	3,26	3,21	3,25	3,95	3,21

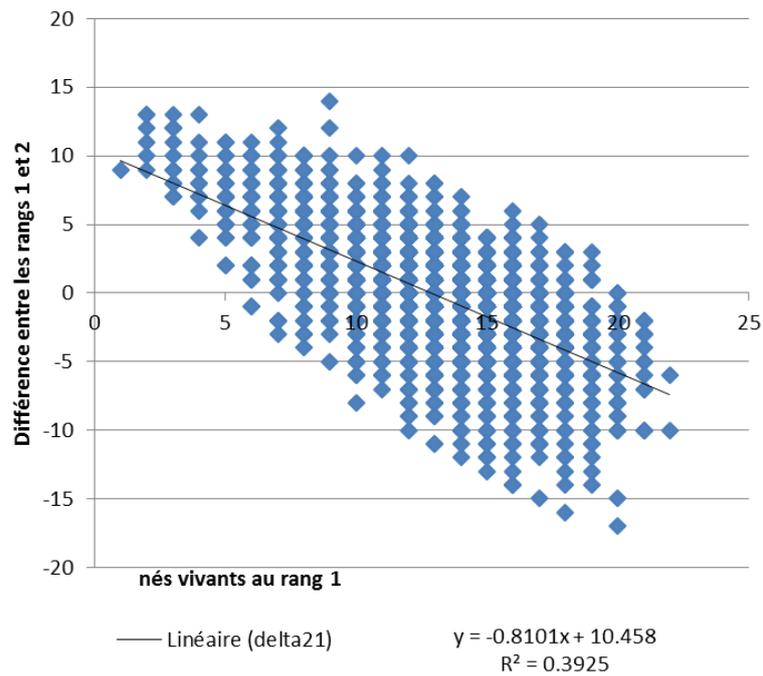


Figure 6 : Variation entre les rangs1 et 2 en fonction de la prolificité en rang 1 (NV1)

d. Prise en compte de l'ensemble des critères dans un objectif de sélection

- L'ensemble des critères pour les 3554 truies du jeu de données

Toutes les performances mesurées, dans l'optique des évaluations génétiques des animaux, sont enregistrées. Les truies du jeu de données ont ainsi un âge à 100 kg (A100), des mesures d'épaisseurs de lard et de muscle (L100, X5), ainsi qu'un nombre de tétines fonctionnelles (NTF). La distribution de ces performances selon les critères de prolificité est étudiée pour les truies du jeu de données, permettant de mettre en évidence ou non une corrélation entre les performances (A100, L100, X5, NTF) et les nouveaux critères de prolificité. A l'aide de ce jeu de données complet (nouveaux critères et critères actuels), une approche descriptive des conséquences de l'utilisation des nouveaux critères est réalisée à l'aide du logiciel Excel.

- Simulation en remplaçant le critère de prolificité actuel et comparaison à une situation de référence propre à l'étude, approchant la sélection actuelle

Les nouveaux critères sont intégrés aux autres critères de sélection, générant de nouvelles évaluations, qui sont confrontés à l'objectif de sélection actuel. Les critères, pris en compte, sont la prolificité, actuellement NV, et les autres critères, PMN, ETPN, PM3, ETP3, A100, L100, X5 et NTF.

Ensuite, à partir des paramètres génétiques calculés, l'objectif est de prédire le progrès génétique réalisable et de fixer le poids de chaque critère dans l'objectif de sélection. Pour réaliser ce travail, une étape de modélisation est faite avec le logiciel ZPLAN+ (Vit 2011). A partir de la modélisation des étapes de sélection et des informations disponibles pour le choix des animaux (Annexe 1), il est possible de simuler le progrès génétique réalisable suivant l'importance accordé à chaque critère. A partir de la situation de référence, propre à l'étude, correspondant globalement au schéma de sélection actuel, les différentes approches de prise en compte de la prolificité seront testées et comparées. Seule la part de l'objectif allouée à la prolificité sera attribuée aux nouvelles approches, de sorte que, les modifications de progrès génétique apportées aux autres critères puissent être identifiées.

III. Les critères pour évaluer précocement la prolificité

1. Les performances de prolificité en début de carrière

Les performances des truies en fonction du rang de mise bas sont présentées dans le tableau 11. La prolificité augmente en fonction du rang de portée, sauf pour le rang 2, où une baisse de 0,41 porcelets est observée, en moyenne, par rapport au rang 1.

Les truies à forte prolificité en rang 1 ont tendance à baisser en prolificité au rang 2, et inversement, les truies ayant une faible prolificité en rang 1 ont tendance à s'améliorer en rang 2 (Figure 6). Cependant, il apparait une forte variabilité autour de la droite de régression, ce qui laisse penser que cette baisse est plus ou moins importante suivant les animaux.

Tableau 12 : Modèles d'analyse des critères étudiés

Variable	Modèle statistique
NV	hys rang ENVP ani
NV1	hys rang bande ani
NV2	hys rang bande ani
NV3	hys rang ENVP ani
NV2et+	hys rang ENVP ani
NVsans2	hys rang ENVP ani
NV3et+	hys rang ENVP ani
NV123	hys rang ENVP ani
delta21	EDE bande ani
delta21	EDE bande ani
somme12	EDE bande ani
delta32	EDE ENVP ani
somme23	EDE bande ani

Modèles statistiques : Effets fixes | Effets aléatoires

2. Identification des effets non génétiques

Toutes les variables ont une distribution significativement normale (Annexe 1). La performance NV moyen sur l'ensemble des rangs de portée est très corrélée à celle moyenne sur les trois premiers rangs, NV123 (corrélation de 0,9). La corrélation entre NV2 et NSEVP1 est de 0,08, celle entre NV3 et NSEVP2 est de 0,15. Le nombre de « sevrés par » au rang précédent ne constitue donc pas une covariable expliquant la performance en NV, il en va de même, pour les variables NV_p et NT_p (p pour rang précédent).

Pour les critères correspondant à la moyenne de plusieurs performances, le rang de portée et hys ont un effet significatif. L'effet fixe hys sera préféré aux effets EDE, année, mois et saison, car il prend en compte les interactions éventuelles. Par contre, pour les variables « delta » et « somme » qui ne correspondent pas à une mesure à un rang donné mais sur la continuité entre deux rangs de performance, hys ne peut zootechniquement pas être un effet environnemental. Il en va de même pour le rang de portée. Pour ces variables, l'effet « EDE » est le seul qui permet une correction des effets environnementaux sur la performance. La race de la portée ne sera pas utilisée comme effet. La race de la portée est un effet fixe qui est parfois significatif dans l'analyse de certaines variables, mais il est complexe à analyser, dépendant de nombreux facteurs, comme la demande en porcelets de race Youli, le nombre de place en sélection. Le tableau 12 présente les modèles pour chaque variable étudiée.

NSEVP1 n'est pas une covariable significative dans cette étude, NV2 et NSEVP1 étant faiblement corrélées. La perte d'état corporelle de la cochette en lactation (Hoving 2012) est l'un des facteurs impliqués dans l'incidence du syndrome de deuxième portée. Les besoins en lactation des truies dépendent du nombre de porcelets qui sont à alimenter. Ce nombre peut être évalué à partir du critère NSEVP. La performance en rang 2 dépendrait donc en partie de l'état de la truie après sa première lactation, soit du nombre de sevrés par la truie en rang 1 (NSEVP1). Dans le cadre de la Tai Zumu, bien que NSEVP1 soit distribuée selon une loi normale autour d'une moyenne de 12 porcelets sevrés par truie, ce nombre est très contrôlé par le travail des éleveurs, au travers des adoptions (Annexe 2).

Lucbert et Lavorel (1984), étudient l'impact de différentes variables sur la baisse de prolificité en rang 2. L'intervalle entre le sevrage et la saillie fécondante, la durée de la lactation, l'âge de la cochette à la saillie, et les variations d'état corporel sont mises en avant. Toutefois, ces variables, dans leurs études, comme dans les trois élevages de Tai Zumu, sont impactées par la conduite d'élevage. Elles ne constituent pas de covariables significatives expliquant les variations de prolificité entre les deux premiers rangs de portée.

Les effets utilisés pour les modèles d'analyse sont ceux actuellement utilisés dans les évaluations génétiques des individus. La bande de mise bas remplace ENVP, dans les cas où le modèle ne converge pas. Les modèles d'analyse correspondent tous à ceux étant les plus complets en ajoutant des paramètres significativement impliqués dans les variations, au niveau des effets aléatoires, l'ajout d'un effet supplémentaire ne se justifie pas, quand le rapport de vraisemblance est non significatif entre les deux modèles (avec ou sans le nouvel effet ajouté).

Tableau 13 : Héritabilités des critères étudiés

Variable	Héritabilités
NV	0,16 (+/-0,02)
NV1	0,16 (+/-0,02)
NV2	0,21 (+/-0,03)
NV3	0,26 (+/-0,04)
NV2et+	0,20 (+/-0,02)
NVsans2	0,16 (+/-0,02)
NV3et+	0,22 (+/- 0,02)
NV123	0,18 (+/-0,02)
delta21	0,06 (+/- 0,02)
delta21	0,05 (+/- 0,02)
somme12	0,26 (+/- 0,03)
delta32	0,01 (+/- 0,02)
somme23	0,36 (+/- 0,04)

3. Les héritabilités des critères étudiés

Les héritabilités sont présentées dans le tableau 13. Elles ont été estimées pour différents critères. Certaines de ces estimations permettent de confirmer des hypothèses de travail et de se confronter à des résultats de la bibliographie, d'autres permettent d'établir de premiers résultats sur les critères répondant potentiellement à la problématique.

Pour le critère NV, l'héritabilité estimée de 0,16, correspond à celle attendue d'après la bibliographie (0,18, Sourdioux et al. 2010 ; Banville et al. 2014). L'héritabilité de la prolificité en rang 1, NV1, est plus faible que celle pour NV. Les héritabilités augmentent entre NV1, NV2 et NV3. La part de variance d'origine génétique est donc plus faible en début de carrière qu'en fin de carrière. Les héritabilités de NV2et+ (0,20) et NV3et+ (0,22) sont supérieures à celle de la référence. Plus la truie est mature et plus elle exprime son potentiel génétique, indépendamment de l'environnement. Ces résultats sont en accord avec les résultats de Fernández et al. (2008).

L'hypothèse de travail principale a été de considérer que les trois premiers rangs sont représentatifs de l'ensemble de la carrière (Banville et al. 2015). La corrélation entre les caractères NV et NV123 est de 0,9 et l'héritabilité de NV123 est supérieure à celle de NV. Le début de carrière, qui est une phase où les performances varient, correspond au stade où les truies sont sélectionnées (majoritairement sur les rangs 2,3 et 4). D'autre part, l'héritabilité de NVsans2 (0,16) équivaut à celle de NV. La performance de rang 2 n'apporte pas d'information génétique supplémentaire, ce qui appuie l'hypothèse de « l'accident de conduite ».

Les héritabilités ont aussi été estimées pour les nouveaux critères. Pour les critères delta21, ainsi que pour sa valeur absolue, les héritabilités sont faibles, de l'ordre de 5% et 6%, l'héritabilité pour le delta32 est nulle, la variation de prolificité entre les rangs 2 et 3 s'explique uniquement par l'environnement, et donc, la conduite d'élevage. Pour les deux sommes, somme12 et somme23, les héritabilités sont plus élevées que celle de la référence. L'héritabilité de somme23 est plus élevée que pour somme12, mais elle est calculée à partir de critères (NV2 et NV3) qui ont des héritabilités plus élevées et elle se rapproche des critères NV2et+ et NV3et+.

Ainsi, les trois nouveaux critères dont l'héritabilité est intéressante, delta21, |delta21| et somme12, apportent une information supplémentaire au critère NV et pourraient permettre d'optimiser son évaluation. Les autres critères ne sont pas retenus pour la suite des analyses.

Pour les tableaux 14 à 23, les héritabilités se situent sur les diagonales, au-dessus se trouvent les corrélations génétiques, au-dessous, les corrélations phénotypiques.

