

# Sélection divergente pour la consommation alimentaire résiduelle chez le porc en croissance : paramètres génétiques et réponses à la sélection

Hélène GILBERT (1), Jean-Pierre BIDANEL (1), Joseph GRUAND (2), Jean-Claude CARITEZ (3), Yvon BILLON (3), Philippe GUILLOUET (4), Jean NOBLET (5), Pierre SELLIER (1)

*Institut National de la Recherche Agronomique*

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

*(2) Unité Expérimentale de Sélection Porcine, 86480 Rouillé*

*(3) Unité Expérimentale de Génétique Animale, Elevage Porcin, Le Magneraud BP52, 17700 Surgères*

*(4) Unité Expérimentale d'Insémination Caprine et Porcine, 86480 Rouillé*

*(5) Unité Mixte de Recherches Systèmes d'Élevage, Nutrition Animale et Humaine, 35590 Saint Gilles*

*helene.gilbert@jouy.inra.fr*

## **Sélection divergente pour la consommation alimentaire résiduelle chez le porc en croissance : paramètres génétiques et réponses à la sélection**

La consommation moyenne journalière résiduelle (CMJR) du porc en croissance est définie par la différence entre la consommation moyenne journalière (CMJ) observée et une CMJ théorique, estimée à partir des besoins d'entretien et de croissance. Une expérience de sélection divergente sur la CMJR mesurée entre 35 et 95 kg de poids vif a été conduite en race Large White (sélection portant sur la seule voie mâle) afin de produire des animaux qui surconsomment (CMJR<sup>+</sup>) ou sous-consomment (CMJR<sup>-</sup>) par rapport à leurs besoins estimés. La CMJR présente une héritabilité modérée (0,15) et des corrélations génétiques (0,38 et 0,57) et phénotypiques (0,70 et 0,56) relativement élevées avec, respectivement, la CMJ et l'indice de consommation (IC). Le gain moyen quotidien et l'épaisseur de lard dorsal (ELD), utilisés pour l'estimation des besoins théoriques des animaux, ont par définition des corrélations phénotypiques faibles avec le critère de sélection. Après trois générations de sélection, la différence de CMJR est de l'ordre de 1/3 d'écart type phénotypique entre les lignées, en relation avec des diminutions de 39 g d'aliment pour la CMJ et 50 g d'aliment par kg de gain pour l'IC dans la lignée CMJR<sup>-</sup>. A poids d'abattage équivalents, les poids de longe et de jambon sont significativement plus élevés dans la lignée CMJR<sup>-</sup>, alors que les caractéristiques d'adiposité (ELD carcasse et poids de bardière) ne sont pas modifiées. Les différences entre lignées pour le pH ultime et la luminance L\* de la viande montrent une détérioration de la qualité technologique de la viande chez les animaux CMJR<sup>-</sup>. Le devenir du surplus d'énergie consommé dans la lignée CMJR<sup>+</sup> conduira à des investigations complémentaires.

## **Divergent selection on residual feed intake in the growing pig: genetic parameters and responses to selection**

In the growing pig, residual feed intake (RFI) is defined by the difference between the observed daily feed intake (DFI) and the theoretical DFI estimated from maintenance and production requirements. Divergent selection on RFI was conducted for three generations, in Large White males recorded between 35 and 95 kg live weight, in order to produce animals with over consumption (RFI<sup>+</sup>) or under consumption (RFI<sup>-</sup>). Heritability of RFI was moderate (0.15), whereas genetic and phenotypic correlations with DFI (0.38 and 0.70) and with food conversion ratio (FCR, 0.57 and 0.56) were relatively high. Average daily gain and backfat thickness (BF) had low phenotypic correlations with RFI by definition. After three generations of selection, divergence between lines represented 1/3 of the phenotypic standard deviation for RFI, leading to -39 g per day for DFI and -50 g of food per kg of gain for FCR in the RFI<sup>-</sup> line. At equal slaughter weight, loin and ham weights were significantly higher in the RFI<sup>-</sup> line, but carcass fatness (BF thickness and BF weight) was not affected by selection on RFI. Ultimate pH and reflectance L\* showed significant differences between lines, with a decrease of technological quality of meat in the RFI<sup>-</sup> line. Further investigations will be conducted to show what the additional energy ingested by RFI<sup>+</sup> animals is used for.

