

# Effet du type génétique et du génotype halothane sur l'épaisseur de lard mesurée par tomographie RX tout au long de la carcasse

Marie-José MERCAT (1), Mathieu MONZIOLS (1), Solenn CORDONNIER (1), Eric GAULT (1), Pascale LE ROY (2), Catherine LARZUL (3)

(1) IFIP antenne Le Rheu, La Motte au vicomte, BP 35104, 35651 Le Rheu Cedex, France

(2) INRA, UMR1348 PEGASE, Domaine de la prise, 35590 Saint-Gilles, France

(3) INRA, UMR1388 GenPhySE, 24 Chemin de Borde-rouge, Auzeville CS 52627, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France

marie-jose.mercat@ifip.asso.fr

Avec la collaboration du personnel de la station de l'unité expérimentale de testage porc de l'INRA au Rheu, de Claire Hassenfratz et des OSP membres de BIOPORC (ADN, CHOICE GENETICS France, GENE+ et NUCLEUS)

## Effet du type génétique et du génotype halothane sur l'épaisseur de lard mesurée par tomographie RX tout au long de la carcasse

L'étude repose sur l'analyse de l'épaisseur de lard au tomographe RX d'animaux de 13 types génétiques : des races pures de type Piétrain, des croisés deux voies de type Piétrain x Large-White et des porcs charcutiers. Pour chacune des 280 demi-carcasses analysées, les épaisseurs moyennes de lard sont calculées sur la longueur totale de la carcasse et sur trois zones anatomiques (épaule, longe, jambon). Des différences d'épaisseur de lard sont observées entre zones anatomiques et entre groupes de types génétiques. Les porcs de races pures sont plus maigres que les porcs croisés deux voies, eux-mêmes plus maigres que les porcs charcutiers. Les épaisseurs de lard décroissent de l'épaule au jambon. Les plus faibles coefficients de variation des mesures d'épaisseur de lard sont observés au niveau de la longe. Les trois génotypes au locus halothane sont représentés dans cette étude. Des différences significatives entre les animaux NN et Nn sont mises en évidence : les animaux hétérozygotes présentent une épaisseur moyenne de lard plus faible de 0,7 mm par rapport aux homozygotes ; l'écart est de 1 mm au niveau des zones de la longe et de l'épaule (respectivement  $P < 0,05$  et  $P < 0,01$ ) mais n'est pas significatif au niveau de la zone du jambon. Aucune différence significative n'est observée par rapport au génotype nn, sans doute en raison du faible nombre d'animaux porteurs de ce génotype.

## Effect of the genetic type and the halothane genotype on fat thickness measured with Computed Tomography (CT) throughout the carcass

The study is based on fat thickness analysis with computed tomography (CT) of animals from 13 genetic types: purebred Piétrain-like breeds, crossbred Piétrain x Large-White types and crossbred fattening pigs. For each of the 280 analyzed half-carcasses, average fat thickness was calculated throughout the carcass as well as in three body parts (shoulder, loin, ham zones). Fat thickness differences were observed between body parts and between groups of genetic types. Purebred animals were leaner than crossbred Piétrain x Large-White types themselves leaner than crossbred fattening pigs. Subcutaneous fat thickness decreased from the shoulder to the ham. The lowest fat thickness variation coefficients were seen for the loin. The three halothane genotypes were represented in this study. Significant differences between NN and Nn animals were highlighted: heterozygote animals presenting 0.7 mm less fat thickness compared with homozygotes; significant differences were seen at the loin (1.1 mm,  $P < 0.05$ ) and shoulder (1.0 mm,  $P < 0.01$ ) parts but differences were not significant at the ham. No significant effect was observed in comparison with the nn genotype, probably due to the small number of animals carrying this genotype.

## INTRODUCTION

La composition corporelle est un caractère important dans de nombreux schémas de sélection. A ce titre, elle est communément estimée par une mesure de l'épaisseur de lard dorsal réalisée par échographie sur les candidats à la sélection au niveau de trois ou six sites anatomiques (mesures aux reins, dos, cou de part et d'autre de la colonne vertébrale). Une description plus complète de la composition corporelle des animaux est possible grâce au tomographe RX, qui permet l'analyse non invasive de carcasses entières ou même d'animaux vivants.

Classiquement, seul le caractère mesure de lard dorsal est étudié par ultrason ou directement avec les appareils de mesure de classement à l'abattoir (mesure du G2 ou G3) alors que l'objectif de l'étude est plus global. Le but est en effet d'établir les profils d'évolution de l'épaisseur de lard tout le long de la carcasse et de calculer des épaisseurs moyennes de gras de couverture des carcasses et de différentes zones (épaule, longe, jambon).

