

ÉTUDE DE L'EFFET DU LOCUS RN SUR LES CARACTÈRES DE CROISSANCE ET DE CARCASSE :

Premiers résultats

Pascale LE ROY (1), J.C. CARITEZ (2), Y. BILLON (2), J.M. ELSEN (3), A. TALMANT (4), P. VERNIN (4), H. LAGANT (1), Catherine LARZUL (1), G. MONIN (4) et P. SELLIER (1)

Institut National de la Recherche Agronomique

(1) Station de Génétique Quantitative et Appliquée - 78352 Jouy en Josas Cedex

(2) Domaine Expérimental du Magneraud - 17700 Surgères

(3) Station d'Amélioration Génétique des Animaux, BP 27 - 31326 Castanet Tolosan Cedex

(4) Station de Recherches sur la Viande - 63122 Saint Genès Champanelle

Suite à la mise en évidence du locus majeur RN influençant le rendement technologique chez le porc, une expérimentation a été mise en place en 1990 au domaine INRA du Magneraud. Les objectifs sont de confirmer l'existence de ce gène majeur, de mesurer ses effets sur les caractères de qualité de la viande ainsi que sur les autres caractères d'intérêt économique, de trouver un gène marqueur de ce locus. Le dispositif expérimental et les premiers résultats concernant les caractères de production sont présentés dans cette étude. Les observations ont été enregistrées sur 128 porcs, environ 40 par génotype RN-/RN-, RN-/rn+ et rn+/rn+. Dans l'ensemble, les hypothèses antérieures concernant le rôle du gène vis-à-vis de la qualité de la viande de porc sont pleinement confirmées : des différences génotypiques très importantes pour le potentiel glycolytique (5 écarts-types entre homozygotes), pas d'effet pour le pH 35 minutes après la mort mais un fort effet à 24 heures et de fortes différences d'IQV (2 écarts-types), un écart significatif pour le rendement technologique du jambon (plus de 1 écart-type). Des effets plus faiblement significatifs du génotype RN sur les caractéristiques de croissance et de composition corporelle ont également été relevés, mais ils demandent à être confirmés par des mesures supplémentaires.

A study of locus RN effects on growth and carcass traits : first results

Following the discovery of the RN major locus controlling technological yield in pigs, an experiment was set up in Le Magneraud INRA experimental farm. The aims are adding proofs about this major gene, measuring its effects on meat quality and other economical traits, finding a marker gene of this locus. The experimental design and first results concerning production traits are given in this study. The observations were collected on 128 pigs, about 40 per genotype RN-/RN-, RN-/rn+ and rn+/rn+. On the whole, preceding hypotheses concerning the role of the gene on pigmeat quality are fully supported : very large genotypic differences in glycolytic potential (5 standard deviations between homozygotes), no effect on pH 35 minutes after slaughter but large effect at 24 hours and large differences in IQV (2 standard deviations), significant difference in ham technological yield (more than 1 standard deviation). Marginally significant effects of the RN genotype on growth and body composition characteristics were also found but should be confirmed by further data.

INTRODUCTION

En 1986, NAVEAU, étudiant le déterminisme génétique du "Rendement Technologique Napole" (RTN) (NAVEAU et al., 1985), suggéra l'existence du locus RN à effet majeur sur la qualité technologique de la viande de porc. Cette hypothèse fut ensuite confirmée par des analyses statistiques portant sur ce même caractère RTN, dont une analyse de ségrégation réalisée à partir des données du contrôle des performances des lignées Laconie et Penshire (LE ROY et al., 1990b). Dans ces populations, ces études ont révélé la ségrégation de 2 allèles au locus RN : un allèle $rn+$, normal, et un allèle RN-affectant de façon défavorable le RTN, RN- étant dominant sur $rn+$. Suite à ces résultats, un protocole d'étude du locus RN fut mis en place en 1990 dans les installations du domaine INRA du Magneraud (Charente Maritime). Ce programme a pour objectifs de vérifier l'existence du gène, de caractériser son effet primaire, d'évaluer ses effets sur les autres caractères d'intérêt économique et de trouver un marqueur génétique du locus impliqué.