Tableau 14 : Paramètres génétiques du critère NV pour différentes parités

	NV1	NV2	NV3 et +
NV1	0,18 (+/- 0,03)	0,71 (+/- 0,09)	0,70 (+/- 0,06)
NV2	0,19 (+/- 0,02)	0,24 (+/- 0,03)	0,94 (+/- 0,04)
NV3 et +	0,21 (+/- 0,02)	0,31 (+/- 0,02)	0,35 (+/- 0,01)

Effets fixes : hys rang | Effets alatoires : bande ENVP génétique

Tableau 15 : Paramètres génétiques entre les critères delta21 et NV

	delta21	NV
delta21	0,07 (+/- 0,02)	-0,37 (+/- 0,10)
NV	-0,31 (+/- 0,02)	0,17 (+/- 0,02)

Effets fixes : EDE (delta21) hys rang (NV) | Effets aléatoires : ENVP (NV) génétique

Tableau 16 : Paramètres génétiques entre les critères |delta21| et NV

	delta21	NV
delta21	0,06 (+/- 0,02)	-0,34 (+/- 0,09)
NV	-0,33 (+/- 0,01)	0,19 (+/- 0,02)

Effets fixes : EDE (|delta21|) hys rang (NV) | Effets aléatoires : ENVP (NV) génétique

Tableau 17 : Paramètres génétiques entre les critères somme12 et NV

	somme12	NV
somme12	0,72 (+/- 0,01)	0,99 (+/- 0,00)
NV	0,80 (+/- 0,00)	0,34 (+/- 0,01)

Effets fixes : EDE (somme12) hys rang (NV) | Effets aléatoires : bande (NV) génétique

4. Les Corrélations génétiques entre les différents critères étudiés

Différents modèles bi-caractères et tri-caractères ont permis d'obtenir des estimations des corrélations génétiques entre différents critères. Les effets appliqués à ces modèles sont explicités sous les tableaux des estimations.

a. Corrélations génétiques entre NV1, NV2 et NV3 et +

Les résultats sont présentés dans le tableau 14. Les héritabilités sur la diagonale sont plus élevées que lors de l'évaluation mono-caractère. Les corrélations génétiques sont positives et augmentent avec le rang.

Les corrélations génétiques entre NV2 et NV1 ainsi qu'entre NV3et+ et NV1 sont similaires et inférieures à la corrélation génétique entre NV2 et NV3et+. Le critère NV1 est différent de NV2 et de NV3et+. Ce qui confirme les résultats sur les héritabilités, ainsi que l'étude de Luković et al. (2004), NV1 est un critère qui peut être évalué en parallèle du critère NV.

b. Corrélations génétiques entre les nouveaux critères et la référence NV.

Le tableau 15 montre les résultats de l'estimation des paramètres génétiques pour le modèle bi-caractères « delta21 – NV ». Les héritabilités estimées sont similaires à celles estimées par les modèles mono-caractères, légèrement plus élevées pour NV. La corrélation génétique est négative. Dans l'optique d'optimiser la prolificité en début de carrière, il semble intéressant d'augmenter le delta21, afin de sélectionner contre le syndrome de deuxième portée. Or, cette corrélation génétique, de -0,37, indique que sélectionner des truies qui augmentent leur prolificité entre les rangs 1 et 2 et qui ont une meilleure prolificité moyenne sur l'ensemble de leur carrière est contradictoire. Ces résultats confirment l'étude de Banville et al. (2015), montrant que les truies Tai Zumu les plus prolifiques ont la plus forte prolificité en rang 1 et la plus forte baisse de prolificité entre les rangs 1 et 2.

Pour le modèle bi-caractère « |delta21| - NV », les estimations des paramètres génétiques sont présentées dans le tableau 16. Les héritabilités sont légèrement plus élevées que celles estimées à partir des modèles mono-caractères. La corrélation génétique entre |delta21| et NV est négative. Le critère |delta21| va traduire la capacité de l'individu à répéter sa performance de rang 1 en rang 2. Cette capacité est traduite par le critère |delta21| qui doit tendre vers 0, soit diminuer. La corrélation génétique va dans ce sens, il est possible de sélectionner une baisse du critère |delta21| en parallèle d'une augmentation de NV. Afin de sélectionner contre un syndrome de deuxième portée, il semble possible de sélectionner sur une capacité des animaux à répéter la même performance entre les rangs 1 et 2. Par contre, en élevage de production, les éleveurs recherchent des truies qui mettent bas beaucoup de porcelets dès le début de la carrière. Or, ce modèle ne permet pas de sélectionner le potentiel en début de carrière il est alors intéressant d'ajouter un troisième critère, NV1, traduisant ce potentiel.

Les résultats de l'estimation des paramètres génétiques du modèle bi-caractère « somme12 – NV » sont dans le tableau 17. Les héritabilités sont plus élevées par rapport à celles estimées par les modèles mono-caractères. Les deux critères sont très corrélés, avec une corrélation génétique quasiment de 1. Le critère somme12 peut traduire un potentiel de début de carrière.

Tableau 18 : Paramètres génétiques entre les critères somme12 et NV3et+

	somme12	NV3 et +
somme12	0,32 (+/- 0,03)	0,89 (+/- 0,03)
NV3 et +	0,35 (+/- 0,02)	0,36 (+/- 0,01)

Effets fixes : EDE (somme12) hys rang (NV3et+) | Effets aléatoires : ENVP (NV3et+) génétique

Tableau 19 : Paramètres génétiques entre les critères somme12, NV1 et NV3 et +

	somme12	NV1	NV3 et +
somme12	0,33 (+/- 0,03)	0,92 (+/- 0,02)	0,91 (+/- 0,03)
NV1	0,77 (+/- 0,01)	0,20 (+/- 0,03)	0,71 (+/- 0,06)
NV3 et +	0,34 (+/- 0,02)	0,21 (+/- 0,02)	0,29 (+/- 0,02)

Effets fixes : EDE (somme12) hys (NV1) hys rang (NV3et+) | Effets aléatoires : ENVP (NV3et+) génétique

Tableau 20 : Paramètres génétiques entre les critères delta21, NV1 et NV3 et +

	delta21	NV1	NV3 et +
delta21	0,07 (+/- 0,02)	-0,16 (+/- 0,16)	0,50 (+/- 0,11)
NV1	-0,64 (+/- 0,01)	0,18 (+/- 0,03)	0,71 (+/- 0,06)
NV3 et +	0,08 (+/- 0,02)	0,21 (+/- 0,02)	0,35 (+/- 0,01)

Effets fixes : EDE (delta21) hys (NV1) hys rang (NV3et+) | Effets aléatoires : ENVP (NV3et+) génétique

Tableau 21 : Paramètres génétiques entre les critères |delta21|, NV1 et NV3 et +

	delta21	NV1	NV3 et +
delta21	0,04 (+/- 0,02)	0,17 (+/- 0,21)	-0,05 (+/- 0,14)
NV1	-0,12 (+/- 0,02)	0,19 (+/- 0,03)	0,72 (+/- 0,07)
NV3 et +	-0,02 (+/- 0,02)	0,20 (+/- 0,02)	0,24 (+/- 0,02)

Effets fixes : EDE (|delta21|) hys (NV1) hys rang (NV3et+) | Effets aléatoires : ENVP (NV3et+) génétique

Il permet de détecter les truies prolifiques sur les deux premiers rangs, qu'importe baisse ou augmentation de prolificité entre ces deux rangs. Le critère somme12 est très proche du critère NV pour les rangs 1 et 2, ce qui induit une répétition de la même information, le critère somme12 pouvant remplacer les performances NV1 et NV2 au sein du critère NV. Pour l'étude d'un modèle bi-caractère entre la somme12 et le critère NV, il semble plus intéressant de travailler avec le critère NV3 et +.

c. Corrélations génétiques avec NV3 et +

Les résultats des estimations des paramètres génétiques pour les critères somme12 et NV3et+ sont présentés dans le tableau 18. Les deux critères sont très corrélés, avec une corrélation génétique d'environ 0,9.

En conservant NV1, au sein d'un modèle tri-caractère, avec toujours les mêmes effets fixes et aléatoires, on obtient les estimations présentées dans le tableau 19. Les corrélations génétiques élevées entre somme12 et les deux autres variables, NV1 et NV3 et +. La corrélation génétique entre NV1 et NV3 et + est similaire à celle estimée par le modèle dont les résultats sont donnés dans le tableau 14. Le critère somme12 prend en compte la performance NV1, il n'est alors pas nécessaire de conserver le potentiel de départ NV1 dans l'évaluation de la prolificité. Le critère somme12 constituerait un potentiel de départ sur les deux premiers rangs, ceux considérés comme génétiquement différents.

Les estimations des paramètres génétiques à partir du modèle tri-caractère « delta21 - NV1 - NV3 et + » sont présentées par le tableau 20. La corrélation génétique entre delta21 et NV1 n'est pas concluante, compte tenu de l'erreur standard assez élevée. Par contre, elle est positive entre delta21 et NV3 et +, avoir une augmentation des performances de prolificité entre les rangs1 et 2, soit augmenter le critère delta21, permettrait d'augmenter le critère NV3et+

Dans le cas du modèle tri-caractère « |delta21| - NV1 - NV3 et + », dont les résultats sont présentés dans le tableau 21. La corrélation génétique entre |delta21| et NV1 n'est pas concluante, l'erreur standard est élevée, de même pour la corrélation génétique entre |delta21| et NV3 et +. La corrélation génétique entre NV1 et NV3 et + est similaire à celle obtenue dans le tableau 14. Ce modèle permettrait de sélectionner des truies dont les variations de prolificité au cours de leur carrière sont intéressantes. Il serait possible d'augmenter la prolificité en rang 1, performance répétable en rang 2, grâce à la sélection sur le critère |delta21|, puis d'avoir une prolificité moyenne sur le reste de la carrière élevée.

d. Corrélations génétiques avec NV2

Le modèle tri-caractère « NV1 - |delta21| - NV2 et + », a permis d'estimer les différents paramètres génétiques, présentés dans le tableau 22. Les héritabilités sont plus élevées que celles de référence. Les erreurs standard pour les corrélations génétiques entre NV1 et |delta21| et NV2 et + et |delta21| sont légèrement élevées, mais ces corrélations restent toutefois négatives. La corrélation entre NV1 et NV2 et + est positive et suit la tendance des estimations présentées par le tableau 14.

Tableau 22 : Paramètres génétiques entre les critères NV1, $|\delta_{21}|$ et NV2 et +

	NV1	$ \delta_{21} $	NV2 et +
NV1	0,18 (+/- 0,03)	-0,23 (+/- 0,16)	0,82 (+/- 0,06)
$ \delta_{21} $	-0,13 (+/- 0,02)	0,07 (+/- 0,02)	-0,31 (+/- 0,10)
NV2 et +	0,17 (+/- 0,02)	-0,31 (+/- 0,02)	0,23 (+/- 0,02)

Effets fixes : EDE ($|\delta_{21}|$) hys (NV1) hys rang (NV2et+) | Effets aléatoires : ENVP (NV2et+) génétique

Tableau 23 : Paramètres génétiques entre les critères NV2 et NVsans2

	NV2	NVsans2
NV2	0,24 (+/- 0,03)	0,96 (+/- 0,04)
NVsans2	0,28 (+/- 0,02)	0,21 (+/- 0,02)

Effets fixes : hys (NV2) hys rang (NVsans2) | Effets aléatoires : ENVP (NVsans2) génétique

Le tableau 23 présente les estimations des paramètres génétiques du modèle bi-caractère « NV2 - NVsans2 ». La corrélation génétique entre les deux variables est positive. Les héritabilités sont similaires à celles des modèles mono-caractères du tableau 13. De plus, les héritabilités pour les deux critères, NV et NVsans2, sont identiques. L'absence de la performance NV2 pour le critère NVsans2 ne diminue pas la variance génétique et donc l'héritabilité du critère. La performance NV2 n'est pas forcément, ici, la conséquence de l'expression d'un potentiel génétique et pourrait alors plus être en lien avec un accident de conduite.