## INTRODUCTION

L'amélioration de l'efficacité alimentaire représente un objectif primordial pour réduire le coût de production du porc charcutier. La mesure individuelle de ce caractère, ou de son inverse l'indice de consommation (quantité d'aliment consommé / gain de poids vif), nécessite une logistique coûteuse. L'efficacité alimentaire du porc en croissance est par conséquent améliorée de façon indirecte dans les programmes de sélection par l'augmentation de la vitesse de croissance et la réduction de l'adiposité. Cette stratégie peut cependant conduire à une réduction de l'appétit des porcs qui n'est pas nécessairement recherchée (Labroue, 1995). Il est de plus généralement admis que la proportion de lipides du gain de poids ne doit plus être diminuée, au moins génétiquement, pour maintenir à la fois la qualité des tissus maigres et gras et les capacités de stockage de réserves corporelles des femelles reproductrices. L'amélioration de l'efficacité alimentaire peut cependant exploiter la variabilité existant pour les besoins d'entretien journaliers. En effet, la dépense énergétique d'un animal se décompose en deux parties : la dépense affectée aux besoins de production et la dépense affectée aux besoins d'entretien. Chez le porc en croissance, la dépense pour les besoins de production dépend directement du gain de poids vif et de la composition de ce gain de poids (répartition protéines/lipides). La dépense journalière d'entretien est de l'ordre de 1 MJ d'énergie métabolisable par kilo de poids métabolique (Poids vif<sup>0,60</sup>, Noblet et al., 1994 ; 1999) chez le porc en croissance (15-110 kg), en conditions de thermoneutralité et pour un faible niveau d'activité physique. Cependant, une forte variabilité du caractère entre types génétiques (0,85 à 1,15 MJ) a été montrée (Noblet et al., 1994, 1999), ce qui suggère une variabilité génétique exploitable de la dépense énergétique pour les besoins d'entretien. Les variations individuelles des besoins de production et d'entretien sont intégrées dans la consommation moyenne résiduelle journalière (CMJR), définie comme la quantité d'aliment consommée en plus ou en moins par rapport aux besoins théoriques pour l'entretien et la production (Kennedy et al., 1993). Il a été montré par Mrode et Kennedy (1993) et Labroue et al. (1999) qu'il existe une variabilité génétique de ce critère chez le Large White et le Landrace (héritabilité voisine de 0,25). Cet article présente les résultats des trois premières générations d'une expérience de sélection divergente pour la consommation moyenne journalière résiduelle chez le porc Large White en croissance.

## 1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

### 1.1. Sélection des animaux

Le critère de sélection est considéré pour l'intervalle de poids 35 à 95 kg. Le critère est prédit chez les candidats à la sélection alimentés à volonté et élevés en groupe dans des loges munies d'un automate Acema 64, à partir de la quantité d'aliment consommé, de la durée de contrôle et d'une estimation de la composition tissulaire du gain de poids (basée sur des mesures d'épaisseur de lard dorsal aux ultra-sons). L'indice de sélection a été établi de façon à avoir, dans l'une et l'autre lignée, des évolutions phénotypiques proches de

zéro pour les caractères GMQ (Gain Moyen Quotidien) et ELD (Épaisseur de Lard Dorsal), en se basant sur les paramètres phénotypiques et génétiques moyens de la littérature (Mrode et Kennedy, 1993 ; von Felde et al., 1996 ; Johnson et al., 1999 ; Labroue et al., 1999). L'indice brut a la forme :

$$CMJ35-95 - 1,06 GMQ35-95 - 37 ELD95,$$

où CMJ35-95 est la consommation moyenne journalière (en g d'aliment) entre les poids vifs de 35 et 95 kg, GMQ35-95 est le gain moyen quotidien (en g) entre les poids vifs de 35 et 95 kg, ELD95 est l'épaisseur de lard dorsal (en mm) au poids vif de 95 kg.