Il s'agit également d'étudier l'influence sur l'épaisseur de lard du génotype des animaux au gène de sensibilité à l'halothane (RYR1). Ce gène est bien connu pour ses effets majeurs sur un grand nombre de caractères, en particulier sur la qualité de la viande et sur la teneur en viande maigre (Sellier 1998). Des effets sur l'épaisseur de gras dorsal sont également rapportés dans plusieurs études (Guéblez *et al.*, 1995 ; Hanset *et al.*, 1995 ; Larzul *et al.*, 1997 ; Aubry *et al.*, 2000 ; Mérour *et al.*, 2009). L'allèle de sensibilité à l'halothane (n) était absent ou a été éliminé des lignées femelles commerciales utilisées en France, mais il est en ségrégation dans certaines populations paternelles. De ce fait, près de la moitié des porcs abattus en France sont porteurs de l'allèle de sensibilité à l'halothane (estimation IFIP d'après les parts de marché des différents types génétiques). Les trois génotypes au locus halothane (NN, Nn et nn) sont représentés dans cette étude pour analyser l'effet du génotype halothane sur l'épaisseur de lard mesurée par tomographie RX sur l'ensemble de la carcasse et sur les différentes zones étudiées. Cependant, le nombre d'animaux analysés de génotype nn est actuellement très faible.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Animaux

Les 280 porcs mâles entiers de l'étude sont issus du dispositif expérimental du programme de recherche Utopige (programme de sélection génomique). Le dispositif complet comporte près de 3 000 animaux nés dans des élevages de sélection, de multiplication ou de production.

Tous les animaux ont été élevés dans les mêmes conditions expérimentales, décrites par Larzul *et al.* (2013). Entre 2011 et 2014, les animaux ont été contrôlés de leur quatrième ou cinquième semaine d'âge à leur abattage vers 110 kg dans la station de testage du Rheu (INRA UETP, Le Rheu, 35). Ils recevaient une alimentation *ad libitum*.

Le programme Utopige porte sur trois groupes de types génétiques : d'une part, des animaux de races pures (codifiés purs), issus de trois variétés de Piétrain, d'autre part des animaux de types génétiques croisés (codifiés croisés) issus du croisement deux voies entre des verrats des trois variétés de Piétrain précédentes et des truies Large White ou à composante principale Large White, et enfin, des porcs charcutiers (codifiés

charcutiers) issus du croisement entre les trois types de verrats Piétrains et trois types de truies parentales (sept types génétiques). Le dispositif expérimental complet comprend 16 bandes dont cinq composées uniquement de porcs charcutiers. Chaque bande d'élevage comportant entre deux et cinq types génétiques différents.

Les 280 porcs du sous-échantillon utilisé dans cette étude ont été choisis de façon à représenter les types génétiques du programme Utopige, ainsi que les différents génotypes au locus halothane, tout en limitant l'apparementement entre animaux. Ils sont issus de 12 bandes.

### 1.2. Abattage et analyse des demi-carcasses au tomographe RX

Les animaux ont été abattus autour de 110 kg de poids vif à l'abattoir de la Cooperl Arc Atlantique (Montfort, 35).

Après 24 h de ressuyage, les demi-carcasses gauches de tous les porcs du programme Utopige ont été expédiées sur le site expérimental de l'IFIP à Romillé (35) pour y être scannées. Les carcasses ont été préparées suivant le protocole européen de présentation des carcasses avant dissection (Walstra et Merkus, 1996). Les restes de pannes et la moelle épinière ont été retirées et la fente rectifiée. Pour une meilleure qualité d'images tomographiques, le jarret avant a été retiré anatomiquement au niveau de l'articulation humérus/ulna.

Les demi-carcasses ont été analysées au tomographe scanner de l'IFIP (Siemens emotion duo, Erlangen Allemagne) en appliquant le protocole d'acquisition suivant : tension du tube radiogène 130 kV, intensité du tube radiogène 30 mAs, épaisseur de coupe 3 mm, FOV 500 mm X 500 mm, matrice d'acquisition 512 X 512, filtre de reconstruction pour tissus mous B30s. Sur chaque demi-carcasse, près de 450 images au format Dicom sont produites après acquisition.

### 1.3. Génotypage et détermination du génotype halothane des animaux

L'allèle de sensibilité à l'halothane est en ségrégation dans une des populations Piétrain de l'étude. Les autres variétés de Piétrain utilisées ainsi que toutes les populations de truies parentales utilisées pour produire les animaux croisés sont indemnes de cet allèle.