5. Quatre scénarios intéressants dans l'optimisation de la prolificité

Afin d'optimiser l'évaluation avec le critère NV pour la prolificité, quatre scénarios sont intéressants pour remplacer ce critère dans les évaluations génétiques des animaux.

a. Scénario 1 : NV et delta21

La baisse de prolificité entre les rangs 1 et 2 est un problème pour les éleveurs, des truies verront leur évaluation génétique baissée par cette contre-performance. Le critère delta21 donnerait une information supplémentaire dans l'évaluation actuelle de la prolificité, un delta21 positif traduirait une capacité d'amélioration de la prolificité entre les deux premiers rangs. Cette évaluation de la prolificité prenant en compte NV et delta21 permettrait de sélectionner contre la baisse de prolificité en rang 2.

b. Scénario 2 : NV1, |delta21| et NV3et+ et scénario 3 : NV1, delta21 et NV3et+

Une piste d'évaluation serait d'utiliser la performance de rang 1 comme indicateur d'un potentiel de départ. Les critères delta21 ou |delta21| permettent d'en déduire la performance de rang 2 sans la prendre en compte directement. La sélection des animaux se réalisent alors une fois le début de carrière réalisée et que les performances se stabilisent, soit après le rang 2. Deux modèles « |delta21| - NV1 - NV3 et + » et « delta21 - NV1 - NV3 et + » sont alors intéressants pour remplacer le critère actuel NV. Ces deux modèles permettraient de sélectionner des truies capables de réaliser une bonne performance de rang 1, puis, de la répéter (|delta21|) ou de l'améliorer en rang 2 (delta21), pour ensuite être globalement prolifiques après le rang 3.

c. Scénario 4 : somme12 et NV3et+

Une piste d'évaluation serait de regrouper les deux premières performances, à travers le critère somme12, qui traduit la capacité des truies à être prolifique sur les deux premiers rangs de portée, soit un potentiel de début de carrière. La sélection ne discrimine pas alors les truies sur les variations de prolificité entre les rangs 1 et 2, mais leur capacité à réaliser sur les deux premiers rangs une bonne performance. Il est considéré que même si les prolificités varient, pour avoir une somme12 élevée, une truie ne peut pas réaliser de contre-performance trop importante.

IV. Faisabilité des quatre scénarios envisagés

1. Les performances des 3554 truies selon les nouveaux critères de prolificité

L'éventuelle prise en compte des nouveaux critères somme12 et delta21 aura un impact sur les performances de la Tai Zumu. Afin d'estimer cet impact, une analyse descriptive du jeu de donnée en fonction des objectifs pour ces nouveaux critères est réalisée.

Les critères synthétiques delta21 et somme12 ont des distributions normales (Annexe 2). Les truies ayant un delta21 compris entre -1 et +1 (stabilité de la performance) ou les truies ayant une somme12 supérieure à 30 (plus de 15 de moyenne entre les 2 rangs) ont les meilleures performances moyennes sur l'ensemble de leur carrière, ce qui laisse penser que ces critères sont des bons prédicateurs du potentiel de la truie. Les truies sont réparties en trois catégories selon leur delta21 ou somme12, les résultats sont présentés dans les tableaux 24 et 25. Un tiers des truies ont un delta21 compris entre -1 et +1, et, un quart des truies ont une somme12 supérieure à 30. Ces effectifs laissent entrevoir une capacité de progrès sur ces critères.

L'objectif de sélection prend en compte différents critères, il est intéressant d'étudier comment se répartissent ces performances selon les deux critères synthétiques Delta 21 et somme12. Les performances évoluent selon l'année de naissance, en conséquence de la réalisation de l'objectif de sélection. Les moyennes des performances selon les groupes delta21 ou somme12 sont réparties selon l'année de naissance des truies (Annexe 3). Les truies du groupe delta21 compris entre -1 et +1 ne sont pas globalement plus performantes sur l'ensemble de l'objectif de sélection que les truies des deux autres groupes, contrairement, aux truies du groupe somme12 supérieure à 30.

Les performances des truies centrées sur la moyenne des performances de l'ensemble des 3554 truies selon leur année de naissance sont triées selon que la prolificité suit les critères delta21 ou somme12. Les animaux qui ont de meilleures prolificités globales ont soit un delta21 compris entre -1 et +1, soit une somme12 supérieure à 30 (Annexe 3). Les truies qui ont un delta compris entre -1 et +1 n'ont pas forcément de meilleures performances suivant l'objectif de sélection. Les truies qui ont une somme12 supérieure à 30 ont globalement des carrières plus longues et plus prolifiques. De plus, pour les autres critères utilisés, elles ont des performances meilleures que l'ensemble des truies (Annexe 4). Le critère somme12 semble le plus intéressant pour optimiser l'évaluation de la prolificité sans dégrader les autres critères de l'objectif de sélection.

Tableau 24 : Répartition des truies selon leur delta21

Truies	Delta21<-1	-1<Delta21<+1	Delta21>+1
Nombre	1325	1159	1070
%	37	33	30

Tableau 25 : Répartition des truies selon leur somme12

Truies	9<somme12<24	25<somme12<29	30<somme12<41
Nombre	1139	1485	930
%	32	42	26

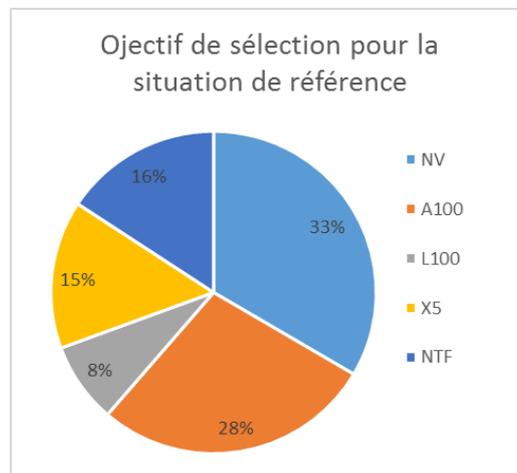


Figure 7 : Participation des critères à l'objectif de sélection

Tableau 26 : Progrès génétique annuel modélisé pour la situation de référence

Critère de sélection	Progrès génétique annuel
NV	0,33
A100	-0,25
L100	-0,24
X5	0,20
NTF	0,14

2. Calcul des paramètres génétiques pour chaque scénario ainsi que pour la situation de référence propre à l'étude

Précédemment, quatre scénarios ont été identifiés en réponse à la problématique. Le premier conserve la sélection sur le critère NV, telle qu'elle est réalisée aujourd'hui et le critère delta21 complète l'évaluation au rang 2. Les trois autres scénarios nécessitent de revoir la sélection, qui nécessite d'attendre la performance du rang 2. Deux scénarios permettront de tester les critères delta21 ou $|\text{delta21}|$ avec le critère NV1. Un scénario testera l'impact de l'utilisation du critère somme12 sur les progrès des différents critères sélectionnés.

Dans la bibliographie, il a été vu que la prolificité en Tai Zumu est évaluée avec d'autres critères, A100, L100, X5, NTF ainsi que PMN, ETPN, PM3 et ETP3. Pour la construction d'objectifs de sélection cohérents, il est nécessaire d'estimer les paramètres génétiques entre tous les critères sélectionnés. Les modèles convergents difficilement, les critères de poids des porcelets (PMN, ETPN, PM3 et ETP3) ne seront donc pas inclus dans les objectifs modélisés. Les paramètres génétiques, pour la situation de référence de l'étude, et pour les quatre scénarios, sont présentés en annexe (Annexes 5, 6, 7, 8 et 9)

Ensuite, le schéma de sélection actuel est simulé à l'aide du logiciel ZPLAN+ ce qui permet de comparer l'impact d'un nouvel objectif de sélection sur les progrès futur en regard de la sélection actuelle. Cette situation de référence ne correspond pas à celle actuellement utilisée par GENE+, les paramètres génétiques étant estimés sur une population d'étude différente.

3. Les progrès génétiques envisageables selon les scénarios

L'analyse descriptive des performances des truies en fonction de la somme12 et du delta21 laisse penser que la somme pourrait répondre aux attentes de GENE+ de façon plus importante que le delta21. A partir d'une modélisation ZPLAN+, l'objectif est d'estimer les conséquences dans le temps d'un changement d'objectif.

a. Situation de référence, propre à l'étude

Cette situation, modélisée à partir des paramètres génétiques estimés pour les critères, NV, A100, L100, X5 et NTF (Annexe 5), permet d'obtenir des progrès génétiques annuels proches de ceux estimés actuellement. Les paramètres génétiques ne correspondent pas exactement à ceux utilisés dans la sélection aujourd'hui car la population d'étude n'est pas la même et les critères de poids des porcelets n'ont pas été inclus, ne permettant pas la convergence des modèles. A partir de l'objectif de sélection (Figure 7) et les progrès génétiques annuels (Tableau 26) de référence, les différentes pistes pour l'optimisation de l'évaluation de la prolificité seront jugées.

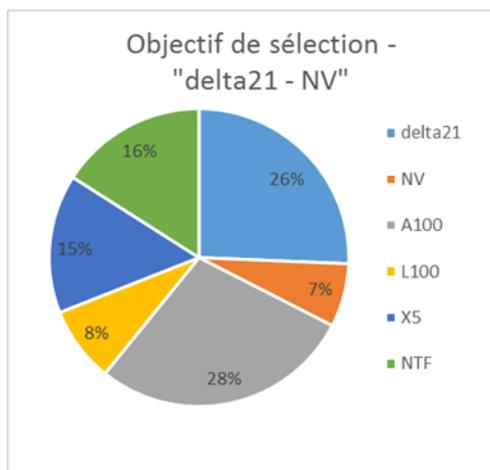


Figure 8 : Participation des critères pour l'objectif de sélection incluant delta21

Tableau 27 : Progrès génétique annuel avec le nouveau critère delta21

Critère de sélection	Progrès génétique annuel avec l'objectif (Figure 8)	Progrès si delta21 en information, 0% de l'objectif (Figure 7)
delta21	0,00	-0,27
NV	-0,47	0,29
A100	-0,19	-0,19
L100	-0,44	-0,36
X5	0,67	0,23
NTF	0,28	0,20

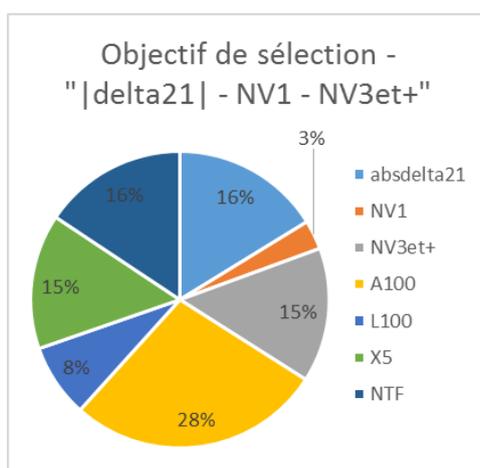


Figure 9 : Participation des critères pour l'objectif de sélection avec |delta21|, NV1, NV3et+

b. Simulation du scénario 1

Cet objectif (Figure 8), incluant le critère delta21, permettrait de sélectionner contre la baisse de prolificité entre les rangs 1 et 2 sans nécessiter de revoir la conduite de la sélection (Tableau 27). Les paramètres génétiques sont présentés en annexe 6. Afin de progresser sur le critère delta21, il est nécessaire d'allouer 26% de l'effort de sélection, et ce, afin d'obtenir un progrès limité. L'impact de cette sélection est une baisse de la prolificité (critère NV).

Le critère delta21 ne permet pas de réaliser un progrès génétique pour la prolificité. La faible héritabilité et la corrélation génétique défavorable avec le critère NV entraîne inévitablement un effort de sélection important pour inverser la tendance actuelle et un impact fort sur la prolificité.

Cet objectif de sélection induit que les truies qui vont réaliser un troisième rang ne sont plus seulement évaluées sur les performances NV1 et NV2, mais aussi sur delta21, en plus des autres critères évalués au contrôle. Si delta21 est considéré comme une information supplémentaire et non comme un objectif de sélection (pondération à 0 dans l'objectif). Le progrès génétique sur ce critère reste négatif (Tableau 28) mais l'information apportée permettrait de répondre aux attentes des éleveurs, qui auraient une information supplémentaire.

c. Simulation des scénarios 2 et 3

Les figures 9 et 10 présentent les objectifs de sélection dans le cas de l'évaluation de la prolificité avec les critères delta 21 (en valeur absolue ou non) et NV1. Quel que soit l'objectif de sélection, il apparaît que ces deux critères ne sont pas une solution pour optimiser l'évaluation de la prolificité. Par contre, tout comme précédemment, ils peuvent être inclus comme informations supplémentaires pour les éleveurs, la part génétique de la répétition de la performance n'étant pas nulle.