Les résultats obtenus à ce jour ont déjà permis de confirmer l'hypothèse d'un déterminisme génétique mixte (gène majeur + polygènes) du RTN (LE ROY et al., 1994a). Dans cet article, nous présentons les premières observations disponibles, d'une part pour vérifier l'hypothèse actuellement retenue (FERNANDEZ et al., 1990; LE ROY et al., 1994b) d'un effet majeur du locus RN sur le potentiel glycolytique du muscle (PG) (MONIN et SELLIER, 1985), d'autre part pour estimer les effets de ce locus sur les caractères de production.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Dispositif expérimental

Le dispositif mis en place a été construit selon 3 principes. Le premier est de comparer des animaux différant par leur génotype RN mais aussi semblables que possible pour le reste de leur génome. Le deuxième est de déterminer le génotype RN des reproducteurs à partir d'un testage sur descendance pour le RTN, c'est-à-dire pour le caractère ayant permis de définir l'existence du gène. Le troisième principe est de produire des portées issues de reproducteurs certifiés homozygotes, soit RN-/RN-, soit $rn+/rn+$, portées qui sont donc de génotype RN homogène et connu a priori.

Les animaux utilisés sont issus de la lignée synthétique Laconie (P77), sélectionnée par la firme Pen Ar Lan, qui est l'une des populations dans lesquelles le locus RN a été mis en

évidence (LE ROY et al., 1990b). Par des méthodes statistiques (ELSEN et LE ROY, 1989), un certain nombre de reproducteurs en service dans l'élevage de sélection Pen Ar Lan de Maxent (Ille et Vilaine) ont été repérés comme ayant une très forte probabilité, d'après les RTN de leurs descendants déjà produits, d'être de génotype RN-/RN- ou $rn+/rn+$. Des truies gestantes (5 truies RN-/RN- et 4 truies $rn+/rn+$, accouplées à 6 mâles $rn+/rn+$) en provenance de Maxent ont été introduites en quarantaine dans l'élevage porcin du domaine du Magneraud où elles ont mis bas. Issus de ces portées, deux lots de porcelets, l'un expérimental (RN-/RN- issu des truies RN-/RN-) et l'autre support du testage sur descendance ($rn+/rn+$ issu des truies $rn+/rn+$), ont intégré l'élevage au stade post-sevrage à l'âge de 4 semaines.

Le protocole en cours comprend 3 phases. En 1990-91, les animaux présumés hétérozygotes (lot expérimental) ont été accouplés entre eux (6 mâles et 19 femelles) pour donner une population dans laquelle les 2 allèles RN- et $rn+$ sont en ségrégation au locus RN. Dans une portée ainsi produite, les 3 génotypes RN sont représentés (en espérance 1/4 de RN-/RN-, 1/2 de RN-/rn+ et 1/4 de $rn+/rn+$) dans un même "fond" polygénique. En 1992-93, 16 mâles et 43 femelles issus de ces portées ont été testés sur descendance, en utilisant la lignée $rn+/rn+$ support de testage, afin de déterminer leurs génotypes RN : accouplé à un conjoint homozygote récessif $rn+/rn+$, un individu RN-/RN- donne une descendance homogène à faible RTN, un individu $rn+/rn+$ donne une descendance homogène à fort RTN et un individu RN-/rn+ donne une descendance hétérogène, avec en espérance la moitié des produits à fort RTN ($rn+/rn+$) et la moitié à faible RTN (RN-/rn+). A l'issue de ce testage, 3 mâles et 11 femelles certifiés ont été retenus dans chacun des 2 génotypes RN-/RN- et $rn+/rn+$ (LE ROY et al., 1994a) afin de réaliser un plan de croisement diallèle pour produire des portées des 3 génotypes RN (1994-95).

1.2. Animaux et caractères analysés

Les données considérées ici concernent environ la moitié des effectifs prévus dans cette 3ème étape (tableau 1) : sur 131 porcelets nés, 128 ont terminé leur contrôle et 107 ont été abattus à 100kg. Il a été procédé à la découpe parisienne normalisée d'une demi-carrosse et, pour une partie des porcs (4 porcs par génotype et par série d'abattage), à un protocole de mesures très complet ("protocole lourd") comprenant notamment la transformation d'un jambon en jambon de Paris. Dans cette étude préliminaire, en dehors de la vérification de l'effet du gène sur le RTN et sur le PG, nous avons limité nos investigations à quelques critères de qualité de la viande et caractères de croissance-carrosse "classiques".