Les animaux de la population de référence du programme Utopige (purs et croisés) ont été génotypés sur la puce porcine Illumina PorcineSNP60 à partir d'un échantillon de sang. Les pères de tous les animaux du programme ont également été génotypés sur cette même puce. La mutation halothane en position 1843 ne figure pas sur la puce Illumina PorcineSNP60. Pour les porcs issus de populations où les allèles du gène halothane sont en ségrégation, le génotype halothane des animaux a été déterminé soit par génotypage direct de la mutation, soit par déduction à partir des marqueurs de la puce 60kSNP d'Illumina. Dans un premier temps, les haplotypes ont été construits à partir des 12 marqueurs SNP flaquant la mutation causale (six de chaque côté). Pour tous les animaux génotypés dont le statut halothane était connu par génotypage direct, chaque haplotype a été associé à l'allèle N ou à l'allèle n. Ensuite, chez les individus non génotypés pour la mutation halothane, la détermination du statut halothane a été réalisée à partir des deux haplotypes portés par l'individu.

Les produits de croisements terminaux (charcutiers) ont été génotypés à partir d'un prélèvement de cartilage (dispositif de prélèvement Allflex), sur un panel de marqueurs comportant

150 SNP dont la mutation halothane en position 1843. Quelques génotypes manquants (sept) au locus halothane ont été déduits du génotype de leurs parents après contrôle de filiation.

Le Tableau 1 présente les effectifs d'animaux en fonction de leur type génétique et de leur génotype au gène halothane. Tous les génotypages ont été réalisés par le laboratoire Labogena DNA (Jouy-en-Josas, 78).

**Tableau 1** – Effectifs par groupe de types génétiques des animaux et par génotype halothane

Types génétiques	Nombre total de porcs	Nombre de porcs N/N	Nombre de porcs N/n	Nombre de porcs n/n
<b>Purs</b>	70	50	6	14
<b>Croisés</b>	65	43	22	0
<b>Charcutiers</b>	145	94	51	0
<b>Total</b>	<b>280</b>	<b>187</b>	<b>79</b>	<b>14</b>

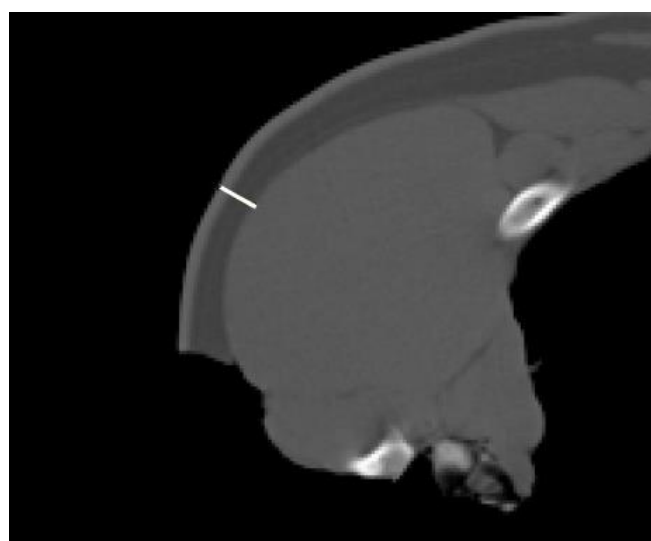
*Purs : animaux de race pure de variétés de Piétrain ; Croisés : croisement de type Piétrain x Large White ; Charcutiers : porcs issus de croisements terminaux.*

#### 1.4. Analyse des données

Les images tomographiques ont été analysées avec le logiciel ImageJ (<http://imagej.nih.gov/ij/>) sur les 280 demi-carcasses de l'étude. La mesure d'épaisseur de lard est effectuée en appliquant une ligne perpendiculaire à la couenne décalée de la fente d'environ 7 cm et correspondant à une mesure ultrason manuelle (Figure 1). La ligne est dessinée manuellement sur l'image zoomée et relie les frontières couenne/air et gras/muscle. Le contraste scanner entre l'air et la couenne d'un côté et le gras et le muscle de l'autre permet une excellente mesure non bruitée. Le logiciel calcule la longueur de la ligne et donc l'épaisseur de lard. L'épaisseur de lard (couenne incluse) a été mesurée sur une image toutes les dix images en partant de la gorge vers le jarret arrière. Cela correspond à une mesure tous les trois centimètres. Entre 37 et 43 mesures ont été obtenues par carcasse, ce qui permet de réaliser le profil longitudinal d'épaisseur de lard de la carcasse.