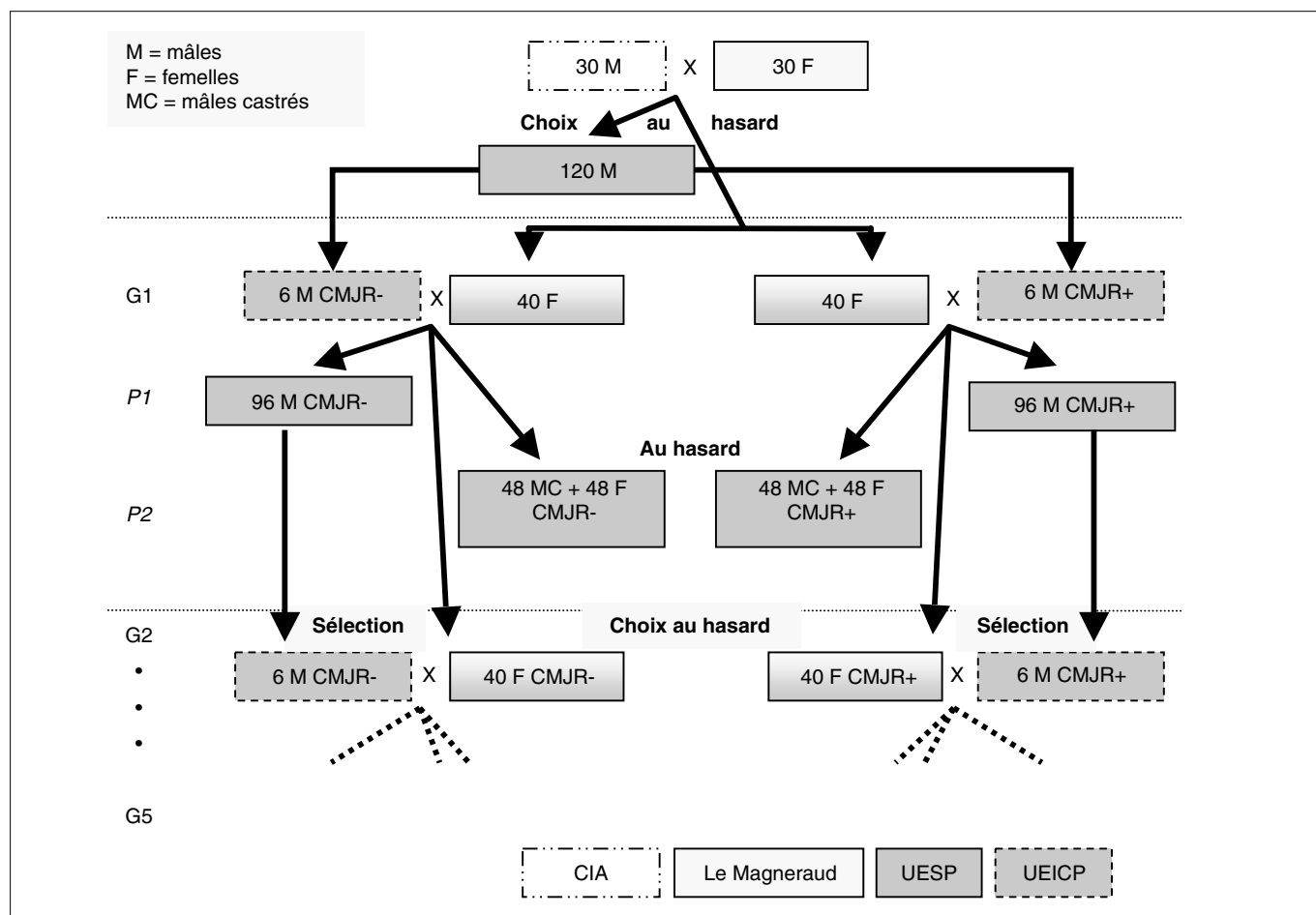
Les valeurs individuelles de l'indice pour les candidats à la sélection sont calculées intra-bande de contrôle, et cet indice est standardisé avec une moyenne de 100 points et un écart type de 20 points. Les animaux ayant une CMJR élevée (lignée haute, CMJR<sup>+</sup>) ont par définition tendance à consommer plus d'aliment que la moyenne de leurs contemporains pour des productions équivalentes. Au contraire, les animaux ayant une CMJR faible (lignée basse, CMJR<sup>-</sup>) auront tendance à consommer moins, ayant par conséquent une meilleure efficacité alimentaire.

La sélection est a priori une sélection massale appliquée à la seule voie mâle. Le degré d'apparement entre les verrats candidats n'est normalement pas considéré lors de la sélection, afin de maintenir une pression de sélection maximale. Cependant, afin de ne pas affecter trop rapidement la variabilité génétique intra-lignée, la sélection de plein-frères est systématiquement exclue, et le nombre de demi-frères paternels retenus par génération est limité à deux, ce qui se rapproche d'une sélection intra-famille de père.

Les animaux des premières générations de sélection ont été conduits avec un aliment unique entre l'âge de 76 jours et la fin de contrôle. Cet aliment contient au minimum 13,30 MJ d'énergie digestible par kg d'aliment et 16 % de matières azotées (avec au moins 0,8 g de lysine digestible par MJ d'énergie nette). Des échantillons sont prélevés à chaque livraison pour contrôler la composition réelle de l'aliment.

