

# Sélection sur la prolificité chez le porc. I. Résultats d'une expérience de sélection sur onze générations

G. Bolet, L. Ollivier, P. Dando

▶ **To cite this version:**

G. Bolet, L. Ollivier, P. Dando. Sélection sur la prolificité chez le porc. I. Résultats d'une expérience de sélection sur onze générations. Genetics Selection Evolution, 1989, 21 (1), pp.93-106. hal-00893787

**HAL Id: hal-00893787**
**https://hal.science/hal-00893787**

Submitted on 11 May 2020

**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.

*Genet. Sel. Evol.* (1989) 21, 93-106
© Elsevier/INRA


**Article de recherche**

# Sélection sur la prolificité chez le porc. I. Résultats d'une expérience de sélection sur onze générations

G. Bolet [1], L. Ollivier [2] et P. Dando [3]

[1] *Station d'amélioration génétique des animaux, Institut National de la Recherche Agronomique, BP 27, 31326 Castanet-Tolosan*
[2] *Station de génétique quantitative et appliquée, Institut National de la Recherche Agronomique, 78350 Jouy-en-Josas*
[3] *Domaine expérimental de Galle, Institut National de la Recherche Agronomique, 18520 Avord, France*

(reçu le 4-1-1988, accepté le 27-5-1988)

**Résumé** — Une expérience de sélection a été entreprise par l'INRA en 1965 en vue d'évaluer la possibilité d'augmenter la prolificité du porc, en utilisant comme critère de sélection le nombre total (NT) de porcelets nés dans les deux premières portées de la truie. A partir d'une population de base de 10 mâles et 120 femelles de race *Large White*, 2 lignées ont été constituées, une lignée sélectionnée sur la prolificité maternelle intra-famille de père et une lignée témoin maintenue sans sélection. Une réponse faible et non significative de 0,024 ± 0,077 porcelet par génération pour NT a été obtenue sur les 11 générations de l'expérience avec une héritabilité réalisée pour NT de 0,04 ± 0,13. L'estimation obtenue par régression mère-fille (0,03 ± 0,08) est nettement inférieure à l'estimation obtenue à partir des covariances entre demi-sœurs (0,20 ± 0,14). Cette différence suggère l'existence d'effets maternels défavorables ayant pu réduire la réponse à la sélection, puisque les portées n'étaient pas uniformisées à la naissance. La faible sélection pratiquée par la voie mère-fille atténue cependant l'importance de ces effets. Une autre explication possible résulte du dispositif expérimental (faible intensité de sélection et effectif réduit des lignées), qui rendait le succès de l'expérience peu probable *a priori*. Une réponse indirecte significative de 0,12 ± 0,07 corps jaunes par génération est cependant obtenue en troisième gestation, sans réduction de la survie embryonnaire à 30 jours. L'ensemble des résultats suggère que l'efficacité de la sélection peut augmenter avec la parité.

**porc – fertilité – prolificité – expérience de sélection – paramètres génétiques**

**Summary — Selection for prolificacy in the pig. I. Results of an eleven-generation selection experiment.** *A selection experiment was initiated in 1965 at INRA in order to evaluate the possibilities of increasing pig prolificacy, using the total number (NT) of piglets born in the first 2 litters of a sow as a selection criterion. Starting from a* Large White *foundation stock of 10 males and 120 females, 2 lines were derived, a line selected on maternal prolificacy within-sire family, and a control line. A low and not significant response of 0.024 ± 0.077 piglet per generation was obtained for NT over 11 generations with a realized heritability for NT of 0.04 ± 0.13. The daughter-dam regression heritability (0.03 ± 0.08) is markedly lower than the half-sib heritability (0.20 ± 0.14). This suggests the existence of unfavourable maternal effects, which might have reduced the selection response, as litters were not standardized at birth. However the low contribution of the dam-daughter path in the selection applied reduces those effects. The* a priori *low chance of success of the*

*experiment is also to consider, because of inadequacies of the design, namely regarding selection intensity and size of the 2 lines. A significant correlated response was however obtained for ovulation rate (0.12 ± 0.07* corpus luteum*) in the third gestation, without reduction in embryo survival at 30 days. A general tendency to an increase in selection efficiency over parities was observed in this experiment.*

***pig – fertility – prolificacy – selection experiment – genetic parameters***

## Introduction

On admet généralement que la sélection est une voie d'amélioration génétique peu efficace pour les caractères à faible héritabilité. C'est l'idée qui prévaut pour la prolificité chez le porc, dont l'héritabilité $h^2$ et la répétabilité r sont faibles ($h^2$ = 0,10 et r = 0,15) (Bolet et Legault, 1982). Les prévisions théoriques sont cependant loin d'être négligeables, puisqu'une simple sélection sur ascendance maternelle donne une espérance de progrès génétique annuel de 0,25 porcelet par portée (Ollivier, 1973). C'est pour vérifier les possibilités réelles d'une telle sélection qu'une expérience a été entreprise à l'INRA en 1965. Les résultats des 5 (Ollivier, 1973) et 10 (Ollivier et Bolet, 1981) premières générations ont été précédemment publiés. Nous présentons ici l'analyse détaillée de l'ensemble des résultats à l'issue de 11 générations de sélection.

## Matériel et Méthodes

### *Protocole expérimental*

Rappelons le principe de l'expérience qui est menée depuis 1965 au domaine de Galle à Avord (Cher). A partir d'une population de base ($G_0$) constituée de 10 verrats et de 120 truies de race *Large White*, 2 lignées ont été dérivées :

– une lignée sélectionnée (LS) dans laquelle le critère de sélection des mâles et des femelles de renouvellement est le nombre total (NT) de porcelets nés (vivants et morts) dans les 2 premières portées de leur mère, la sélection se faisant intra-famille de père;

– une lignée témoin (LT) dans laquelle le choix des reproducteurs se fait au hasard, intra-portée pour les femelles et intra-père pour les mâles.

