

Variabilité inter races des poids des pièces de carcasse et corrélations génétiques avec les critères de qualité de la viande chez le porc

Isabelle MEROUR (1), Thierry TRIBOUT (2), Susanne HERMESCH (3)

(1) IFIP Institut du Porc, BP 35104, F-35651 Le Rheu Cedex, France

(2) INRA, UMR 1313, Génétique Animale et Biologie Intégrative, F-78350 Jouy-en-Josas, France

(3) AGBU, Animal Genetics and Breeding Unit, University of New England, Armidale, NSW 2351, Australia *

isabelle.merour@ifip.asso.fr

(*) AGBU est une joint venture d'industries et d'investissements de l'Etat de New South Wales et de l'Université de Nouvelle Angleterre (Australie)

Variabilité inter races des poids des pièces de carcasse et corrélations génétiques avec les critères de qualité de la viande chez le porc

Les poids de longe, jambon, poitrine, épaule et bardière ont été enregistrés sur les demi-carcasses d'animaux contrôlés en stations publiques entre 1999 et 2008. Les données concernent 10 759 animaux Large White femelle (LWF), 6 293 Landrace Français (LF), 2 429 Large White mâle (LWM) et 2 253 Piétrain (PP). Le Piétrain se distingue nettement des autres races avec, en particulier, un poids de bardière inférieur et un poids de jambon supérieur. Les héritabilités (h^2) des poids de bardière, longe et jambon sont élevées et comprises entre 0,43 et 0,61, à l'exception de l'héritabilité du poids de longe en Piétrain ($h^2 = 0,29$). Les estimations d'héritabilités des poids de poitrine et d'épaule sont plus modérées (de 0,20 à 0,35). Le poids de jambon est génétiquement indépendant du poids de longe dans les lignées mâles alors que cette liaison est modérée mais favorable (0,18 et 0,37) dans les lignées femelles. Le Piétrain se distingue des trois autres races par une corrélation génétique négative entre les poids de jambon et d'épaule (-0,42) et une corrélation génétique positive entre les poids d'épaule et de bardière (0,24). La plupart des corrélations génétiques entre les indicateurs de qualité de la viande (pH ultime, rétention d'eau et clarté) et les poids des pièces ne sont pas significatives. Cependant, une sélection visant à augmenter les poids de longe et de jambon tendrait à réduire le pH ultime en LWF et induirait une viande plus claire dans les trois races blanches.

Between-breed variability of primal cuts weight and genetic correlations with pork quality traits

Weights of primal cuts including loin with the skin and fat trimmed (LON), skin-on ham (JAM), belly (POI), shoulder (EPA) and backfat above the loin (BAR) of the right side of each carcass were recorded in French central test stations from 1999 to 2008. Data were collected on 10 759 Large White dam line (LWF), 6 293 Landrace Français (LF), 2 429 Large White sire line (LWM) and 2 253 Pietrain (PP) pigs. The Pietrain breed differed considerably from the other breeds, particularly by a lower backfat weight and a heavier ham weight. Heritability estimates (h^2) were generally high for loin, ham and backfat weights (ranging from 0.43 to 0.61), except for loin weight in Pietrain ($h^2 = 0.29$). Heritability estimates were also lower for belly and shoulder weights (ranging from 0.20 to 0.35). Ham weight was genetically independent from loin weight in the two sire lines in contrast to moderate positive genetic correlations (0.18 and 0.37) in the two dam lines. The Pietrain differed from the three other breeds in regard to the genetic correlations between ham and shoulder weights (-0.42 versus 0.01 to 0.11) and between shoulder and backfat weights (0.24 versus -0.42 to -0.36). The majority of genetic correlations between meat quality traits and primal cut weights were not significant. However, selection for heavier weights of lean primal cuts would reduce ultimate pH in the Large White dam line and would lead to paler pork in the three white breeds.

