

Déterminisme génétique du risque d'odeur de verrat dans la population Landrace français

Catherine Larzul, Marie-José Mercat, Claire Hassenfratz, Céline Carillier-Jacquin, Raphaël Comte, Benoit Blanchet, Isabelle Louveau, Sylviane Boulot, Armelle Prunier

▶ **To cite this version:**

Catherine Larzul, Marie-José Mercat, Claire Hassenfratz, Céline Carillier-Jacquin, Raphaël Comte, et al.. Déterminisme génétique du risque d'odeur de verrat dans la population Landrace français. 54. Journées de la recherche porcine (JRP), IFIP; INRAE, Feb 2022, En ligne, France. pp.13-18. hal-03552034

HAL Id: hal-03552034
https://hal.science/hal-03552034

Submitted on 2 Feb 2022

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.

2022. Journées Recherche Porcine, 54, 13-18.

Déterminisme génétique du risque d'odeur de verrat dans la population Landrace français

Catherine LARZUL (1), Marie-José MERCAT (2), Claire HASSENFRATZ (2), Céline CARILLIER-JACQUIN (1), Raphaël COMTE (3), Benoit BLANCHET (4), Isabelle LOUVEAU (3), Sylviane BOULOT (2), Armelle PRUNIER (3)

(1) Université de Toulouse, INRAE, ENVT, GenPhySE, 24 chemin de Borde-Rouge, 31326 Castanet-Tolosan, France

(2) IFIP-Institut du porc, Alliance R&D, La Motte au Vicomte, BP 35104, 35651 Le Rheu, France

(3) PEGASE, INRAE, Institut Agro, 16 Le Clos, 35590 Saint-Gilles, France

(4) INRAE UE3P, 16 Le Clos, 35590 Saint-Gilles, France

catherine.larzul@inrae.fr

Déterminisme génétique du risque d'odeur de verrat dans la population Landrace français

L'amélioration génétique des lignées porcines peut favoriser l'arrêt de la castration des porcelets tout en minimisant les défauts de qualité de viande développés par les mâles entiers. Tous les types génétiques ne présentent pas le même niveau de risque vis-à-vis de l'odeur de verrat. Aussi, il est important de considérer une sélection lignée par lignée en estimant les paramètres génétiques des composés odorants en lien avec le développement sexuel et les caractères de production. L'étude s'est intéressée au Landrace français, une des principales lignées maternelles françaises. Environ 1000 mâles non castrés ont été élevés, ont eu une prise de sang puis ont été abattus afin de mesurer les performances de croissance et de composition corporelle, de qualité de viande, les niveaux sanguins d'hormones sexuelles et les concentrations des composés odorants du gras. Les paramètres génétiques ont été estimés sur les variables normalisées puis centrées réduites. Les héritabilités sont conformes aux attendus, très élevées pour l'androsténone (h^2=0,69) et l'œstradiol (h^2=0,79). Les corrélations génétiques des composés odorants sont modérées à élevées avec la testostérone et l'œstradiol mais proches de 0 avec la progestérone et le cortisol. Les corrélations génétiques avec la vitesse de croissance, le pH ultime ou la couleur sont plutôt faibles, alors qu'elles sont modérées et favorables avec l'adiposité de la carcasse. Il est donc possible d'intégrer la diminution de la teneur en molécules odorantes du gras dans les objectifs de sélection, soit directement, soit via les hormones sexuelles, tout en maitrisant l'incidence sur les performances de production.

Genetic determinism of boar taint in the French Landrace pig breed

Following the cessation of piglet castration, genetic improvement of pig lines can help minimize the occurrence of the defect in meat quality called boar taint, which is developed by non-castrated males. Since pig breeds differ in their risk of developing boar taint, it is important to consider line-by-line selection by estimating genetic parameters of odorant compounds in relation to sexual development and production traits. The present study focused on French Landrace, one of the main French maternal lines. Approximately 1000 non-castrated males were raised and then slaughtered to measure growth performance, body composition and meat quality, including concentrations of the fat-odorant compounds androstenone and skatole. A blood sample was taken just before slaughtering to measure plasma levels of four steroid hormones. Genetic parameters were estimated from the standardized and then centered reduced variables. As expected, heritability values were high for androstenone (h^2=0.69) and estradiol (h^2=0.79). Genetic correlations of boar taint compounds were moderate to high with testosterone and estradiol but close to 0 with progesterone and cortisol. Genetic correlations of the compounds were relatively low with growth rate, ultimate pH or color, but moderate and favorable with carcass leanness. It is therefore possible to include reduction in fat-odorant molecules in selection objectives, either directly or via sex hormones, while controlling their impacts on production performance.