Les 2 lignées sont conduites simultanément, en monte naturelle, avec 2 mises bas par truie et sélection des reproducteurs dans la première portée, de manière à réaliser un intervalle de génération de un an. A l'issue du sevrage de la deuxième portée, un échantillon de truies de chaque lignée est retenu pour une troisième gestation. Aux environs du 30e jour de cette gestation, les truies sont abattues en vue de mesurer le taux d'ovulation (TOV) par comptage des corps jaunes et de dénombrer le nombre d'embryons vivants (NEV).

Nous n'avons pas pu appliquer rigoureusement ce protocole de base tout au long de l'expérience, essentiellement à cause de fluctuations importantes de l'âge à la puberté des femelles. Cela nous a obligés en particulier à introduire des femelles extérieures aux 2 lignées en $G_4$ et, occasionnellement, à sélectionner les reproducteurs dans la deuxième portée. Pour les mêmes raisons, les effectifs initialement prévus de 10 mâles par lignée, avec 5 et 10 femelles par mâle respectivement en LT et LS, ont été ramenés à 8 en cours d'expérience.

Le protocole de sélection a lui-même été modifié en LS pour l'obtention des $G_{10}$ et $G_{11}$ : la lignée a été ouverte à des produits de mères à haute prolificité repérées dans les élevages français (Legault et Gruand, 1976; Le Roy *et al.*, 1987), et la sélection intra-famille des femelles a été abandonnée au profit d'une sélection purement individuelle. Notons également que pour les deuxièmes et les troisièmes générations, des verrats de la lignée ont été utilisés au début de l'expérience. Ultérieurement, des verrats de races différentes (le plus souvent de la race de Piétrain), également répartis entre les 2 lignées, ont été utilisés.

### *Conduite d'élevage*

A chaque génération, les jeunes mâles et femelles des 2 lignées sont mis à la reproduction simultanément, à partir du moment où environ deux tiers des femelles ont atteint 100 kg de poids vif. Une double saillie est pratiquée: les retours en chaleur, détectés par le passage quotidien d'un verrat, donnent éventuellement lieu à de nouvelles saillies, l'objectif étant de regrouper les mises bas sur une période de 2 à 3 mois. Il n'est pratiqué aucun échange systématique de porcelets entre portées pour uniformiser les effectifs à la naissance. Cependant, occasionnellement, des porcelets sont adoptés dans le cas de portées exceptionnellement nombreuses ou pour pallier des déficiences maternelles (agalactie, mortalité...). Après le sevrage, pratiqué vers 35 jours, les porcelets sont soumis à un contrôle d'engraissement entre 30 et 100 kg de poids vif avec une alimentation à volonté par loges de 10. En outre, les premières portées sont soumises à des mesures d'épaisseur de lard dorsal par ultra-sons vers le poids de 75 kg. Ces mesures ont été interrompues à la $G_7$.

### *Analyse statistique*

#### *Réponse à la sélection, héritabilité réalisée*

Pour estimer l'héritabilité réalisée (Falconer, 1981), une procédure similaire à celle employée par Joakimsen et Baker (1977), dans une expérience sur souris, a été utilisée. Dans chacune des 2 lignées, la différentielle de sélection réalisée à chaque génération a été calculée en pondérant les écarts observés pour le critère de sélection chez les mères (NT), soit par le nombre de leurs filles mettant bas à la génération suivante pour la voie de sélection mère-fille (SF), soit par le nombre de petites-filles (selon la voie mère-fils-fille) mettant bas 2 générations plus tard pour la voie de sélection mère-fils (SM). La différentielle de sélection $S_n$, à considérer dans chaque lignée pour la génération n, est alors, du fait que la sélection des mâles exerce son effet avec 2 générations de retard, $S_n = 0{,}5\ (SF_n + SM_{n-1})$ et la différentielle de sélection totale est $S = S(LS) - S(LT)$. Le critère de sélection étant un caractère maternel et la sélection étant réalisée intra-famille de père, la réponse R s'écrit en fonction de la différentielle de sélection S et de l'héritabilité $h^2$, en négligeant la corrélation phénotypique entre demi-frères :

$$R = (3/8)\ S\ h^2 \qquad (1)$$

et l'estimation de l'héritabilité réalisée $h^2_r$ s'obtient avec :

$$h^2_r = (8/3)\ b_{R/S} \qquad (2)$$

où $b_{R/S}$ est la régression des différences entre lignées à chaque génération sur les différentielles de sélection cumulées correspondantes. Notons que, dans cette analyse, nous négligeons les effets de la modification du protocole de sélection en $G_{10}$ et $G_{11}$. La variance d'échantillonnage de cet estimateur est calculée selon la formule approchée de Hill (1972, p. 775), en ajoutant à la variance observée du coefficient de régression $b_{R/S}$ la variance due à la dérive génétique qui est :

$$[2(3n + 4)/5s^2(n + 1)(n + 2)]V_d \qquad (3a)$$

avec :

$$V_d = \sigma^2_A\ (1/N_T + 1/N_S) \qquad (3b)$$

où n est le nombre de générations de sélection, S la différentielle de sélection moyenne par génération, $V_d$ la variance de dérive par génération, $\sigma^2_A$ la variance génétique additive correspondant à $h^2_r$ (la réduction de $\sigma^2_A$ due à la sélection est négligée), et $N_T$ et $N_S$ les effectifs génétiques de LT et LS

correspondant à l'accroissement de consanguinité observé sur les 7 dernières générations de l'expérience (à cause de l'ouverture des lignées en $G_4$) dans les lignées respectives.