INTRODUCTION

La sélection porcine a permis depuis plus de 50 ans l'amélioration de la conformation des carcasses en diminuant l'adiposité et en augmentant le taux de muscle. Depuis de nombreuses années, les éleveurs français sont rémunérés en fonction d'un taux de muscle estimé. Avec le développement de nouvelles technologies telles que les ultra-sons ou la visionique (Daumas et Causeur, 2008), de nouvelles grilles de paiement pourraient être mises en place en se basant non plus sur un taux de muscle moyen mais sur le poids ou la « muscularité » des différentes pièces de la carcasse. Cette évolution permettrait de mieux répondre aux besoins des professionnels de l'aval et des différents marchés internationaux. Ce possible changement nécessite pour les acteurs de la sélection porcine de caractériser les races pures utilisées dans les différents croisements commerciaux et d'estimer les paramètres génétiques des poids des principales pièces de la carcasse.

L'objectif de cette étude est, d'une part, de comparer la variabilité des poids des pièces des quatre races du schéma collectif français et, d'autre part, d'estimer les paramètres génétiques des qualités de carcasse et de viande afin de déterminer si la sélection génétique peut permettre de produire des carcasses répondant aux attentes des différents marchés sans détériorer la qualité de la viande.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Origine des données

Les données utilisées dans cette étude ont été collectées dans trois stations publiques de contrôle de performances (Argentré, Le Rheu et Mauron) entre 1999 et 2008 sur des animaux des quatre populations collectives françaises : Large White lignée Femelle (LWF), Landrace Français (LF), Large White lignée mâle (LWM) et Piétrain (PP). Des animaux d'un seul sexe sont contrôlés dans chaque population : castrats en LWF, LF et LWM ; femelles en PP (Tableau 1).

Tableau 1 : Nombre d'enregistrements par race, sexe et moyenne du poids de carcasse froid (P_carc).

Race ¹	LWF	LF	LWM	PP
Effectif	10 759	6 293	2 429	2 253
Sexe	Castrats	Castrats	Castrats	Femelles
P_carc (kg)	82,1	81,1	83,2	84,3

¹ LWF : Large White Femelle ; LF : Landrace Français ; LWM : Large White Mâle ; PP : Piétrain

Les bandes de contrôle étaient constituées d'au minimum 140 animaux nés sur une période de deux semaines et issus de divers élevages de sélection. L'allotement en cases d'engraissement est fonction de l'élevage fournisseur. Les animaux, engraisés dans des cases de 12 individus, étaient alimentés *ad libitum* entre 35 et 105 kg de poids vif jusqu'en 2005 et entre 35 et 110 kg depuis 2006. Les animaux ont été abattus soit à l'abattoir Cooperl-Industrie (Montfort sur Meu – Ille et Vilaine), soit à l'abattoir Socopa (Evron – Mayenne). Les conditions de pré-abattage étaient identiques pour les deux sites, à savoir : mise à jeun de 16 à 20 heures avant le départ

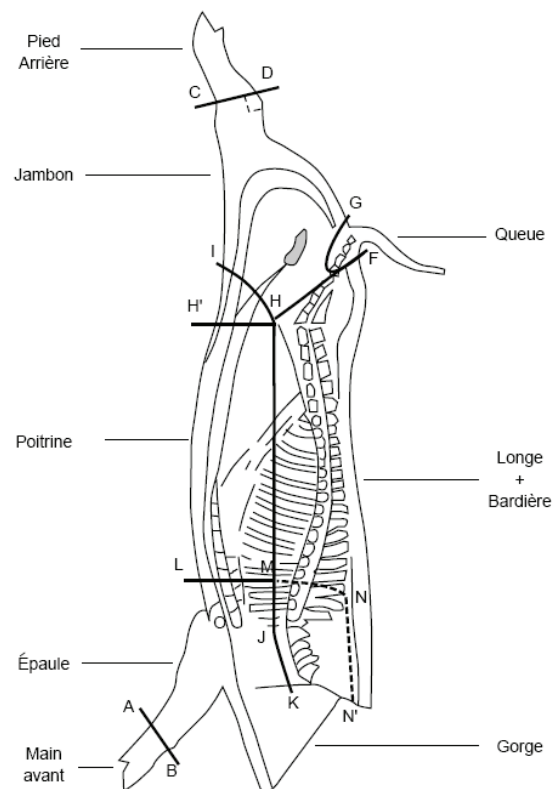
vers l'abattoir, temps de transport d'une trentaine de minutes et temps d'attente d'environ trois heures en bouverie. En moyenne, 36 animaux étaient abattus par série d'abattage.

