



# Effet génétique sur la prédiction de la teneur en muscles des carcasses de porcs de race pure

Gérard DAUMAS (1), Claire HASSENFRAZ (1), Mathieu MONZIOLS (1)

(1) IFIP – Institut du porc, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex, France

[gerard.daumas@ifip.asso.fr](mailto:gerard.daumas@ifip.asso.fr)

Avec la collaboration de Joël BIDANEL, Eric GAULT, Lorena GIRRE, Sandrine SCHWOB (1), Guillaume LENOIR, Bruno LIGONESCHE, Pierre-Yves LANNUZEL (Alliance R&D, Le Rheu, 35), Benoît BLANCHET, Elise GAUTEUR, Kévin LOYAL, Gildas MARTIN, Delphine REY, Loïc UDIN (INRAE UE3P, Le Rheu, 35)

## Genetic effect on the prediction of muscle content of purebred pig carcasses

The objective of the study was to develop accurate and robust equations to predict the lean meat content in the carcass (LMC) of purebred pigs, in order to improve genetic evaluations. A sample of 231 pigs was studied, including 119 females from 3 paternal lines and 112 uncastrated males from 3 maternal lines. The paternal lines (two Pietrain and one Duroc) and maternal lines (two Landrace and one Large White) were reared in a phenotyping station and fed ad libitum. After slaughter, the left half-carcasses were scanned by computed tomography to determine their LMC. Three sets of predictors were tested: two thicknesses of fat and muscle measured on live pigs around 110 kg by ultrasound (US), four thicknesses of fat and muscle measured on carcasses by vision (IM) and the proportions of four cuts - belly, loin, ham and belly - in the carcass (CUT). In the entire sample, the  $R^2$  of US, IM and CUT was, respectively, 0.54, 0.63 and 0.82 without the genetic effect and 0.74, 0.73 and 0.93 with the genetic effect. The CUT predictors were the most efficient to predict LMC according to its new European definition. With CUT the genetic effect was only additive for the paternal lines. For the maternal lines, genetic interactions with the proportions of loin, ham and belly were significant ( $P < 0.05$ ). Pending possible equipment with X-ray tomography, it could be interesting to consider specific equations for predicting LMC based on the proportions of cuts per genetic population.

## INTRODUCTION

La sélection des reproducteurs s'appuie sur des évaluations génétiques, basées sur la pondération de plusieurs critères. Parmi ces critères, figurent notamment des critères de croissance, d'efficacité alimentaire et de composition corporelle. Daumas *et al.* (2022) ont montré comment la tomographie à rayons X pouvait contribuer à la détermination de critères plus en adéquation avec la production de viande maigre.

Cette technologie a été utilisée dans le projet EFFISCAN (2019-2023), visant à tester des critères d'efficacité alimentaire et de croît rapportés au poids de muscle, de la sélection porcine à la production. Cet article se limite à l'étape de sélection, avec l'étude de six lignées de race pure.

Dans le système collectif français d'évaluation génétique, la teneur en viande maigre est calculée par une équation prédisant l'ancienne définition de l'UE à partir de proportions de pièces, qui avait été établie sur des porcs commerciaux (Daumas, 2008). L'objectif de l'étude était de développer des modèles précis sur les carcasses de race pure pour prédire la nouvelle définition européenne de la teneur en viande maigre, afin d'améliorer les évaluations en sélection.

## 1. MATERIEL ET METHODES

L'étude a porté sur 231 porcs, 119 femelles de trois lignées paternelles et 112 mâles non castrés de trois lignées maternelles. Les lignées paternelles comprenaient une lignée Duroc (Du) et deux lignées Piétrain, soit homozygotes pour l'allèle N ( $P_{NN}$ ) soit l'allèle n ( $P_{nn}$ ) du gène RYR1 (halothane). Les lignées maternelles étaient constituées d'une lignée Large White (LW) et de deux lignées Landrace (LR et LR\_M6). Les porcs ont été élevés dans quatre bandes à la station de phénotypage au Rheu (35) de France Génétique Porc et de l'INRAE UE3P (<https://doi.org/10.15454/1.5573932732039927E12>). Ils étaient répartis dans des cases de 14 porcs. L'alimentation était *ad libitum* dans une séquence biphasique. Les épaisseurs de gras et de muscle ont été mesurées par ultra-sons sur le dos des animaux vers 110 kg. Puis, les porcs ont été abattus à un poids vif cible de 120 kg. Leurs carcasses ont été mesurées et classées avec la méthode Image-Meater (Blum *et al.*, 2014). Le lendemain de l'abattage, les demi-carcasses gauches ont été scannées par tomographie à rayons X avec un scanner Emotion Duo (Siemens, Erlangen, Allemagne) en utilisant les paramètres d'acquisition décrits par Blum *et al.* (2014). Les demi-carcasses droites ont été découpées selon une procédure normalisée, afin de calculer les proportions de bardière (%BAR), de longe (%LON), de jambon (%JAM) et de poitrine (%POI).

La teneur en viande maigre, dénommée ici taux de muscle de la carcasse (TMC), a été calculée selon les procédures décrites dans Daumas et Monziols (2018). Le TMC correspondait à la définition donnée dans le règlement actuel de l'UE (2017/1182) pour la classification des carcasses de porc, où la dissection totale a été réalisée en utilisant une procédure tomographique.

Le TMC a été régressé sur trois ensembles de prédicteurs :

- US : une épaisseur moyenne de lard dorsal (G-US) et une épaisseur musculaire (M-US) mesurées sur des porcs vivants par échographie,
- IM : deux épaisseurs de gras (G3 et G4) et deux épaisseurs musculaires (M3 et M4) mesurées sur la fente des demi-carcasses par vision,
- CUT : quatre proportions de pièces de découpe.