### *Paramètres génétiques estimés*

*Régression mère-fille.* La régression des performances des filles sur celles de leur mère est calculée intra-famille de père pour toutes les combinaisons 2 à 2 des 5 variables suivantes : nombre total de porcelets nés en première portée (NT1), en deuxième portée (NT2), somme des taux (NT), taux d'ovulation (TOV) et nombre d'embryons vivants à 30 jours de gestation en troisième gestation (NEV). Cela a permis d'estimer l'héritabilité de chacune de ces variables (X) :

$h^2_X = 2\, b_{X/X}$

et la corrélation génétique entre 2 variables (X et Y) :

$r_g(X,Y) = b_{X/Y}b_{Y/X}/b_{X/X}b_{Y/Y})^{0,5}$

ou $0,5(b_{X/Y} + b_{Y/X})/(b_{X/X}b_{Y/Y})^{0,5}$, selon que $b_{X/Y}$ et $b_{Y/X}$ sont de même signe ou non.

*Analyse de variance.* Une analyse de variance hiérarchique avec des effets aléatoires père et mère intra-père permet aussi d'estimer les variances et covariances génétiques et phénotypiques pour les 5 variables. Pour tenir compte des relations de parenté entre les femelles accouplées à un même mâle (en moyenne 65% sont sœurs et 22% sont demi-sœurs), la formule approchée de Flock (1967) a été utilisée pour estimer $\sigma^2_A$, soit :

$\sigma^2_A$ = 2,7 x covariance entre demi-sœurs.

### *Analyse des différences entre lignées*

*Performances de reproduction.* Nous avons suivi l'évolution de la fertilité (taux d'impubères et taux de gestation) des 2 lignées en calculant les moyennes générales par génération et les régressions des différences entre lignées sur le numéro de génération. Pour NT1, NT2, NT, TOV, NEV et l'âge de la première mise bas (A), nous avons réalisé une analyse de variance avec des effets fixés: génération, lignée et leur interaction (avec en plus la covariable A pour NT1 et NT2). Nous avons calculé à partir des estimées des moindres carrés obtenues la régression de la différence entre lignées sur le numéro de génération.

*Performances de croissance.* Le poids au sevrage des porcelets issus des premières portées (donc de race *Large White*) a été analysé selon le modèle ci-dessus avec l'âge au sevrage en covariable.

Pour analyser le gain moyen quotidien pendant la période d'engraissement et l'épaisseur de lard dorsal mesurée aux ultra-sons, nous avons utilisé le modèle d'analyse de variance à effets fixés suivant :

$Y_{ijklm} = \mu + G_i + L_j + B_{k:i} + S_l + G \times L_{ij} + L \times S_{jl} + bX_{ijklm} + e_{ijklm}$

où :

$G_i$ est l'effet de la bande d'engraissement (une bande correspond à une génération, sauf en $G_7$ où il y a eu 2 bandes successives en race pure);

$L_j$ est l'effet de la lignée;

$B_{k:i}$ est l'effet du bâtiment d'engraissement intra-bande;

$S_l$ est l'effet du sexe (mâles, femelles et mâles castrés);

$G \times L_{ij}$ et $L \times S_{jl}$ sont les interactions lignée x bande et lignée x sexe;

b est un coefficient de régression en une covariable;

$X_{ijklm}$ est propre à chaque variable analysée (le poids au moment de la mesure pour l'épaisseur de lard, le poids en début et fin de contrôle pour la vitesse de croissance).

## Résultats

### *Réponse directe à la sélection*

#### *Evolution de la différence entre lignées*

La Figure 1 ne montre pas d'évolution nette de la différence entre les 2 lignées pour le critère de sélection NT. La régression de la différence entre lignées sur le numéro de génération n'est pas significativement différente de zéro (b = 0,024 ± 0,077).

L'absence d'interactions lignée x génération (sauf pour NT et NT2, en raison d'un fort écart entre lignées en $G_6$) (Tableau I) et la faible valeur des coefficients de régression de la différence entre lignées sur le numéro de génération (Tableau II) confirment cette absence d'évolution de la prolificité en première et deuxième portées. Les résultats concernant le nombre de porcelets nés vivants et le nombre de porcelets sevrés sont similaires et ne sont pas présentés ici.

#### *Héritabilité réalisée*

Les différentielles de sélection réalisées pour les 2 voies SF et SM sont respectivement 1,41 et 3,49 (Tableau III). L'intensité de sélection réalisée est donc, avec l'écart type phénotypique résiduel du Tableau III :

$i = 1/2(0,33 + 0,81) = 0,57$

ce qui correspond à un taux de sélection moyen (équivalent à une sélection par troncature d'une variable normale) de 65%.

La régression de la différence entre lignées sur la différentielle de sélection cumulée est $b_{R/S} = 0,016 \pm 0,042$.

L'effectif génétique moyen calculé à partir de l'accroissement du taux moyen de consanguinité par lignée (Fig. 2) étant 68 en lignée sélectionnée et 30 en lignée-témoin,

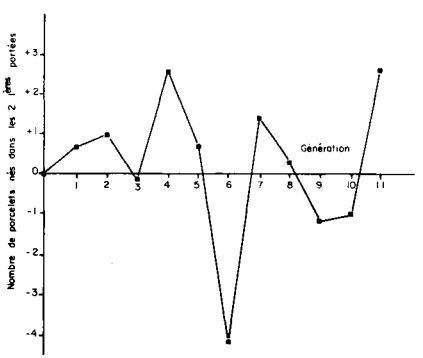



**Fig. 1.** Différence entre la lignée sélectionnée et la lignée témoin pour le critère de sélection (nombre total de porcelets nés dans les deux premières portées) en fonction du numéro de génération.