Tableau 1 - Effectifs disponibles pour chacun des 3 génotypes RN

Génotype RN	Nombre d'animaux contrôlés	Nombre de porcs découpés	Nombre de porcs soumis au protocole lourd
RN-/RN-	41	33	18
RN-/rn+	47	42	20
$rn+/rn+$	40	32	19
Total	128	107	57

Les variables analysées sont donc :

- RTN : le rendement technologique Napole (en %) (NAVEAU et al., 1985) ;
- PG : le potentiel glycolytique du muscle (MONIN et SELLIER, 1985), estimé à partir d'un prélèvement pratiqué à 70kg de poids vif environ par biopsie dans le muscle long dorsal (en $\mu\text{mol/g}$ de muscle frais) (TALMANT et al., 1989) ;

pour les critères de qualité de la viande :

- pH1(LD) : le pH du muscle long dorsal mesuré 35min. après la mort, indicateur de la condition PSE de la viande (protocole lourd) ;
- pHu(LD) et pHu(Jambon) : le pH ultime du muscle long dorsal et le pH ultime moyen de 3 muscles du jambon (adducteur, long vaste et fessier superficiel), mesurés le lendemain de la tuerie, indicateurs du caractère acide de la viande ;
- REF et IMB: la moyenne, respectivement des réflectances (échelle 0-100) et des temps d'imbibition (en dizaines de secondes) des muscles long vaste et fessier superficiel mesurés 24 heures après la mort ;
- IQV : l'indice de qualité de la viande calculé à partir de l'équation de JACQUET et al. (1984) : $\text{IQV} = 53,63 + 5,9019x_1 + 0,1734x_2 - 0,092x_3$ où x_1 est le pH ultime de l'adducteur, x_2 le temps d'imbibition (en dizaines de secondes) et x_3 la réflectance (échelle 0-100) du long vaste mesurés 24 heures après la mort ;
- RT : le rendement technologique (en %) de la transformation d'un jambon en jambon de Paris qui est le rapport entre le poids du jambon cuit et le poids du jambon désossé, dégraissé et découenné (protocole lourd) ;

pour les caractères de croissance-carcasse :

- GMQ : le gain moyen quotidien entre 30 et 100 kg (en g/j) ;

- IC : l'indice de consommation de la loge, les loges étant constituées par génotype RN;
- ELD : l'épaisseur de lard dorsal (en mm) mesurée sur la carcasse (moyenne des 3 mesures cou-dos-rein);
- MUSC : le taux de muscle dans la carcasse (en %) estimé à partir de l'équation de HAMELIN (1975) : $\text{MUSC} = 16,56 + (71,6J + 83,0L - 76,2B) / DC$ où J, L, B et DC sont les poids respectifs (en kg) du jambon, de la longe, de la bardière et de la demi carcasse découpée.

1.3. Modèles

Les analyses sont réalisées à l'aide de la procédure SAS GLM. Le modèle utilisé prend en compte les effets fixés du génotype RN, du génotype halothane (NN ou Nn déterminé par un typage moléculaire (DALENS et RUNAVOT, 1993)), du sexe (mâle castré ou femelle), de la série de mesures (série de biopsies pour PG et d'abattage pour les variables de qualité de la viande) ou de la bande de naissance (pour les variables de croissance-carcasse). Une covariable poids est également prise en compte pour certaines variables : poids à la biopsie pour PG, poids en début de contrôle pour GMQ, poids de la carcasse entière (avec tête) pour ELD. Enfin, pour la variable IC par loge, le modèle précédent est adapté en considérant les effets fixés du génotype RN et de la bande de naissance, et les covariables "pourcentage d'animaux NN" et "pourcentage de mâles castrés" dans la loge.

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

Les estimées des moindres carrés des moyennes des trois génotypes au locus RN sont données dans le tableau 2. Les différences entre génotypes homozygotes approchent 3 écarts-types intra génotype pour le RTN, résultat tout à fait comparable à ceux obtenus par LE ROY et al. (1990b). En ce qui concerne le potentiel glycolytique du muscle, la différence estimée est de l'ordre de 5 écarts-types : elle est donc nettement supérieure aux premières observations de FERNANDEZ et al. (1990) qui se rapportaient à un mélange

Tableau 2 - Estimées des moindres carrés des moyennes des 3 génotypes RN

Variable*	Ecart-type	Génotype RN		
		RN-/RN-	RN-/rn+	rn+/rn+
RTN (en %)	2,9	79,8 ± 0,6 a	80,5 ± 0,6 a	88,0 ± 0,6 b
PG (en $\mu\text{mol/g}$)	24	285 ± 5 a	269 ± 5 b	172 ± 5 c
pH1(LD)	0,16	6,62 ± 0,04 a	6,62 ± 0,04 a	6,68 ± 0,04 a
pHu(LD)	0,09	5,55 ± 0,02 a	5,52 ± 0,02 a	5,71 ± 0,02 b
pHu(Jambon)	0,11	5,54 ± 0,02 a	5,57 ± 0,02 a	5,77 ± 0,02 b
REF (éch. 0-100)	2,9	48,9 ± 0,6 a	48,6 ± 0,6 a	46,4 ± 0,6 b
IMB (en diz. sec.)	4,2	12,6 ± 0,9 a	11,4 ± 0,8 a	13,5 ± 0,9 a
IQV	1,3	84,9 ± 0,3 a	84,9 ± 0,2 a	87,2 ± 0,3 b
RT (en %)	1,9	102,2 ± 0,5 a	102,2 ± 0,5 a	104,4 ± 0,5 b
GMQ (en g/j)	79	878 ± 13 ab	908 ± 13 b	860 ± 14 a
IC	0,12	2,82 ± 0,06 a	2,82 ± 0,05 a	2,91 ± 0,05 a
ELD (en mm)	2,4	22,2 ± 0,5 a	22,7 ± 0,4 ab	23,8 ± 0,5 b
MUSC (en %)	2,8	55,6 ± 0,6 a	57,7 ± 0,5 b	56,6 ± 0,6 ab

