



Conséquences du changement de système de classement des porcs à l'abattoir sur l'évaluation génétique des reproducteurs

Estimation des paramètres génétiques des nouveaux caractères de l'objectif de sélection dans les races Large White et Landrace Français

Hervé Garreau (INRA)

Thierry Tribout (ITP)

Jean-Pierre Bidanel (INRA)

L'évaluation génétique des futurs reproducteurs repose sur la connaissance précise des paramètres génétiques des caractères sélectionnés. L'adoption d'une méthode de classement des carcasses communes à l'ensemble des pays de l'UE apporte deux modifications majeures vis à vis de l'évaluation BLUP :

(1) La Teneur en Viande Maigre (TVM), estimée par la découpe selon la nouvelle présentation de carcasse remplace le taux de muscle (PM) ;

(2) Le « nouveau rendement de carcasse » (RDT2), calculé à partir du poids net froid qui ne comprend plus ni la panne, ni le diaphragme, ni les rognons remplace l'« ancien rendement de carcasse ».

Cette étude a pour objectif d'estimer les paramètres génétiques de ces nouveaux caractères afin de les inclure dans l'évaluation « BLUP-modèle animal ».

Les héritabilités de la teneur en viande maigre (TVM) et du rendement de carcasse (RDT2) calculé selon la nouvelle présentation de la carcasse, et leurs corrélations génétiques avec les autres caractères mesurés en station, ont été estimées par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multi-caractère. Les autres caractères mesurés en station sont le gain moyen quotidien 35-100 kg (GMQ), l'indice de consommation 35-100kg (IC), le pourcentage de muscle estimé de la carcasse (PM), le rendement de carcasse « ancienne présentation » (RDT1) et l'indice de qualité de la viande (IQV). Les effectifs de mâles castrés contrôlés utilisés dans cette analyse sont de 5828 en race Large White (LW) et 2465 en race Landrace Français (LF). Les valeurs d'héritabilité de RDT1, RDT2, PM, TVM s'élèvent respectivement à 0,44 ; 0,42 ; 0,76 et 0,69 en race LW et à 0,35 ; 0,34 ; 0,59 et 0,60 en race LF. Les corrélations génétiques entre RDT1 et RDT2 s'élèvent à 0,98 et 0,97, respectivement chez le LW et chez le LF. TVM est également très corrélée à PM (0,99 dans les deux races). La liaison génétique entre les nouveaux critères de composition corporelle et de rendement de carcasse devient plus favorable tandis que la liaison génétique entre l'indice de consommation et le rendement de carcasse « nouvelle présentation » devient plus proche de l'indépendance. Par ailleurs, les corrélations génétiques obtenues entre les nouveaux critères de sélection et les autres caractères sont similaires à celles obtenues entre les anciens critères de sélection et les autres caractères.

Résumé

Matériel et méthode

Structure des données et caractères étudiés

Les données ont été collectées dans les stations publiques de contrôle de performances de janvier 1992 à septembre 1997. Elles proviennent de mâles castrés de race Large White (LW) et

Landrace Français (LF), contrôlés de 35 à 100 kg de poids vif, élevés en case de 12 animaux et alimentés à volonté. Une pesée unique est réalisée au début et à la fin de la période de contrôle et les consommations individuelles d'aliment sont enregistrées à l'aide de distributeurs automatiques Acema-48. Les animaux sont abattus dans la semaine qui suit la dernière pesée.



La carcasse de chaque animal est découpée selon la découpe normalisée, dite « découpe hollandaise » (Anonyme, 1990).

Les caractères considérés dans cette étude sont les suivants :

- le gain moyen quotidien de 35 à 100 kg (GMQ),
- l'indice de consommation de 35 à 100 kg (IC),
- le rendement de carcasse « ancienne présentation » (RDT1),
- le rendement de carcasse « nouvelle présentation » (RDT2),
- le pourcentage de muscle estimé dans la carcasse (PM),
- la teneur en viande maigre estimée dans la carcasse (TVM),
- l'indice de qualité de la viande (IQV).

RDT1 est le rapport du poids net froid « ancienne présentation » sur le poids vif.

RDT2 est le rapport du poids net froid « nouvelle présentation » (qui ne comprend plus ni la panne, ni les rognons, ni le diaphragme) sur le poids vif. Ce rendement a pu être estimé de la façon suivante :

$$RDT2 = \frac{[\text{poids net froid} - 0,6 - 2 (\text{poids de panne})]}{\text{poids vif}}$$

en considérant les poids de rognons et diaphragme constants (600 g) dans toutes les carcasses (Guéblez, communication personnelle, 1997).