1.2. Caractères étudiés

Environ 20 heures après l'abattage, le poids froid de la carcasse était enregistré puis les demi-carcasses droites étaient découpées selon la découpe hollandaise normalisée (Métayer et Daumas, 1998).

Au sens anatomique, cette découpe correspond à une dissection partielle puisque le gras sous-cutané (avec la couenne) est enlevé sur la partie dorsale. Cinq pièces principales étaient séparées (Figure 1) et pesées : la longe (LON), le jambon (JAM), la poitrine (POI), l'épaule (EPA) et la bardière (BAR).

Figure 1 : Découpe Hollandaise Normalisée



A l'issue de la découpe, trois mesures de qualité de la viande étaient réalisées sur le jambon :

- 1) le pH ultime (pHu) dans le muscle *Semimembranosus*, mesuré avec un pHmètre de marque Sydel ou Knick.
- 2) l'indice de clarté (L*) du muscle *Gluteus medius* à l'aide d'un Chromamètre Minolta CR-300. Une valeur faible de L* est associée à une viande sombre.
- 3) la note du temps d'imbibition (IMB) qui vise à apprécier le pouvoir de rétention d'eau de la viande. Cette notation était réalisée une vingtaine de minutes après la découpe du jambon : elle consiste à chronométrer le temps d'imbibition de 1 cm² de papier pH apposé sur le muscle *Gluteus medius*. Un point est attribué pour chaque dizaine de secondes écoulée (Monin et al., 1981). La note maximale de 20 est attribuée si le papier n'est pas complètement imbibé après 3 minutes et 20 secondes.

1.3. Analyses statistiques

La variabilité inter races des poids des pièces principales de la demi-carcasse a été estimée par analyse de variance à l'aide de la procédure GLM de SAS (version 8.1). Le modèle utilisé, identique pour les cinq pièces, prenait en compte les effets race (4 classes), année de contrôle intra race (28 classes), année x station x bande (137 classes) et la régression linéaire sur le poids de carcasse.

Les composantes de variance et de covariance ont été estimées intra race par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (ReML) appliquée à un modèle animal. Les analyses univariées et bivariées ont été effectuées avec le logiciel ASReml (Gilmour et al., 2006) en considérant cinq générations d'ancêtres. Les fichiers de pedigree utilisés comprenaient entre 143 906 animaux en LWM et 1 108 927 en LWF). Le modèle utilisé était identique pour les quatre races et prenait en compte les effets fixés de la combinaison année x bande x station (146 niveaux en LWF, 134 en LF, 99 en LWM et 78 en PP), la régression sur le poids de carcasse pour les cinq pièces de découpe, l'effet aléatoire de la valeur génétique de chaque animal et l'effet aléatoire de la date d'abattage intra station pour les trois mesures de qualité de la viande.

L'allèle de sensibilité à l'halothane (n) est en ségrégation en race Piétrain. La fréquence des génotypes des individus considérés dans cette étude est la suivante : 5,0 % de NN, 16,9% de Nn, 56,8 % de nn et 21,3% d'animaux pour lesquels le génotype était inconnu. En raison de problèmes de convergence, l'effet du génotype n'a pas pu être pris en compte dans les analyses.

2. RÉSULTATS ET DISCUSSION

2.1. Variabilité inter races

Le tableau 2 présente les moyennes ajustées des poids des pièces par demi-carcasse. Toutes les pièces présentent des poids significativement différents d'une race à l'autre ($p < 0,001$). Le Piétrain se distingue fortement des autres races mais cette supériorité de composition corporelle est amplifiée ici par l'effet du type sexuel (animaux femelles en Piétrain versus castrats pour les trois autres races). Comparativement aux races blanches, les carcasses Piétrain présentent notamment un poids de bardière plus faible et des poids de jambon et de longe plus élevés. En lignées femelles, les animaux Landrace sont moins musclés et plus gras que les individus Large White femelle (10,17 versus 10,43 kg de poids de longe et 3,75 versus 3,30 kg de poids de bardière). Les carcasses Large White mâle présentent des poids de longe et de jambon plus faibles et un poids de bardière plus élevé que