* voir texte

Sur une même ligne, les estimées affectées d'une même lettre ne diffèrent pas au seuil de 5%.

de types génétiques, mais est tout à fait comparable aux estimations issues d'analyses de ségrégation sur les données provenant des lignées Panshire et Laconie (BURLLOT, 1994). Pour le PG comme pour le RTN, l'allèle défavorable RN- se confirme comme étant dominant sur l'allèle rn+. Cependant, le PG moyen des porcs RN-/rn+ apparaît légèrement plus faible (différence significative au seuil de 5%) que celui des porcs RN-/RN-.

Ce résultat pourrait toutefois être dû en partie à une présélection sur le PG, qui a été appliquée avant la mise en testage sur descendance, dans le but d'éviter une perte aléatoire d'individus homozygotes. En effet, sous l'hypothèse d'un effet majeur du locus RN sur le potentiel glycolytique du muscle, les animaux porteurs de l'allèle RN- (mélange d'individus RN-/RN- et RN-/rn+) ont un PG beaucoup plus fort que les animaux non-porteurs (tous rn+/rn+). Les 16 mâles et 43 femelles soumis au testage sur descendance (voir 1.1.) ont donc été choisis afin de surreprésenter le groupe "PG fort" dans lequel un tri était nécessaire alors que, pour les animaux à "PG faible", le testage sur descendance correspondait plutôt à une simple vérification de génotype. Les conséquences exactes de cette présélection restent toutefois à mesurer précisément par une analyse plus complète prenant en compte les relations de parenté entre individus.

Toutes les mesures de qualité de la viande pratiquées 24 heures après la mort, à l'exception du temps d'imbibition, sont significativement affectées par le génotype RN. Pour toutes ces variables, l'allèle RN- est défavorable et totalement dominant sur l'allèle rn+. Les animaux porteurs de l'allèle RN- ont une viande significativement plus pâle (environ 1 écart-type de différence entre les homozygotes pour REF) alors que le pouvoir de rétention d'eau de la viande fraîche semble peu affecté. Les données concernant les mesures de pH sont en accord avec les hypothèses et observations antérieures concernant les effets de l'allèle RN- sur l'évolution du pH de la viande *post mortem* : pas de différence entre génotypes 35 minutes après l'abattage mais une différence importante (plus de 2 écarts-types) 24 heures après la mort. Ce défaut, dit des viandes acides et qualifié à l'origine "d'effet Hampshire" (MONIN et SELIER, 1985), porte donc bien sur l'amplitude de la chute de pH et non sur la vitesse de cette chute, ce qui le distingue du problème des viandes PSE. Cette très forte amplitude de la chute du pH trouve son origine dans le potentiel glycolytique supérieur des animaux porteurs de l'allèle RN-. Globalement, l'indice de qualité de la viande (IQV), qui combine trois mesures de pH ultime, de réflectance et de durée d'imbibition, est inférieur de près de 2 écarts-types chez les RN-/RN- par rapport aux rn+/rn+. L'effet du génotype RN sur le rendement technologique lors de la transformation en jambon cuit est également significatif, quoique plus réduit (un peu plus de 1 écart-type). Ce résultat généralise donc les observations précédemment publiées sur le RTN (LE ROY et al., 1990b).