Afin d'étudier la variabilité de l'épaisseur de lard au niveau de l'épaule, de la longe et du jambon, les zones situées entre les 7<sup>ème</sup> et 14<sup>ème</sup>, 15<sup>ème</sup> et 30<sup>ème</sup>, puis 31<sup>ème</sup> et 40<sup>ème</sup> observations, ont été respectivement définies pour calculer des valeurs moyennes caractérisant chaque zone. Les statistiques descriptives et les analyses de la variance des épaisseurs de lard mesurées sur la carcasse entière ou sur les différentes zones anatomiques étudiées ont été réalisées avec le logiciel R (procédure lm, modèle linéaire ; <https://www.r-project.org/>). Dans les comparaisons de groupes de types génétiques, seul l'effet fixe du groupe de types génétiques a été inclus dans le modèle. Dans les comparaisons de génotypes au gène de sensibilité à l'halothane, les effets fixes du type génétique et du génotype halothane ont été inclus. Les contrastes entre génotypes hal ont été testés grâce au package Lsmmeans de R. En l'absence d'estimation des moindres carrés pour le génotype nn sur les treize populations, l'analyse n'a porté que sur les cinq types génétiques dans lesquels les deux allèles de sensibilité à l'halothane ségrégent. L'analyse des différentes zones anatomiques a été réalisée par analyses de variance intra groupe de types génétiques ou intra génotype halothane. Le poids de carcasse n'a pas été retenu comme covariable car non significatif (compris entre 73 et 99 kg pour une moyenne de 87

kg et un écart-type de 3,3 kg). L'effet bande n'a pu être pris en compte car partiellement confondu avec le type génétique des animaux.



**Figure 1** – Mesure de l'épaisseur de lard sur une image au niveau de la longe

*La ligne blanche est perpendiculaire à la couenne, décalée de la fente d'environ 7 cm et relie les frontières couenne/air et gras/muscle.*

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

### 2.1. Profils de l'épaisseur de lard le long de la carcasse

La figure 2 présente le profil moyen des épaisseurs de lard mesurées le long de la carcasse de chaque grand groupe de types génétiques (Piétrain purs, animaux croisés et porcs charcutiers). Deux variations nettes d'épaisseur avec des minima locaux sont visibles ; elles correspondent à des transitions anatomiques de l'épaule à la longe (apparition du trapèze sous la couche de gras au niveau du site de mesure) puis de la longe au jambon (apparition du fessier moyen sous la couche de gras au niveau du site de mesure). Ces variations locales ont déjà été observées sur la teneur en muscle à partir de mesures IRM par Daumas *et al.* (2005).