INTRODUCTION

Au niveau européen, l'abandon de la castration chirurgicale sans anesthésie progresse. Des réglementations qui vont dans ce sens ont été récemment adoptées dans plusieurs pays européens. En France, cette pratique est prohibée depuis le 1er janvier 2022. L'une des motivations premières de la castration des porcs mâles est l'amélioration de la qualité de la viande, principalement pour prévenir l'apparition d'un défaut d'odeur de la viande connu sous le nom d'odeur de verrat. Les deux principaux composants responsables de ce défaut sont le scatol (résidu produit par certaines bactéries du tube digestif) et l'androsténone (stéroïde produit par les testicules) qui s'accumulent dans les tissus gras chez les mâles entiers. Réduire le niveau de ces deux composés permet en grande partie de résoudre l'occurrence du défaut.

Afin de favoriser l'élevage de porcs mâles non castrés, des lignées sont proposées sous le label « faible odeur de verrat » (Larzul, 2021). L'essentiel de l'effort a porté sur les lignées paternelles. Cependant, l'influence des lignées maternelles sur la qualité du porc charcutier ne doit pas être négligée. Il a en effet été montré que les lignées maternelles sont plus à risque vis-à-vis de l'odeur de verrat et que les niveaux d'androsténone ou de scatol mesurés dans ces lignées sont plus élevés que dans les lignées paternelles (Larzul, 2021). Préciser le déterminisme génétique des composés odorants dans les lignées maternelles françaises est donc un préalable indispensable pour mettre en place des stratégies de sélection visant à limiter l'odeur de verrat sans pénaliser les caractères de production déjà sélectionnés.

La présente étude s'est intéressée à l'une des lignées maternelles les plus présentes dans le croisement des mères du porc charcutier, le Landrace français. Afin de promouvoir des objectifs de sélection prenant en compte le risque d'odeur de verrat, les paramètres génétiques des composés odorants, en lien avec les caractères de croissance, d'efficacité alimentaire, de composition corporelle et de qualité de la viande ont été estimés. Des hormones stéroïdiennes ont également été étudiées afin de préciser les relations génétiques entre les composés odorants et les métabolismes testiculaire et surrénalien, et éventuellement proposer des critères de sélection alternatifs aux composés odorants pour réduire le risque d'odeur de verrat.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Animaux

A trois semaines d'âge, des porcelets mâles de race Landrace français ont été transférés de leur élevage de naissance vers la station de phénotypage du Rheu (UE3P, https://doi.org/10.15454/1.5573932732039927E12) en cases de post-sevrage, à raison de 14 porcelets provenant d'un même élevage par case. Le transfert en bâtiment d'engraissement, dans des cases de 14 porcs équipées d'un distributeur automatique d'aliment concentré avec plateau de pesée animale, a été effectué en case entière vers 26 kg pour débuter le contrôle à 35 kg de poids vif. Les animaux ont été abattus à l'abattoir de la Cooperl Arc Atlantique (Montfort, 35). Leur poids vif moyen à jeun était de 117±6 kg, pour un âge médian de 168 jours.

Pendant la période de contrôle, les porcs ont été nourris *ad libitum* avec un aliment dont la teneur en énergie nette (EN) était de 9,6 MJ/kg, la teneur en lysine digestible de 0,94 g/MJ EN, et celle de tryptophane digestible de 1,7 g/kg.

Au total, 1004 animaux, issus de 249 pères, ont été élevés sur 33 bandes entre juin 2018 et avril 2021.

1.2. Mesures réalisées

Le gain moyen quotidien (GMQ) a été calculé à partir du poids en début de contrôle, du poids en fin de contrôle et de la durée du contrôle. L'indice de consommation (IC) et la consommation moyenne journalière (CMJ) ont été calculés à partir des consommations enregistrées par les automates de distribution de l'aliment.

La veille du départ pour l'abattoir, à la mise à jeun, du sang a été collecté dans des tubes héparinés au niveau de la veine jugulaire. Les échantillons de sang ont été ensuite centrifugés et le plasma a été conservé à -20°C jusqu'à la mesure des concentrations de testostérone, œstradiol, progestérone et cortisol. Les concentrations ont été mesurées à l'aide de kits ELISA (ST AIA-Pack Testosterone, ST AIA-Pack hsE2, ST AIA-Pack CORT, ST AIA-PackPROGIII, Tosoh Corporation, Tokyo, Japon) mis au point pour un analyseur automatique (AIATosoh Corporation, Tokyo, Japon).