L'effet génétique (partiellement confondu avec le sexe) sur les régressions a été testé dans un modèle linéaire général, en incluant la lignée en effet fixe et en interaction avec les prédicteurs. Les variables non significatives ont été supprimées avant de calculer le coefficient de détermination ( $R^2$ ) et l'écart type résiduel (ETR). Les analyses ont été mises en œuvre par les procédures GLM et REG du logiciel SAS (SAS, v9.4, Inst. Inc. Cary).

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

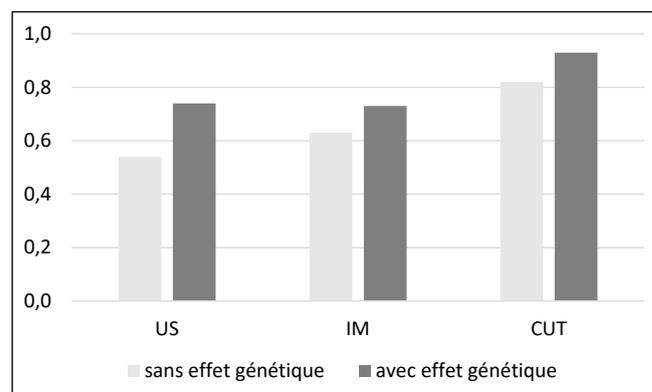
Les données ont été validées pour 231 porcs pour la méthode US, 205 pour la méthode IM et 229 pour la méthode CUT. Quelques statistiques descriptives sont rassemblées dans le tableau 1 pour les variables de chacune des trois méthodes ainsi que pour le TMC.

**Tableau 1** – Statistiques descriptives des variables explicatives et de la variable à expliquer

	Nb de porcs	Moyenne	Ecart type	Mini	Maxi
G-US, mm	231	10,5	2,72	5,3	18,7
M-US, mm	231	65,3	10,3	34,5	89,6
G3, mm	205	14,4	4,35	4,5	26,5
G4, mm	205	23,1	4,35	13,0	35,0
M3, mm	205	75,2	10,17	51,5	100,6
M4, mm	205	56,3	7,72	42,3	76,6
%BAR, %	229	6,7	1,52	3,8	12,3
%LON, %	229	28,5	2,37	22,8	38,0
%JAM, %	229	25,5	1,40	22,6	29,2
%POI, %	228	13,5	1,61	10,0	19,3
TMC, %	231	60,0	3,70	49,5	68,4

Les régressions du TMC sur l'ensemble de l'échantillon ont donné un  $R^2$  de 0,54 pour US, 0,63 pour IM et 0,82 pour CUT, et un ETR de 2,52 pour US, 2,26 pour IM et 1,56 pour CUT. En ajoutant l'effet génétique, le  $R^2$  est passé à 0,74, 0,73 et 0,93, respectivement (Figure 1). Pour le modèle US, l'interaction

entre lignée et épaisseur moyenne de gras était significative, l'épaisseur de muscle n'était pas significative et l'ETR était de 1,92. Pour le modèle IM, l'effet génétique n'était qu'additif et l'ETR était de 1,96. Pour le modèle CUT, les interactions entre lignée et prédictrices étaient toutes significatives sauf avec le pourcentage de gras dorsal, et l'ETR était de 1,07.



**Figure 1** – Coefficient de détermination ( $R^2$ ) des estimations du TMC par chacune des méthodes, sans et avec effet génétique

Pour le modèle CUT, le plus performant, l'effet génétique était seulement additif pour les lignées paternelles. Le  $R^2$  était de 0,94 et l'ETR de 1,04. Pour les lignées maternelles, le  $R^2$  était de 0,85 et l'ETR de 1,27. Cependant, les interactions entre lignée et %LON, %JAM et %POI étaient significatives ( $P < 0,05$ ). Les modèles par population avaient un  $R^2$  de 0,92 pour le LR, 0,82 pour le LW et 0,81 pour le LR\_M6 et un ETR respectif de 1,08, 0,99 et 1,36. Ils incluaient trois variables, dont %BAR et %POI.

## CONCLUSION

Comme prévu, la méthode CUT, qui inclut la proportion de gras dorsal, était plus précise pour prédire la nouvelle définition européenne de la teneur en viande maigre que les méthodes US et IM, qui n'incluent que les épaisseurs de gras. L'effet génétique pour la méthode CUT était important, permettant de réduire l'erreur de plus de 30 %. Par conséquent, dans l'attente d'un éventuel équipement en tomographie RX, il pourrait être intéressant d'envisager des équations spécifiques de prédiction du TMC basées sur les proportions de pièces par population génétique.

## REMERCIEMENTS

Cette communication est issue du programme EFFISCAN, qui a bénéficié d'une subvention du Ministère chargé de l'agriculture (fonds CASDAR). La responsabilité du Ministère chargé de l'agriculture ne saurait être engagée.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Blum Y., Monziols M., Causeur D., Daumas G., 2014. Recalibrage de la principale méthode de classement des porcs en France. Journées Rech. Porcine, 46, 39-43.
- Daumas G., 2008. Taux de muscle des pièces et appréciation de la composition corporelle des carcasses. Journées Rech. Porcine, 40, 61-68.
- Daumas G., Monziols M., 2018. Towards a pan-European computed tomography procedure for determining the new EU lean meat content of pigs. In Proceedings 64th International Congress of Meat Science and Technology, 12-17 August 2018, Melbourne, Australia, article 6550.
- Daumas G., Monziols M., Quiniou N., 2022. Mesurer par scanner la composition tissulaire, le gain de muscle et l'indice de consommation par kg de muscle : principes et exemple d'application. Journées Rech. Porcine, 54, 111-116.