### 1.2. Dispositif expérimental

La figure 1 synthétise les étapes du processus expérimental permettant la sélection et la mesure des réponses directes et corrélatives à la sélection. Deux lignées Large White ont été conduites dans les unités expérimentales porcines INRA du Magneraud et de Rouillé (Poitou-Charentes). A partir de 30 truies F0 du troupeau Large White du Magneraud inséminées avec la semence de 30 verrats F0 de centres d'insémination artificielle, 116 verrats G0 ont été produits au cours de l'année 2000 pour constituer la génération initiale G0. Ils ont été transférés au sevrage sur le site de Rouillé et élevés dans des salles comportant 4 loges de 12 animaux équipées de distributeurs d'aliment Acema 64. A l'issue de la période de contrôle, les 12 verrats présentant la valeur du critère la plus élevée (CMJR<sup>+</sup>) et les 12 présentant la valeur la plus faible (CMJR<sup>-</sup>) ont été retenus et transférés sur le site



**Figure 1** - Dispositif expérimental, effectifs prévus et sélection des animaux

de l'UEICP (Rouillé, Poitou-Charentes) pour subir des tests de production de semence. Six d'entre eux, plus deux suppléants, ont finalement été retenus pour fonder chaque lignée. Deux ou trois femelles de chaque fratrie G0 ont été retenues, une au moins étant affectée au hasard à chaque lignée. Trente cochettes sont restées sur le site du Magneraud et 10 ont été transférées à Rouillé au sevrage pour établir le troupeau de truies de l'expérience. Ces truies ont été réparties de façon homogène sur 4 bandes de reproduction successives.

Dans une génération donnée, chaque verrat est attribué à 6 ou 7 femelles pour la production de deux portées successives, la première à partir de semence fraîche et la deuxième à partir de semence congelée. La première portée permet de produire les candidats à la sélection, alors que la deuxième portée permet de mesurer la réponse à la sélection pour les caractères de production (Figure 1). Dans les premières portées (P1), 2 ou 3 mâles sont retenus au hasard dans chaque portée. A 28 jours, ils sont rassemblés par lignée en groupes de 12 sur l'élevage de Rouillé et élevés dans les loges équipées d'automates Acema 64. Les 12 verrats présentant la CMJR la plus élevée dans la lignée haute et les 12 verrats présentant la CMJR la plus faible dans la lignée basse sont transférés à l'UEICP pour des tests de production de semence, à l'issue desquels 6 verrats (+2 suppléants) sont définitivement choisis. Dans ces portées P1, une femelle est retenue au hasard pour le remplacement de sa mère à la génération

suivante. Dans les deuxièmes portées (P2), au moins un mâle castré et une femelle de chaque portée sont retenus au hasard, transférés si besoin du Magneraud à Rouillé, et contrôlés dans les loges équipées d'Acema 64. Les groupes sont constitués d'animaux de la même lignée et du même sexe. L'intervalle de génération est de 63 semaines, ce qui permet à tous les verrats d'être sexuellement matures pour la production de la génération suivante. A l'heure actuelle, les animaux de la génération G4 sont en cours de contrôle, et l'expérience est planifiée sur 5 générations.

### 1.3. Caractères mesurés

Pour les candidats à la sélection des portées P1, seules les caractéristiques du comportement alimentaire sur la période 35-95 kg sont enregistrées. Les animaux sont pesés toutes les semaines et les dates de passage à 35 et 95 kg sont estimées par extrapolation linéaire. Deux mesures d'épaisseur de lard dorsal aux ultra-sons sont effectuées aux pesées encadrant 95 kg et l'ELD 95 kg est extrapolée linéairement pour la date de passage à 95 kg estimée. Le bilan des caractères mesurés est donné dans le tableau 1. Pour les animaux des portées P2, la période de contrôle commence à 10 semaines d'âge et se termine lorsque le premier animal de la loge atteint le poids d'abattage. Les poids et épaisseurs de lard sont enregistrés en début et en fin de contrôle et les consommations alimentaires individuelles sont enregistrées pendant l'engraissement. Les animaux sont abattus vers 105

kg de poids vif et les caractéristiques de la carcasse (rendement, poids des morceaux de la découpe, qualité de la viande) sont enregistrées. La liste des caractères retenus pour cette analyse est donnée dans le tableau 1.

#### 1.4. Analyses

Les données des portées P1 et P2 ont été analysées séparément, les périodes de contrôle étant différentes. La méthode REML utilisée avec un modèle animal individuel permet de prendre en compte l'ensemble de l'information généalogique des animaux contrôlés pour l'estimation des paramètres génétiques. Dans cette étude, la généalogie comprenait uniquement les animaux de l'expérimentation, soit 4 générations au plus. Les données ont été analysées avec le logiciel VCE4.5 (Neumaier et Groeneveld, 1998) avec un modèle multicaractères. Le seul effet aléatoire considéré est la valeur génétique de chaque animal. Les effets fixes retenus pour les animaux P1 sont la bande (sauf pour la CMJR déjà ajustée

pour cet effet) et la loge de contrôle, ainsi que l'effectif de la loge, divisé en 5 classes (5 à 7 animaux, 8 ou 9, 10, 11 ou 12 animaux). Pour les animaux P2, le sexe et, pour les mesures de qualité de la viande, la date d'abattage, ont été ajoutés à la liste des effets fixes, ainsi que le poids vif d'abattage ajouté en covariable. Les estimées de valeurs génétiques ont été analysées à l'aide de la procédure GLM du logiciel SAS (SAS Institute, 1999) afin de tester la signification statistique des réponses à la sélection.