Le rendement de carcasse (RDT) est le rapport entre le poids de la carcasse avec tête 24h après abattage et le poids avant départ à l'abattoir après mise à jeun. Le taux de muscle des pièces (TMP) est calculé (Blum *et al.*, 2014) à partir des mesures effectuées automatiquement à l'abattoir (CSB Image-Meater®). Le pH (pHmètre Sydel, électrode Xerolyt) a été mesuré dans le muscle demi-membraneux 24h post mortem (pH24). Les paramètres de couleur (L*a*b*) ont été mesurés (chromamètre Minolta CR300) sur une coupe fraîche du muscle fessier superficiel.

Le lendemain de l'abattage, un échantillon de bardière a été prélevé au niveau du cou et congelé pour le dosage ultérieur de l'androsténone et du scatol. Les teneurs ont été mesurées par chromatographie en phase liquide à partir du gras liquide (Batorek *et al.*, 2012).

1.3. Analyses statistiques

La mesure des teneurs en androsténone et en scatol ne permet pas de discriminer les teneurs inférieures à 0,2 µg/g et 0,03 µg/g, respectivement. Toutes les valeurs inférieures au seuil ont donc été ramenées à la valeur seuil (respectivement 0,2 µg/g et 0,03 µg/g pour l'androsténone et le scatol).

Pour normaliser les distributions, les mesures issues des dosages ont été transformées avant analyse avec la fonction log, exceptée la mesure de testostérone qui a subi une transformation racine carrée. Toutes les variables ont ensuite été centrées réduites.

Les effets retenus dans les modèles d'analyse étaient le poids en fin de contrôle et la date d'abattage, équivalant au lot de mesure, pour les dosages, et les caractères de qualité de viande. Pour les caractères de croissance et de consommation alimentaire, le poids en début de contrôle a été mis en covariable ainsi que l'effet fixe de la bande de contrôle et l'effet aléatoire de la case d'engraissement. Pour les mesures de composition corporelle, le modèle tenait compte du poids avant

départ abattoir et de la bande de contrôle. L'effet animal a été ajouté comme effet aléatoire dans tous les modèles afin d'estimer la variance génétique additive. Pour construire la matrice de parenté, les généalogies ont été prises en compte sur 6 générations à partir des animaux mesurés.

Les analyses ont été réalisées avec le logiciel VCE6 (Neumaier et Groeneveld, 1998). Les estimations des composantes de variance ont été réalisées conjointement pour les six dosages. Les corrélations génétiques entre les mesures issues des dosages et les autres caractères ont été estimées par des analyses bi-caractères en incluant un des caractères issus de dosages et un des autres caractères.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Héritabilités

Les héritabilités des dosages sanguins et des composés odorants sont présentées dans le tableau 1.

Tableau 1 - Héritabilités (sur la diagonale) et corrélations génétiques pour les paramètres sanguins et les composés odorants

	Testo	Oest	Prog	Cort	Andro	Scat
Testo	0,25	0,70	0,11	-0,01	0,51	0,59
Oest		0,79	0,23	0,03	0,76	0,46
Prog			0,33	0,44	0,34	0,22
Cort				0,54	0,20	0,05
Andro					0,69	0,48
Scat						0,50

Testo : testostérone ; Oest : œstradiol, Prog : progestérone ; Cort : cortisol, Andro : androsténone ; scat : scatol.
Les erreurs standard sont de l'ordre de 0,06 pour les héritabilités et de 0,12 pour les corrélations génétiques.

Les héritabilités estimées pour ces caractères sont toutes modérées à élevées. Les héritabilités les plus élevées sont observées pour le niveau d'œstradiol plasmatique (h^2=0,79) et le taux d'androsténone dans le gras dorsal (h^2=0,69). Les héritabilités les plus faibles sont observées pour le niveau de testostérone (h^2=0,25) et la progestérone (h^2=0,33). Les héritabilités estimées pour le cortisol et le scatol sont intermédiaires, autour de 0,5.