Il n'est pas possible d'augmenter le delta21 sans diminuer la prolificité globale à partir du rang 3. Dans le cas où delta21 n'est qu'un critère surveillé (pondération à 0) (Tableau 29), le critère NV1 est amélioré. Cependant, l'impact sur la performance en rang 2 est élevé, ce qui ne constitue pas une réponse à la problématique de l'entreprise.

Tableau 28 : Progrès génétique annuel pour une sélection avec NV3et+, NV1 et |delta21|

Critère de sélection	Progrès génétique annuel avec l'objectif (Figure 10)	Progrès si delta21 et NV1 à 0% de l'objectif
delta21	-0,04	0,10
NV1	-0,16	0,15
NV3et+	-0,28	0,16
A100	0,04	-0,13
L100	0,11	-0,10
X5	0,86	0,36
NTF	0,28	0,15

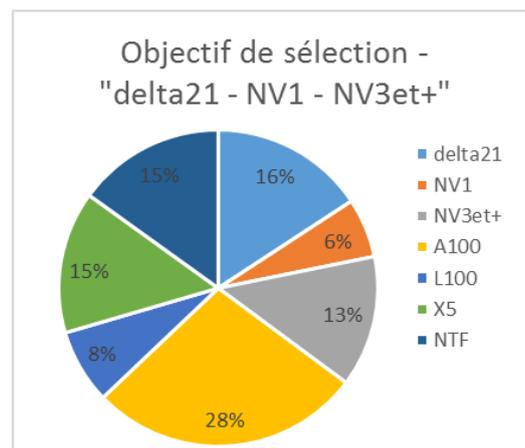


Figure 10 : Participation des critères pour l'objectif de sélection avec delta21, NV1 et NV3et+

d. Simulation du scénario 4

Dans cet objectif de sélection, le critère NV est remplacé par les critères somme12 et NV3et+. La pondération du critère somme12 dans l'objectif de sélection peut être minimale. Lorsque le critère est présent à 0% dans l'objectif, la prolificité (somme12 et NV3et+) voit son progrès génétique augmenté par rapport à la situation de référence (Tableau 30). Cependant les corrélations génétiques avec les autres critères (Annexe 7) sélectionnés entraînent des modifications importantes au niveau du progrès génétique de ces critères. En effet, sur le tableau 30, les estimations de progrès génétique pour les autres critères sont loin de celle de la sélection actuelle estimée (Tableau 26).

Le critère somme12 semblait intéressant, notamment pour les truies avec une somme supérieure à 30 porcelets nés sur les deux premiers rangs. Pourtant, cet objectif de sélection ne permet pas de réaliser de progrès génétique sur les autres critères comme aperçu dans l'analyse descriptive des variables.

La sélection sur la somme12 nécessite d'attendre le troisième rang de portée avant de pouvoir mettre des truies en sélection (nécessité d'avoir le rang 2 terminé pour avoir une évaluation du critère somme12). Il est possible que ce retard induise les pertes de progrès génétique sur les critères A100, L100, X5 et NTF, la sélection étant retardée d'un cycle de production soit près de 4 mois.

Cependant, un levier existe. Compte tenu du fort progrès sur la prolificité réalisé dans ce scénario, une baisse de la pondération allouée à la prolificité pourrait permettre de rééquilibrer les autres critères.

En conclusion, les critères delta21 et $|\text{delta21}|$ ne permettent pas l'optimisation de l'évaluation de la prolificité. Ces critères sont néanmoins intéressants pour les éleveurs et pour la structure car ils mesurent le phénomène. Les héritabilités pour ces critères sont faibles, ce qui implique que la part de variance due à l'environnement est forte, la solution pourrait être zootechnique.

Le critère somme12 permettrait d'améliorer la prolificité en retardant la sélection d'un cycle. Afin d'optimiser l'évaluation, il est nécessaire de revoir les pondérations de tous les critères importants dans la sélection de la Tai Zumu.

Tableau 29 : Progrès génétique annuel pour une sélection avec NV3et+, NV1 et delta21

Critère de sélection	Progrès génétique annuel avec l'objectif (Figure 10)	Progrès si delta21 et NV1 à 0% de l'objectif
delta21	-0,27	-0,17
NV1	0,02	0,17
NV3et+	-0,21	0,04
A100	-0,41	-0,19
L100	-0,37	-0,09
X5	0,48	0,58
NTF	0,21	0,12

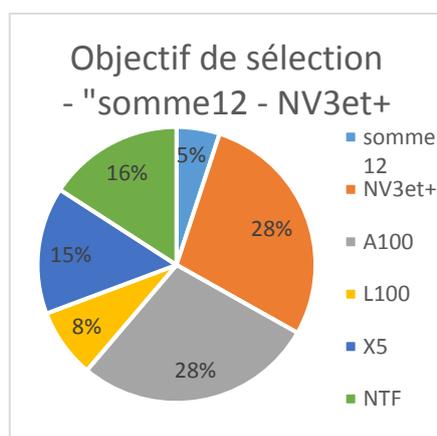


Figure 11 : Participation des critères pour l'objectif de sélection avec somme12 et NV3et+

Tableau 30 : Progrès génétique annuel pour une sélection avec NV3et+ et somme12

Critère de sélection	Progrès génétique annuel avec l'objectif (Figure 9)	Progrès si somme12 en information mais 0% de l'objectif
somme12	1,45	1,51
NV3et+	0,92	0,98
A100	0,53	0,56
L100	0,08	0,15
X5	0,45	0,47
NTF	0,04	0,01

Conclusions et perspectives

L'objectif de cette étude a été de définir des pistes de réponse aux questionnements de GENE+ et des éleveurs de Tai Zumu sur la sélection des truies après une première mise bas, et, l'optimisation de l'évaluation de la prolificité. L'étude a mis en évidence que la sélection, telle qu'elle est réalisée aujourd'hui, permet un progrès génétique sur l'ensemble des critères évalués en Tai Zumu, notamment sur la prolificité. Ce critère constitue une performance répétée selon le rang de portée et varie au cours de la carrière des truies. Aujourd'hui, le critère NV, correspondant à la moyenne des porcelets nés vivants sur les rangs de portée réalisés, constitue une bonne approche pour évaluer la prolificité.

Néanmoins, les deux premières performances peuvent être considérées comme différentes d'un point de vue génétique du reste de la carrière. La performance de rang 1, définie par le critère NV1, a une héritabilité plus faible que celle de NV et la corrélation génétique avec la moyenne des performances du reste de la carrière est nettement inférieure à 1. La performance de rang 2, NV2, n'apporte pas de variance génétique supplémentaire dans l'estimation de l'héritabilité de NV, par rapport à celle de NVsans2, bien que le niveau de performance soit plus faible. La chute de performance ne trouvant que peu d'explication d'origine génétique, elle est plus susceptible d'être affectée par la conduite zootechnique, et donc de constituer un accident de conduite. Compte tenu de ces premières remarques, il a été important de décrire des critères de sélection pouvant rendre compte de ces différences.

Trois critères sont identifiés comme intéressants après l'estimation de leur héritabilité : $\Delta 21$, $|\Delta 21|$ et somme12. L'étude des corrélations génétiques, à travers différents modèles bi-caractères et tri-caractères, met en évidence quatre scénarios pouvant potentiellement répondre à la problématique. Dans un premier scénario, le critère $\Delta 21$ est ajouté aux autres critères au sein d'un même schéma de sélection. Dans les trois autres scénarios, la sélection des truies ne se fera plus une fois le rang 1, mais une fois le rang 2 révolu, ainsi le critère NV devient NV3et+, et l'évaluation de la prolificité, pour les performances précédant le rang 3, prendra en compte les critères somme12, ou NV1 et $\Delta 21$, ou encore NV1 et $|\Delta 21|$.

Les quatre scénarios sont confrontés à la sélection actuelle. Il en ressort que les critères $\Delta 21$ et $|\Delta 21|$ ne correspondent pas à une réponse à la problématique. Ces critères restent intéressants pour les éleveurs et pour la structure, permettant de surveiller le syndrome de deuxième portée. Le critère somme12 pourrait constituer une solution pour optimiser l'évaluation de la prolificité, nécessitant de retarder la sélection des truies d'un cycle. Cependant, il est alors nécessaire de revoir les pondérations de tous les critères importants dans la sélection de la Tai Zumu.

Les estimations des paramètres génétiques ont été réalisées à partir de la population d'étude, correspondant à des animaux déjà sélectionnés sur leurs performances, ce qui entraîne un biais dans l'évaluation. En effet, une partie de la population et donc de la variabilité a été exclue. Afin d'approfondir les scénarios, il est nécessaire de réestimer l'ensemble des paramètres pour la population complète.

Références bibliographiques

- Arango J, Misztal I, Tsuruta S, Culbertson M, Herring W. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. *Journal of Animal Science*. 2005;83:499-506.
- Banville M, Riquet J, Bahon D, Sourdioux M, Canario L. Genetic parameters for litter size, piglet growth and sow's early growth and body composition in the Chinese-European line Tai Zumu. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2014 ;132:328-337.
- Banville M, Sourdioux M, Riquet J, Bahon D, Canario L. Caractérisation phénotypique et génétique de la stabilité de la taille de portée dans la lignée sino-européenne Tai Zumu. *Journées de la Recherche Porcine*. 2015;47:45-46.
- Banville M. Amélioration génétique des aptitudes maternelles de la truie Sino-Européenne Tai-Zumu - Associations génétiques entre taille de portée et croissance du porcelet. Rapport de stage de fin d'études, Agrocampus Ouest, Rennes. 2012.
- Bouquet A, Ligonésche B, Canario L, Bidanel JP. Variabilité génétique des caractéristiques numériques de la portée et de la croissance des porcelets en allaitement dans une population Landrace Français. *Journées de la Recherche Porcine*. 2006;38:125-130.
- Chen P, Baas TJ, Mabry JW, Koehler KJ, Dekkers JCM. Genetic parameters and trends for litter traits in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *Journal of Animal Science*. 2003;81:46-53.
- Dagorn J, Saulnier J, Gréau P. Evolution et variation de la prolificité entre la première et la seconde portée. *Journées de la Recherche Porcine*. 1984;16:145-152.
- Fernández A, Rodrigáñez J, Zuzúarregui J, Rodríguez MC, Silió L. Genetic parameters for litter size and weight at different parities in Iberian pigs. *Spanish Journal of Agricultural Research*. 2008;6:98-106.
- Gilmour AR, Gogel BJ, Cullis BR, Thompson R. ASReml User Guide Release 3.0 [Internet]. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK; 2009. Disponible sur: www.vsni.co.uk
- Holm B, Bakken M, Klemetsdal G, Vangen O. Genetic correlations between reproduction and production traits in swine. *Journal of Animal Science*. 2004;82:3458-3464.
- Hoving LL. The second parity sow: causes and consequences of variation in reproductive performance. Phd Thesis Report, University of Wageningen. 2012.
- Huby M, Gogué J, Maignel L, Bidanel JP. 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*. 2003;35:293-300.

- King RH. Effect of live weight and body composition of gilts at 24 weeks of age on subsequent reproductive efficiency. *Animal Production*. 1989;49:109-115.
- Koketsu Y, Takahashi H, Akachi K. Longevity, lifetime pig production and productivity, and age at first conception in a cohort of gilts observed over six years on commercial farms. *Journal of Veterinary Medical Science*. 1999;61:1001-1005.
- Legault C. Génétique et prolificité chez la truie : la voie hyperprolififique et la voie sino-européenne. *INRA Productions Animales*. 1998;11:214-218.
- Lucbert J, Lavorel O. Baisse de la prolificité de la truie en seconde portée. *Journées de la Recherche Porcine*. 1984;16:115-124.
- Luković Z, Malovrh S, Gorjanc G, Kovač M. A random regression model in analysis of litter size in pigs. *South African Journal of Animal Science*. 2004;34:241-248.
- Morgan Morrow WE, Leman AD, Williamson NB, Morrison RB, Ashley Robinson R. An epidemiological investigation of reduced second-litter size in swine. *Preventive Veterinary Medicine*. 1992;12:15-26.
- Noguera JL, Varona L, Babot D, Estany J. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. *Journal of Animal Science*. 2002;80:2540-2547.
- Paterson AM, Barker I, Lindsay DR. Analysis of the reproductive performance records of an intensive piggyery in Australia. *Australian Society of Animal Production*. 1980;13:389-392.
- Quesnel H. Etat nutritionnel et reproduction chez le truie allaitante. *INRA Productions Animales*. 2005;18:277-286.
- Roehe R, Kennedy BW. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. *Journal of Animal Science*. 1995;73:2959-2970.
- Sasaki Y, Koketsu Y. Reproductive profile and lifetime efficiency of female pigs by culling reason in high-performing commercial breeding herds. *Journal of Swine Health and Production*. 2011;19:284-291.
- Sasaki Y, Saito H, Shimomura A, Koketsu Y. Consecutive reproductive performance after parity 2 and lifetime performance in sows that had reduced pigs born alive from parity 1 to 2 in Japanese commercial herds. *Livestock Science*. 2011;139:252-257.
- SAS Institute Inc. SAS® 9.3 National Language Support (NLS) : Reference Guide. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA; 2011.
- Skorput D, Gorjanc G, Dikic M, Lukovic Z. Genetic parameters for litter size in Black Slavonian pigs. *Spanish Journal of Agricultural Research*. 2014;12:89-97.
- Sourdioux M, Bahon D, Delaunay I. Genetic Parameters and Genetic Trends of the Sino-European Tai Zumu Composite Line. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 2010;2:589-593.