## 2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

### 2.1. Statistiques élémentaires

Le tableau 1 présente les moyennes et écarts types phénotypiques sur les 3 générations pour le critère de sélection et les caractères de production. Les animaux P1 contrôlés entre 35 et 95 kg ont des valeurs moyennes très similaires à celles rapportées en race Large White pour la même période de

**Tableau 1** - Caractères mesurés, moyennes et écarts types phénotypiques sur les portées de candidats (P1) et les secondes portées abattues (P2)

	Effectif	Moyenne	Ecart type
<b>Caractères portés P1</b> <sup>(1)</sup> (mâles)			
CMJR 35-95 kg (unité CMJR)	625	99,2	19,4
GMQ 35-95kg (g)		840	90
CMJ 35-95 kg (g)		2027	171
IC 35-95 kg (kg aliment / kg gain)		2,43	0,20
ELD 95 kg (mm) <sup>(2)</sup>		11,9	1,3
<b>Caractères portés P2</b> <sup>(1,3,4)</sup> (femelles et mâles castrés)			
GMQ DC-FC (g)	493	757	75
CMJ DC-FC (g)		1972	207
Rendement carcasse (%)		77,5	1,7
ELD carcasse (mm) <sup>(5)</sup>		19,0	3,3
Poids jambon (kg)		10,47	0,48
Poids longe (kg)		10,02	0,80
Poids bardière (kg)		1,62	0,33
pH24 adducteur	477	5,99	0,28
pH24 demi membraneux		5,67	0,29
pH24 fessier superficiel		5,57	0,15
pH24 long dorsal		5,73	0,20
L* fessier superficiel	477	49,7	3,4
L* fessier moyen		41,2	3,5
a* fessier superficiel		5,9	1,8
b* fessier superficiel		8,1	1,5
a* fessier moyen		12,0	2,4
b* fessier moyen		8,2	1,6

<sup>(1)</sup> CMJR = consommation moyenne journalière résiduelle ; GMQ = gain moyen quotidien ; CMJ = consommation moyenne journalière ; IC = indice de consommation ; ELD = épaisseur de lard dorsal ; Rendement = Rendement de carcasse sans tête

<sup>(2)</sup> Moyenne des 6 mesures aux ultra-sons au rein, au dos, à l'épaule à 95 kg

<sup>(3)</sup> pH24 = pH mesuré sur carcasse 24 heures après abattage ; L\* = mesure de luminance (indice de clarté) obtenue par chromamètre Minolta CR-300 ; a\* = indice de rouge ; b\* = indice de jaune

<sup>(4)</sup> Poids initial (DC) : moyenne = 29,0 kg, écart type = 4,4 kg ; Poids final (FC) : moyenne = 106,6 kg, écart type = 8,5 kg

<sup>(5)</sup> Moyenne des 3 mesures au cou, au dos et au rein

contrôle par Labroue et al. (1997) pour IC et ELD alors que le GMQ moyen est inférieur de 70 g. La CMJ mesurée sur les portées P1 est supérieure de 50 g à celle mesurée sur les portées P2, et son écart type est plus faible. Les poids de début et de fin de période de contrôle différents en P2 (29,0 et 106,6 kg en moyenne) et les différences de sexe peuvent expliquer en partie ces écarts. La CMJ moyenne en P2 est inférieure de 150 g environ à celles observées pour des périodes de contrôle similaires par Mrode et Kennedy (1993) et Labroue et al. (1997), avec un GMQ moyen inférieur de 100 g environ (Mrode et Kennedy, 1993).

## 2.2. Paramètres génétiques

Le tableau 2 présente les héritabilités et les corrélations génétiques et phénotypiques pour les caractères analysés chez les verrats des portées P1. Les héritabilités sont généralement voisines des valeurs trouvées dans la littérature (de Haer et al., 1993 ; Mrode et Kennedy, 1993 ; von Felde et al., 1996 ; Tribout et al., 1996 ; Johnson et al., 1999 ; Labroue et al., 1999) pour des caractères similaires, avec des erreurs standards assez élevées, en liaison avec le nombre d'animaux actuellement contrôlés relativement faible. Les héritabilités estimées pour le GMQ, la CMJ et la CMJR sont plus faibles que dans les études précédentes, alors que celle de l'ELD est plus élevée.