L'héritabilité estimée pour l'androsténone est dans la fourchette haute des valeurs publiées précédemment (Larzul, 2021), la valeur moyenne étant de 0,5. Cette valeur estimée est du même ordre de grandeur que les valeurs d'héritabilité estimées dans la population Piétrain français et dans une population croisée Piétrain x Large White (Parois *et al.*, 2015 ; Dugué *et al.*, 2020b). Il était attendu que la valeur d'héritabilité de la teneur en scatol soit plus faible, conformément aux résultats publiés dans la littérature (Larzul, 2021). Il est en effet reconnu que le scatol est plus soumis aux effets environnementaux que l'androsténone.

L'héritabilité de l'œstradiol est plus élevée que celles estimées dans des populations de Landrace (h^2=0,65) et Duroc (h^2=0,57) norvégiens (Grindflek *et al.*, 2011) et largement plus élevée que les valeurs estimées chez le Landrace (h^2=0,09) et Large White (h^2=0,42) allemands (Brinke *et al.,* 2021) ou chez des Piétrain et des croisés Piétrain x Large White (Parois *et al.*, 2015 ; Dugué *et al.*, 2020b). Pour cette hormone, le résultat peut sans doute s'expliquer par une standardisation plus stricte de l'échantillonnage, par un âge et un poids plus élevés des animaux dans la présente étude. L'héritabilité de la testostérone est du même ordre de grandeur (h^2=0,25) que celles publiées par Grindflek *et al.* (2011) et Dugué *et al.* (2020b) (entre 0,07 et 0,32). L'héritabilité plus faible de la testostérone par rapport à l'œstradiol, une nouvelle fois confirmée par cette étude, s'explique par une production de testostérone de type pulsatile et plus sensible aux variations de l'environnement et aux sources de stress.

Il existe peu de références pour l'héritabilité du cortisol plasmatique chez le porc. Chez le Landrace en fin d'engraissement, Kadowaki *et al.* (2012) ont estimé une valeur d'héritabilité du cortisol plasmatique à 0,2 et Brinke *et al.* (2021) une héritabilité de 0,11, soit des valeurs largement inférieures à la présente estimation (h^2=0,54). La valeur estimée dans cette étude est intermédiaire entre l'héritabilité estimée chez des porcelets Large White avant (h^2=0,36) et après (h^2=0,68) injection d'ACTH (Larzul *et al.*, 2015). Plusieurs hypothèses peuvent être avancées pour interpréter cette héritabilité. Les différences peuvent s'expliquer par la race ou encore par l'âge au prélèvement. Sachant que l'héritabilité semble plus élevée en situation de stress, il est possible que le niveau mesuré ne soit pas le niveau basal, car au moment de la prise de sang, les animaux étaient déjà isolés afin de préparer leur départ à l'abattoir. Il est également possible que l'héritabilité du cortisol soit élevée en raison de la ségrégation d'une mutation du gène NR3C1 (récepteur aux glucocorticoïdes) ayant une influence directe sur le niveau de cortisol (Murani *et al.*, 2012). La présence de cette mutation a été confirmée dans la population Large White (Larzul *et al.*, 2018a) mais aussi dans la population Landrace français (résultats non publiés).

A notre connaissance, aucune valeur de l'héritabilité de la progestérone plasmatique chez le porc mâle n'a été publiée. Cette hormone est produite par le testicule mais est aussi très probablement d'origine surrénalienne comme le cortisol chez les porcs mâles. Brinke *et al.* (2021) ont dosé ce composé chez des mâles Large White et Landrace, mais la proportion de valeurs au seuil de détection était trop importante pour pouvoir étudier le déterminisme génétique de ce caractère.

2.2. Corrélations génétiques

2.2.1. *Hormones et composés odorants*

Les corrélations génétiques entre les hormones et les composés odorants sont reportées dans le tableau 1. Comme attendu, les corrélations génétiques entre la testostérone, l'œstradiol et l'androsténone sont élevées, comprises entre 0,51 et 0,76. Les valeurs sont en accord avec les valeurs publiées (Grindflek *et al.*, 2011 ; Parois *et al.*, 2015 ; Dugué *et al.*, 2020b ; Brinke *et al.*, 2021).

Si on compare les résultats de la présente étude avec des corrélations précédemment estimées dans des populations Landrace (Grindflek *et al.*, 2011), ces auteurs ont estimé des valeurs de corrélations entre ces mêmes caractères largement plus élevées (comprises entre 0,8 et 0,95). En revanche, Brinke *et al.* (2021) ont publié des corrélations du même ordre de grandeur, comprises entre 0,49 et 0,89. Dans cette dernière étude, la corrélation génétique entre œstradiol et androsténone est la corrélation la plus faible estimée (r_g=0,49) alors que, dans la présente étude, la corrélation la plus faible a été estimée entre la testostérone et l'androsténone. Dans tous les cas, ces fortes corrélations illustrent l'existence de voies de synthèse et de dégradation communes à ces différents stéroïdes (Robic *et al.*, 2014).