Les résultats concernant les variables de croissance et de

composition corporelle sont plus difficiles à interpréter. La vitesse de croissance pourrait être affectée par le génotype au locus RN, avec un effet de surdominance, les hétérozygotes RN-/rn+ ayant un GMQ supérieur de 0.6 écart-type à celui des rn+/rn+. Bien que significative, cette différence demeure faible et est à confirmer. L'indice de consommation, mesuré sur un très faible nombre de loges (n=17), ne semble pas sous la dépendance du génotype au locus RN. Enfin, en ce qui concerne la composition corporelle, les animaux RN-/RN- apparaissent, d'après l'ELD, significativement moins gras que les animaux rn+/rn+ mais ce résultat ne se confirme pas sur le taux de muscle dans la carcasse (MUSC). Par ailleurs, la surdominance trouvée pour l'effet du locus RN sur cette dernière variable est surprenante, mais le résultat est tout juste significatif et demande à être vérifié. Les différences observées sur l'ELD pourraient toutefois être dues elles aussi à la présélection sur le PG appliquée avant la mise en testage sur descendance. En tout état de cause, l'effet du génotype RN sur l'adiposité des animaux estimé ici est beaucoup plus faible que celui attribué au locus putatif MU (LE ROY et al., 1990a), ce qui permet de penser qu'il s'agit bien de 2 phénomènes différents.

CONCLUSION

Cet ensemble de résultats obtenus sur des estimations directes (RTN, RT) ou indirectes (pH, REF, IMB, IQV) de la qualité technologique de la viande est donc très cohérent et est en excellent accord avec l'hypothèse précédemment formulée (FERNANDEZ et al., 1990; ESTRADE 1994; LE ROY et al., 1994b) d'un effet de l'allèle RN- sur le potentiel glycolytique du muscle, induisant en chaîne les phénomènes de viande acide et de rendement technologique diminué.

Il faut toutefois noter que ces résultats sont le fruit d'une première analyse du protocole visant à caractériser l'ensemble des effets du locus majeur RN qui a été initialement mis en évidence pour son effet sur le rendement technologique Napole. Ils ont été obtenus sur seulement la moitié des animaux qui seront finalement produits dans le cadre de cette expérimentation. Seules des analyses univariées ont été réalisées, sans prise en compte des effets polygéniques qui pourraient subsister (en principe ces effets sont équilibrés entre génotypes RN dans le protocole choisi). Une analyse plus élaborée, portant sur la totalité des animaux prévus et reposant sur des méthodes plus précises (permettant par exemple la prise en compte des relations de parenté), permettra d'approfondir ces premiers résultats.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient la société EDEN, 85120 La Chataigneraie, qui a assuré la transformation des jambons. Cette étude fait partie du projet "Régulation du potentiel glycolytique du muscle chez le porc" soutenu dans le cadre du programme INRA Agrobio.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BURLLOT T., 1994. Etude de la variabilité génétique du potentiel glycolytique du muscle dans deux lignées synthétiques porcines. Mémoire de fin d'études, ISAB, 43 pages.
- DALENS M., RUNAVOT J.P., 1993. Techni-Porc, , 17-21.
- ELSEN J.M., LE ROY P., 1989. 40ème réunion annuelle de la FEZ, Dublin, Irlande, I : 57-58 (résumé).
- ESTRADE M., 1994. Etude de l'expression métabolique du gène RN-. Thèse de l'Université Blaise Pascal, Clermont Ferrand, 133 pages.
- FERNANDEZ X., NAVEAU J., TALMANT A., MONIN G., 1990. Journées Rech. Porcine en France, 22, 97-100.
- HAMELIN M., 1975. ITP, rapport interne, 8 pages.
- JACQUET B., SELLIER P., RUNAVOT J.P., BRAULT D., HOUIX Y., PERROCHEAU C., GOGUÉ J., BOULARD J., 1984. Journées Rech. Porcine en France, 16, 49-58.
- LARZUL C., LE ROY P., GOGUÉ J., TALMANT A., VERNIN P., LAGANT H., MONIN G., SELLIER P., 1995. Journées Rech. Porcine en France, 27, 171-174.
- LE ROY P., ELSEN J.M., NAVEAU J., 1990a. Journées Rech. Porcine en France, 22, 11-16.
- LE ROY P., NAVEAU J., ELSEN J.M., SELLIER P., 1990b. Genet. Res., Camb., 55, 33-40.
- LE ROY P., CARITEZ J.C., ELSEN J.M., SELLIER P., 1994a. 5ème Congrès mondial de génétique appliquée aux productions animales, 19, 473-476.
- LE ROY P., PRZYBYLSKI W., BURLLOT T., BAZIN C., LAGANT H., MONIN G., 1994b. Journées Rech. Porcine en France, 26, 311-314.
- MONIN G., SELLIER P., 1985. Meat Sci., 13, 49-63.
- NAVEAU J., 1986. Journées Rech. Porcine en France, 18, 265-276.
- NAVEAU J., POMMERET P., LECHAUX P., 1985. Techni-porc, 8 (6), 7-13.
- TALMANT A., FERNANDEZ X., SELLIER P., MONIN G., 1989. 35ème Congrès Int. Rech. Viande, 20-25 août, Copenhague, Danemark.