PM a été estimé à partir des poids relatifs de six morceaux exprimés en pourcentage de la demi-carcasse « ancienne présentation » (DEM1) selon l'équation :

$$PM = - 42,035 + 1,282 (\% \text{ jambon}) + 1,818 (\% \text{ longe}) - 0,678 (\% \text{ bardière}) + 0,040 (\% \text{ panne}) + 0,701 (\% \text{ poitrine}) + 0,616 (\% \text{ épaule}).$$

TVM est estimé à partir des poids relatifs de trois morceaux exprimés en pourcentage de la demi-carcasse « nouvelle présentation » (DEM2) dont le poids est reconstitué en retirant pour moitié, à la longe et à la poitrine, un poids constant de rognons et de diaphragme (300 g), de la façon suivante :

$$DEM2 = \text{jambon} + (\text{longe} - 0,150) + (\text{poitrine} - 0,150) + \text{bardière} + \text{épaule} + 1/2 \text{ tête avec langue}.$$

L'équation de prédiction de la TVM est la suivante (Métayer et Daumas, 1998) :

$$TVM = 5,684 + 1,197 (\% \text{ jambon}) + 1,076 [\% (\text{longe} - 0,150)] - 1,059 (\% \text{ bardière})$$

L'IQV, établi comme prédicteur du rendement technologique de la fabrication du « jambon de Paris », a été calculé à partir de deux équations (Guéblez et al., 1990 ; ITP, 1993) :

$$(1) IQV1 = - 35 + 8,329 pH_{24Add} + 0,127 IMB - 0,00744 REF1$$

$$(2) IQV2 = - 41 + 11,04 pH_{24DM} + 0,105 IMB - 0,0231 REF2$$

où :

- pH_{24Add} et pH_{24 DM} sont les pH ultimes mesurés, respectivement, sur les muscles adducteur et demi-membraneux ;

- IMB est le temps d'imbibition (en dizaines de secondes) d'un papier pH appliquée sur la surface du muscle fessier superficiel ;

- REF1 et REF2 sont la réflectance du muscle fessier superficiel du jambon mesurée à l'aide d'un réflectomètre Rétrolux de Valin-David jusqu'en juin 1992 (REF1), puis à l'aide du chromamètre Minolta CR-300 (REF2).

L'équation (1) a été utilisée jusqu'en juin 1992 puis remplacée par l'équation (2).

Les informations relatives à la structure des données ainsi que les moyennes et les écarts types des caractères étudiés figurent dans les tableaux 1 et 2.

Analyse statistique

Les données ont été analysées par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte appliquée à un modèle animal multi-caractères (Bidanel et al., 1990) prenant en compte l'effet fixé de la bande de contrôle (sauf pour l'IQV, voir ci-dessous), l'effet aléatoire de la valeur génétique additive de chaque animal et la régression linéaire sur le poids vif d'abattage (pour RENDT1, RENDT2, PM, TVM et IQV) ou sur le poids à la mise en contrôle (pour GMQ et IC).



Tableau 1 - Structure des données analysées

	Large White	Landrace Français
Nombre d'animaux contrôlés	5828	2465
Nombre de bandes de contrôle	141	110
Nombre d'animaux du fichier «généalogie»	12812	7229
Nombre total de pères	1907	1236

Tableau 2 - Moyenne et écart-type des caractères étudiés

	Large White		Landrace Français	
	Moyenne	Ecart type global	Moyenne	Ecart type global
Gain moyen quotidien (g/j)	886	97	863	96
Indice de consommation (point)	2,90	0,26	3,04	0,27
Rendement de carcasse « ancienne présentation » (%)	79,1	1,5	78,3	1,6
Rendement de carcasse « nouvelle présentation » (%)	77,6	1,5	76,5	1,6
Taux de muscle estimé (%)	52,4	3,4	50,3	3,1
Teneur en viande maigre estimée (%)	55,5	3,3	53,9	3,0
Indice de qualité de la viande (point)	11,6	2,8	11,7	2,6

Par ailleurs, les données d'IQV ont été précorrignées pour l'effet de la série d'abattage, estimé en considérant l'ensemble des animaux contrôlés dans les deux races.

La présence d'un seul animal dans la quasi-totalité des portées ne permet pas d'estimer l'effet de la portée de naissance de façon satisfaisante. Nous avons donc procédé à un tirage aléatoire d'un seul animal dans les quelques portées comprenant plusieurs animaux, ce qui nous

autorise à ne pas inclure cet effet dans le modèle d'analyse.

Les calculs ont été effectués à l'aide du logiciel VCE (GROENEVELD, 1994). Les estimations de (co)variance ne pouvant être réalisées simultanément pour tous les caractères, les calculs ont été effectués avec les caractères pris trois à trois.