Les corrélations génétiques entre, d'une part, les stéroïdes

produits par les testicules (androsténone, œstradiol et testostérone) et, d'autre part, les stéroïdes produits majoritairement par les glandes surrénales (progestérone et cortisol) sont faibles (de nulles à 0,34), la plus élevée étant entre la teneur en androsténone et la progestérone (Juniewicz et Johnson, 1984). Pour l'instant, aucun mécanisme ne permet d'expliquer la corrélation génétique entre androsténone et progestérone. Il a été montré qu'une augmentation du cortisol ou de la progestérone n'affectait pas la production de testostérone. Une possible liaison génétique positive entre androsténone et cortisol avait été suggérée par Larzul *et al.* (2019), des mâles sélectionnés sur un niveau élevé de cortisol présentant des niveaux élevés d'androsténone. Cette hypothèse n'est confirmée ni par les résultats de Brinke *et al.* (2021), qui ont estimé des corrélations génétiques nulles voire légèrement négatives entre hormones stéroïdiennes testiculaires et cortisol, ni par la corrélation génétique faible (r_g=0,20) estimée dans la présente étude. A partir de l'ensemble de ces résultats, on peut supposer que les activités stéroïdiennes des glandes surrénales et des testicules sont génétiquement relativement indépendantes.

La teneur en scatol est modérément positivement corrélée à la teneur en androsténone, à celle de la testostérone et celle de l'œstradiol. Cette corrélation est conforme aux corrélations précédemment publiées dans la littérature (Larzul, 2021) et attendue, compte tenu des mécanismes physiologiques pouvant expliquer l'accumulation de scatol plus élevée chez les mâles non castrés. En effet, il a été montré que l'androsténone pouvait inhiber le métabolisme du scatol dans le foie (Doran *et al.*, 2002). Il est difficile d'expliquer pourquoi la corrélation entre scatol et testostérone est la plus élevée. Les corrélations génétiques entre scatol et progestérone ou cortisol sont plutôt faibles (r_g<0,25). Brinke *et al.* (2021) ont estimé une corrélation génétique négative entre scatol et cortisol en Landrace (r_g=-0,21) et positive en Large White (r_g=0,38). Les écarts-types d'erreur étant de l'ordre de 0,3 dans cette étude, il est difficile de savoir si ces corrélations sont significativement différentes de 0 et ne sont donc pas forcément en contradiction avec le résultat trouvé dans la présente étude. Une corrélation plutôt positive était toutefois attendue, sachant que le stress, bien connu pour stimuler la production du cortisol, augmenterait aussi la teneur en scatol. Au niveau génétique, cette relation n'est donc pas vérifiée.

2.2.2. *Croissance et composition corporelle*

Les corrélations génétiques estimées entre les mesures sanguines, les composés odorants et les caractères de croissance et de composition corporelle sont reportées dans le tableau 2.

Tableau 2 - Corrélations génétiques entre les paramètres sanguins et les composés odorants et les caractères de croissance, d'efficacité alimentaire et de composition corporelle.

	GMQ	IC	CMJ	TMP	RDT
Androsténone	-0,05	0,22	0,12	-0,36	-0,36
Œstradiol	0,10	0,44	0,40	-0,44	-0,39
Testostérone	-0,06	0,53	0,43	-0,51	-0,58
Progestérone	0,41	0,31	0,50	-0,09	-0,15
Cortisol	0,13	0,06	0,15	-0,09	0,05
Scatol	-0,09	0,29	0,16	-0,30	-0,45

GMQ : Gain Moyen Quotidien ; IC : Indice de Consommation ; CMJ : Consommation Moyenne Journalière ; TMP : Taux de muscle des Pièces ; RDT : Rendement Carcasse. Les erreurs standard sont de l'ordre de 0,2.

