



HAL
open science

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

Gérard Daumas, Claire Hassenfratz, Mathieu Monziols

► To cite this version:

Gérard Daumas, Claire Hassenfratz, Mathieu Monziols. Effet génétique sur la prédiction de la teneur en muscles des carcasses de porcs de race pure. 55es journées de la recherche porcine, Jan 2023, Saint-Malo (France), France. Ifip, Journées de la Recherche Porcine, 55, pp.343-344, 2023, 55es Journées de la Recherche Porcine. hal-04073545v2

HAL Id: hal-04073545

<https://hal.science/hal-04073545v2>

Submitted on 8 Jan 2024

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0
International License



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



Gérard DAUMAS, Claire HASSENFRAZ, Mathieu MONZIOLS
Ifip-Institut du porc, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex, France
gerard.daumas@ifip.asso.fr

La teneur en viande maigre est un des critères utilisés dans l'évaluation génétique des porcs. Dans le système collectif français est utilisée une équation prédisant l'ancienne définition de l'UE à partir de proportions de pièces, qui a été établie sur des porcs commerciaux. Afin d'améliorer les évaluations en sélection, l'objectif de l'étude était de développer des modèles précis sur les carcasses de race pure pour prédire la nouvelle définition européenne, le taux de muscle de la carcasse (TMC).

Matériel & Méthodes

- 231 porcs de race pure élevés en station de phénotypage :
 - 119 femelles de 3 lignées paternelles : Duroc (Du), Piétrain homozygote NN (P_NN), Piétrain homozygote nn (P_nn) ;
 - 112 mâles entiers de 3 lignées maternelles : Large White (LW) et 2 lignées Landrace (LR and LR_M6).
- Alimentation *ad libitum* en séquence biphasé
- 3 épaisseurs de gras & 1 de muscle mesurées sur le dos par ultrasons vers 110 kg. Prédicteurs du TMC : 1 épaisseur moyenne de gras et 1 épaisseur de muscle (**Méthode US**)
- Abattage à un poids vif moyen autour de 120 kg
- Carcasses mesurées sur chaîne par l'appareil Image-Meater. Prédicteurs du TMC : 2 épaisseurs de gras et 2 de muscle (**Méthode IM**)
- Demi-carcasse droite découpée en pièces primaires. Prédicteurs du TMC : 4 proportions (%bardière, %longe, %jambon, %poitrine) (**Méthode CUT**)
- Demi-carcasse gauche scannée par tomographie à rayons X pour calculer le TMC (**Méthode de référence**)



Scan d'une demi-carcasse



Muscles sur une coupe transversale

- Test de l'effet génétique sur la régression du TMC sur les prédicteurs de chaque méthode par un modèle linéaire général

Résultats

- Modèle US :**
 - Interaction génétique avec l'épaisseur moyenne de gras
 - Epaisseur de muscle non significative
 - $R^2 = 0,74$ et ETR = 1,92
- Modèle IM :**
 - Effet génétique additif
 - $R^2 = 0,73$ et ETR = 1,96
- Modèle CUT :**
 - Interactions génétiques toutes significatives, sauf avec le % de bardière
 - $R^2 = 0,93$ et ETR = 1,07

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, il pourrait être intéressant d'envisager des équations spécifiques de prédiction du TMC basées sur les proportions de pièces par population génétique.

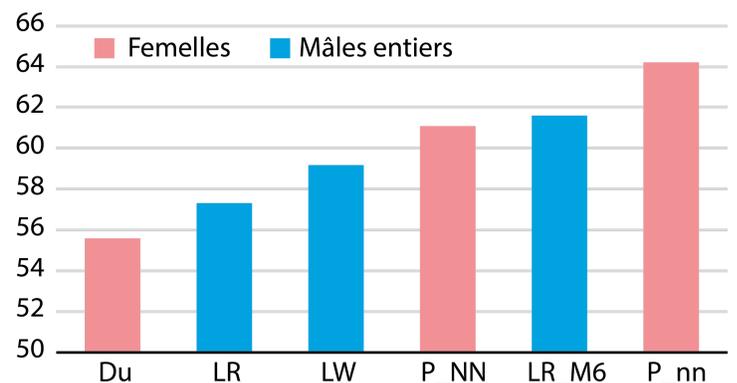


Fig.1 – TMC moyen par population génétique

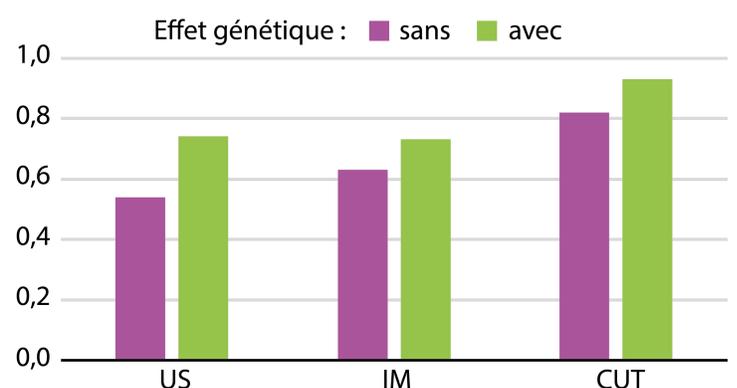


Fig.2 – R² de la régression du TMC par méthode, sans et avec effet génétique

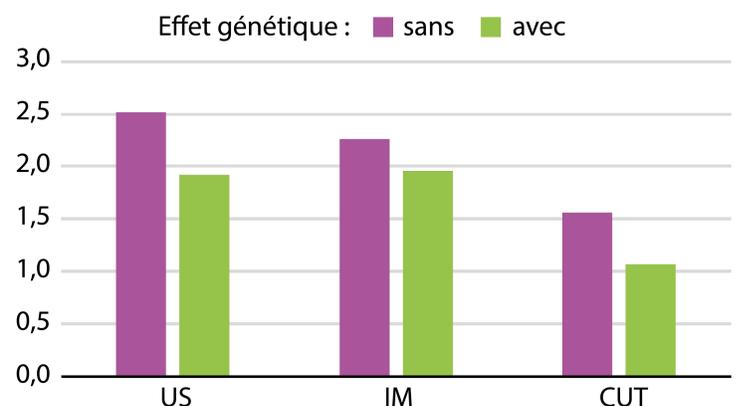


Fig.3 – ETR de la régression du TMC par méthode, sans et avec effet génétique