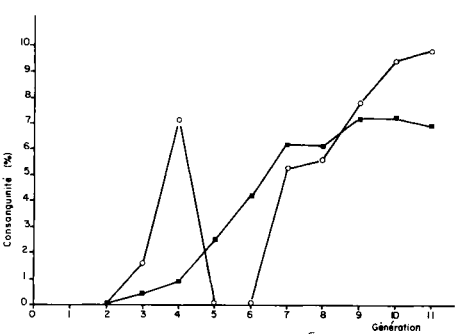



**Fig. 2.** Evolution du coefficient de consanguinité dans les deux lignées. ■—■ lignée sélectionnée; ○—○ lignée-témoin.

**Tableau I.** Analyse de variance des performances de reproduction.

| *Source de variation* | *ddl* | *Taille de portée* 1re (NT1) | | 2e (NT2) | | 1re + 2e (NT) | | 3e gestation Taux d'ovulation (TOV) | | 3e gestation Nombre d'embryons (NEV) | | Age 1re mise bas (A) | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| F : | | | | | | | | | | | | | |
| Génération | 10 | 1,4 | NS | 1,5 | NS | 2,4 | ** | 3,2 | ** | 3,8 | ** | 18,1 | ** |
| Lignée | 1 | 0,5 | NS | 2,3 | NS | 0,8 | NS | 1,5 | NS | 2,6 | NS | 1,5 | NS |
| Génération x lignée | 10 | 1,4 | NS | 1,9 | * | 2,9 | ** | 1,1 | NS | 1,2 | NS | 3,3 | ** |
| Covariable A | 1 | 8,4 | ** | 9,5 | ** | | | | | | | | |
| Résitudelle : | | | | | | | | | | | | | |
| ddl | | 803 | | 749 | | 621 | | 377 | | 327 | | 986 | |
| variance | | 7,5 | | 8,8 | | 18,8 | | 7,8 | | 12,4 | | 1 633 | |

F : test de Fisher; ddl : degrés de liberté; NS : non significatif; * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$.

**Tableau II.** Effectif par lignée et estimées des moindres carrés (± écart type) des moyennes par génération des performances de reproduction.

| *Age* 1re mise bas (jour) (A) | | | | *Taille de portée* 1re (NT1) | | | 2e (NT2) | | | 3e gestation Taux d'ovulation (TOV) | | | 3e gestation Nombre d'embryons (NEV) | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| G | LT | LS | | LT | LS | | LT | LS | | LT | LS | | LT | LS | |
| 1 | 19 | 36 | 456±6 | 19 | 36 | 9,4±0,4 | 24 | 47 | 11 ±0,4 | 13 | 26 | 17,5±0,5 | 12 | 24 | 13,9±0,6 |
| 2 | 19 | 59 | 430±5 | 19 | 59 | 10,2±0,4 | 16 | 44 | 10,6±0,5 | 10 | 17 | 16,5±0,5 | 10 | 16 | 11,6±0,7 |
| 3 | 8 | 57 | 452±8 | 8 | 57 | 9,4±0,5 | 5 | 39 | 10,1±0,7 | 4 | 24 | 15,7±0,8 | 4 | 22 | 12,9±1 |
| 4 | 9 | 67 | 378±7 | 9 | 67 | 8,9±0,5 | 12 | 62 | 10,1±0,5 | 5 | 21 | 17,3±0,7 | 5 | 19 | 12 ±0,9 |
| 5 | 15 | 66 | 428±6 | 15 | 66 | 9,6±0,4 | 13 | 69 | 9,5±0,5 | 12 | 23 | 15,5±0,5 | 11 | 22 | 9,2±0,7 |
| 6 | 15 | 33 | 412±6 | 15 | 33 | 8,8±0,4 | 21 | 56 | 11,1±0,4 | 20 | 24 | 16,4±0,4 | 18 | 23 | 12,1±0,6 |
| 7 | 35 | 42 | 401±5 | 35 | 42 | 9,2±0,3 | 26 | 42 | 10,3±0,4 | 17 | 24 | 16 ±0,4 | 12 | 19 | 13,3±0,6 |
| 8 | 25 | 53 | 398±5 | 25 | 53 | 9,1±0,3 | 25 | 49 | 10,2±0,4 | 18 | 30 | 16,1±0,4 | 14 | 26 | 11,5±0,6 |
| 9 | 25 | 58 | 401±5 | 25 | 58 | 9,4±0,3 | 23 | 47 | 10,2±0,4 | 16 | 23 | 14,6±0,5 | 13 | 18 | 10,6±0,6 |
| 10 | 21 | 63 | 382±5 | 21 | 63 | 10,1±0,4 | 15 | 59 | 11,2±0,4 | 10 | 28 | 14,9±0,5 | 9 | 23 | 11,6±0,7 |
| 11 | 25 | 76 | 401±5 | 25 | 76 | 9,3±0,3 | 18 | 60 | 10,4±0,4 | 10 | 24 | 15,4±0,5 | 7 | 2 | 11,5±0,8 |
| $b_1$ | | | | | + 0,01 ** | | | + 0,01 ** | | | | | | | |
| $b_2$ | | + 0,40 NS | | | − 0,03 NS | | | + 0,05 NS | | | + 0,12 * | | | + 0,12*** | |

$b_1$ : régression sur la covariable A ; $b_2$ : régression pondérée de la différence entre lignées sur le numéro de génération; NS : non significatif; * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,10$.

**Tableau III.** Différentielle, intensité et taux de sélection moyens réalisés par génération, pour le nombre total de porcelets nés dans les deux premières portées (NT).

| *Voie* | *mère-fille* | *mère-fils* |
|---|---|---|
| Différentielle de sélection | | |
| Lignée sélectionnée (LS) | 2,13 | 2,89 |
| Lignée-témoin (LT) | 0,72 | − 0,68 |
| LS - LT | 1,41 | 3,49 |
| Intensité de sélection [a] | 0,33 | 0,81 |
| Taux de sélection équivalent | 0,81 | 0,49 |

[a] : $\sigma$ = 4,33 (voir Tableau I).

la variance de dérive est $V_d$ = 0,002

d'où :

V(b) = 0,0018 + 0,292 $V_d$ = 0,0024

L'héritabilité réalisée de NT est donc :

$H^2_f$ = 0,04 ± 0,13

*Réponses indirectes*

*Performances de reproduction*

Le taux de fertilité des truies en première et deuxième parités fluctue mais n'évolue pas de façon nette en fonction du numéro de génération, pas plus que la différence entre les 2 lignées (Tableau IV).

