

Paramètres génétiques et effet du génotype halothane pour la consommation moyenne journalière résiduelle chez le porc Piétrain en croissance

Romain SAINTILAN (1,2), Isabelle MEROUR (3), Sandrine SCHWOB (3), Joël BIDANEL (3), Pierre SELLIER (1,2),
Hélène GILBERT (1,2)

(1) INRA, UMR1313, GABI, F-78350 Jouy-en-Josas
(2) AgroParisTech, UMR1313, GABI, F-75231 Paris 05
(3) IFIP-Institut du porc, F-35651 Le Rheu

romain.saintilan@jouy.inra.fr

Genetic parameters and halothane genotype effect of residual feed intake in Piétrain growing pigs

Data from the French national genetic evaluation program were used, which included a subset on the Piétrain breed in which the halothane allele (n) was known to be segregating. A total of 2,312 Piétrain animals were tested between 2002 and 2009 in three central stations: 176 were homozygous halothane negative (NN), 470 were heterozygous (Nn) and 1666 were homozygous halothane positive (nn). Individual feed intake of animals raised in group pens (maximum 12 animals per pen), each equipped with a single-place electronic feeder, was recorded. The data set was used to estimate heritability (h^2) of residual feed intake (RFI) and growth, carcass and meat quality traits, as well as the genetic correlations between these traits, taking into account the effect of the halothane genotype. Variance and covariance components were estimated using REML methodology. RFI and food conversion ratio (FCR) appeared to be heritable traits ($h^2 = 0.40 \pm 0.06$ and 0.47 ± 0.07 , respectively) with a genetic correlation of 0.85 ± 0.04 between the two traits. Improving feed efficiency through selection for a lower RFI would improve FCR and reduce average daily feed intake (ADFI) with few impacts on growth, carcass and meat quality traits. Halothane genotype did not affect RFI but did affect FCR, possibly due to the compensation of the effects of halothane genotype on the traits used to compute RFI. Selection for lower RFI in the growing pig is not expected to change the frequency of the halothane genotypes in the Piétrain breed.

INTRODUCTION

L'objectif de cette étude est d'estimer les paramètres génétiques pour la consommation moyenne journalière résiduelle (**CMJR**) et les caractères de production majeurs mesurés en station de contrôle de performances chez le Piétrain en croissance, et de quantifier les effets du génotype halothane sur ces caractères. La consommation moyenne journalière résiduelle est la différence entre consommation moyenne journalière mesurée et consommation moyenne journalière prédite à partir des besoins de production et d'entretien de l'animal (Kennedy *et al.*, 1993). La CMJR est une alternative pour mesurer l'efficacité alimentaire habituellement estimée par l'indice de consommation (**IC**).

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Données

Entre 2002 et 2009, 2312 femelles Piétrain de race pure ont été contrôlées dans les trois stations publiques de contrôle de performances durant la période de croissance (de 35 kg à 107 kg de poids vif en moyenne).

Le génotype halothane - NN (176 animaux, 7,6 %), Nn (470, 20,3%) et nn (1666, 72,1 %) - était déterminé à partir d'un test ADN, ou déduits à partir du génotype des parents.

La consommation moyenne journalière (**CMJ**), le gain moyen quotidien (**GMQ**) et l'indice de consommation (**IC**) ont été calculés. Les porcs ont été abattus dans deux abattoirs commerciaux (SOCOPA, Evron pour la station d'Argentré et COOPERL, Montfort-sur-Meu pour les stations du Rheu et de Mauron). Le rendement de carcasse (**RDT**), le taux de muscle des pièces (**TMP**) estimé d'après l'équation de (Daumas, 2008) et l'épaisseur de lard dorsal (**LARD** : moyenne de trois mesures à la fente au rein, au dos et au cou) ont été mesurés 24 h post mortem, ainsi que des caractères de qualité de la viande, le temps d'imbibition (**IMB**) et la clarté de la viande (**L***) du muscle *gluteus superficialis*, le pH ultime (**pHu**) du muscle *semimembranosus*. La combinaison de ces trois caractères (Gueblez *et al.*, 1990) permet d'estimer un indice de qualité de la viande (**IQV**). Une transformation logarithmique de IMB a été appliquée pour normaliser la distribution : $IMB^* = \text{Log}(IMB + 1)$. La consommation moyenne journalière a été prédite par régression multiple de la CMJ sur les variables GMQ, LARD, TMP, RDT et poids métabolique moyen (estimé à l'aide de la formule décrite par Noblet *et al.* (1999)) ($R^2=78\%$), permettant d'estimer la **CMJR** comme le résidu de cette régression.

1.2. Analyses statistiques

Les paramètres génétiques ont été estimés par la méthode REML (Patterson et Thompson, 1971) utilisée par le logiciel WOMBAT (Meyer, 2006).

Un effet aléatoire de la portée de naissance a été inclus dans le modèle pour tous les caractères (1846 niveaux), et un effet aléatoire de la date d'abattage (279 niveaux) uniquement pour les caractères de qualité de la viande. Le génotype halothane de l'animal a été intégré en tant qu'effet fixe dans le modèle. Le fichier des pédigrées (6799 animaux) remonte à cinq générations d'ancêtres des animaux contrôlés. Les contrastes entre les moyennes par génotype halothane pour chacun des caractères ont été estimés à partir du logiciel PEST (Groeneveld et Kovac, 1990) appliqué à un modèle animal monocaractère en utilisant les estimées des composantes de variance obtenues avec WOMBAT.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Paramètres génétiques

L'héritabilité estimée pour la CMJR ($0,40 \pm 0,06$, tableau 1) est dans la zone supérieure des valeurs rapportées dans la littérature (Hoque et Suzuki, 2009).