Références sitographiques

Kemp B, Wientjes A, Hoving L, van Leeuwen J, Soede N. Second litter syndrome and ways to prevent it. 2010.

<http://www.smartstore.bpex.org.uk/articles/dodownload.asp?a=smartstore.bpex.org.uk.11.3.2011.14.28.57.pdf&i=301195>

Consulté le 28 août 2015.

Rydhmer L. Swine breeding programmes in the Nordic countries. 2005.

<http://www.nsif.com/conferences/2005/pdf/BreedingNordicCountries.pdf>

Consulté le 28 août 2015.

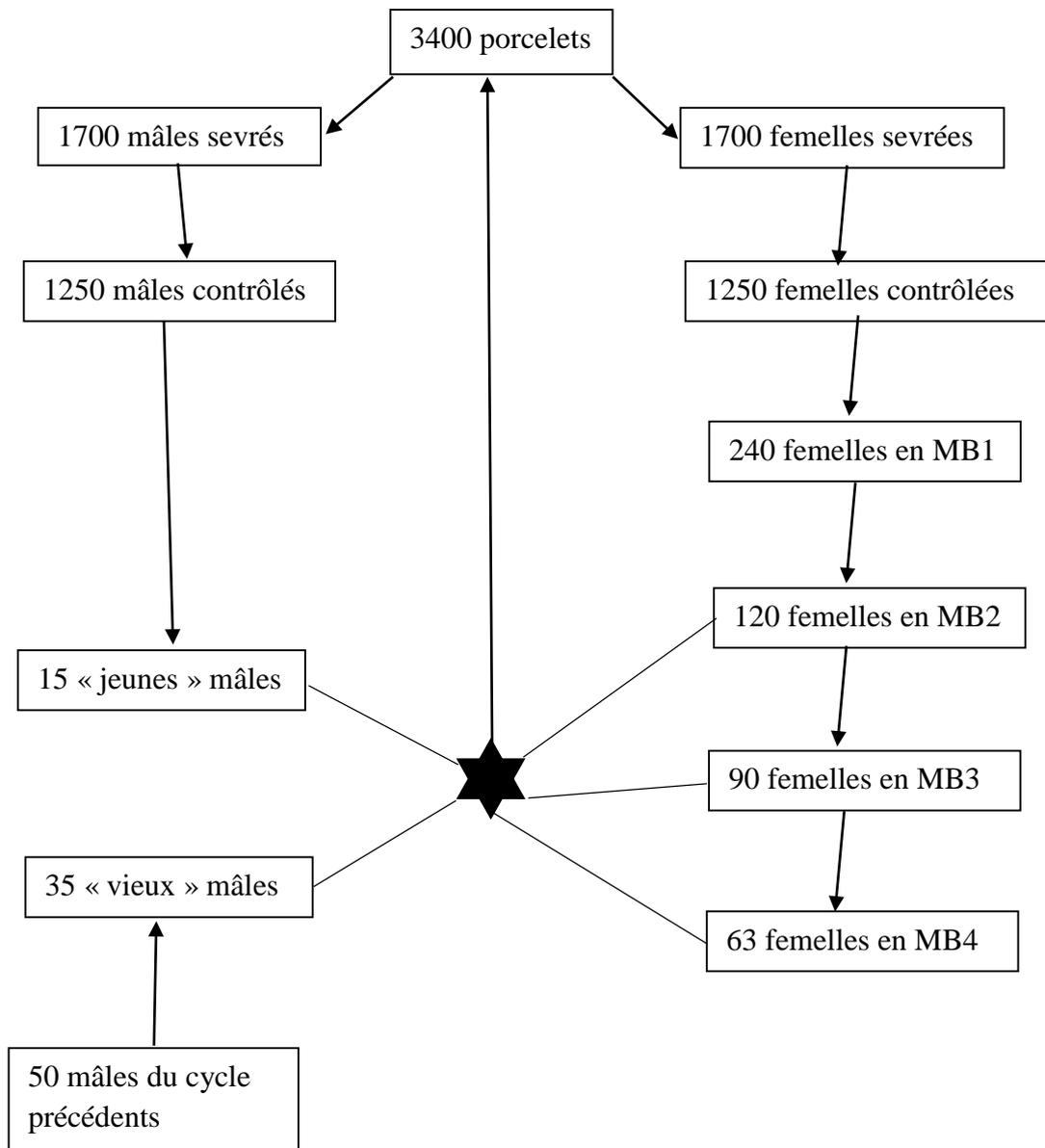
Vit. ZPLAN+ - A software to evaluate and optimise animal breeding programs - User's Manual. Verden; 2011.

<https://service.vit.de/zplanplus>

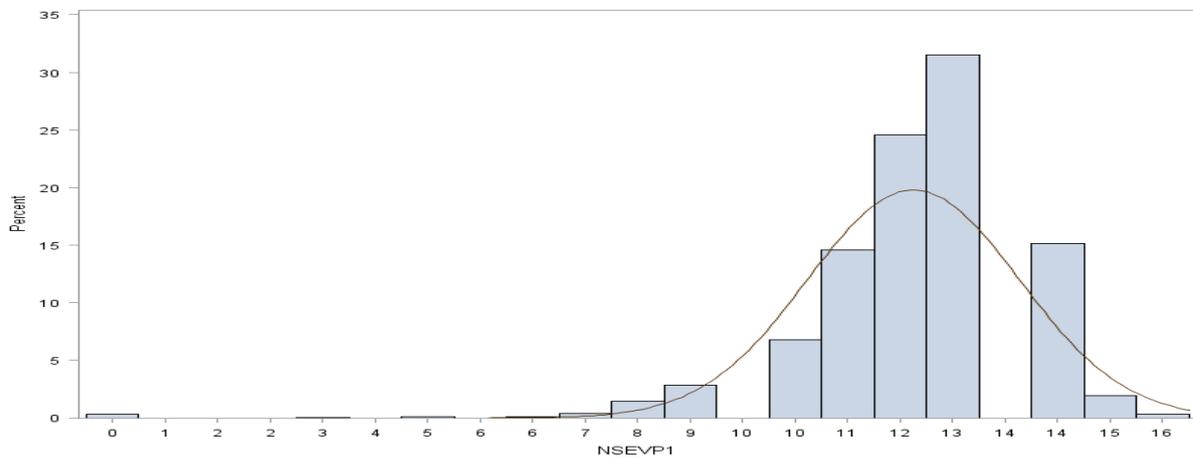
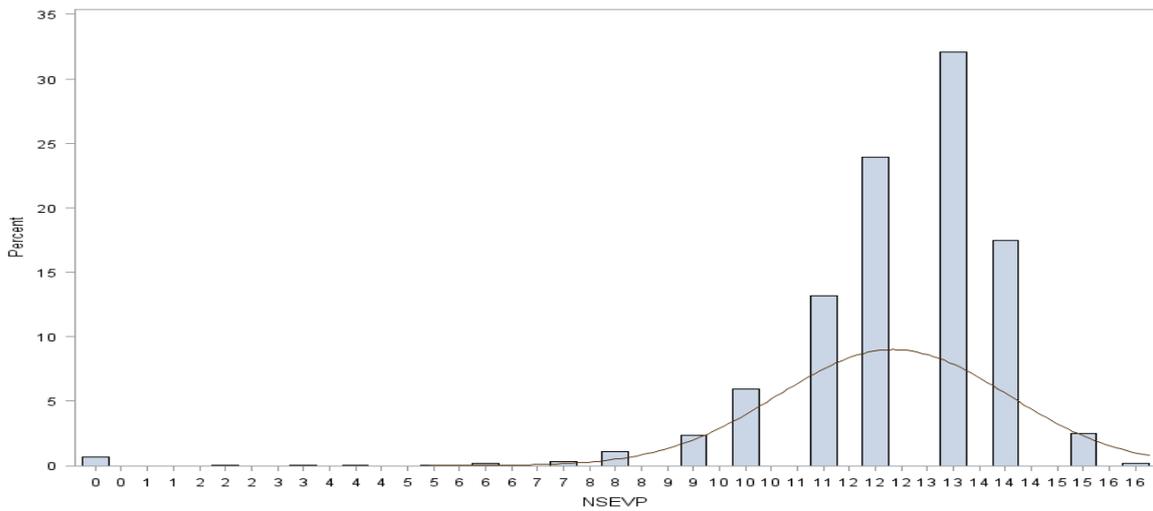
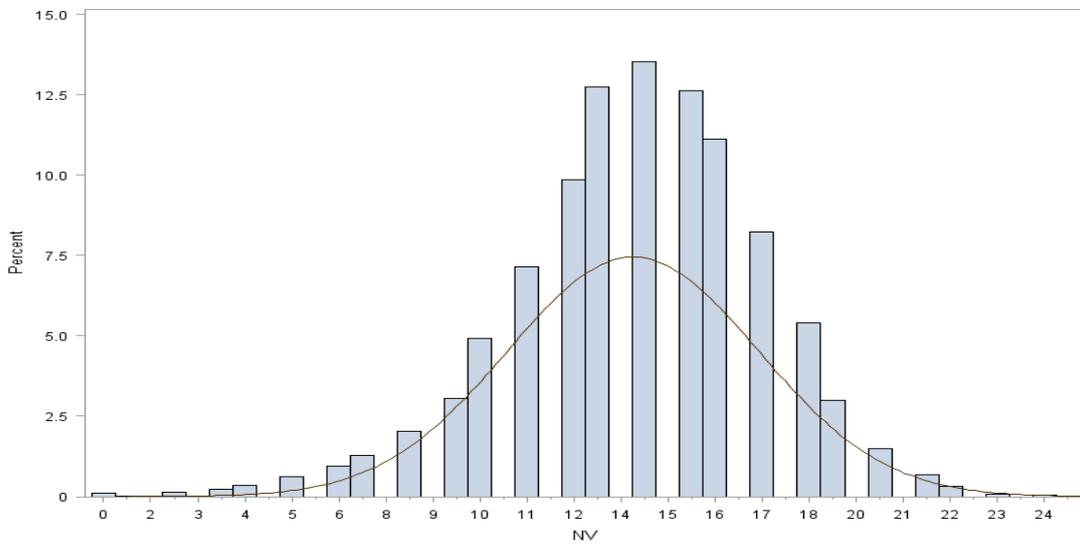
Consulté le 28 août 2015.