L'âge à la première mise bas n'évolue pas non plus de façon significative. L'interaction lignée x génération significative (Tableau I) est due à des différences aléatoires entre lignées, notamment en $G_4$ et $G_9$.

En revanche, il apparaît une évolution de la différence entre lignées significatives pour TOV (+ 0,12 ± 0,04) et faiblement significative pour NEV (+ 0,12 ± 0,07) (Tableau I et Fig. 3).

*Croissance et adiposité*

Dans les différents modèles utilisés, tous les effets sont significatifs. Il apparaît notamment toujours une interaction lignée x génération très significative ($P < 0,01$). Les Figures 4 et 6 mettent en évidence la nature de cette interaction à partir de l'évolution de la différence entre lignées; il apparaît une différence significative et à peu près constante en faveur de la lignée témoin à partir de la $G_5$ pour le poids au sevrage et l'adiposité, alors que la différence entre lignées pour la vitesse de croissance suit la même tendance mais s'atténue en fin d'expérience.

**Tableau IV.** Evolution de la fertilité des truies par cycle de reproduction.

| | | *1er cycle de reproduction* | | | *2e cycle de reproduction* | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| *G* | *n* | *Impubères (% de n)* | *Gestantes (% des truies saillies)* | *n* | *Non recyclées (% de n)* | *Gestantes (% des truies saillies)* |
| 0 | 119 | 13,4 | 80,4 | 78 | 0,6 | 88,2 |
| 1 | 139 | 18,7 | 58 | 83 | 1,2 | 90 |
| 2 | 126 | 21,4 | 84,9 | 79 | 8,9 | 90 |
| 3 | 110 | 23,6 | 78,3 | 64 | 10,9 | 84,9 |
| 4 | 103 | 10,7 | 90,6 | 80 | 0 | 93,7 |
| 5 | 110 | 6,4 | 82 | 94 | 0 | 89,1 |
| 6 | 103 | 15,5 | 59,3 | 98 | 7,1 | 87,5 |
| 7 | 116 | 22,4 | 87,5 | 85 | 0 | 84 |
| 8 | 114 | 7,9 | 78,8 | 96 | 3,1 | 85,1 |
| 9 | 127 | 10,2 | 76,1 | 108 | 11,1 | 75,3 |
| 10 | 123 | 17,1 | 86,6 | 97 | 4,1 | 81,1 |
| 11 | 125 | 14,4 | 97,1 | 102 | 8,8 | 90,8 |
| b | | + 0,02 ± 0,61 NS | − 0,22 ± 0,65 NS | | − 0,35 ± 0,31 NS | − 0,27 ± 0,40 NS |

G : génération; n : nombre de femelles mises à la reproduction; b : régression de la différence entre lignées sur le numéro de génération.

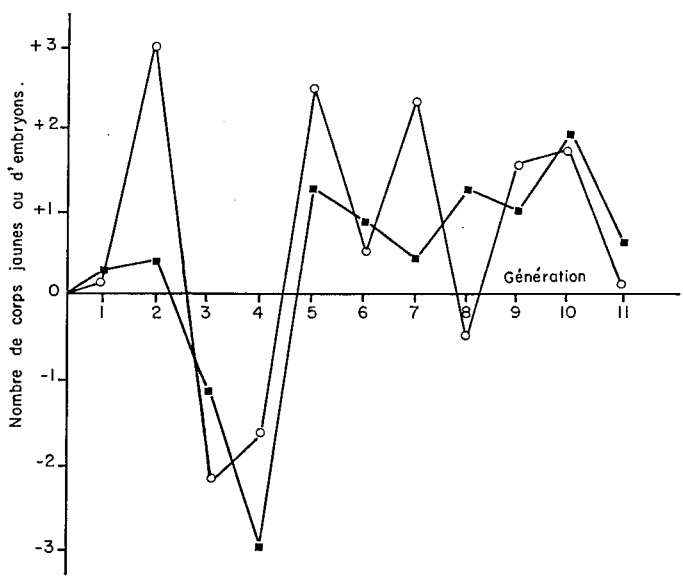



**Fig. 3.** Différence entre la lignée sélectionnée et la lignée témoin pour le nombre de corps jaunes et d'embryons en 3e gestation. ■——■ corps jaunes; ○——○ embryons.

*Paramètres génétiques des performances de reproduction* (Tableau V)

Quel que soit le type de relation entre apparentés considéré, et bien que la relation mère-fille donne systématiquement des valeurs plus faibles que la relation entre demi-sœurs, aucune héritabilité n'est significativement différente de zéro. On notera toutefois que l'héritabilité du taux d'ovulation est plus élevée que celle des autres variables. Les corrélations génétiques estimées à partir des régressions mère-fille sont souvent supérieures à l'unité en valeur absolue.

## Discussion et Conclusion

Les expériences de sélection en lignée fermée sur la prolificité ou ses composantes sont peu nombreuses chez le porc. Damon et Winters (1955) obtiennent une amélioration de la taille de portée, mais sans référence à une lignée témoin. Rutledge (1980) observe une réponse positive en 2 générations, mais les générations suivantes ne confirment pas ce résultat (cité par Bichard et David, 1985). Dans une expérience de sélection sur le taux d'ovulation, menée pendant 10 générations, l'héritabilité réalisée est de l'ordre de 0,50, mais aucune réponse corrélative n'est obtenue sur la taille de portée (Zimmerman et Cunningham, 1975; Cunningham *et al.*, 1979), malgré une réponse positive sur les 4 premières générations. Nos résultats montrent une évolution similaire de la réponse en taille de portée; en effet, la réponse observée sur 11 générations de sélection est faible, malgré une tendance positive à l'issue des 5 premières générations (Ollivier, 1973).