La CMJR est corrélée positivement, au niveau génétique, avec la CMJ ($r_g = + 0,49$) et, de façon particulièrement marquée, avec l'IC ($r_g = + 0,85$). Ces corrélations élevées ont également été reportées par Cai *et al.* (2008) et par Gilbert *et al.* (2007) en race Large White. Les corrélations génétiques entre les caractères de production et la CMJR sont proches de zéro pour le GMQ et le TMP, faiblement négative pour le LARD et faiblement positive pour le RDT. Les corrélations génétiques entre la CMJR et les paramètres de qualité de la viande sont

plus faibles que celles rapportées précédemment en race Large White (Gilbert *et al.*, 2007).

2.2. Effets du génotype halothane

Aucun effet significatif du génotype halothane n'a été mis en évidence pour la CMJR (tableau 1). Cette absence d'effet semble due à des effets opposés du génotype halothane sur les caractères servant à calculer la CMJR. Les animaux nn présentent des plus faibles CMJ et GMQ que les animaux Nn et NN ($P < 0,001$) mais il n'y a pas de différence significative entre les animaux Nn et NN pour ces deux caractères.

Les effets favorables, bien connus, de l'allèle de sensibilité à l'halothane sur le RDT, le LARD et le TMP sont confirmés dans notre étude, de même que les effets délétères de cet allèle sur les caractères de qualité de la viande, à l'exception du pH ultime.

CONCLUSION

La CMJR des animaux Piétrain en croissance est modérément héritable et n'est pas affectée par le génotype halothane de l'animal.

Une sélection pour améliorer l'efficacité alimentaire en se basant sur la CMJR n'affecterait pas la fréquence de l'allèle de sensibilité à l'halothane dans la population Piétrain alors qu'une sélection basée sur l'IC entraînerait une augmentation de la fréquence de cet allèle dans cette même population.

Tableau 1 - Héritabilités des caractères (h^2) et corrélations génétiques (r_g) avec la CMJR, écarts types phénotypiques (σ_p) et contrastes 2 à 2 entre les trois génotypes halothane (en unité du caractère).

Caractère	CMJR (g)	CMJ (g)	GMQ (g)	IC (kg / kg)	TMP (%)	LARD (mm)	RDT (%)	IMB* Log (10sec+1)	L* (point)	IQV (point)	pH _u (point)
h^2	0,40	0,54	0,58	0,47	0,48	0,37	0,49	0,12	0,21	0,27	0,23
r_g		0,49	-0,06	0,85	0,01	-0,16	0,15	0,18	-0,31	0,16	0,08
σ_p	113	196	84	0,17	1,9	2,7	1,1	0,64	3,9	2,3	0,16
NN - nn	4	79***	9	0,08***	-2,2***	1,4***	-1,0***	0,86***	-2,4***	0,82***	-0,018
NN - Nn	3	4	-11	0,05**	-0,8***	0,3	-0,3**	0,53***	-0,2	0,33	-0,004
Nn - nn	1	75***	21***	0,03**	-1,5***	1,1***	-0,7***	0,33***	-2,2***	0,48***	-0,014†

Erreurs standards des héritabilités : 0,04 à 0,07 ; erreurs standards des corrélations génétiques : 0,04 à 0,12, *** $P < 0,001$; ** $P < 0,01$; * $P < 0,05$; † $P < 0,10$

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Cai W., Casey D., Dekkers J., 2008. Selection response and genetic parameters for residual feed intake in yorkshire swine. J. Anim. Sci., 86, 287-298.
- Daumas G., 2008. Taux de muscle des pièces et appréciation de la composition corporelle des carcasses. Journées Rech. Porcine, 40, 61-68.
- Gilbert H., *et al.*, 2007. Genetic parameters for residual feed intake in growing pigs, with emphasis on genetic relationships with carcass and meat quality traits. J. Anim. Sci. 85, 3182-3188.
- Groeneveld E., Kovac M., 1990. A generalized computing procedure for setting up and solving mixed linear models. Journal of Dairy Science, 73, 513-531.
- Gueblez R., le Maitre C., Jacquet B., Zert P., 1990. Nouvelles équations de prédiction du rendement technologique de la fabrication du "Jambon de paris". Journées Rech. Porcine, 22, 89-95.
- Hoque M. A., Suzuki K., 2009. Genetics of residual feed intake in cattle and pigs: A review. Asian-Australasian J. Anim. Sci., 22, 747-755.
- Kennedy B., van der Werf J., Meuwissen T., 1993. Genetic and statistical properties of residual feed intake. J. Anim. Sci., 71, 3239-3250.
- Meyer K., 2006. "Wombat" - digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006, 27-14.
- Noblet J., Kareg C., Dubois S., van Milgen J., 1999. Metabolic utilization of energy and maintenance requirements in growing pigs: Effects of sex and genotype. J. Anim. Sci., 77, 1208-1216.
- Patterson, H. D., Thompson R., 1971. Recovery of inter-block information when block size are unequal. Biometrika, 58, 545-554.