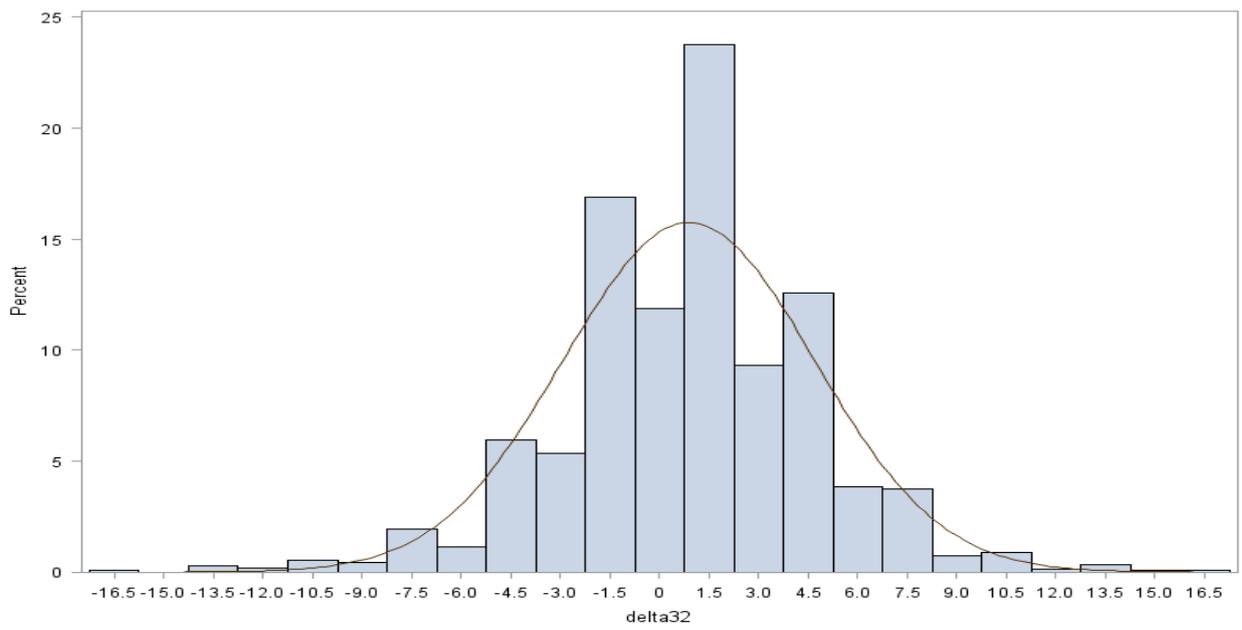
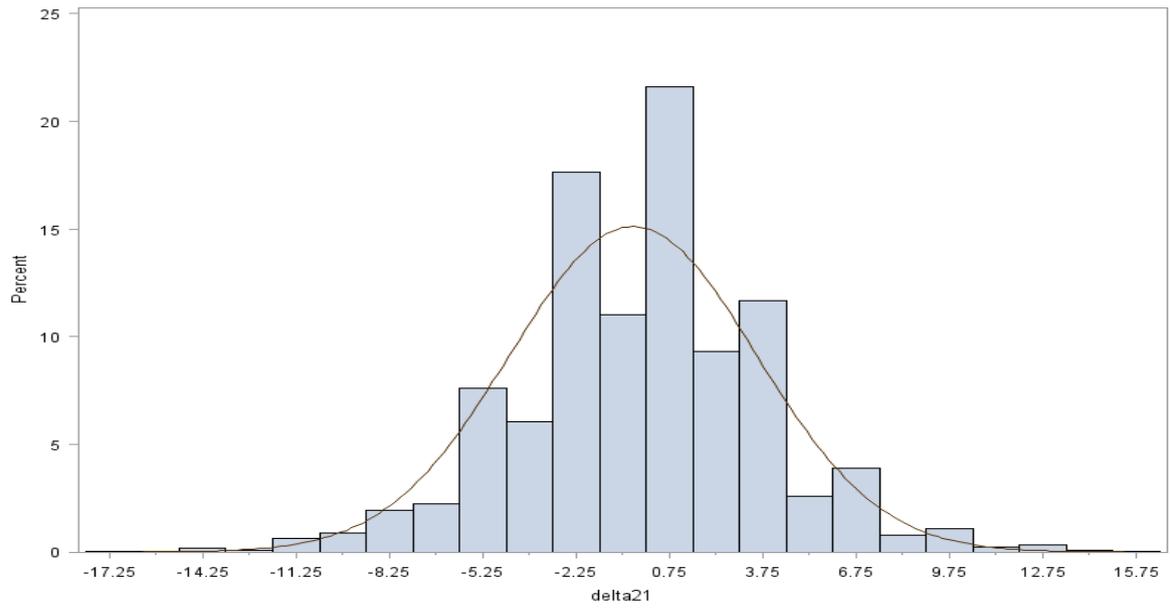
Annexes

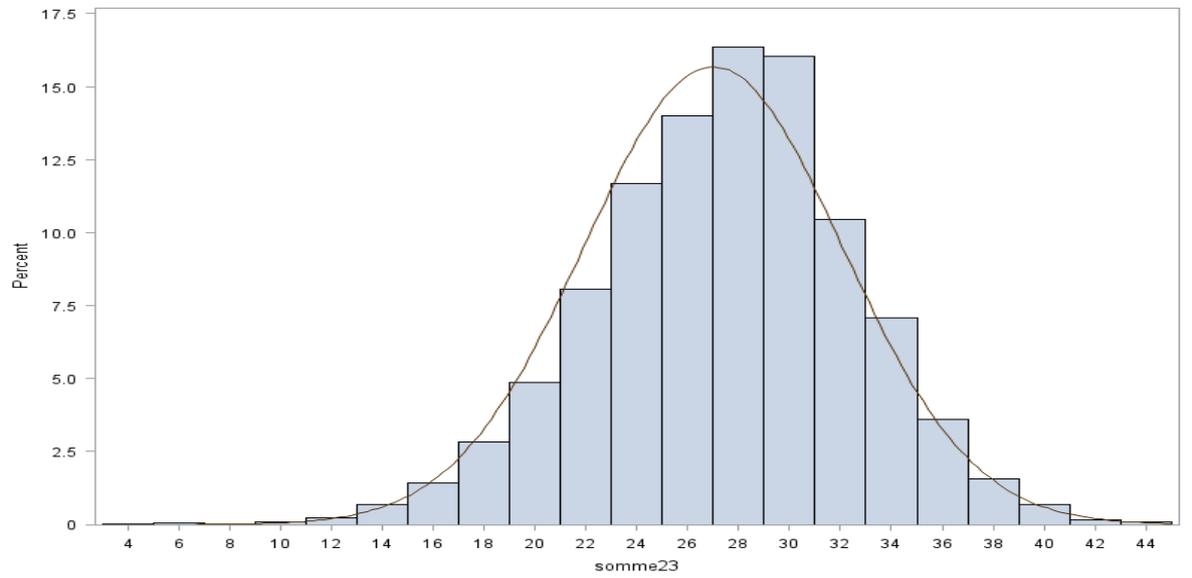
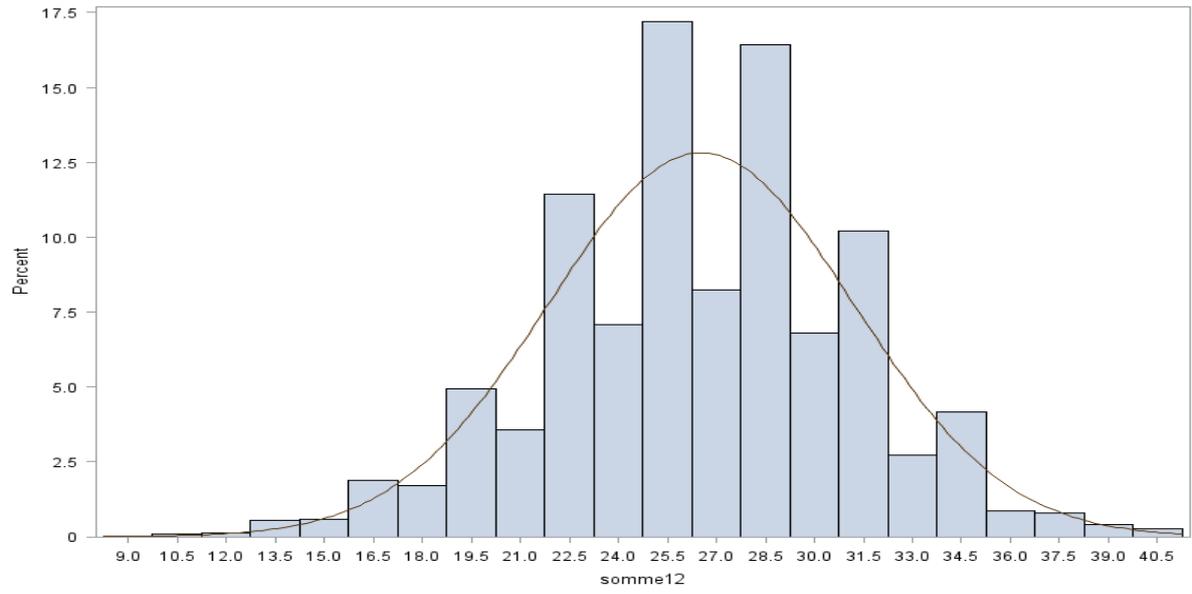
Annexe 1 : Modélisation de la sélection dans la population de référence



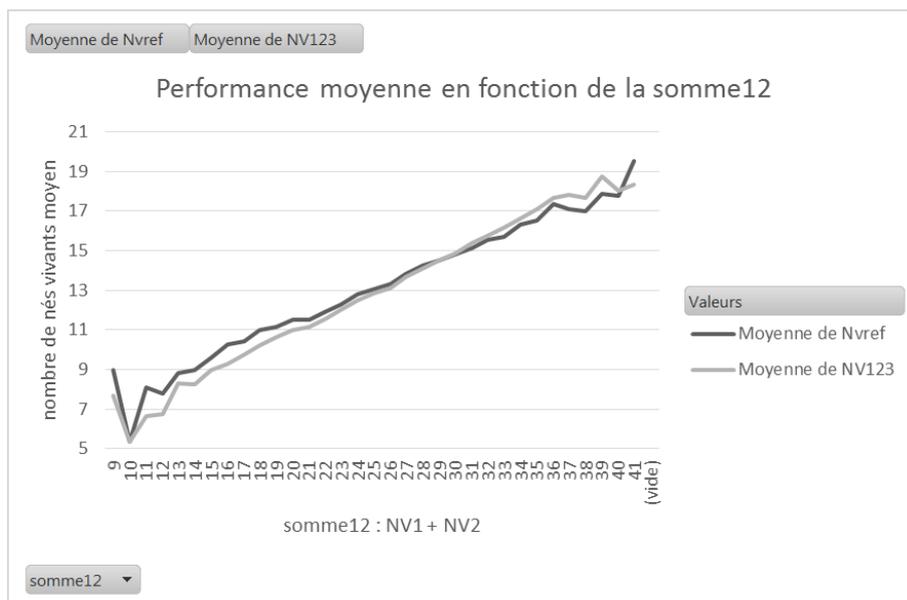
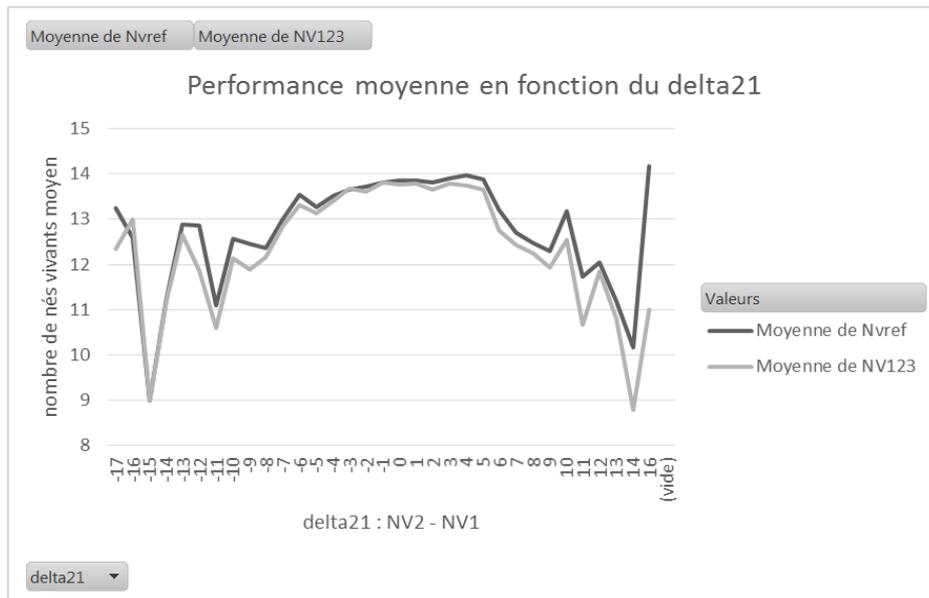
Annexe 2 : Distribution pour chaque caractère suivant significativement une loi normale