Les corrélations génétiques avec le critère de sélection CMJR semblent plus faibles que dans la littérature, et en sens contraire pour le GMQ et l'ELD. Les valeurs élevées des erreurs standards ne permettent cependant pas de conclure à une divergence par rapport aux données de la littérature. Les estimations de corrélations phénotypiques amènent à des conclusions similaires. Le critère de sélection présente des corrélations faibles avec le GMQ et l'ELD, ce qui va dans le sens d'un critère établi pour obtenir des évolutions phénotypiques nulles des variables GMQ et ELD qui le composent. Les valeurs sont proches de celles de la littérature (de Haer et al., 1993 ; Mrode et Kennedy, 1993 ; von Felde et al., 1996 ; Johnson et al., 1999 ; Labroue et al., 1999).

## 2.3. Effet de la sélection

Le tableau 3 présente, pour chacune des trois générations, les différences des valeurs phénotypiques et génétiques entre

la lignée haute et la lignée basse. Le critère de sélection répond favorablement à la sélection, autant phénotypiquement que génétiquement. La divergence phénotypique représente environ un tiers d'écart type à chaque génération : 9,5 points de CMJR en G1, puis 6,1 et 6,7 respectivement en G2 et G3, soit des valeurs assez élevées compte tenu de l'héritabilité faible du critère de sélection (0,15). Le GMQ 35-95 kg et l'ELD 95 kg ne sont pas modifiés significativement après 3 générations de sélection, ce qui est conforme à la définition initiale de l'objectif de sélection et aux corrélations génétiques faibles. Des évolutions phénotypiques significatives à 5 % sont observées sur l'indice de consommation depuis la G2, alors que la CMJ ne diverge pas significativement. En terme de valeurs génétiques, la différence entre lignées est significative au seuil de 0,1% pour ces deux caractères : après trois générations de sélection, les animaux de la lignée basse consomment 39 g d'aliment en moins par jour et 50 g d'aliment en moins par kg de gain de poids. Ces divergences sont cohérentes avec les liaisons génétiques positives des variables CMJ et IC avec la CMJR.

Chez les animaux des portées P2, le gain moyen quotidien n'est pas significativement affecté par la sélection, ce qui est conforme aux résultats obtenus sur les animaux des portées P1. La CMJ, en revanche, diverge entre les deux lignées, phénotypiquement et génétiquement, à la troisième génération. Les différences sont environ 3 fois plus élevées que celles observées sur les animaux P1, avec 129 g d'aliment consommé en moins dans la lignée basse. Pour les caractères mesurés sur la carcasse, les poids de jambon et de longe diffèrent significativement entre lignées, aux niveaux phénotypique et génétique. En revanche, les caractéristiques d'adiposité de la carcasse (poids de bardière et épaisseur de lard dorsal) ne sont pas affectées par la sélection. A la génération 3, les jambons et les longes sont plus lourds dans la lignée CMJR<sup>-</sup>, dans le sens de la corrélation génétique négative (autour de -0,30) précédemment trouvée par Labroue et al. (1999) entre le taux de muscle de la carcasse et la CMJR. Ces résultats sont cohérents avec le rendement de carcasse plus élevé (+ 1,3 %) dans la lignée basse.

Les paramètres de qualité de la viande sont phénotypiquement et génétiquement affectés par la sélection. Le pH ultime, dans les quatre muscles considérés, est significativement moins élevé dans la lignée CMJR<sup>-</sup>, suggérant une

**Tableau 2** - Paramètres génétiques estimés sur les mâles candidats après 3 générations de sélection : héritabilités, corrélations génétiques et phénotypiques avec le critère de sélection

	Héritabilité ± erreur standard	Corrélation génétique avec CMJR ± erreur standard	Corrélation phénotypique avec CMJR
CMJR 35-95 kg <sup>(1)</sup>	0,15 ± 0,03		
GMQ 35-95kg	0,25 ± 0,06	-0,16 ± 0,17	0,13
CMJ 35-95 kg	0,17 ± 0,04	0,38 ± 0,13	0,70
IC 35-95 kg	0,24 ± 0,05	0,57 ± 0,13	0,56
ELD 95 kg	0,62 ± 0,06	-0,15 ± 0,13	-0,03

<sup>(1)</sup> voir notes <sup>(1)</sup> et <sup>(2)</sup> du tableau 1 pour la notation des caractères