les carcasses Piétrain. Cette différence de conformation entre les deux lignées mâles peut s'expliquer par le fait que la lignée LWM a été créée en France en 1998 à partir d'animaux LWF. Après 10 ans de sélection avec une pondération plus importante du taux de muscle dans l'objectif de sélection, les animaux LWM présentent des carcasses plus maigres (-11,8% de poids de bardière) et des poids de pièces nobles plus élevés (+ 340 g de longe et + 180 g de jambon) que les carcasses LWF mais n'ont pas encore atteint le niveau de performances des animaux Piétrain. Des différences significatives de poids de jambon, d'épaule et de poitrine entre animaux Piétrain et animaux Large White femelle ou Landrace ont été mises en évidence par Gispert et al. (2007). Par contre, probablement en raison de plus faibles effectifs ($n = 480$) que dans la présente étude, ces auteurs n'ont pas trouvé de différences significatives entre races pour le poids de la longe.

Les héritabilités estimées (h^2) des différents poids de pièces sont présentées par race dans le tableau 3. Elles sont modérées à fortes et similaires d'une race à l'autre, à l'exception d'une plus faible héritabilité constatée pour le poids de la poitrine en race LWF (0,23 versus 0,35 dans les trois autres races) et pour le poids de la longe en race Piétrain (0,29 versus 0,45 dans les trois autres races). Le poids de bardière est le caractère le plus héritable (h^2 de 0,58 à 0,61) et parmi les autres pièces, celles présentant un rapport muscle / gras plus élevé sont plus hértables. Les héritabilités des poids du jambon et de la longe sont de l'ordre de 45%, excepté pour le poids de longe en race Piétrain. Ces valeurs sont similaires à celles rapportées par Newcom et al. (2002) et van Wijk et al. (2005). Les héritabilités des poids de poitrine et d'épaule sont modérées (entre 20 et 35%). Newcom et al. (2002) ont obtenu des estimations d'héritabilités très proches pour le poids d'épaule mais plus élevées ($h^2 = 0,51 \pm 0,16$) pour le poids de poitrine, ce qui peut être expliqué par une découpe des pièces différente.

Les corrélations génétiques entre le poids de la longe et les poids de jambon et d'épaule diffèrent entre lignées femelles et lignées mâles. Dans les lignées femelles, le poids de la longe est positivement corrélé avec le poids de jambon et est génétiquement indépendant du poids de l'épaule.

A l'inverse, dans les lignées mâles, les poids de jambon et de longe sont indépendants alors que le poids de longe présente un antagonisme génétique avec le poids de l'épaule.

Dans les quatre races, le poids des deux pièces nobles de la carcasse, le jambon et la longe, présentent une corrélation génétique (r_g) négative avec le poids de poitrine (r_g comprises entre -0,30 et -0,57).

Tableau 2 : Moyennes des moindres carrés et erreurs standards par race des poids des principales pièces (par ½ carcasse)

Caractère	Abréviation	LWF (MC)	LF (MC)	LWM (MC)	PP (F)
Poids de la longe (kg)	LON	10,43 ± 0,006	10,17 ± 0,008	10,77 ± 0,01	11,54 ± 0,01
Poids de jambon (kg)	JAM	9,55 ± 0,004	9,43 ± 0,006	9,73 ± 0,009	11,02 ± 0,01
Poids de la poitrine (kg)	POI	4,88 ± 0,004	5,10 ± 0,006	4,70 ± 0,009	4,29 ± 0,01
Poids de l'épaule (kg)	EPA	9,14 ± 0,004	8,87 ± 0,005	9,22 ± 0,008	8,83 ± 0,009
Poids de la bardière (kg)	BAR	3,30 ± 0,006	3,75 ± 0,008	2,91 ± 0,01	1,99 ± 0,01

LWF : Large White Femelle ; LF : Landrace Français ; LWM : Large White Mâle ; PP : Piétrain.

MC : mâles castrés ; F : femelles.

