



Etude des paramètres génétiques du défaut viande déstructurée sur les animaux de race Piétrain

Aurélie LE DREAU (1), Carolina GARCIA BACCINO (1), Daniela PENNDU (2), Arnaud BUCHET (2), Pauline DOUSSAL (2), Bruno LIGONESCHE (1)

(1) SAS NUCLEUS, 7 rue des orchidées, 35650 Le Rheu, France

(2) Cooperl Innovation SAS, 1 rue de la gare, 22640 Plestan, France

a.ledreau@nucleus-sa.com

Study of genetic parameters of the PSE-like defect in the Pietrain breed

The PSE-like defect appears during processing of raw pork into cooked ham, which leads to a loss of yield when slicing and therefore an economic loss. This defect is quantified using a visual scoring table that requires deboning the ham. The genetic origin of this defect has not been deeply studied, and the few studies on the subject have focused on crossbred animals. The aim of this work was therefore to study the prevalence of the PSE-like defect in the NN Nucléus Pietrain population and to estimate the genetic parameters of this trait and its correlations with the traits of interest in selection. Thus, a score of PSE-like defect was assigned to 3643 slaughtered animals from two selection farms, for which measurements of conformation, feed consumption ratio and meat quality were also collected. Genetic parameters were estimated using AIREMLF90 software to build a linear model. The PSE-like defect affected 8% of animals. The estimated heritability of the PSE-like score was 0.19 (0.03). The PSE-like defect was slightly and negatively correlated with backfat thickness (-0.28) and with the feed conversion rate (-0.31). The genetic correlations also showed a strong relationship between the PSE-like score and other meat quality characteristics (-0.45 and 0.69 for the ultimate pH of the ham and drip loss, respectively). Thus, selection against the PSE-like defect is possible, and is already made indirectly by selection for the meat quality traits considered in the selection objective.

INTRODUCTION

Le défaut "viande déstructurée" se manifeste lors de la transformation en jambon cuit, ce qui entraîne une perte de rendement et donc une perte économique. Ce défaut est quantifié grâce à une grille de notation visuelle qui nécessite le désossage du jambon. L'origine génétique de ce défaut a très peu été étudiée, et les études sur le sujet portaient sur des animaux croisés. Une seule étude a estimé l'héritabilité de ce défaut à 0,16 (0,3) (Schwob *et al.*, 2018). Un essai a donc été mis en place par Cooperl et Nucléus afin de déterminer les paramètres génétiques du défaut "jambon déstructuré" dans ses populations de lignées mâles. Cette étude a pour but de déterminer la prévalence du défaut dans la population de Piétrain NN Nucléus et d'estimer les paramètres génétiques du défaut viande déstructurée en race Piétrain ainsi que leurs relations avec les caractères d'intérêt en sélection.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux

Cette étude porte sur un effectif de 3643 animaux de race Piétrain NN issus de deux élevages de sélection et abattus entre novembre 2020 et février 2022. Les caractères mesurés lors du contrôle en ferme de ces animaux, ainsi que de leurs contemporains (issus des mêmes bandes de naissance) ont aussi été relevés. Ainsi 8294 performances à 4,5 mois d'âge sont disponibles. Ces performances ont été standardisées pour un poids de 100 kg, permettant ainsi d'obtenir l'âge (A100),

l'épaisseur de lard (L100) et l'épaisseur de muscle (X5100) à 100 kg. Une partie de ces animaux (~16%) dispose aussi d'un Indice de Consommation (IC) individuel standardisé pour la période 40-100 kg. Les données qualité de viande des animaux abattus ont été relevées comme détaillé dans la partie suivante, ainsi que leur Taux de Viande Maigre (TMP). Tous les caractères étudiés ici hormis le défaut déstructuré sont des critères pris en compte dans l'objectif de sélection Piétrain. Ces données sont décrites dans le tableau 1.

Tableau 1 – Description des données de l'étude

Caractère	Nombre de données	Moyenne ± écart-type
A100 (jours)	8294	131,9 ± 10,0
L100 (mm)	8294	7,8 ± 1,0
X5100 (mm)	8294	75,0 ± 5,8
IC	1307	2,23 ± 0,15
TMP (%)	3637	63,2 ± 2,6
pH	3594	5,67 ± 0,17
Taux d'exsudat (%)	3412	2,68 ± 1,75

1.2. Mesures de qualité de viande

Le caractère déstructuré du jambon a été évalué grâce à la grille de notation de l'IFIP (IFIP, 2005). Le jambon est ouvert et la note est directement attribuée sur la chaîne de découpe par un opérateur unique. Le pH a été mesuré au niveau du jambon dans le muscle semi-membraneux 24 heures après abattage.

L'exsudat a été obtenu selon la méthode EZ Drip Loss (Rasmussen et Andersson, 1996) : un échantillon de muscle collecté au niveau de la pointe de la longe 24 heures après abattage est placé dans un tube à exsudat pendant 48 heures. La perte en eau ramenée au poids de l'échantillon (taux d'exsudat) est exprimée en pourcentage.