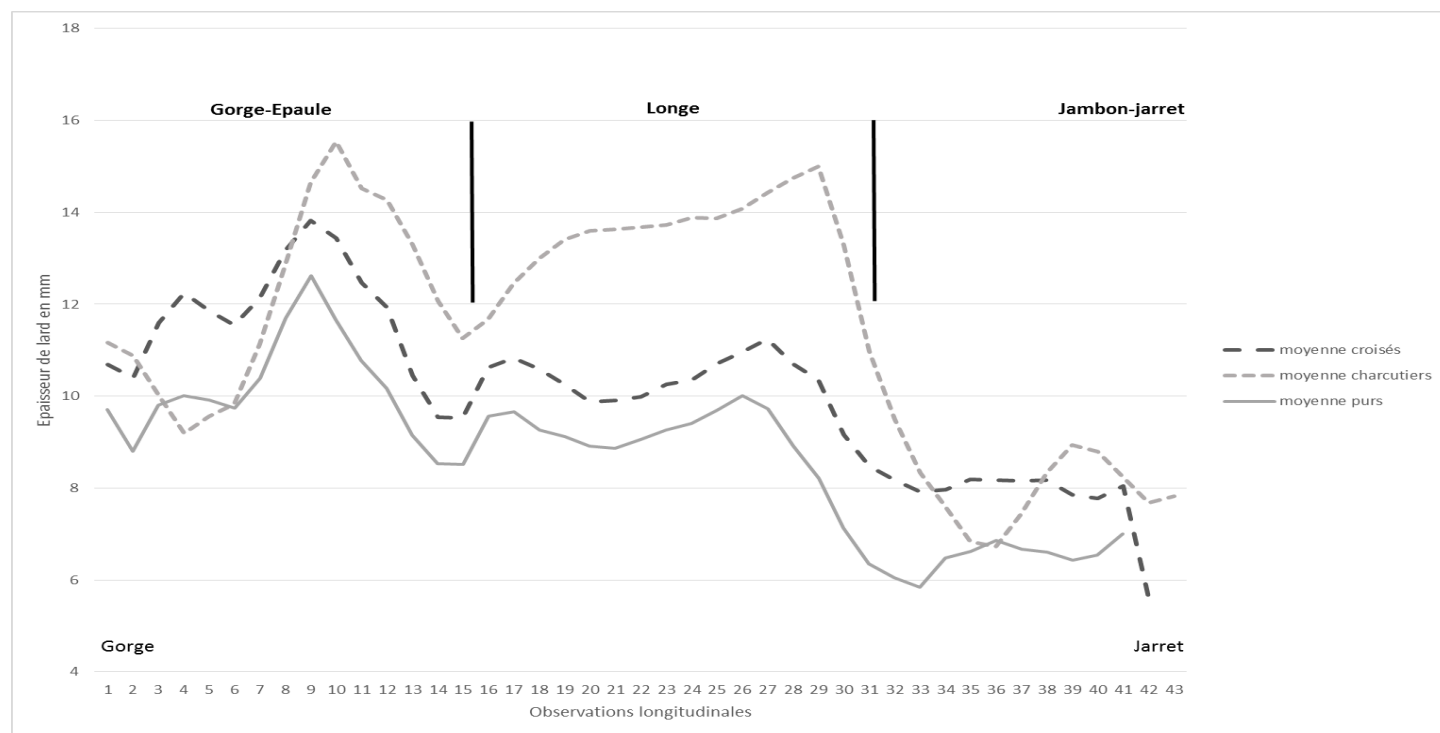


Figure 2 – Profils moyens de l'épaisseur de lard le long de la carcasse par groupe de types génétiques

Tout le long de la carcasse, les animaux de race pure Piétrain présentent une épaisseur de lard plus faible que celle des animaux de types génétiques croisés (groupes croisés et charcutiers). Le profil des porcs croisés deux voies est intermédiaire entre celui des Piétrain et celui des porcs charcutiers. Les courbes des animaux croisés et charcutiers s'entrecroisent toutefois aux extrémités ; probablement en lien avec la découpe de la gorge pour la partie crâniale.

## 2.2. Effet du groupe de types génétiques sur l'épaisseur de lard moyenne de la carcasse et de différentes zones anatomiques

Le Tableau 2 présente les résultats de l'épaisseur de lard moyenne le long de la carcasse pour l'ensemble des animaux et par groupe de types génétiques. Les résultats sont l'expression des moyennes brutes de l'épaisseur moyenne par animal. Des différences significatives ( $P < 0,001$ ) entre les types génétiques et entre groupes de types génétiques sont observées. Les types Piétrain purs présentent une épaisseur de lard moyenne de 8,9 mm. La valeur moyenne des animaux de types croisés deux voies Piétrain x Large-White se situe à 10,3 mm. Enfin les porcs charcutiers de l'étude présentent une épaisseur de lard moyenne de 11,6 mm. Ces différences significatives entre groupes de types génétiques ( $P < 0,001$ ) s'expliquent par le croisement avec des types génétiques maternels présentant une adiposité supérieure à celle des animaux de type Piétrain. L'influence du type génétique sur l'épaisseur de lard et la composition corporelle est déjà documentée (Gispert *et al.*, 2007).

Le coefficient de variation est autour de 19% sur l'ensemble des populations. Intra-population, il est inférieur à 15% sauf pour trois types génétiques dont deux populations de race pure.

Cela traduit une certaine homogénéité de l'épaisseur de lard moyenne des carcasses des types génétiques de l'étude.

Le Tableau 2 indique également les épaisseurs de lard moyennes des différentes zones anatomiques étudiées pour l'ensemble des animaux de l'étude et par groupe de types génétiques. La zone jambon présente l'épaisseur de lard la plus faible (7,8 mm) ; les épaisseurs de lard moyennes des zones de l'épaule et de la longe sont plus élevées de 4 mm environ en moyenne (11,8 et 12,4mm, respectivement). L'ensemble des zones anatomiques (ensemble de la carcasse compris) présentent des différences significatives d'épaisseur de lard entre elles ( $P < 0,001$ ).

L'effet du groupe de types génétiques sur l'épaisseur de lard moyenne des trois zones anatomiques considérées est très significatif ( $P < 0,001$ ). La longe des animaux de type Piétrain purs et des croisés de type Piétrain x Large-White présente une épaisseur de lard plus faible de 1 à 2 mm par rapport à l'épaule ( $P < 0,001$ ). Ceci, alors que pour les croisements de type porcs charcutiers, les épaisseurs de lard de ces deux zones sont identiques. Au niveau du jambon, l'épaisseur de lard moyenne du jambon est de 6,4 mm pour les animaux de race pure et de 8,1 et 8,3 mm pour les animaux de types génétiques croisés et charcutiers entre lesquels aucune différence significative n'est observée sur ce critère. Par ailleurs, le coefficient moyen de variation de l'épaisseur de lard dans la zone de la longe est relativement faible sur tous les animaux (14,3%). Cela montre que la variabilité de l'épaisseur de lard de cette zone n'est pas très importante. Les mesures d'épaisseur de lard dorsal par échographie sont habituellement réalisées dans cette zone comprise entre 45 et 90 cm de la gorge environ. Une erreur d'emplacement de la sonde lors des mesures de composition corporelle par ultra-sons aura donc un impact très limité.