Tableau 3 : Héritabilités (en gras), corrélations génétiques (au dessus de la diagonale) et phénotypiques (au-dessous de la diagonale) entre les poids des différentes pièces de la carcasse. (Voir Tableau 2 pour la signification des abréviations)

a – LWF	LON	JAM	POI	EPA	BAR
LON	0,45	0,18	-0,47	-0,03	-0,69
JAM	0,05	0,48	-0,30	0,02	-0,57
POI	-0,37	-0,19	0,23	-0,33	0,24
EPA	-0,13	-0,03	-0,17	0,20	-0,36
BAR	-0,41	-0,46	0,09	-0,18	0,61

Erreurs standards des estimées : de 0,02 à 0,08.

c - LWM	LON	JAM	POI	EPA	BAR
LON	0,43	0,06	-0,57	-0,22	-0,53
JAM	-0,03	0,46	-0,49	0,01	-0,50
POI	-0,36	-0,27	0,35	-0,33	0,40
EPA	-0,13	-0,05	-0,20	0,23	-0,26
BAR	-0,39	-0,42	0,16	-0,13	0,58

Erreurs standards des estimées : de 0,05 à 0,12.

b – LF	LON	JAM	POI	EPA	BAR
LON	0,47	0,37	-0,50	-0,06	-0,77
JAM	0,13	0,45	-0,57	0,11	-0,63
POI	-0,38	-0,26	0,33	-0,32	0,51
EPA	-0,10	0,03	-0,16	0,25	-0,42
BAR	-0,45	-0,49	0,14	-0,26	0,58

Erreurs standards des estimées : de 0,04 à 0,08.

d – PP	LON	JAM	POI	EPA	BAR
LON	0,29	-0,04	-0,56	-0,50	-0,56
JAM	-0,11	0,47	-0,44	-0,42	-0,57
POI	-0,35	-0,31	0,34	0,23	0,46
EPA	-0,19	-0,13	-0,10	0,29	0,24
BAR	-0,16	-0,41	0,22	-0,06	0,61

Erreurs standards des estimées : de 0,06 à 0,12.

La bardière, pièce peu valorisable, est négativement corrélée avec les morceaux de la carcasse les plus musclés (r_g comprises entre -0,50 et -0,77) et positivement corrélée avec le poids de poitrine (r_g de 0,24 à 0,51). La race Piétrain se distingue des autres races par une corrélation génétique positive entre les poids de bardière et d'épaule et une corrélation génétique forte et négative ($r_g = -0,42$) entre les poids de jambon et d'épaule alors que cette corrélation est nulle dans les trois autres races. Depuis le milieu des années 1980, le taux de muscle estimé à partir des poids des pièces de la carcasse est un des objectifs de sélection des races collectives françaises. Depuis octobre 1997, l'équation de prédiction utilisée est une combinaison linéaire prenant en compte les poids de jambon, longe et bardière exprimés en proportion du poids de la demi-carcasse. Depuis 2007, l'équation du taux de muscle des pièces estimé (TMP_{est}) est la suivante (Daumas, 2008) :

$$TMP_{est} = 25,08 - 1,23 (\%BAR) + 0,87(\%LON) + 0,73(\%JAM)$$

En race Piétrain, la sélection sur le taux de muscle dont les composantes sont corrélées négativement avec le poids d'épaule induit de fait une baisse du poids de cette pièce. Ce résultat corrobore la plus faible moyenne du poids d'épaule des individus Piétrain indiquée dans le tableau 2.

Les différences de paramètres génétiques constatées entre la race Piétrain et les trois autres races sont à nuancer car dans cette étude, il est impossible de distinguer et quantifier l'effet lié au sexe des animaux (femelles en Piétrain et castrats dans les trois autres races) et celui dû au type génétique.

Les corrélations phénotypiques sont généralement plus faibles et de même sens que les corrélations génétiques. Il est difficile de comparer les corrélations de cette étude aux estimations de la littérature (Hermesch et al., 2000 ; Newcom et al., 2002 ; van Wijk et al., 2005) car les coupes des pièces n'y sont pas identiques et les estimations y ont été réalisées sans distinguer les races. Les relations génétiques rapportées par Newcom et al. (2002) sont dans l'ensemble plus fortes que les estimations de la présente étude avec une nette différence pour la corrélation génétique entre le poids de jambon et le poids de la longe estimée à 0,62.

2.2. Corrélations avec les mesures de qualité de la viande

Les corrélations génétiques entre le pH ultime du muscle *Semimembranosus* et les poids des pièces (Tableau 4) sont nulles à faibles et pour la plupart non significatives. On peut noter toutefois un antagonisme génétique entre le pH ultime et le poids de la longe dans les deux races Large White (-0,21 en LWF et -0,34 en KWM) et une corrélation génétique positive avec les poids de poitrine et de bardière en Large White femelle. Les carcasses peu conformées et à tendance grasse auraient des pH ultimes plus élevés répondant mieux, dans une certaine limite, aux demandes des salaisonnières.