La première constatation est que la vitesse de croissance n'est génétiquement liée à aucune des mesures, si ce n'est la progestérone (r_g=0,41). Le deuxième constat est l'absence de corrélation génétique élevée avec le cortisol, alors que celui-ci est décrit comme ayant un effet sur l'adiposité de la carcasse (Mormède *et al.*, 2011). En dehors du cortisol et du GMQ, les corrélations sont moyennes à modérément élevées et sont de même signe, quelle que soit la mesure considérée. L'indice de consommation et la consommation moyenne journalière sont positivement corrélés non seulement aux hormones testiculaires mais aussi à la progestérone, laissant supposer une relation génétique globale avec le métabolisme des stéroïdes. En revanche, le taux de muscle est négativement moyennement corrélé aux hormones testiculaires, et plus particulièrement à la testostérone. Ce résultat est contraire à l'attendu, sachant que la testostérone est connue pour son effet anabolisant sur le muscle. Il faut cependant considérer que les animaux étaient en cours de développement pubertaire et les teneurs faibles en testostérone et œstradiol témoignent de degrés de maturité sexuelle moins avancés comparés aux individus ayant des niveaux de testostérone et d'œstradiol plus élevés. Cela correspondrait à des individus qui commenceraient juste à déposer du gras.

Les corrélations génétiques entre le rendement de carcasse et les mesures sanguines suivent le même schéma que pour le taux de muscle. Il serait intéressant de vérifier si la testostérone, potentiellement liée à un développement plus important des organes génitaux, peut expliquer cette relation avec le rendement.

Les corrélations génétiques négatives entre le taux de muscle et l'androsténone, d'une part, et le scatol, d'autre part, sont cohérentes avec le fait que les lignées les plus maigres sont les moins à risque de développer les odeurs de verrat (Larzul, 2021), sachant que les composés odorants sont lipophiles et s'accumulent essentiellement dans les tissus adipeux. La corrélation génétique négative et modérée entre le rendement et le scatol pourrait avoir un lien avec le développement des viscères. En effet, le scatol est un composé produit par les bactéries du colon, et une augmentation de la proportion de viscères, conduisant à un moins bon rendement pourrait signifier une plus grande abondance de bactéries, donc un potentiel accru de production de scatol.

D'une manière générale, les relations génétiques entre, d'une part, le scatol et l'androsténone et, d'autre part, les caractères de croissance, d'efficacité alimentaire ou de composition corporelle sont considérées comme faibles ou modérément favorables (Larzul, 2021). En effet, sachant qu'une diminution des composés odorants est souhaitée, elle est compatible avec une augmentation de la teneur en muscle de la carcasse, une amélioration du rendement, une amélioration de l'efficacité alimentaire sans avoir d'incidence sur la vitesse de croissance. La même conclusion s'impose avec une diminution des stéroïdes testiculaires.

2.2.3. *Qualité de la viande*

Les corrélations génétiques estimées entre les mesures sanguines, les composés odorants et les caractères de qualité de viande du jambon sont reportées dans le tableau 3.

Le pH mesuré 24h post mortem est peu lié génétiquement aux hormones stéroïdiennes et aux composés odorants. Dugué *et al.* (2020b) ont également montré, dans une population de porcs Piétrain et chez des porcs croisés Piétrain x Large White, que le pH ultime de la viande est faiblement corrélé

génétiquement aux composés testiculaires, à savoir l'œstradiol, la testostérone ou l'androsténone.

Tableau 3 - Corrélations génétiques entre les paramètres sanguins et les composés odorants et les caractères de qualité technologique du jambon

	L* FS	a* FS	b* FS	pH24 DM
Androsténone	-0,13	0,36	-0,06	-0,10
Œstradiol	-0,36	0,37	-0,22	-0,09
Testostérone	-0,38	0,37	-0,28	-0,06
Progestérone	-0,18	0,09	-0,33	0,08
Cortisol	0,17	-0,00	0,11	-0,12
Scatol	-0,09	0,21	0,11	-0,04

FS : Fessier Superficiel ; DM : Demi-membraneux.
Les erreurs standard sont de l'ordre de 0,2.

Quant aux paramètres de couleur, ils sont principalement, de manière modérée, génétiquement corrélés à l'œstradiol et à la testostérone ainsi qu'à l'androsténone pour l'indice de rouge (r_g=0,36) et à la progestérone pour l'indice de vert (r_g=-0,33). Le cortisol n'est génétiquement lié à aucun caractère de qualité de viande.

Il n'existe quasiment pas d'études portant sur les relations génétiques entre qualité technologique de la viande et hormones stéroïdiennes ou composés odorants (Larzul, 2021). Dugué *et al.* (2020b) ont estimé des corrélations génétiques modérément négatives entre la teneur en androsténone du gras et le pH ultime dans des populations de Piétrain et croisés Piétrain x Large White (-0,20 à -0,40). Les liens entre stéroïdes et qualité de la viande pourraient résulter du stade de développement pubertaire des animaux. Ainsi, des stades moins matures pourraient être associés à des viandes plus claires et moins rouges alors que des individus plus avancés dans leur développement pubertaire auraient des viandes plus sombres avec un indice de rouge plus élevé.