**Tableau 2** – Épaisseur moyenne de lard le long de la carcasse et par zone anatomique par type génétique

Type génétique <sup>1</sup>	Demi-carcasse		Epaule <sup>3</sup>		Longe <sup>4</sup>		Jambon <sup>5</sup>	
	Épaisseur de lard moyenne	CV <sup>2</sup> (%)	Épaisseur de lard moyenne (mm)	CV <sup>2</sup> (%)	Épaisseur de lard moyenne (mm)	CV <sup>2</sup> (%)	Épaisseur de lard moyenne (mm)	CV <sup>2</sup> (%)
<b>Ensemble</b>	<b>10,6<sup>w</sup></b>	<b>18,9</b>	<b>11,8<sup>x</sup></b>	<b>17,8</b>	<b>12,4<sup>y</sup></b>	<b>19,1</b>	<b>7,8<sup>z</sup></b>	<b>21,6</b>
Purs	8,9 <sup>a,w</sup>	20,0	10,6 <sup>a,x</sup>	22,2	9,1 <sup>a,w</sup>	27,0	6,4 <sup>a,y</sup>	23,2
Croisés	10,3 <sup>b,w</sup>	15,4	12,1 <sup>b,x</sup>	15,6	10,3 <sup>b,w</sup>	20,8	8,1 <sup>b,y</sup>	21,8
Charcutiers	11,6 <sup>c,w</sup>	13,9	13,5 <sup>c,x</sup>	14,5	13,5 <sup>c,x</sup>	16,2	8,3 <sup>b,y</sup>	18,4

<sup>1</sup> Types génétiques : cf. Tableau 1 ; <sup>2</sup> CV : coefficient de variation ; Zones anatomiques délimitées par les 7<sup>ème</sup> et 14<sup>ème</sup> observations incluses (<sup>3</sup>), par les 15<sup>ème</sup> et 30<sup>ème</sup> observations incluses (<sup>4</sup>) et par les 31<sup>ème</sup> et 40<sup>ème</sup> observations incluses (<sup>5</sup>). Les moyennes marquées d'une lettre différente diffèrent significativement au seuil de 5% entre groupes de types génétiques (lettres a à c) et entre zones anatomiques intra groupe de types génétiques (lettres w à z).

### 2.3. Effet du génotype halothane sur l'épaisseur de lard moyenne de la carcasse et des différentes zones anatomiques

Le Tableau 3 présente les épaisseurs de lard moyennes calculées sur l'ensemble de la carcasse et sur les différentes zones anatomiques en fonction du génotype au gène de sensibilité à l'halothane.

Le génotype halothane influence de façon significative l'épaisseur de lard moyenne de l'ensemble de la carcasse ( $P < 0,01$ ). Les animaux hétérozygotes présentent une épaisseur moyenne de lard plus faible de 0,7 mm par rapport aux animaux de génotype NN ( $P < 0,05$ ). Par contre les épaisseurs moyennes de lard des animaux nn ne diffèrent pas significativement de celles mesurées sur les animaux des deux autres génotypes halothane. Ceci, probablement en raison du manque de puissance du dispositif qui ne comprend qu'un faible nombre d'animaux (14) de génotype nn.

L'étude présente plusieurs particularités au regard des travaux publiés au sujet de l'effet du gène halothane sur l'épaisseur de lard. Elle porte sur des porcs mâles entiers et inclus à la fois des animaux de race pure et de types génétiques croisés élevés dans les mêmes conditions, alors que les publications antérieures concernent majoritairement des femelles et mâles castrés, généralement d'un seul type génétique croisé. Des mesures d'épaisseurs de lard exclusivement dorsal sur animaux vivants (US) ou à l'abattoir au moyen d'une réglette ou d'appareils de classement (CGM, Fat-o-Meater) sont largement mentionnés dans la littérature. La présente étude a l'originalité de reposer sur des mesures objectives longitudinales de l'épaisseur de lard : 37 à 43 mesures par porc, ce qui est bien supérieur aux autres travaux.