Tableau 4 : Corrélations génétiques entre les poids des principales pièces de la carcasse et le pH ultime (erreurs standards entre parenthèses)

pHu	LWF	LF	LWM	PP
LON	-0,21 (0,06)	0,11 (0,08)	-0,34 (0,19)	-0,07 (0,13)
JAM	-0,10 (0,06)	-0,11 (0,08)	-0,29 (0,19)	0,12 (0,12)
POI	0,31 (0,07)	-0,02 (0,09)	0,19 (0,21)	0,03 (0,13)
EPA	-0,13 (0,08)	-0,08 (0,10)	0,19 (0,26)	0,12 (0,14)
BAR	0,20 (0,05)	-0,03 (0,08)	0,34 (0,18)	-0,23 (0,11)

Voir Tableau 2 pour la signification des abréviations.

Tableau 5 : Corrélations génétiques entre les poids des principales pièces de la carcasse et le temps d'imbibition (erreurs standards entre parenthèses)

IMB	LWF	LF	LWM	PP
LON	0,10 (0,08)	0,25 (0,08)	-0,04 (0,17)	-0,03 (0,05)
JAM	0,05 (0,08)	0,09 (0,09)	-0,04 (0,17)	-0,21 (0,13)
POI	0,12 (0,09)	-0,18 (0,09)	-0,08 (0,19)	-0,15 (0,14)
EPA	0,01 (0,09)	-0,08 (0,10)	-0,09 (0,21)	0,08 (0,15)
BAR	-0,16 (0,07)	-0,26 (0,08)	-0,14 (0,16)	0,05 (0,12)

Voir Tableau 2 pour la signification des abréviations.

La quasi indépendance génétique entre le temps d'imbibition (Tableau 5) et le poids des pièces suggère que le pouvoir de rétention d'eau de la viande ne dépend pas de la conformation des carcasses. Les seules corrélations significatives mais relativement faibles concernent le poids de bardière en LWF et LF (r_g de -0,16 et -0,26) et le poids de la longe en LF ($r_g = 0,25$). Ces liaisons laissent supposer que les carcasses maigres auraient un meilleur pouvoir de rétention d'eau.

Le tableau 6 présente les corrélations génétiques entre le poids des pièces et l'indice de clarté. En lignées femelles, les poids des pièces nobles sont corrélés positivement avec l'indice de clarté alors que cette corrélation est négative avec les poids de bardière et de poitrine. L'indice de clarté est positivement lié ($r_g = 0,40$) au poids du jambon en lignée LWM et génétiquement indépendant des poids de longe et de jambon en race Piétrain.

Tableau 6 : Corrélations génétiques entre les poids des principales pièces de la carcasse et l'indice de clarté L* (erreurs standards entre parenthèses)

L*	LWF	LF	LWM	PP
LON	0,27 (0,06)	0,20 (0,08)	-0,01 (0,15)	-0,22 (0,13)
JAM	0,11 (0,06)	0,24 (0,07)	0,40 (0,13)	0,12 (0,12)
POI	-0,28 (0,07)	-0,24 (0,08)	-0,03 (0,16)	-0,004 (0,13)
EPA	0,05 (0,08)	0,27 (0,09)	0,08 (0,18)	0,10 (0,14)
BAR	-0,28 (0,05)	-0,32 (0,07)	-0,29 (0,13)	0,12 (0,11)

Voir Tableau 2 pour la signification des abréviations.

Les données de la littérature sur les relations entre la composition corporelle et les indicateurs de qualité de la viande sont contradictoires. De Vries et al. (1994) suggèrent qu'il n'existe pas de liaison génétique entre les qualités de carcasse et de viande dans des populations indemnes du gène de sensibilité à l'halothane. A l'inverse, Hermesch et al. (2000) et van Wijk et al. (2005) ont trouvé des liaisons défavorables entre les poids des pièces et le pH ultime, la réflectance et la rétention d'eau. De plus, sur les mêmes populations que la présente étude, Tribout et al. (1996) rapportent une corrélation génétique négative entre taux de muscle estimé et pH ultime (-0,56 en LWF et de -0,21 en LF). Au vu des estimations plus faibles obtenues dans la présente étude, les corrélations génétiques entre taux de muscle et qualité de la viande seraient moins défavorables que celles utilisées depuis 2002 dans les évaluations génétiques (r_g entre taux de muscle et IQV de -0,64 en LWF et -0,59 en LF, non publié).