**Tableau 3** - Différences de performances observées entre la lignée haute et la lignée basse à chaque génération

	Phénotypes <sup>(3)</sup>			Valeurs génétiques <sup>(3)</sup>		
	G1	G2	G3	G1	G2	G3
<b>Caractères portés P1 <sup>(1)</sup></b>						
CMJR 35-95 kg	9,5 **	6,1 *	6,7 *	3,3 ***	5,5 ***	5,8 ***
GMQ 35-95kg (g)	-3	-22	3	-7	-8	-1
CMJ 35-95 kg (g)	32	2	49	-2	23 **	39 ***
IC 35-95 kg (kg/kg)	0,05	0,07 *	0,06 *	0,02	0,05 ***	0,05 ***
ELD 95 kg (mm)	-0,5 *	0,0	0,3	-0,4 **	0,0	0,3
<b>Caractères portés P2 <sup>(1)</sup></b>						
GMQ DC-FC (g)	-10	-14	-3	-6	-11 *	-8
CMJ DC-FC (g)	-28	4	129 ***	-1	16	86 ***
Rendement (%)	-0,6 *	-0,6 *	-1,3 ***	-0,7 ***	-0,7 ***	-1,1 ***
ELD carcasse (mm)	-0,6	-0,7	0,4	-0,2	-0,7 **	0,1
Poids longe (kg)	0,18	-0,23 *	-0,35 **	0,00	-0,14 ***	-0,24 ***
Poids jambon (kg)	-0,05	-0,02	-0,27 ***	-0,08 *	-0,05	-0,20 ***
Poids bardière (kg)	-0,06	-0,03	0,08	0,01	-0,04	0,04
pH24 AD <sup>(2)</sup>	0,08 *	0,23 ***	0,29 ***	0,08 ***	0,20 ***	0,29 ***
pH24 DM	0,01	0,19 ***	0,21 ***	0,04 **	0,14 ***	0,20 ***
pH24 FS	-0,01	0,08 **	0,14 ***	0,02 *	0,07 ***	0,12 ***
pH24 LD	0,02	0,14 ***	0,23 ***	0,04 ***	0,13 ***	0,19 ***
L* FS <sup>(2)</sup>	-0,5 **	-0,9 ***	-1,6 ***	-0,6	-0,7	-2,0 ***
L* FM	-0,1	-0,2 *	-0,4 ***	0,1	-0,5	-0,3
a* FS <sup>(2)</sup>	0,4	-0,3	0,6 *	0,1	-0,0	0,3 ***
b* FS	0,1	-0,5 *	-0,3	-0,1	-0,3 **	-0,4 ***
a* FM	0,1	-0,8 *	0,8 *	0,1	0,0	0,4 ***
b* FM	-0,1	-0,5	0,1	0,0	-0,1	-0,1

<sup>(1)</sup> voir notes (1) et (2) du tableau 1 pour la notation des caractères

<sup>(2)</sup> AD = adducteur ; DM = demi membraneux ; LD = long dorsal ; FS = fessier superficiel ; FM = fessier moyen

<sup>(3)</sup> \*, \*\*, \*\*\* : significatif au seuil de 5 %, 1 %, 0,1 %

moins bonne qualité technologique de la viande. On peut supposer que le potentiel glycolytique du muscle, très corrélé avec le pH ultime, est supérieur dans la lignée basse, suggérant des réserves en glycogène plus importantes que dans la lignée haute. De la même façon, les mesures de luminance montrent une divergence entre les lignées haute et basse. La valeur L\* est plus élevée dans la lignée basse, notamment dans le muscle fessier superficiel, ce qui est cohérent avec les corrélations génétiques de l'ordre de -0,50 entre L\* et pH ultime (Sellier, 1998). De plus, les valeurs a\* sont supérieures (couleur plus rouge) dans la lignée haute pour les deux muscles considérés. Dans cette même lignée, une tendance apparaît pour des valeurs b\* inférieures (couleur moins jaune). Les évolutions de pH ultime et de couleur vont dans le sens de corrélations génétiques légèrement positives (0,17) avec la CMJ (de Vries et al., 1994). Elles suggèrent fortement l'existence de dif-

férences de composition du muscle des animaux entre les deux lignées.

Les réponses corrélatives observées ici pour les caractères de qualité technologique de la viande sont à rapprocher des liaisons génétiques significatives précédemment trouvées entre ces caractères et l'indice de consommation, dans la mesure où la CMJR et l'indice de consommation présentent une corrélation génétique élevée (de l'ordre de 0,60). Dans l'étude de Tribout et al. (1996), les corrélations génétiques de l'indice de consommation avec le pH ultime et la luminance L\* sont respectivement d'environ 0,30 et -0,50, indiquant un antagonisme génétique notable – et difficilement « explicable » – entre efficacité alimentaire et qualité technologique de la viande. Les résultats obtenus dans la présente expérience de sélection sur la CMJR ouvrent sans doute des pistes

pour mieux comprendre les mécanismes sous-jacents qui sont à l'origine de cet antagonisme (réserves de glycogène musculaire, dépôts lipidiques dans la carcasse,...).

