

# Quelles sont les relations génétiques entre des caractères mesurés sur des animaux purs ou croisés issus de Piétrain ?

Catherine LARZUL (1), Marie-José MERCAT (2), Benoît BLANCHET (3), Séverine PAROIS (4,5), Armelle PRUNIER (4,5)

(1) INRA, UMR1388 GenPhySE, 31320 Castanet-Tolosan, France

(2) IFIP, Domaine de la Motte au Vicomte, 35651 Le Rheu, France

(3) INRA, UETP, 35653 Le Rheu, France

(4) INRA, UMR1348, PEGASE, 35590 St-Gilles, France

(5) Agrocampus Ouest, UMR1348, PEGASE, 35000 Rennes, France

catherine.larzul@toulouse.inra.fr

Avec la collaboration de Mathieu MONZIOLS, Raphaël COMTE, Claire HASSENFRAZ, de BIOPORC et du personnel de la station INRA UETP

## What are the genetic relationships between traits measured either on purebred or crossbred Piétrain pigs ?

In pig breeding schemes, the traits of interest are measured in the grandparent or parent populations on purebred animals. However, the progress in these pure breeds should be expressed in the crossbred offspring. It is generally expected that the genetic relationships between traits measured on purebred and crossbred animals are high for growth traits and body composition. The purpose of the study was to estimate the genetic correlations between performances recorded in pure and crossed animals on a large number of traits related to production, quality, welfare and health, *i.e.* growth rate, carcass composition, meat quality including boar taint, sex hormones, blood parameters, bodily injury and leg weakness. About 1,600 animals were included in the study, either purebred Piétrain or crossbred Piétrain x Large White. For the majority of production traits such as growth and carcass composition, genetic correlations between purebred and crossbred were close to 1 (between 0.7 and 1, with a standard error between 0.05 and 0.20). Some traits had lower correlation parameters such as the number of leukocytes ( $r_g = 0.5 \pm 0.30$ ) or the number of injuries at the beginning of fattening ( $r_g = -0.14 \pm 0.40$ ).

## INTRODUCTION

La sélection des populations porcines françaises se fait en mesurant des animaux de race pure, en ferme ou en station de contrôle. Cependant, l'un des objectifs de la sélection est d'améliorer la performance des animaux croisés. L'estimation des corrélations génétiques entre ces performances permet d'évaluer l'efficacité de la sélection sur des caractères déjà sélectionnés ou potentiellement à sélectionner dans l'avenir pour améliorer la qualité des produits ou le bien-être des animaux.

## 1. MATERIEL ET METHODES

### 1.1. Animaux et mesures

L'étude porte sur des porcs en croissance de race Piétrain et croisés Piétrain x Large White. Au total, 749 porcs mâles entiers de race pure et 791 porcs mâles entiers croisés, issus des mêmes pères Piétrain, sont étudiés. Les animaux ont été engraisés à la station de testage du Rheu, logés par groupe de 12 et nourris *ad libitum*. Ils ont été abattus à 110 kg. Les mesures de vitesse de croissance (GMQ), d'efficacité alimentaire (IC), de consommation alimentaire (CMJ), de composition corporelle (Carcasse % et TMP) et de qualité de la viande (pH24, couleur L\*a\*b\*, exsudat, IQV) sont décrites par

Tribout *et al.* (1996). Les mesures de testostérone, d'estradiol, d'androsténone et de la formule sanguine sont décrites par Parois *et al.* (2015), celles des lésions cutanées par Prunier *et al.* (2013). Les lipides intramusculaires (LIM) ont été mesurés selon Davenel *et al.* (2012). Les mesures de pourcentage de muscle, de surface de noix de côtelette (surface noix), de densité de la noix, de densité du fémur, de la longueur du fémur, du volume du muscle du jambon et du ratio muscle / longueur fémur du jambon ont été effectuées à l'aide d'un tomographe (Siemens emotion duo, Erlangen Allemagne).

### 1.2. Analyses statistiques

Les héritabilités et corrélations génétiques ont été estimées à l'aide du logiciel VCE6 (Groeneveld et Kovac, 1990), en utilisant un modèle bicaractère pour lequel les deux caractères sont la mesure sur l'animal croisé et la mesure sur l'animal pur. Les effets pris en compte dans le modèle sont décrits par Parois *et al.* (2015).

## 2. RESULTATS - DISCUSSION

### 2.1. Héritabilités

Les valeurs d'héritabilité estimées sont similaires pour les caractères mesurés sur des animaux de race pure ou sur des animaux croisés (Tableau 1).

**Tableau 1** – Héritabilités estimées sur des animaux de race pure ( $h^2_p$ ) et croisés ( $h^2_c$ ) et corrélations génétiques entre performances purs/croisés ( $r_g$ )