2.3. Sélection

A partir des corrélations génétiques, il est possible d'envisager les conséquences d'une sélection contre l'odeur de verrat sur les caractères d'intérêt chez le porc en croissance.

Deux stratégies peuvent être envisagées pour limiter le risque de défaut de qualité de viande chez les mâles non castrés. Une possibilité est de sélectionner directement contre la teneur en androsténone, en la combinant ou non avec la teneur en scatol. Cette option peut impliquer de collecter un échantillon de gras par biopsie sur les candidats, mais plus probablement de prélever des échantillons de gras sur des animaux, apparentés aux candidats à la sélection, qui sont abattus. La mise en place d'une telle sélection, s'appuyant sur un contrôle des collatéraux, est lourde et onéreuse, le dosage de l'androsténone étant fait manuellement avec des débits faibles et des coûts élevés. Cependant, avec, dans le futur, la possibilité de réaliser de tels dosages directement sur les lignes d'abattage pour des coûts modérés et des rendus de résultats en temps réel, une telle stratégie peut s'envisager à moyen terme. L'alternative est de considérer une des hormones stéroïdiennes pour sélectionner de manière indirecte contre l'androsténone mais également contre le scatol. Compte tenu des héritabilités et des corrélations, le choix le plus pertinent est l'œstradiol.

La comparaison des corrélations génétiques entre les caractères d'intérêt et l'œstradiol ou l'androsténone montre que les deux stratégies conduiraient à des résultats proches en termes de tendance pour la plupart des caractères. La vitesse de croissance ne serait pas affectée par la sélection. L'indice de consommation, le taux de muscle des pièces et le rendement de la carcasse seraient améliorés et le pH ne serait pas affecté. La couleur serait indirectement modifiée de manière un peu différente selon le caractère sélectionné. L'incidence sur la clarté et l'indice de jaune serait plus limitée avec une sélection sur l'androsténone comparée à une sélection sur l'œstradiol. Les paramètres de qualité de viande ayant généralement une valeur optimale, l'effet favorable ou défavorable de la sélection ne peut être évalué qu'au cas par cas en tenant compte du niveau initial de la population.

L'une ou l'autre des sélections induira une diminution globale de la production testiculaire de stéroïdes, sans qu'il soit possible de déterminer précisément si cette diminution correspond à un décalage du développement pubertaire ou à une diminution à plus long terme chez l'animal adulte. Les résultats publiés jusqu'à présent (Brinke *et al.*, 2020 ; Dugué *et al.*, 2020a) montrent qu'il s'agit plus probablement d'un retard dans la mise en place de la puberté.

La sélection sur l'un ou l'autre composé n'aura en revanche pas d'incidence sur la réactivité de la glande surrénale. Ce paramètre est important à considérer dans la mesure où cette activité intervient dans la gestion du stress et donc dans la robustesse des individus.

CONCLUSION

La prise en compte du risque d'odeur de verrat dans la sélection des lignées parentales permettra à terme, de proposer une solution génétique optimale pour l'élevage des mâles non castrés et ainsi de faciliter l'abandon de la castration des porcelets mâles. Jusqu'à présent, l'effort a plutôt porté sur les lignées paternelles, dont les objectifs de sélection sont compatibles avec une réduction des composés odorants responsables de l'odeur de verrat. L'estimation des paramètres génétiques sur ces caractères dans une des principales lignées maternelles françaises montre que globalement une sélection contre l'odeur de verrat aura des réponses indirectes similaires à celles des lignées paternelles. Toutefois, dans ces lignées maternelles, il est impératif d'estimer les relations génétiques entre composés odorants (chez les mâles) et caractères de reproduction (chez les femelles).

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient les entreprises de sélection Axiom et Nucléus, membres de Alliance R&D, pour la production des animaux. Ils sont extrêmement redevables au personnel de l'UE3P pour l'élevage des animaux, ainsi que pour les mesures réalisées sur l'élevage et à l'abattoir. Enfin, les auteurs remercient Christine Tréfeu et Mélinda Oiry pour leurs contributions aux analyses réalisées en laboratoire.

