

# Amélioration génétique des qualités maternelles

## Partenariats

OSP ADN, Gene+, Nucleus, Livres Généalogiques Porcins Collectifs, INRA GABI, INRA GenPhySE

## Financiers

France Agrimer sur décision de la Commission Nationale d'Amélioration Génétique (CNAG).

## Contacts

isabelle.delaunay@ifip.asso.fr ; alban.bouquet@ifip.asso.fr

## VALORISATION

- TechPorc fév. 2013 : Sélection de truies d'hyperqualité p44-45.
- Conséquences d'une sélection sur l'homogénéité du poids des porcelets sur la productivité numérique des truies Large White et Landrace. JRP 2014
- Transfert d'expertise et appui aux entreprises de sélection porcine

## CONTEXTE ET OBJECTIFS

L'accroissement de la prolificité des truies constaté depuis 30 ans a permis d'augmenter le nombre de porcelets par portée. Toutefois, en parallèle, la survie des porcelets a été peu améliorée pendant la phase d'allaitement et la compétition alimentaire au sein de la portée s'est accrue.

De nouveaux critères doivent donc être intégrés dans les objectifs de sélection des lignées femelles pour améliorer à la fois la prolificité des truies et leur capacité à élever des portées homogènes en limitant le taux de mortalité avant sevrage. Pour cela, le déterminisme génétique des caractéristiques numériques et pondérales de la portée doit être connu à la naissance et au sevrage.

## RÉSULTATS

Depuis 2009, les élevages de sélection des lignées femelles sont équipés d'automates de pesée des porcelets. Ces automates permettent d'enregistrer les pesées avec précision et une bonne traçabilité. Les données sont ensuite transmises directement à la base nationale BANAPOG.

A ce jour, les porcelets de plus de 25 000 portées ont été pesés individuellement.

En plus des effectifs de porcelets nés vivants et sevrés, chaque portée est caractérisée par le poids du plus petit porcelet, du plus gros, le poids moyen et le poids global des porcelets, à la naissance et au sevrage, ainsi que par la variabilité du poids des porcelets intra-portée.

Les analyses ont été réalisées en race Large White sur près de 15 000 portées et race Landrace sur 5 000 portées.

Il apparaît que les poids du plus petit et du plus gros porcelet de la portée sont de bons prédicteurs du poids moyen de la portée (corrélations génétiques > 0,95).

La différence de poids entre le plus petit et le plus gros porcelet est également un bon prédicteur (98%) de l'écart-type de poids de la portée.

Les poids moyens des porcelets et les poids de portées sont plus héréditaires (>20%) que les caractéristiques numériques (8-12%).

La variabilité des poids des porcelets présente une hérédabilité intermédiaire (10-15%), à la naissance comme au sevrage.

Les caractéristiques numériques de la portée sont corrélées de façon défavorable avec le poids moyen des porcelets et la variabilité de leur poids. De même, l'augmentation du poids moyen des porcelets est associée à une plus grande hétérogénéité des poids au sein de la portée, ce qui n'est pas souhaitable.

Ces résultats soulignent le besoin d'intégrer les critères pondéraux des porcelets dans l'objectif de sélection des lignées maternelles pour améliorer l'homogénéité des portées et ainsi optimiser la survie des porcelets en allaitement.

Pesée automatisée de porcelet