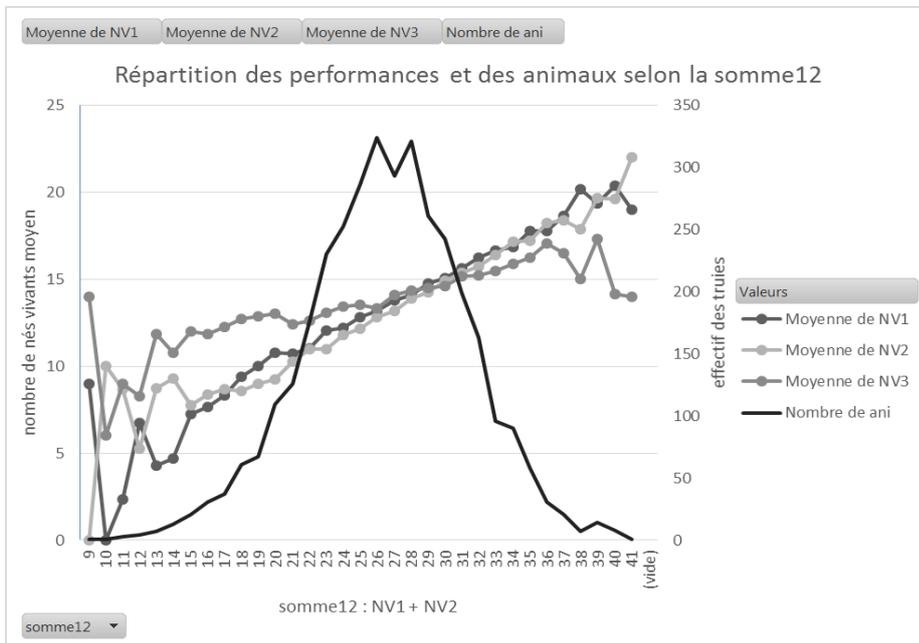
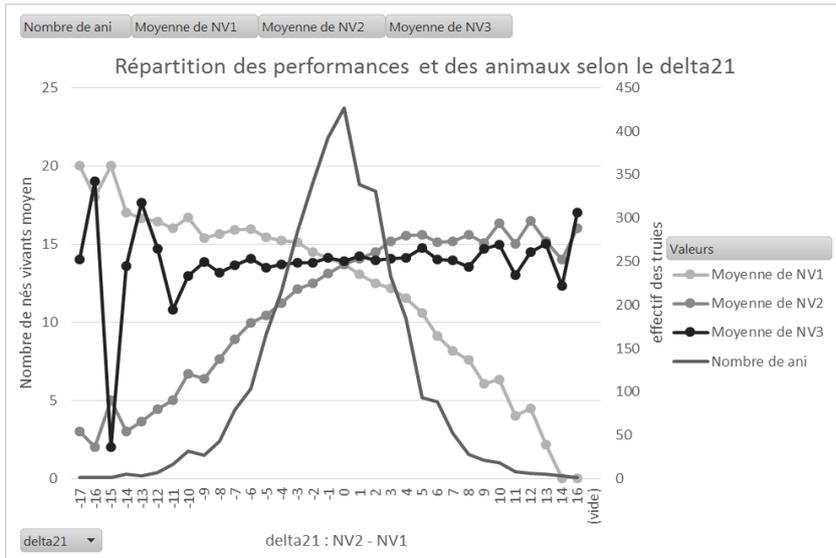




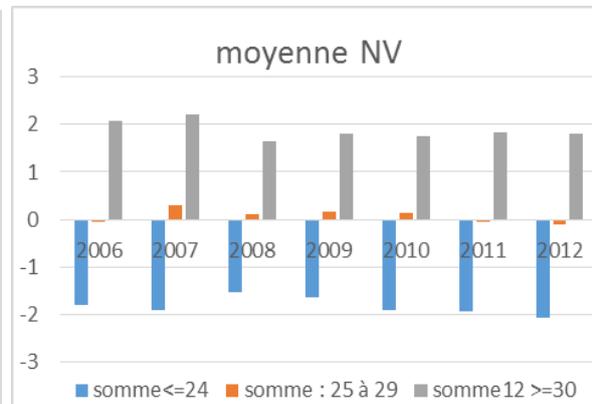
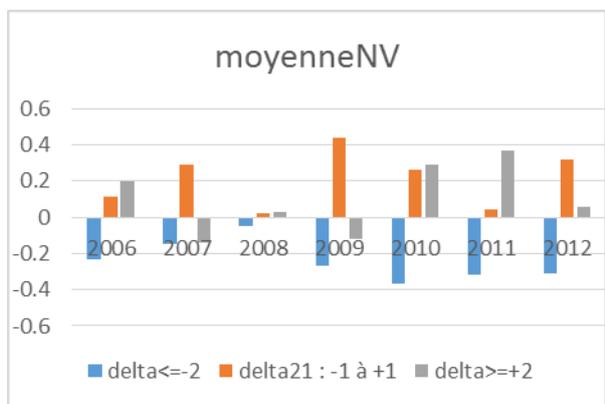
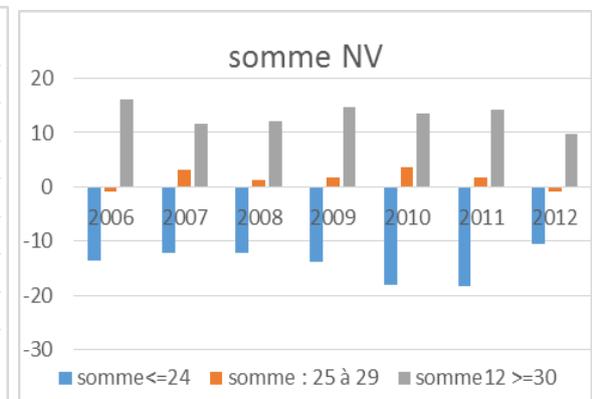
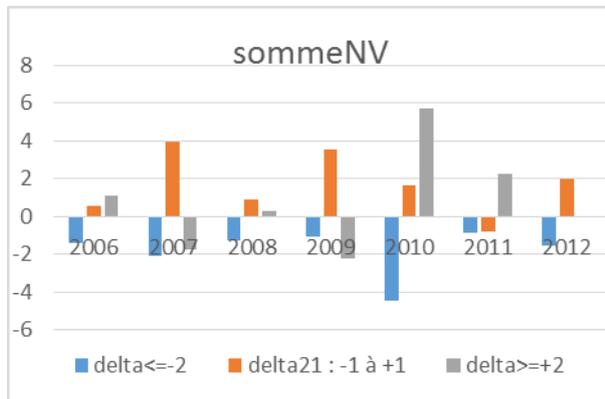
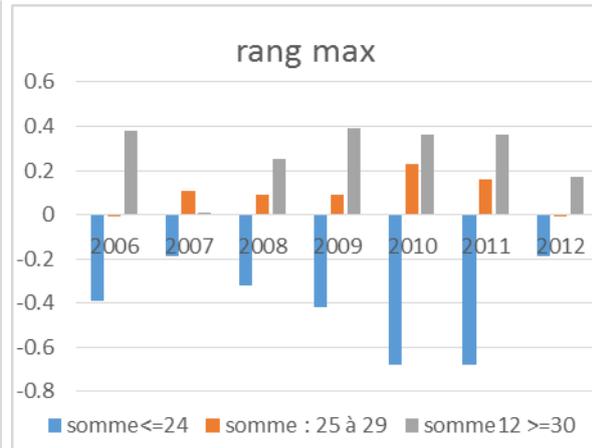
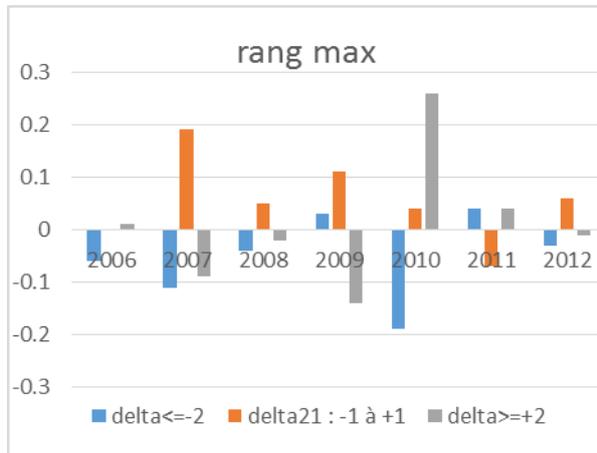


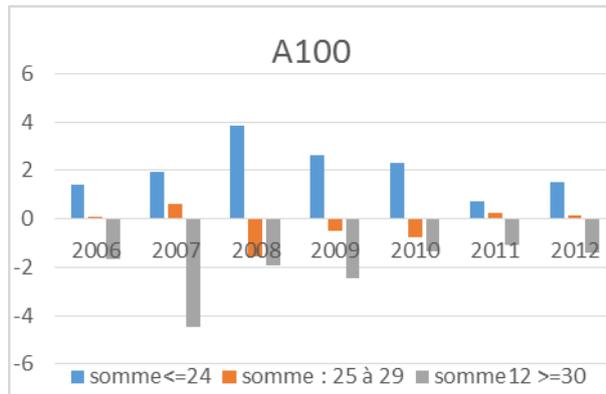
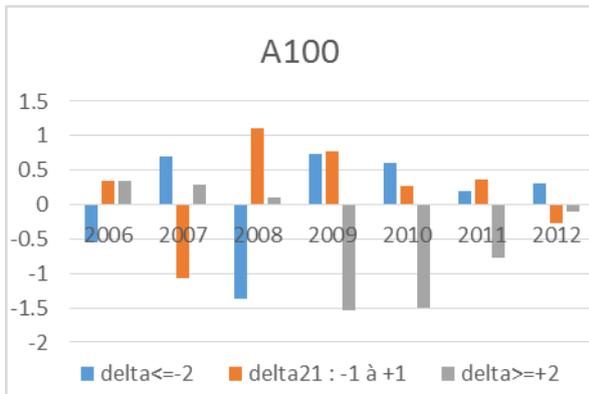
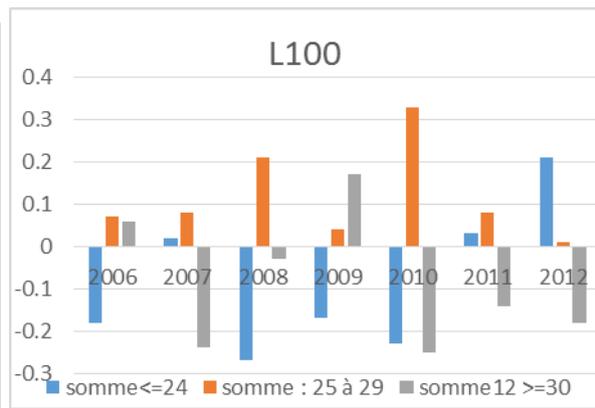
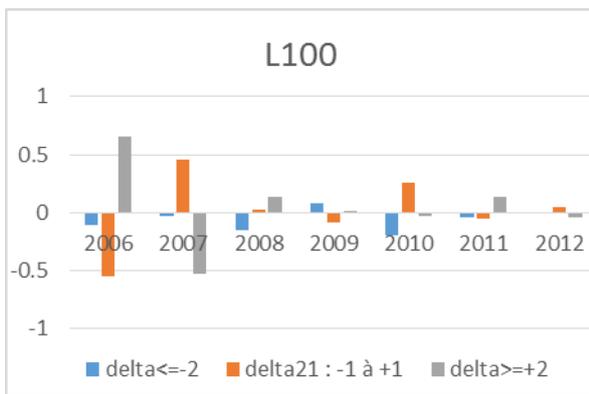
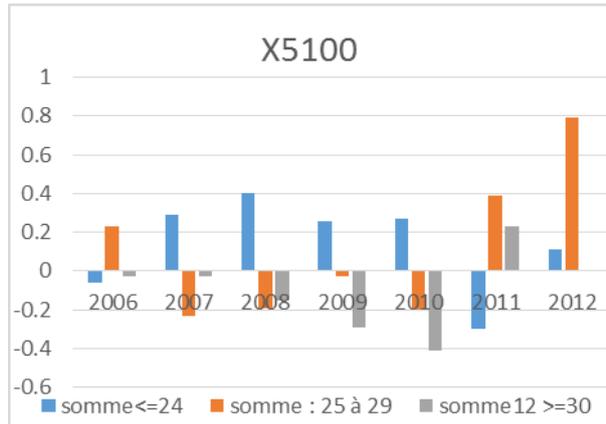
Annexe 3 : Relations entre les critères NV et delta21 ou somme12