D'autre part, l'étude comporte des animaux des trois génotypes au gène halothane contre seulement deux (NN et Nn) le plus souvent dans la littérature. L'allèle n du gène est en effet absent d'une majorité de populations ce qui limite les comparaisons avec le génotype nn. Dans l'étude, le nombre d'animaux nn est insuffisant pour mettre en évidence des écarts significatifs entre les animaux homozygotes pour l'allèle de sensibilité à l'halothane (nn) et les autres génotypes : les écarts entre homozygotes donnent des valeurs de probabilité critique ( $P$ ) voisines de 10% sur les zones de l'épaule ( $P > 0,10$ ) et de la longe ( $P = 0,13$ ) alors que  $P \geq 0,2$  pour la zone du jambon et sur l'ensemble de la carcasse. Il serait intéressant de prolonger l'étude sur un plus grand nombre d'animaux de génotype nn du dispositif Utopige.

Les résultats observés ici sont en adéquation avec les conclusions d'autres auteurs (Guéblez *et al.*, 1995 ; Hanset *et al.*, 1995 ; Larzul *et al.*, 1997 ; Aubry *et al.*, 2000 ; Mérour *et al.*, 2009) concernant les épaisseurs de lard plus faibles des animaux porteurs d'un allèle de sensibilité à l'halothane (Nn) par rapport aux homozygotes pour l'allèle N (NN). Il faut cependant mentionner les études de Leach *et al.* (1996), Pommier *et al.* (1998), Miller *et al.* (2000) et Fabrega *et al.* (2004) dans lesquelles les différences entre NN et Nn n'étaient pas significatives. Dans leur méta-analyse, Salmi *et al.* (2010) mettent, par ailleurs, également en évidence des différences significatives de pourcentage de viande maigre entre animaux de génotypes NN et Nn.

En ce qui concerne les différentes zones anatomiques étudiées (épaule, longe, jambon), comme pour l'épaisseur de lard moyenne le long de la carcasse, seuls les écarts entre les génotypes NN et Nn sont significatifs et ce au niveau des zones de la longe (1,1 mm,  $P < 0,05$ ) et de l'épaule (1,0 mm,  $P < 0,01$ ) mais pas au niveau de la zone du jambon.

**Tableau 3** – Épaisseur moyenne de lard le long de la carcasse en fonction du génotype au gène de sensibilité à l'halothane

Génotype halothane	Épaisseur de lard moyenne le long de la carcasse (mm)	Épaisseur de lard moyenne dans la zone épaule <sup>1</sup> (mm)	Épaisseur de lard moyenne dans la zone longe <sup>1</sup> (mm)	Épaisseur de lard moyenne dans la zone jambon <sup>1</sup> (mm)
NN	11,0 <sup>a,w</sup>	12,9 <sup>a,x</sup>	12,2 <sup>a,y</sup>	8,0 <sup>a,z</sup>
Nn	10,3 <sup>b,w</sup>	11,9 <sup>b,x</sup>	11,3 <sup>b,y</sup>	7,7 <sup>a,z</sup>
nn	10,1 <sup>ab,w</sup>	11,5 <sup>ab,x</sup>	10,8 <sup>ab,w</sup>	7,2 <sup>a,y</sup>

<sup>1</sup> Zones anatomiques : cf. Tableau 2. Sur chaque colonne, moyennes ajustées du type génétique. Les moyennes marquées d'une lettre différente diffèrent significativement au seuil de 5% de a à b pour l'effet du type halothane et de w à z pour l'effet zone anatomique intra génotype halothane.

A contrario, Hanset *et al.* (1995) et Larzul *et al.* (1997) rapportent des effets plus significatifs au niveau de la zone lombaire. D'autre part, dans les publications françaises incluant les génotypes halothane (Guéblez *et al.*, 1995 ; Larzul *et al.*, 1997 ; Mérour *et al.*, 2009), les épaisseurs de lard des animaux Nn sont plus proches de celles des animaux NN que de celles des nn ce qui ne semble pas être le cas ici sur les moyennes ajustées bien qu'aucun écart avec le génotype nn ne soit significatif. L'analyse d'un plus grand nombre de carcasses du dispositif Utopige, en particulier de génotype nn, permettrait de conclure de façon plus précise sur le positionnement relatif des hétérozygotes par rapport aux homozygotes.

## CONCLUSION

En conclusion, le scanner RX permet d'établir des profils d'épaisseurs de lard le long de la carcasse et, de façon générale, d'étudier finement la composition corporelle.

Des mesures ont été réalisées sur des carcasses de porcs mâles entiers issus de différents types génétiques purs et croisés élevés dans les mêmes conditions. L'épaisseur moyenne de lard calculée sur l'ensemble de la carcasse et sur des zones anatomiques diffère selon le groupe de types génétiques des animaux. Des différences ont également été observées en fonction du génotype au gène de sensibilité à l'halothane. Les effets génétiques ne sont pas homogènes sur l'ensemble de la carcasse ; ainsi, les effets du génotype halothane sont moins marqués au niveau du jambon. Ces conclusions pourraient être confirmées sur un plus grand nombre d'animaux.