L'absence de réponse directe sur l'ensemble de cette expérience a été précédemment discutée en détail (Ollivier et Bolet, 1981; Ollivier, 1982; Eisen, 1986). L'explication

**Tableau V.** Paramètres génétiques et phénotypiques des performances de reproduction. Héritabilités sur la diagonale, corrélations phénotypiques au-dessus de la diagonale et corrélations génétiques au-dessous. Les paramètres génétiques sont estimés à partir de la régression mère-fille (1re ligne) et de la covariance entre demi-sœurs (2e ligne).

| | *NT1* | *NT2* | *NT* | *TOV* | *NEV* |
|---|---|---|---|---|---|
| Taille de la 1re portée | 0,03±0,07 | 0,17 | 0,75 | 0,18 | 0,14 |
| NT1 | 0,07±0,10 | ** | ** | ** | ** |
| Taille de la 2e portée | < − 1 | 0,04±0,07 | 0,78 | 0,26 | 0,20 |
| NT2 | 0,89±0,71 | 0,14±0,11 | ** | ** | ** |
| Taille des 1re et 2e portées | >1 | − 0,01 | 0,03±0,08 | 0,27 | 0,19 |
| NT | 0,92±0,13 | 0,92±0,23 | 0,20±0,14 | ** | ** |
| Taux d'ovulation | | | | | |
| en 3e gestation | 0,34 | > 1 | > 1 | 0,21±0,12 | |
| TOV | 0,61±0,57 | 0,92±0,53 | > 1 | 0,29±0,21 | ** |
| Nombre d'embryons vivants | | | | | |
| en 3e gestation | – | – | – | 0,85 | < 0 |
| NEV | 0,35±0,41 | > 1 | 0,65±0,79 | 0,65±0,38 | 0,25±0,24 |

principale invoquée est la taille réduite du dispositif expérimental réalisé. Les effectifs initialement prévus n'ont pas été atteints (Tableau II), ce qui a eu pour conséquence de limiter l'intensité de sélection pratiquée (Tableau III). La sélection intra-famille est aussi un facteur de réduction de la pression de sélection, du fait que les comparaisons portent sur un nombre limité de portées lors du choix des mâles et des femelles de renouvellement. Dans notre cas, compte tenu des effectifs du Tableau II, ce nombre est de l'ordre de 8, ce qui donne des intensités de sélection attendues de 0,9 (choix de 3/8) pour la voie mère-fille et de 1,4 (choix de 1/8) pour la voie mère-fils. On voit que les intensités de sélection réalisées (Tableau III) en sont assez éloignées, particulièrement dans le choix des femelles. Ces écarts traduisent les éliminations pratiquées pour diverses raisons, indépendantes du critère de sélection, et en grande partie pour des retards inexpliqués de puberté chez les femelles (Ollivier et Bolet, 1981). La forte réponse négative obtenue en $G_6$ (Fig. 1) mérite également d'être notée. On peut faire le parallèle entre l'évolution de la réponse de la $G_4$ à la $G_6$ et celle du coefficient de consanguinité des 2 lignées au cours des mêmes générations, liée au renouvellement de LT (Fig. 2). Mais les différences de consanguinité restent relativement faibles et ne peuvent donc constituer qu'une explication partielle. Ces fluctuations, en l'absence de cause identifiée, sont probablement à mettre surtout au compte de l'aléa dû aux faibles effectifs.

L'héritabilité de NT calculée à partir de la régression mère-fille est nettement inférieure à celle calculée à partir de la covariance entre demi-sœurs paternelles. Cette différence peut être due en partie à des effets maternels défavorables, que l'absence de standardisation des tailles de portée à la naissance n'a pas permis d'éliminer. Les expériences de sélection réalisées chez la souris et le porc tendent à montrer, selon Bisen (1986), que la non-standardisation des portées réduit la réponse. En revanche, le modèle théorique développé par Van Der Steen (1985) indique que l'incidence des effets maternels sur la réponse dans une expérience de sélection doit être minime à long terme. Il faut noter aussi que, dans notre expérience, la faible intensité de sélection de la voie mère-fille (Tableau III) tend à réduire l'importance de ces effets.

Par ailleurs, avec les hypothèses classiques telles qu'elles sont énoncées dans l'introduction, l'héritabilité de NT est 0,13 et la réponse attendue par génération, avec les intensités de sélection du Tableau III, est de 0,12 porcelet, soit 5 fois la réponse observée. Pour mieux situer cet écart on peut, sous les mêmes hypothèses, évaluer la puissance du dispositif expérimental réalisé en calculant la probabilité *a priori* de succès de l'expérience, c'est-à-dire la probabilité d'obtenir une réponse au moins égale aux 9/10$^{es}$ de la réponse attendue (Nicholas, 1980, p. 88), soit ici 1,2 porcelet au bout de 11 générations. Compte tenu des effectifs génétiques des 2 lignées (68 et 30), cette probabilité n'est que de 0,55, donc fort éloignée d'une probabilité de 0,9 considérée comme «raisonnable» par Nicholas. La faible réponse obtenue pourrait donc être la conséquence d'un dispositif insuffisant, sans qu'il soit nécessaire d'invoquer des hypothèses génétiques.