Ce programme a bénéficié du soutien financier de l'Institut Carnot F2E France Futur Elevage (projet NoCast - No castration: resolving the trade-off between welfare, reproduction and meat quality by genomic selection in pigs).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Batorek N., Škrlep M., Prunier A., Louveau I., Noblet J., Bonneau M., Čandek-Potokar M., 2012. Effect of feed restriction on hormones, performance, carcass traits, and meat quality in immunocastrated pigs. J. Anim. Sci., 90, 4593-4603.
- Blum Y., Monziols M., Causeur D., Daumas G., 2014. Recalibrage de la principale méthode de classement des carcasses de porcs en France. Journées Rech Porcine, 46, 39-44.
- Brinke I., Grosse-Brinkhaus C., Roth K., Pröll-Cornelissen M.J., Klein S., Schellander K., Tholen E., 2020. Genomic background and genetic relationships between boar taint and fertility traits in German Landrace and Large White. BMC Genet., 21, 1–13.
- Brinke I., Grosse-Brinkhaus C., Roth K., Pröll-Cornelissen M.J., Klein S., Schellander K., Tholen E., 2021. Endocrine fertility parameters—Genomic background and their genetic relationship to boar taint in German Landrace and Large White. Animals, 11, 231.
- Doran E., Whittington F.W., Wood J.D., McGivan J.D., 2002. Cytochrome P450IIE1 (CYP2E1) is induced by skatole and this induction is blocked by androstenone in isolated pig hepatocytes. Chem. Biol. Interact., 140, 81–92.
- Dugué C., Prunier A., Grivault D., Ferchaud S., Boulot S., Mercat M.J., Larzul C., 2020a. Développement pubertaire des mâles entiers et risque d'odeur de verrat. Journées Rech. Porcine, 52,31-36.
- Dugué C., Prunier A., Mercat M.J., Monziols M., Blanchet B., Larzul C., 2020b. Genetic determinism of boar taint and relationship with growth traits, meat quality and lesions. Animal, 1, 1333–1341.
- Grindflek E., Meuwissen T.H.E., Aasmundstad T., Hamland H., Hansen M. H. S., Nome T., Kent M., Torjesen P., Lien S., 2011. Revealing genetic relationships between compounds affecting boar taint and reproduction in pigs. J. Anim. Sci., 89, 680-692.
- Juniewicz P.E., Johnson B. H., 1984. Ability of cortisol and progesterone to mediate the stimulatory effect of adrenocorticotropic hormone upon testosterone production by the porcine testis. Biol. Reprod., 30, 134-142.
- Kadowaki H., Suzuki E., Kojima-Shibata C., Suzuki K., Okamura T., Onodera W., Shibata T., Kano H., 2012. Selection for resistance to swine mycoplasmal pneumoniaover 5 generations in Landrace pigs. Livest. Sci., 147, 20–26
- Larzul C., Terenina E., Foury A., Billon Y., Louveau I., Merlot E., Mormède P., 2015. Genetic parameters for the response to ACTH in pigs, influence of corticosteroid-binding globulin. Animal, 9, 1929-1934.
- Larzul C., Terenina E., Billon Y., Gress L., Mormède P., 2018a. Genetic determinism of cortisol levels in pig. Proc. of the 11th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Volume Species - Porcine 2, 214, 2018.
- Larzul C., Terenina E., Billon Y., Gress L., Comte R., Prunier A., 2018b. Effect of divergent selection for cortisol level on boar taint. Proc. 69th European Association for Animal Production Annual Meeting, Dubrovnik, Croatia, Session 07, Theatre 5, p146.
- Larzul C., 2021. How to improve meat quality and welfare in entire male pigs by genetics. Animals, 11, pp.699.
- Mormède P., Foury A., Terenina E., Knap P.W., 2011. Breeding for robustness: the role of cortisol. Animal, 5, 651-657.
- Muráni E., Reyer H., Ponsuksili S., Fritschka S., Wimmers K., 2012. A substitution in the ligand binding domain of the porcine glucocorticoid receptor affects activity of the adrenal gland. PLoS ONE, 7, e45518.
- Neumaier A. Groeneveld E., 1998. Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. Genet. Sel. Evol., 30, 3-26.
- Parois S., Prunier A., Mercat M.J., Merlot E., Larzul C., 2015. Genetic relationships between measures of sexual development, boar taint, health and aggressiveness in pigs. J. Anim. Sci., 93, 3749-3758.
- Robic A., Faraut T., Prunier A., 2014. Pathways and genes involved in steroid hormone metabolism in male pigs: a review and update. J. Steroid Biochem. Mol. Biol., 140, 44-55.