## REMERCIEMENTS

Les auteurs sont redevables aux éleveurs, aux groupements de producteurs impliqués et aux CIA Cobiporc et Gènes Diffusion pour la production des animaux. Cette étude a bénéficié du soutien financier de l'ANR (programme Utopige ANR10-GENOM BTV015) et de BIOPORC.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aubry A., Lignesche B., Guéblez R., Gaudré D., 2000. Comparaison de porcs charcutiers NN et Nn pour les performances de croissance, carcasse et qualité de viande, et l'aptitude à produire du jambon cuit. Journées Rech. Porcine en France, 32, 361-367.
- Dumas G., Davenel A., Collewet G., Quéllec S., Bogner P., 2005. Contributions de l'imagerie par résonance magnétique à la recherche de prédictrices de la teneur en viande maigre des carcasses de porc. Journées Rech. Porcine, 37, 159-164.
- Fabrega E., Manteca X., Font J., Gispert M., Carrion D., Velarde A., Ruiz-de-la-Torre J.L., Diestre A., 2004. A comparison of halothane homozygous negative and positive pietrain sire lines in relation to carcass and meat quality, and welfare traits. Meat Sci., 66, 777-787.
- Gispert M., Font i Furnols M., Gil M., Velarde A., Diestre A., Carrión D., Sosnicki A.A., Plastow G.S., 2007. Relationships between carcass quality parameters and genetic types. Meat Sci., 77, 397-404.
- Guéblez R., Paboeuf F., Sellier P., Bouffaud M., Boulard J., Brault D., Le Tiran M.-H., Petit G., 1995. Effet du génotype halothane sur les performances d'engraissement, de carcasse et de qualité de la viande du porc charcutier. Journées Rech. Porcine, 27, 155-164.
- Hanset R., Dasnois C., Scalais S., Michaux C., Grobet L., 1995. Génotypes au locus de sensibilité à l'halothane et caractères de croissance et de carcasse dans une F2 Piétrain x Large White. Genet. Sel. Evol., 27, 63-76.
- Larzul C., Le Roy P., Guéblez R., Talmant A., Gogué J., Sellier P., Monin G., 1997. Effect of halothane genotype (NN, Nn, nn) on growth, carcass and meat quality traits of pigs slaughtered at 95 kg or 125 kg live weight. J. Anim. Breed. Genet. 114, 309-320.
- Larzul C., Prunier A., Muller N., Jaguelin S., Comte R., Hassenfratz C., Mercat M.J., 2013. Odeurs de verrat : effets génétiques et non génétiques. Journées Recherche Porcine, 45, 207-212.
- Leach L. M., Ellis M., Sutton D. S., McKeith F. K., Wilson E. R., 1996. The growth performance, carcass characteristics, and meat quality of halothane carrier and negative pigs. J. Anim. Sci., 7, 934-943.
- Mérour I., Hermesesch S., Schwob S., Tribout T., 2009. Effect of the halothane genotype on growth performances, carcasse and meat quality traits in the Pietrain breed of the French national pig breeding program. Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet. 18, 191-194.
- Miller K.D., Ellis M., McKeith F.K., Wilson E.R., 2000. Influence of sire line and halothane genotype on growth performance, carcass characteristics, and meat quality in pigs. Can. J. Anim. Sci., 80, 319-327.
- Pommier S. A., Pomar C., Godbout D., 1998. Effect of the halothane genotype and stress on animal performance, carcass composition and meat quality of crossbred pigs. Can. J. Anim. Sci., 78, 258-264.
- R Development core team, 2008. R: A language and environment for statistical analysis. R foundation for statistical computing, Vienna, Austria. <http://www.R-project.org>
- Salmi B., Trefan J., Bloom-Hansen J., Bidanel J.P., Doeschl-Wilson A.B., Larzul C., 2010. Meta-analysis of the effect of the Halothane gene on 6 variables of pig meat quality and on carcass leanness. J. Anim. Sci., 88, 2841-2855.
- Sellier P., 1998. Genetics of meat and carcass traits In: M.F. Rothschild, A. Ruvinsk (Eds.), The Genetics of the Pig, 463-510. CAB International, Oxon, U.K.
- Walstra P., Merkus G.S.M., 1996. Procedure for assessment of the lean meat percentage as a consequence of the new EU reference dissection method in pig classification, REPORT ID-DLO 96.014 march 1996. 22 pp.