Annexe 4 : Performances évaluées en fonction de delta21 ou somme12





Pour l'ensemble des annexes 5 à 9, les héritabilités se situent sur la diagonale, les corrélations génétiques, au-dessus, et les corrélations phénotypiques, au-dessous

Annexe 5 : Paramètres génétiques pour la situation de référence

	NV	A100	L100	X5	NTF
NV	0,16 (+/- 0,02)	0,09 (+/- 0,09)	0,09 (+/- 0,05)	-0,04 (+/- 0,07)	-0,13 (+/- 0,06)
A100	-0,05 (+/- 0,02)	0,18 (+/- 0,04)	-0,12 (+/- 0,14)	0,54 (+/- 0,13)	0,42 (+/- 0,14)
L100	-0,01 (+/- 0,02)	0,22 (+/- 0,02)	0,47 (+/- 0,05)	0,01 (+/- 0,11)	0,19 (+/- 0,10)
X5	-0,03 (+/- 0,02)	0,30 (+/- 0,02)	0,05 (+/- 0,02)	0,29 (+/- 0,02)	-0,03 (+/- 0,04)
NTF	-0,00 (+/- 0,02)	0,06 (+/- 0,02)	-0,01 (+/- 0,02)	0,02 (+/- 0,02)	0,36 (+/- 0,05)

Annexe 6 : Paramètres génétiques pour la situation NV et delta21

	delta21	NV	A100	L100	X5	NTF
delta21	0,05 (+/- 0,01)	-0,50 (+/- 0,09)	0,04 (+/- 0,13)	0,07 (+/- 0,09)	-0,02 (+/- 0,02)	-0,11 (+/- 0,10)
NV	0,66 (+/- 0,01)	0,15 (+/- 0,02)	0,06 (+/- 0,09)	0,06 (+/- 0,06)	-0,07 (+/- 0,07)	-0,12 (+/- 0,06)
A100	0,01 (+/- 0,01)	-0,06 (+/- 0,02)	0,17 (+/- 0,04)	-0,12 (+/- 0,14)	0,54 (+/- 0,13)	0,44 (+/- 0,14)
L100	0,02 (+/- 0,01)	-0,01 (+/- 0,02)	0,22 (+/- 0,02)	0,47 (+/- 0,05)	0,01 (+/- 0,11)	0,19 (+/- 0,10)
X5	0,02 (+/- 0,01)	-0,02 (+/- 0,02)	0,30 (+/- 0,02)	0,05 (+/- 0,02)	0,29 (+/- 0,05)	0,03 (+/- 0,12)
NTF	-0,00 (+/- 0,01)	-0,00 (+/- 0,02)	0,06 (+/- 0,02)	-0,01 (+/- 0,02)	0,02 (+/- 0,02)	0,36 (+/- 0,05)

Annexe 7 : Paramètres génétiques pour la situation NV3et+, NV1 et delta21

	delta21	NV1	NV3et+	A100	L100	X5	NTF
delta21	0,07 (+/- 0,02)	-0,14 (+/- 0,17)	0,51 (+/- 0,11)	0,24 (+/- 0,20)	0,15 (+/- 0,15)	-0,05 (+/- 0,17)	-0,22 (+/- 0,16)
NV1	-0,06 (+/- 0,01)	0,18 (+/- 0,03)	0,73 (+/- 0,06)	0,06 (+/- 0,15)	0,00 (+/- 0,10)	-0,06 (+/- 0,12)	-0,10 (+/- 0,11)
NV3et+	0,08 (+/- 0,02)	0,20 (+/- 0,02)	0,14 (+/- 0,03)	0,18 (+/- 0,08)	0,15 (+/- 0,05)	-0,00 (+/- 0,07)	-0,19 (+/- 0,06)
A100	0,05 (+/- 0,02)	-0,06 (+/- 0,02)	0,02 (+/- 0,02)	0,18 (+/- 0,04)	-0,08 (+/- 0,13)	0,52 (+/- 0,13)	0,41 (+/- 0,14)
L100	0,02 (+/- 0,02)	-0,02 (+/- 0,02)	0,03 (+/- 0,02)	0,22 (+/- 0,02)	0,47 (+/- 0,05)	0,01 (+/- 0,11)	0,18 (+/- 0,10)
X5	0,00 (+/- 0,02)	-0,03 (+/- 0,02)	0,00 (+/- 0,02)	0,30 (+/- 0,02)	0,05 (+/- 0,02)	0,29 (+/- 0,05)	0,03 (+/- 0,12)
NTF	-0,02 (+/- 0,02)	0,00 (+/- 0,02)	-0,03 (+/- 0,02)	0,06 (+/- 0,02)	-0,01 (+/- 0,02)	0,02 (+/- 0,02)	0,37 (+/- 0,05)

Annexe 8 : Paramètres génétiques pour la situation NV3et+, NV1 et |delta21|

	delta21	NV1	NV3et+	A100	L100	X5	NTF
delta21	0,04 (+/- 0,02)	0,18 (+/- 0,21)	-0,07 (+/- 0,13)	-0,35 (+/- 0,23)	-0,33 (+/- 0,18)	-0,53 (+/- 0,21)	0,15 (+/- 0,19)
NV1	-0,12 (+/- 0,02)	0,18 (+/- 0,03)	0,73 (+/- 0,07)	0,08 (+/- 0,15)	0,06 (+/- 0,10)	0,00 (+/- 0,12)	-0,05 (+/- 0,11)
NV3et+	-0,02 (+/- 0,02)	0,19 (+/- 0,02)	0,15 (+/- 0,03)	0,17 (+/- 0,09)	0,17 (+/- 0,06)	0,01 (+/- 0,07)	-0,20 (+/- 0,06)
A100	-0,06 (+/- 0,02)	-0,05 (+/- 0,02)	0,02 (+/- 0,02)	0,19 (+/- 0,04)	-0,06 (+/- 0,13)	0,55 (+/- 0,12)	0,37 (+/- 0,14)
L100	-0,05 (+/- 0,02)	-0,01 (+/- 0,02)	0,03 (+/- 0,02)	0,23 (+/- 0,02)	0,47 (+/- 0,05)	0,01 (+/- 0,11)	0,16 (+/- 0,10)
X5	-0,02 (+/- 0,02)	-0,02 (+/- 0,02)	0,00 (+/- 0,02)	0,30 (+/- 0,02)	0,05 (+/- 0,02)	0,29 (+/- 0,05)	-0,00 (+/- 0,12)
NTF	0,01 (+/- 0,02)	0,01 (+/- 0,02)	-0,03 (+/- 0,02)	0,05 (+/- 0,02)	-0,01 (+/- 0,02)	0,02 (+/- 0,02)	0,37 (+/- 0,05)

Annexe 9 : Paramètres génétiques pour la situation NV3et+ et somme12

	somme12	NV3et+	A100	L100	X5	NTF
somme12	0,34 (+/- 0,03)	0,91 (+/- 0,03)	0,18 (+/- 0,11)	0,09 (+/- 0,08)	-0,05 (+/- 0,09)	-0,16 (+/- 0,09)
NV3et+	0,34 (+/- 0,02)	0,28 (+/- 0,02)	0,19 (+/- 0,08)	0,16 (+/- 0,05)	0,01 (+/- 0,07)	-0,18 (+/- 0,06)
A100	-0,03 (+/- 0,02)	0,03 (+/- 0,02)	0,18 (+/- 0,04)	-0,09 (+/- 0,13)	0,52 (+/- 0,13)	0,40 (+/- 0,14)
L100	-0,00 (+/- 0,02)	0,03 (+/- 0,02)	0,22 (+/- 0,02)	0,47 (+/- 0,05)	0,01 (+/- 0,11)	0,18 (+/- 0,10)
X5	-0,03 (+/- 0,02)	0,00 (+/- 0,02)	0,30 (+/- 0,02)	0,05 (+/- 0,2)	0,29 (+/- 0,05)	0,03 (+/- 0,12)
NTF	-0,01 (+/- 0,02)	-0,03 (+/- 0,02)	0,05 (+/- 0,02)	-0,01 (+/- 0,02)	0,02 (+/- 0,02)	0,37 (+/- 0,05)

	Diplôme : Diplôme d'Ingénieur de l'Institut Supérieur des Sciences Agronomiques, Agroalimentaires, Horticoles et du Paysage Spécialité : Science de l'Animal et de l'Elevage de Demain (SAED) Spécialisation / option : professionnel Enseignant référent : Sandrine Lagarrigue
Auteur(s) : Mélanie Rui Date de naissance* : 03/10/1991	Organisme d'accueil : GENE+ Adresse : 12 rue du moulin, 62134 ERIN
Nb pages : 20 Annexe(s) : 9	Maître de stage : Loïc Flatrès-Grall
Année de soutenance : 2015	Damien Bahon
Titre français : Optimisation de l'évaluation de la prolificité pour la race Tai Zumu	
Titre anglais : Optimisation of the evaluation for prolificacy in the Tai Zumu line	
<p>Résumé :</p> <p>Les performances des truies varient sur les 3 premiers rangs de carrière, compliquant le travail de sélection des éleveurs. Les héritabilités et les paramètres génétiques pour le nombre de porcelets nés vivants moyen sur différents rangs, ainsi que pour des nouveaux critères, sommes et variations des performances en nés vivants sur les rangs 1 et 2 ou sur les rangs 2 et 3, ont été estimés par la méthode du maximum de vraisemblance. La population d'étude correspond à 3554 truies nées après le 7 janvier 2004 et ayant réalisé 3 rangs de portée avant le 16 février 2015. Le critère delta21, défini comme la différence de performance entre les rangs 1 et 2, d'une héritabilité de 6%, et sa valeur absolue, d'une héritabilité de 5%, traduisent la capacité de la truie à améliorer ou répéter sa performance. Le critère somme12, définit comme la somme des performances sur les 2 premiers rangs, d'une héritabilité de 26%, traduit le potentiel de prolificité en début de carrière. Les estimations des corrélations génétiques, entre les différents critères de prolificité, ont permis de mettre en évidence 4 scénarios pouvant potentiellement répondre à la problématique et intégrant ces nouveaux critères. Ils sont comparés à un scénario de référence, propre à l'étude, approchant la sélection actuelle en Tai Zumu. Le critère delta21 ou sa valeur absolue ne permettent pas d'optimiser l'évaluation mais apportent une information supplémentaire. Le critère somme12 nécessite de retarder la sélection d'un cycle et donc de revoir l'évaluation dans son ensemble.</p>	
<p>Abstract :</p> <p>The performances of sows vary on the first 3 rows of career, complicating the work of selection of the breeders. Heritabilities and genetic parameters for the average number of piglets born alive on various rows, as well as for the new criteria, the sums and the variations of the performances been born alive on rows 1 and 2 or on rows 2 and 3, were estimated by the restricted maximum likelihood method. The population studied corresponds to 3554 sows born after the 7th January 2004 and having realized 3 rows of reach before the 16th February 2015. The criterion delta21, defined as the difference of performance between rows 1 and 2, has an heritability of 6%, and its absolute value, has an heritability of 5%, they translate the capacity of the sow to improve or repeat its performances. The criterion somme12, defines as the sum of the performances on the first 2 rows, has an heritability of 26% and translates the potential of prolificacy for the beginning of career. The estimations of the genetic correlations, between the different prolificacy criteria, allowed to highlight 4 scenarios which can potentially answer the problematic and integrate these new criteria. They are compared with a reference scenario appropriate to the study and approaching the current selection in Tai Zumu. The criterion delta21 or its absolute do not allow to optimize the evaluation but bring an additional information. The criterion somme12 requires to delay the selection of a cycle and thus to revise the evaluation in its globality.</p>	
Mots-clés : prolificité ; stabilité ; variations ; syndrome de deuxième portée ; nés vivants Key Words: prolificacy ; stability ; variations ; second litter drop syndrome ; born alive	