CONCLUSION

Cette étude réalisée sur les quatre races du schéma national français a permis de mieux caractériser les découpes primaires. L'une des particularités de cette analyse est la taille de l'échantillon étudié (plus de 20 000 carcasses). Ainsi, contrairement à la plupart des études de la littérature, des différences significatives entre races ont pu être mises en évidence. L'estimation des paramètres génétiques des poids des cinq pièces principales de la carcasse a permis de confirmer que le poids des pièces de découpe est héritable. Les corrélations génétiques entre les poids des pièces démontrent des différences entre lignées femelles et lignées mâles (indépendance génétique entre poids de jambon et de longe en lignées mâles) et des différences entre les animaux Piétrain et les animaux des trois autres races (antagonisme génétique entre les poids de jambon et d'épaule).

La plupart des corrélations génétiques entre les indicateurs de qualité de la viande (pH ultime, rétention d'eau et indice de clarté L*) et les poids des pièces ne sont pas significatives. Cependant, une sélection sur les poids de longe et de jambon réduirait le pH ultime en LWF et induirait une viande plus claire dans les trois races blanches.

Les résultats de cette étude pourront permettre de définir de nouveaux objectifs de sélection visant à faire évoluer les poids des différentes pièces de manière sélective. Avant cela, il sera cependant nécessaire d'estimer les relations génétiques entre les poids des pièces et les autres caractères de l'objectif de sélection (critères de croissance, d'efficacité alimentaire, ...). Il est également important de poursuivre la récolte des données en s'intéressant, non plus uniquement au poids des pièces, mais également à la composition de celles-ci en estimant le taux de muscle de chacune d'entre elles. Des outils tels que le tomographe devraient permettre de proposer de nouveaux prédicteurs de la conformation et de la qualité des carcasses.

REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient le personnel des stations publiques de contrôles de performances d'Argentré, Le Rheu et Mauron pour la récolte des données et Rob Jones de l'AGBU pour son aide sur les programmes statistiques. L'analyse de ces données a été réalisée lors du séjour sabbatique d'Isabelle Mérour à l'AGBU (Australie). Cette étude a été réalisée avec le concours financier d'APL (Australian Pork Limited) via le projet APL1233.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Daumas G., 2008. Taux de muscle des pièces et appréciation de la composition corporelle des carcasses. Journées Rech. Porcine, 40, 61-68.
- Daumas G., Causeur D., 2008. Tests d'homologation des appareils automatiques de classement des carcasses de porc. Journées Rech. Porcine, 40, 91-92.
- Gilmour A.R., Gogle B.J., Cullis B.R., Thompson R., 2006. ASReml User Guide Release 2.0, VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.
- Gispert M., Font I Furnols M., Gil M., Velarde A., Diestre A., Carrion D., Sosnicki A.A., Plastow G.S., 2007. Relationships between carcass quality parameters and genetic types. Meat Sci., 77, 397-404.
- Hermesch S., Luxford B.G., Graser H.-U., 2000. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs. Livest. Prod. Sci., 65, 249-259.
- Métayer A., Daumas G., 1998. Estimation par découpe de la teneur en viande maigre des carcasses de porc. Journées Rech. Porcine, 30, 7-11.
- Monin G., Sellier P., Ollivier L., Goutefongea R., Girard J.P., 1981. Carcass characteristics and meat quality of halothane-negative and halothane-positive Piétrain pigs. Meat Sci., 5, 413-428.
- Newcom D.W., Bass T.J., Mabry J.W., Goodwin R.N., 2002. Genetic parameters for pork carcass components. J. Anim. Sci., 80, 3099-3106.
- 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.
- 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.
- van Wijk H.J., Arts D.J.G., Matthews, J.O. Webster, M. Ducor, J.B. and Knol E.F., 2005. Genetic parameters for carcass composition and pork quality estimated in a commercial production chain. J. Anim. Sci., 83, 324-333.