La réponse indirecte du taux d'ovulation en troisième portée est, en revanche, très largement supérieure à la valeur attendue, même avec les paramètres génétiques les plus favorables du Tableau V, compte tenu de l'intensité de sélection réellement appliquée sur la taille de portée. La Figure 3 montre par ailleurs une évolution très similaire du taux d'ovulation et du nombre d'embryons, ce qui suggère que la mortalité embryonnaire n'a pas été affectée par la sélection. Ces résultats sont à rapprocher des expériences réalisées sur souris, où l'augmentation de prolificité obtenue par sélection est souvent due à la seule augmentation du taux d'ovulation (voir, par exemple, Bradford, 1969; Joakimsen

et Baker, 1977). Nos observations, qui concernent des truies en troisième gestation, sont à rapprocher de l'accroissement de mortalité embryonnaire des femelles hyperprolifiques, plus marqué chez les nullipares que chez les multipares (Legault *et al.*, 1981; Bolet et Legault, 1982). Il est donc possible que le taux d'ovulation de la lignée LS ait été effectivement augmenté sans accroissement concomitant de la prolificité en première et deuxième portées. Sous réserve que le nombre d'embryons à 30 jours soit représentatif de la taille de la portée (une hypothèse que tendraient à infirmer des résultats de Johnson *et al.* (1984) concernant la survie embryonnaire à 30 et 70 jours de gestation, les 3 régressions $b_2$ du Tableau II pour NT1, NT2 et NEV indiquent un accroissement assez régulier de la réponse en fonction de la parité. Cette tendance, qui a été observée à des degrés divers dans des lignées hyperprolifiques (Tomes et Nielsen, 1985; résultats de Bichard rapportés par Legault, 1985; Le Roy *et al.*, 1987), se trouve aussi confirmée dans la suite de notre expérience (Bolet *et al.*, 1987).

L'interprétation des évolutions observées pour les performances de croissance et l'adiposité doit tenir compte du renouvellement des 2 lignées intervenu en $G_4$. On note en particulier que la différence entre lignées pour le poids au sevrage (malgré l'absence de toute différence significative de taille de portée au sevrage) s'établit à ce moment-là et n'évolue pas ultérieurement (Fig. 4). Les Figures 5 et 6 montrent qu'il en va de même pour la vitesse de croissance (malgré une remontée de LS sur les deux dernières générations) et pour l'adiposité. Comme le renouvellement des lignées intervenu en $G_4$ a été quasi total en LT et plus limité en LS, on peut penser que les différences observées à partir de $G_4$ traduisent une évolution génétique survenue dans la race *Large White* entre le début de l'expérience (1965) et la constitution de la $G_4$ (1970). On sait en effet que le *Large White* français a évolué génétiquement pour les caractères de production à partir de 1965, dans le sens d'une vitesse de croissance accrue et d'une adiposité diminuée (Houix *et al.*, 1978). Cette évolution pourrait donc expliquer les différences entre lignées des Figures 5 et 6. En revanche, les évolutions phénotypiques observées pour la taille

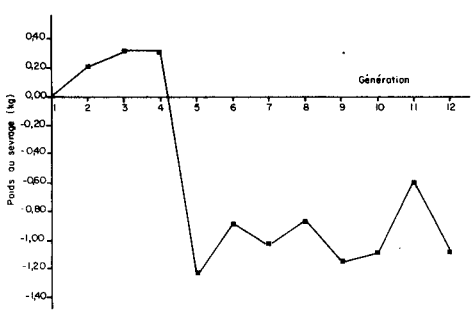



**Fig. 4.** Différence entre la lignée sélectionnée et la lignée témoin pour le poids du porcelet au sevrage.

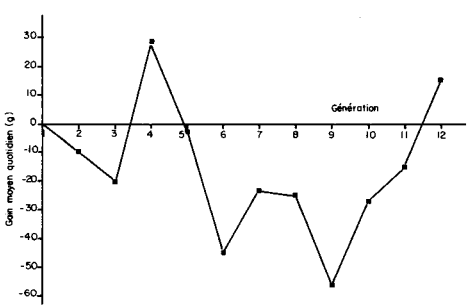



**Fig. 5.** Différence entre la lignée sélectionnée et la lignée témoin pour le gain moyen quotidien de 30 à 100 kg.

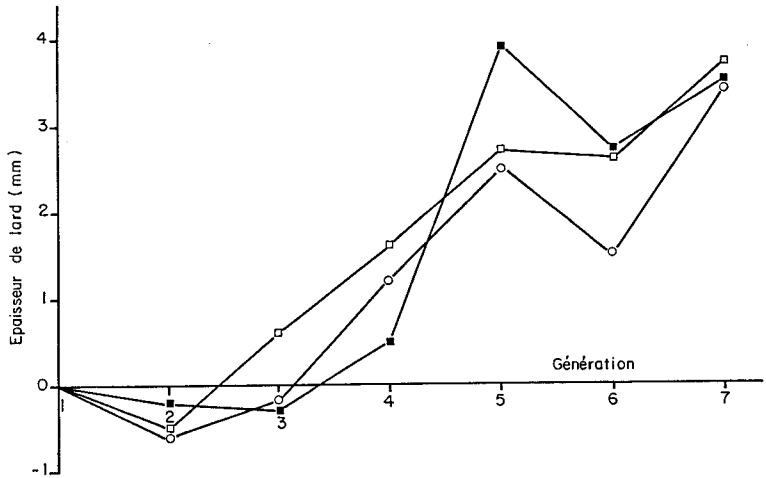



**Fig. 6.** Différence entre la lignée sélectionnée et la lignée témoin pour l'épaisseur de lard à 75 kg. ■——■ épaule; ○——○ dos; □——□ rein.

de portée dans cette même race (citées par Le Roy *et al.*, 1987, p. 352) conduisent à penser que la prolificité n'a pas évolué depuis 1965. Il est par ailleurs généralement admis que les caractères de production et les caractères de reproduction sont génétiquement quasi indépendants (voir la revue de Brien, 1986, qui n'exclut cependant pas l'existence d'une corrélation positive entre la croissance et la prolificité à partir de la deuxième portée). Il y a donc tout lieu de penser que le changement de témoin survenu en $G_4$ a eu une incidence minime sur les réponses données dans les Figures 1 et 3.