	$h^2_p$	$h^2_c$	$r_g$
IC	0,38	0,34	1
GMQ	0,37	0,45	0,51
CMJ	0,46	0,61	0,99
TMP	0,79	0,67	0,9
Carcasse %	0,31	0,51	0,76
pH24_LD	0,42	0,25	1
pH24_DM	0,32	0,31	1
exsudat	0,66	0,2	1
a*_FP	0,32	0,18	0,82
a*_FM	0,42	0,67	1
a*_LD	0,55	0,37	0,97
b*_FP	0,28	0,21	0,56
b*_FM	0,46	0,31	0,6
b*_LD	0,59	0,19	0,47
L*_FP	0,2	0,3	0,82
L*_FM	0,39	0,42	0,89
L*_LD	0,68	0,37	0,66
IQV	0,42	0,42	0,91
LIM	0,38	0,47	1
Testostérone	0,14	0,26	0,74
Estradiol	0,2	0,12	1
Androsténone	0,57	0,66	0,79
%muscle	0,81	0,79	1
Surface noix	0,44	0,79	1
Ratio vol/long jambon	0,62	0,73	0,72
Densité noix	0,09	0,11	1
Densité fémur	0,32	0,69	0,95
Longueur fémur	0,69	0,9	0,36
Volume muscle jambon	0,63	0,83	0,95
Lésions début engrais	0,22	0,27	-0,14
Lésions fin engrais	0,14	0,2	0,59
Lésions carcasse	0,31	0,34	1
Aplomb avant	0,15	0,07	1
Aplomb arrière	0,22	0,37	0,49
Aplomb global	0,1	0,33	0,76
Leucocytes (nb)	0,34	0,3	0,54
Lymphocytes(%)	0,25	0,38	0,64
Neutres(%)	0,29	0,46	0,56
Erythrocytes (nb)	0,33	0,37	0,95
Hématocrite	0,3	0,19	0,93
Hémoglobine	0,31	0,32	0,64
CRP	0,35	0,48	0,95
Pig-MAP	0,09	0,08	0,96
VGM	0,84	1	1
VMP	0,73	0,72	0,6
Plaquettes	0,22	0,16	0,7

Muscle LD : long dorsal, DM Demi-membraneux, FP fessier profond, FM fessier moyen.

Compte tenu de la précision des estimées, avec une erreur standard de l'ordre de 0,15 pour les héritabilités, il n'est pas possible de conclure à des différences entre les types génétiques purs et les croisés pour la grande majorité des caractères étudiés. Pour l'exsudat, la valeur de l'héritabilité estimée en race pure ( $h^2_p=0,66$ ) est largement supérieure à l'héritabilité estimée en croisement ( $h^2_c=0,2$ ). Cette différence peut s'expliquer partiellement par la présence des deux allèles au gène halothane qui ont des effets très significatifs sur l'exsudat (Mérour *et al.*, 2009). Une prise en compte explicite de l'effet du gène halothane dans le modèle d'analyse, après génotypage des croisés, permettrait de vérifier si la différence est effectivement induite par la présence des deux allèles.

## 2.2. Corrélations génétiques

Les corrélations génétiques estimées entre les performances mesurées dans les mêmes conditions d'élevage sur des animaux de race pure ou des animaux croisés sont dans l'ensemble élevées (Tableau 1). Pour 23 caractères, la corrélation génétique est supérieure à 0,9 ( $\pm 0,15$ , environ) et pour 20 autres caractères, cette corrélation est supérieure à 0,5 ( $\pm 0,30$ , environ). Parmi les caractères de qualité de viande, il faut mentionner le paramètre  $b^*$  dont la corrélation génétique est moyenne, quel que soit le muscle mesuré. Deux caractères se distinguent par de faibles corrélations génétiques entre types génétiques : la longueur du fémur ( $r_g=0,36 \pm 0,27$ ) et le nombre de lésions cutanées en début d'engraissement ( $r_g=-0,14 \pm 0,39$ ). Les corrélations génétiques sont généralement considérées comme élevées pour les caractères de croissance et de composition corporelle lorsque les performances sont mesurées dans les mêmes conditions.

## CONCLUSION

Ces résultats montrent que la sélection basée sur des performances enregistrées sur des animaux de race pure est efficace pour améliorer les performances de production d'animaux croisés dans la mesure où les caractères sont enregistrés dans les mêmes conditions d'élevage. Cependant, quelques caractères qui pourraient être sélectionnés pour améliorer le bien-être des animaux, notamment les lésions cutanées, semblent avoir un déterminisme génétique différent entre les animaux croisés et purs, qui reste à confirmer compte tenu de la faible précision des estimations.

## FINANCEMENTS

Cette étude a été réalisée dans le cadre du programme UtOpIGe, qui a bénéficié du soutien financier de l'ANR (ANR-10-GENOM\_BTV-015 UtOpIGe), de Bioporc, de FranceAgrimer, d'InaPorc et de l'INRA (méta-programme GISA HealthyGrowth).

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Davenel A., Bazin C., Quellec S., Challos S., Gispert M., Mercat M.J., Muller N., 2012. Dosage haut débit des lipides intramusculaires de la viande de porc par imagerie par résonance magnétique. *Journ. Rech. Porc.*, 44, 53-54.
- Groeneveld E., Kovac M., 1990. A generalized computing procedure for setting up and solving mixed linear models. *J. Dairy Sci.*, 73, 513-531.
- Mérour I., Schwob S., Hermes S., Larzul C., 2009. Effet du génotype halothane sur les performances de croissance, qualités de carcasse et de viande. *Viandes et Produits Carnés*, 28, 87-90.
- Parois S., Prunier A., Mercat M.J., Merlot E., Larzul C., 2015. Genetic relationships between measures of sexual development, boar taint, health and aggressiveness in pigs. *J. Anim. Sci.*, 93, 3749-3758.
- Prunier A., Muller N., Courboulay V., Udin L., Larzul C., 2013. Lésions corporelles chez les mâles entiers au cours de la croissance et sur la carcasse. *Journ. Rech. Porc.*, 45, 63-67.
- Tribout T., Garreau H., Bidanel J.P., 1996. Genetic parameters of several meat quality traits in Large White and French Landrace pig breeds. *Journ. Rech. Porc.*, 28, 31-38.