1.3. Analyses statistiques et modélisation

Un nettoyage préalable des données a été réalisé afin d'éliminer les données aberrantes (au-delà de ± 4 écart-type autour de la moyenne). Un total de 92 enregistrements ont ainsi été écartés. Les effets d'environnement ont été estimés grâce à des modèles linéaires créés sur R à l'aide de la fonction « lm ». Le modèle linéaire a été préféré au modèle catégoriel testé (fonction « glm » du package « ordinal ») car il présente des résultats très similaires à celui-ci, mais est plus simple d'utilisation, notamment pour l'estimation des composants de la variance en modèle bicaractère. Les modèles mixtes utilisés pour l'estimation de composantes de variance sont décrits ci-dessous :

A100, L100, X5100 et IC = Bande de contrôle + Animal

TMP = Bande de contrôle + Âge à l'abattage + Poids de carcasse chaud + Animal

Note de déstructuré, pH et exsudat = Sexe + Date de tuerie + Âge à l'abattage + Poids de carcasse chaud + Animal

L'effet « Bande de contrôle » prend en compte l'effet sexe et l'effet élevage. L'effet « Date de tuerie » permet de prendre en compte des conditions de transport et d'abattage communs. Dans tous les cas, l'effet animal est aléatoire. L'âge à l'abattage et le poids de carcasse chaud sont des covariables.

L'estimation des composants de la variance a été réalisée à l'aide du logiciel AIREMLF90 (Misztal *et al.*, 2014). Le pedigree a été extrait sur 10 générations et compte 20 951 individus.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Prévalence du défaut

Sur 3643 animaux notés, 68,5 % ont été noté 1, 24,6 % noté 2, 7,0 % noté 3 et enfin 1,0 % ont été noté 4. La prévalence du défaut (note 3 et 4) est alors de 7,9 %, ce qui est plus faible que le taux de déstructuration rapporté dans les études récentes sur des animaux croisés (14,4 % chez Schwob *et al.* (2018) et 39 % chez Clinquart *et al.* (2021)). Cependant, cette différence doit être en partie liée au génotype halothane des animaux croisés comportant une part plus ou moins importante de Nn. Schwob *et al.* (2018) ont en effet montré une prévalence de ce défaut significativement supérieure chez les animaux Nn par rapport aux NN.

2.2. Héritabilité et corrélations génétiques

Une héritabilité de 0,19 (0,03) a été estimée pour la note de déstructuration. Cette héritabilité est significative et proche de celle de l'étude de Schwob *et al.* (2018) qui l'estimait à 0,16. Le tableau 2 détaille les héritabilités des caractères d'intérêt en sélection ainsi que leur corrélation génétique avec la note de déstructuration.

Tableau 2 – Héritabilités et corrélations génétiques avec la note de déstructuration (erreur standard entre parenthèses)

Caractère	Héritabilité	Corrélation génétique
A100	0,39 (0,03)	0,07 (0,08) NS
L100	0,45 (0,03)	-0,28 (0,07)
X5100	0,31 (0,03)	0,06 (0,08) NS
IC	0,32 (0,07)	-0,31 (0,14)
TMP	0,28 (0,03)	0,06 (0,08) NS
pH	0,26 (0,03)	-0,45 (0,10)
Taux d'exsudat	0,35 (0,03)	0,69 (0,09)

NS = corrélation non significativement différente de 0

Les corrélations génétiques avec la note de déstructuration ne sont pas significatives pour l'âge à 100 kg et l'épaisseur de muscle. La corrélation est significativement négative avec l'épaisseur de lard ainsi que l'indice de consommation. La corrélation génétique entre la note de déstructuration et le TMP est positive mais non significative. Il existe une relation au niveau génétique: les animaux avec des carcasses présentant un défaut « déstructuré » seraient donc plus maigres et avec un indice de consommation dégradé. Cependant, ces corrélations sont relativement faibles. La note de déstructuration présente une forte corrélation génétique avec les données de qualité de viande, particulièrement avec l'exsudat. Ainsi, un jambon déstructuré est plus susceptible d'être associé à un pH faible et à un fort taux d'exsudat, ce qui est caractéristique d'une viande de moindre qualité.

CONCLUSION

Le taux de jambon déstructuré chez les Piétrain NN de cette étude est de 8 %. La forte corrélation avec les caractères de pH et d'exsudat a très probablement permis de réduire la prévalence de ce défaut par la sélection sur la qualité de viande durant ces dernières années. Cette étude montre ainsi l'importance de poursuivre la sélection sur les caractères de pH et d'exsudat afin d'améliorer la qualité globale de la viande et de diminuer les pertes dues aux viandes déstructurées.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Clinquart A., Korsak N., Harmegnies N., Vanleysem R., Vautier A., Aluwé M., Renard S., 2021. Défaut viande déstructurée : association avec les caractéristiques de la carcasse, de la viande fraîche et du jambon cuit observée lors d'une première étude en Belgique (Région wallonne). Journée Recherche Porcine, 53, 37-42.
- IFIP, 2005. Grille de notation du défaut déstructuré des muscles de la cuisse de porc. IFIP, 4 pages. Communication interne.
- R Core Team, 2020. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Rasmussen AJ, Andersson M., 1996. New method for determination of drip loss in pork muscles. Proceedings of the 42nd international congress of meat science and technology, Lillehammer, Norway. 1–6 September 1996. 286–287.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z. 2014. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, GA. URL http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=application_programs/.
- Schwob S., Vautier A., Lhommeau T., 2018. Étude génétique du défaut "jambon déstructuré". Les Cahiers de l'IFIP - Revue R&D de la filière porcine française. Vol 5 - N°2, 9-20.