Résultats

Les estimées d'héritabilité de PM, TVM, RDT1 et RDT2 figurent

dans le tableau 3. L'héritabilité de TVM est pratiquement égale à celle de PM chez le LF (respectivement 0,60 et 0,59) mais elle est légèrement plus faible chez le LW (respectivement 0,69 et 0,76). L'héritabilité de RDT2 est similaire à celle de RDT1 dans les deux races. Les erreurs standards des héritabilités sont comprises entre 0,03 et 0,05.

Les corrélations génétiques de PM et TVM avec les autres caractères apparaissent dans le tableau 4. Il est à souligner que la

Tableau 3 - Héritabilités estimées (\pm erreur standard)

	Large White	Landrace Français
Rendement de carcasse « ancienne présentation »	0,44 \pm 0,03	0,35 \pm 0,04
Rendement de carcasse « nouvelle présentation »	0,42 \pm 0,03	0,34 \pm 0,04
Taux de muscle estimé	0,76 \pm 0,03	0,59 \pm 0,05
Teneur en viande maigre estimée	0,69 \pm 0,03	0,60 \pm 0,05



Tableau 4 - Corrélations génétiques (\pm erreur standard) entre le pourcentage de muscle estimé dans la carcasse , la teneur en viande maigre estimée dans la carcasse et les autres caractères

Race Caractère	Large White		Landrace Français	
	taux de muscle estimé	teneur en viande maigre	taux de muscle estimé	teneur en viande maigre
Gain moyen quotidien	0,15 \pm 0,04	0,12 \pm 0,04	0,09 \pm 0,08	0,04 \pm 0,07
Indice de consommation	-0,79 \pm 0,03	-0,78 \pm 0,03	-0,75 \pm 0,06	-0,70 \pm 0,06
Rendement de carcasse « ancienne présentation »	-0,15 \pm 0,02	-0,15 \pm 0,03	-0,02 \pm 0,08	-0,07 \pm 0,08
Rendement de carcasse « nouvelle présentation »	-0,15 \pm 0,02	-0,03 \pm 0,03	-0,02 \pm 0,08	0,15 \pm 0,08
Taux de muscle estimé	-	0,99 \pm 0,01	-	0,99 \pm 0,01
indice de qualité de la viande	-0,21 \pm 0,03	-0,21 \pm 0,03	-0,03 \pm 0,03	-0,01 \pm 0,04

corrélations génétiques entre PM et TVM est très élevée (0,99 dans les deux races). Les liaisons génétiques entre TVM et les caractères de croissance (GMQ et IC) sont globalement un peu plus faibles que celles existant entre PM et ces mêmes caractères dans les deux races. La liaison génétique entre TVM et RDT2 est plus favorable que celle existant entre PM et RDT1 (-0,03 contre -0,15 chez le LW et 0,15 contre -0,02 chez le LF). La liaison génétique entre IQV et TVM est globalement similaire à celle trouvée

entre IQV et PM dans les deux races.

Les corrélations génétiques de RDT1 et RDT2 avec les autres caractères figurent dans le tableau 5. Soulignons d'abord que, comme pour PM et TVM, la corrélation génétique entre RDT1 et RDT2 est très élevée (0,98 chez le LW et 0,97 chez le LF). Dans les deux races la corrélation génétique entre RDT2 et GMQ est légèrement plus faible que celle obtenue entre RDT1 et GMQ tandis que la liaison géné-

tique entre RDT2 et IC devient nettement plus faible (0,02 chez le LW et 0,05 chez le LF). La liaison génétique entre RDT2 et IQV est légèrement plus élevée, en valeur absolue, que la liaison génétique existant entre RDT1 et IQV, de sorte qu'elle devient un peu plus défavorable en LW et un peu plus favorable en LF.

Les erreurs standards des corrélations génétiques entre les différents caractères sont comprises entre 0,01 et 0,12.

Tableau 5 - Corrélations génétiques (\pm erreur standard) entre le rendement de carcasse

Race Caractère	Large White		Landrace Français	
	Rendement de carcasse « ancienne présentation »	Rendement de carcasse « nouvelle présentation »	Rendement de carcasse « ancienne présentation »	Rendement de carcasse « nouvelle présentation »
Gain moyen quotidien	-0,36 \pm 0,05	-0,31 \pm 0,05	-0,44 \pm 0,07	-0,36 \pm 0,06
Indice de consommation	0,20 \pm 0,05	0,02 \pm 0,06	0,15 \pm 0,12	0,05 \pm 0,12
Taux de muscle estimé	-0,15 \pm 0,02	-0,15 \pm 0,02	-0,02 \pm 0,08	-0,02 \pm 0,08
«Teneur en viande maigre	-0,15 \pm 0,03	-0,03 \pm 0,03	-0,07 \pm 0,08	0,15 \pm 0,08
Rendement de carcasse « ancienne présentation »	-	0,98 \pm 0,01	-	0,97 \pm 0,01
Indice de qualité de la viande	-0,07 \pm 0,04	-0,10 \pm 0,05	0,12 \pm 0,11	0,14 \pm 0,11



Discussion

Les valeurs d'héritabilité de RDT1 et de PM sont très proches des valeurs obtenues précédemment pour ces mêmes caractères par Ducos (1994), par Bidanel et Ducos (1995), et par Labroue et al. (1996). Les valeurs des erreurs standards des héritabilités de ces deux caractères sont conformes à celle obtenues par Labroue et al. (1996).