## CONCLUSION

L'analyse des trois premières générations d'une expérience de sélection divergente sur la CMJR montre une bonne réponse à la sélection du critère, ainsi que des réponses corrélatives significatives pour la consommation moyenne journalière et l'indice de consommation. L'efficacité de l'absorption alimentaire (digestion, rejets...), l'activité physique des animaux (nombre de repas, agressivité...), les capacités de thermorégulation sont autant de postes de dépense énergétique non explorés à ce stade qui peuvent expliquer les divergences observées entre les lignées, avec une lignée CMJR<sup>-</sup>, sélectionnée pour une faible consommation alimentaire résiduelle, déposant plus de muscle, sans déposer

moins de lipides, et possédant sans doute des réserves en glycogène musculaire augmentées par rapport à la lignée CMJR<sup>+</sup>. L'impact de ces divergences sur la capacité des truies de chaque lignée à (re)constituer les réserves corporelles permettant de bonnes performances maternelles devra être cerné afin de ne pas détériorer ce caractère crucial pour la production. Ces résultats préliminaires conduiront à des investigations plus approfondies, sur ces différents points, dans les générations de sélection à venir.

## REMERCIEMENTS

Les auteurs tiennent à remercier l'ensemble du personnel des Unités Expérimentales Porcines INRA de Rouillé (UESP et UEICP) et du Magneraud pour la conduite des lignées et la réalisation des mesures, ainsi qu'Hervé Lagant pour la gestion des données produites par les automates d'alimentation.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- de Haer L.C.M., Merks J.W.M., 1992. Patterns of daily feed intake in growing pigs. *Anim. Prod.*, 54, 95-104.
- de Vries A.G., van der Wal P.G., Long T., Eikelenboom G., Merks J.W.M., 1994. Genetic parameters of pork quality and production traits in Yorkshire populations. *Livest. Prod. Sci.*, 40, 277-289.
- Johnson Z.B., Chewing J.J., Nugent R.A., 1999. Genetic parameters for production traits and measures of residual feed intake in Large White swine. *J. Anim. Sci.*, 77, 1679-1685.
- Kennedy B.W., van der Werf J.H.J., Meuwissen T.H.E., 1993. Genetic and statistical properties of residual feed intake. *J. Anim. Sci.*, 71, 3239-3250.
- Labroue F., 1995. Facteurs de variation génétiques de la prise alimentaire chez le porc en croissance : le point des connaissances. *INRA Prod. Anim.*, 8, 239-250.
- Labroue F., Guéblez R., Sellier P., 1997. Genetic parameters of feeding behaviour and performance traits in group-housed Large White and French Landrace growing pigs. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 451-468.
- Labroue F., Maignel L., Sellier P., Noblet J., 1999. Consommation résiduelle chez le porc en croissance alimentés à volonté : méthode de calcul et variabilité génétique. *Journées Rech. Porcine*, 31, 167-174.
- Mrode R.A., Kennedy B.W., 1993. Genetic variation in measures of food efficiency in pigs and their genetic relationships with growth rate and backfat. *Anim. Prod.*, 56, 225-232.
- Neumaier K., Groeneveld E., 1998. Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. *Genet. Sel. Evol.*, 30, 3-26.
- Noblet J., Karege C., Dubois S., 1994. Prise en compte de la variabilité de la composition corporelle pour la prévision du besoin énergétique et de l'efficacité alimentaire chez le porc en croissance. *Journées Rech. Porcine*, 26, 267-276.
- Noblet J., Karege C., Dubois S., van Milgen J., 1999. Metabolic utilization of energy and maintenance requirements in growing pigs: effect of sex and genotype. *J. Anim. Sci.*, 77, 1208-1216.
- SAS Institute Inc., 1999, SAS/STAT User's Guide, Version 8, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Sellier P., 1998. Genetics of meat and carcass traits. In: M.F. Rothschild and A. Ruvinsky (Eds), *The genetics of the pig*, 463-510. CAB International, Wallingford, UK.
- Tribout T., Garreau H., Bidanel J.P., 1996. Paramètres génétiques de quelques caractères de qualité de la viande dans les races porcines Large White et Landrace Français. *Journées Rech. Porcine*, 28, 31-38.
- von Felde A., Roehe R., Looft H., Kalm E., 1996. Genetic association between feed intake and feed intake behaviour at different stages of growth of group-housed boars. *Livest. Prod. Sci.*, 47, 11-22.