Les résultats de cette expérience peuvent paraître décevants quant à son objectif principal, à savoir la mise à l'épreuve d'une sélection intra-troupeau sur la prolificité. Mais l'analyse montre finalement que la réponse observée sur les 2 premières portées, si elle est très inférieure à ce que l'on pouvait espérer, n'était pas *a priori* une éventualité improbable, compte tenu du déroulement de l'expérience et notamment de la faible pression de sélection appliquée. De plus, les tendances observées en troisième gestation et les résultats ultérieurs de l'expérience, qui feront l'objet du deuxième volet de cet article, indiquent qu'il existe des possibilités réelles d'améliorer la prolificité du porc par sélection.

## Remerciements

Nous tenons à remercier l'ensemble du personnel d'élevage du domaine expérimental de Galle pour les soins apportés à la conduite du troupeau sur les 14 années de cette expérience. Nous remercions également C. Felgines, G. Le Henaff et M. Joseph qui ont assuré la gestion informatique des données.

## Références


Bichard M. & David P.J. (1985) Effectiveness of genetic selection for prolificacy in pigs. *J. Reprod. Fertil.* suppl. 33, 127-138

Bolet G. & Legault C. (1982) Nuevas consideraciones sobre la mejora genética de la prolificidad en el cerdo. *In : 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid, 4-8 octobre 1982, vol. 5,* Editorial Garsi, Madrid, pp. 548-567

Bolet G., Renard C., Ollivier L. & Dando P. (1987) La sélection sur la prolificité chez le porc : réponse à une sélection en lignée ouverte. *In : 19e Journée de la Recherche Porcine en France, Paris, 4-5 février 1987,* Institut Technique du Porc, Paris, pp. 47-54

Bradford G.E. (1969) Genetic control of ovulation rate and embryo survival in mice. I. Response to selection. *Genetics* 61, 905-921

Brien F.D. (1986) A review of the genetic and physiological relationships between growth and reproduction in mammals. *Anim. Breed.* 54, 975-997

Cunningham P.J., England M.E., Young L.D. & Zimmerman D.W. (1979) Selection for ovulation rate in swine : correlated response in litter size and weight. *J. Anim. Sci.* 48, 509-516

Damon R.A. & Winters L.M. (1955) Selection for factors of performance in the swine herds of the Hormel Foundation. *J. Anim. Sci.* 14, 94-104

Eisen E.J. (1986) Genetic control of reproduction from conception to birth in non ruminants. *In : 3rd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Lincoln, 16-22 juillet 1986,* vol. 11 (G.E. Dickerson & R.K. Johnson, eds.), University of Nebraska, Lincoln, USA, pp. 153-167

Falconer D.S. (1981) *Introduction to Quantitative Genetics.* 2e éd., Longman, Londres

Flock D. (1967) Berechnung des durchschnittlichen Verwandtschaftsgrades aus der Häufigkeit von Geschwisterpaaren. *Z. Tierz. Zuechtungsbiol.* 83, 235-239

Hill W.G. (1972) Estimation of realised heritabilities from selection experiments. II. Selection in one direction. *Biometrics* 28, 767-780

Houix Y., Dando P. & Sellier P. (1978) Estimation à l'aide d'une lignée-témoin de l'évolution génétique des caractères d'engraissement et de carcasse du porc *Large White* en France de 1965 à 1973. *Ann. Genet. Sel. Anim.* 10, 557-568

Joakimsen O. & Baker R.L. (1977) Selection for litter size in mice. *Acta Agric. Scand.* 27, 301-318

Johnson R.K., Zimmerman D.W. & Kittok R.J. (1984) Selection for components of reproduction in swine. *Livest. Prod. Sci.* 11, 541-558

Legault C. (1985) Selection of breeds; strains and individual pigs for prolificacy. *J. Reprod. Fertil.* suppl. 33, 151-166

Legault C. & Gruand J. (1976) Amélioration de la prolificité des truies par la création d'une lignée hyperprolifique et l'usage de l'insémination artificielle : principe et résultats expérimentaux préliminaires. *In : 8e Journée de la Recherche porcine en France, Paris, 4-6 février 1976,* Institut Technique du Porc, Paris, pp. 201-206

Legault C., Gruand J. & Bolet G. (1981) Résultats de l'utilisation en race pure et en croisement d'une lignée dite «hyperprolifique». *In : 13e Journée de la Recherche porcine en France, Paris, 4-5 février 1981,* Institut Technique du Porc, Paris, pp. 255-260

Le Roy P., Legault C., Gruand J. & Ollivier L. (1987) Héritabilité réalisée pour la taille de portée dans la sélection de truies dites «hyperprolifiques». *Genet. Sel. Evol.* 19, 351-364

Nicholas F.W. (1980) Size of population required for artificial selection. *Genet. Res.* 35, 85-105

Ollivier L. (1973) Five generations of selection for increasing litter size in swine. *Genetics* 74, suppl. 2, 202-203

Ollivier L. (1982) Selection for prolificacy in the pig. *Pig News Inform.* 3, 383-388

Ollivier L. & Bolet G. (1981) La sélection sur la prolificité chez le porc : résultats d'une expérience de sélection sur dix générations. *In : 13e Journée de la Recherche porcine en France, Paris, 4-5 février 1981,* Institut Technique du Porc, Paris, pp. 261-267

Rutledge J.J. (1980) Fraternity size and swine reproduction. I. Effect on fecundity of gilts. *J. Anim. Sci.* 51, 868-870

Tomes G.I. & Nielsen H.E. (1985) Some aspects of selection for increased reproductive performance in sow herds (abstr.). *Anim. Breed.* 53, 227

Van Der Steen H.A.M. (1985) The implication of maternal effects for genetic improvement of litter size in pigs. *Livest. Prod. Sci.* 13, 159-168

Zimmerman D.R. & Cunningham P.J. (1975) Selection for ovulation rate in swine : population, procedures and ovulation response. *J. Anim. Sci.* 40, 61-69