Les corrélations génétiques entre PM et GMQ sont plus faibles que celles obtenues par Labroue et al. (1996) (0,15 contre 0,22 chez le LW et 0,09 contre 0,33 chez le LF) mais elles restent plus élevées que les valeurs obtenues par Ducos et al. (1993) (-0,09 chez le LW et -0,06 chez le LF) ou que les corrélations génétiques moyennes de la littérature entre ces deux caractères (-0,05) (Ducos, 1994).

La corrélation génétique entre PM et RDT1 est plus défavorable que celle obtenue par Ducos et al. (1993) et Labroue et al. (1996) chez le LW (-0,15 contre respectivement 0,05 et -0,06) mais elle est plus proche de l'indépendance chez le LF (-0,02 contre res-

pectivement -0,07 et -0,12). Les corrélations génétiques entre RDT1 et GMQ sont sensiblement plus élevées que les valeurs obtenues précédemment (-0,31 contre -0,25 chez le LW et -0,36 contre -0,28 chez le LF) ou que les valeurs moyennes de la littérature (-0,05). Les relations génétiques entre IQV et RDT1, d'une part, IQV et PM d'autre part, sont globalement assez proches des valeurs des dernières estimations chez le LF. Chez le LW, la corrélation génétique entre IQV et RDT1 est plus défavorable que celle obtenue par Labroue et al. (1996) (-0,07 contre 0,23), mais l'opposition génétique entre IQV et TVM est moins marquée que celle trouvée par Labroue et al. (1996) entre IQV et PM (-0,21 contre -0,36).

Les erreurs standards des corrélations génétiques entre les caractères de production sont conformes à celles obtenues par Labroue et al. (1996).

Le remplacement des caractères PM et RDT1 par TVM et RDT2, respectivement, amène assez peu de changement puisque les paramètres génétiques de ces deux nouveaux caractères sont assez proches de ceux des carac-

tères analogues anciennement mesurés.

On notera toutefois, dans les deux races, une liaison génétique plus favorable entre les nouveaux critères de composition corporelle et de rendement de carcasse tandis que la liaison génétique entre l'indice de consommation et le rendement de carcasse « nouvelle présentation » devient plus proche de l'indépendance.

Conclusion

Le changement de l'objectif de sélection consécutif à l'adoption du nouveau système de classement des carcasses rendait nécessaire l'estimation des paramètres génétiques des nouveaux caractères. Ces estimations font apparaître des liaisons génétiques légèrement différentes de celle obtenues avec les caractères de l'ancien objectif de sélection. Après avoir été présentés et approuvés en CNAG par les partenaires de la sélection des races collectives (LGPC), ces paramètres sont utilisés pour la mise en œuvre des calculs de l'évaluation génétique BLUP-modèle animal depuis décembre 1997.

Références bibliographiques

- ANONYME, 1990. Techni-Porc, 13(5), 44-45
- BIDANEL J.P., DUCROCQ V., OLLIVIER L., 1990. Journées Rech. Porcine en France, 22, 1-10
- BIDANEL J.P., DUCOS A., 1995. Journées Rech. Porcine en France, 27, 149-154
- DUCOS A., BIDANEL J.P., BOICHARD D., DUCROCQ V., 1993. Journées Rech. Porcine en France, 25, 43-50
- DUCOS A., 1994. Paramètres génétiques des caractères de production chez le porc : mise au point bibliographique. Techni-Porc, 17(3), 35-67
- GROENEVELD E., 1994. Proc. EEC Symp. On application of mixed linear models in the prediction of genetic merit in pigs
- GUEBLEZ R., LE MAITRE C., JACQUET B., ZERT P., 1990. Journées Rech. Porcine en France, 22, 89-96
- I.T.P., 1993. Le nouvel IQV. Document interne, 2 p.
- LABROUE F., SELLIER P., GUEBLEZ R., MEUNIER-SALAÜN M-C., 1996. Journées Rech. Porcine en France, 28, 23-30
- METAYER A., DAUMAS G., 1998. Journées Rech. Porcine en France, 30, 7-11.