



Etude génétique de l'utilisation d'un panel de nez humains comme phénotypes afin de discriminer l'odeur de verrat

Alice MARKEY (1), Christine GROSSE-BRINKHAUS (2), Daniel MÖRLEIN (3), Ernst THOLEN (2), Nicolas GENGLER (1)

(1) ULiège - GxABT, Passage des Déportés 2, 5030 Gembloux, Belgique

(2) Institut des Sciences Animales, Université de Bonn, 53115, Bonn, Allemagne

(3) Département des Sciences Animales, Université de Göttingen, Kellnerweg 6, 37077 Göttingen, Allemagne

alice.markey@uliege.be

Etude génétique de l'utilisation d'un panel de nez humains comme phénotypes afin de discriminer l'odeur de verrat

L'odeur de verrat est une mauvaise saveur perçue lors de la cuisson de la viande de certains mâles entiers. Elle est définie comme fécale et urinaire en association à l'accumulation de scatole (SCA) et d'androsténone (AND) dans la graisse. À la suite de l'intention d'arrêter la castration à vif des porcelets en Europe, la sélection génétique d'individus à faible risque d'odeur a été considérée comme une alternative. Cependant, une question se pose toujours : quel phénotype permet de classer les carcasses ? Si la méthode du nez humain est une référence, sa répétabilité entre opérateurs et l'héritabilité (h^2) de leurs mesures posent débat. La plupart des abattoirs effectuent la discrimination par une méthode où un opérateur chauffe le gras sur la ligne d'abattage et sent si une mauvaise odeur en émane. Hors ligne d'abattage, cette méthode peut être exécutée par un ou plusieurs évaluateurs. En laboratoire, l'odeur de verrat est détectée par des méthodes directes comme le dosage ciblé de composés par HPLC-MS ou indirectes basées sur des profils de composés. Dans cette étude, le scatole et l'androsténone ont été mesurés sur des échantillons de graisse dorsale de carcasses de mâles entiers Pi×F1 ($n = 1016$) et ont été sentis et classés (scores 0-5) par un panel sensoriel humain utilisant un système de notation (SENS). Les composantes de la variance ont été estimées en utilisant un maximum de vraisemblance restreint (REML) et des modèles linéaires mixtes ($h^2_{SCA} = 0,52$, $h^2_{AND} = 0,52$ et $h^2_{SENS} 0,06-0,30$). Les corrélations génétiques sont en moyenne de modérées à élevées ($r_{SCA-AND} = 0,46$, $r_{AND-SENS} = 0,60$, $r_{SCA-SENS} = 0,91$, $r_{SENS} 0,11-0,91$). Les résultats montrent que certains caractères SENS ont une héritabilité modérée (jusqu'à 0,30) et des corrélations génétiques SENS-SCA-AND élevées, indiquant que ces classifications par des évaluateurs entraînés pourraient être utilisées en sélection génétique.

Genetic study of the use of a human nose panel as phenotypes to detect boar taint

Boar taint is an unpleasant flavour perceived when the meat of certain uncastrated male pigs is cooked. It is described as "faecal" and "urinary", associated with the accumulation of skatole (SKA) and androstenone (AND) in fat. Given the intention to stop surgical castration of pigs in the European Union, genetic selection of individuals with a low risk of odour is seen as an alternative. However, the question remains: what phenotype can be used to classify carcasses? While the human nose method is a reference, its repeatability among operators and heritability of their measures are subjects of debate. Out from the slaughter line, this method can be performed by one or more trained assessors. In the laboratory, boar taint is detected using direct methods (e.g. measuring specific compounds using HPLC-MS) or indirect methods based on compound profiles. In this study, SKA and AND were measured in carcass backfat samples from uncastrated Pi×F1 males ($n=1016$) that were also evaluated (scores 0-5) by a human sensory panel scoring system (SENS). Variance components were estimated using restricted maximum likelihood (REML) and mixed linear models ($h^2_{SKA} = 0.52$, $h^2_{AND} = 0.52$ and $h^2_{SENS} = 0.06-0.30$). Mean genetic correlations were moderate to high ($r_{SKA-AND} = 0.46$, $r_{AND-SENS} = 0.60$, $r_{SKA-SENS} = 0.91$, $r_{SENS} = 0.11-0.91$). The results show that some SENS traits has moderate heritability (up to 0.30) and high genetic correlations between SENS-SKA-AND, implying that classifications by trained assessors could be used as a selection variable in a genetic model.

INTRODUCTION

La castration à vif des porcelets est reconnue comme une pratique douloureuse. Son interdiction sans gestion de la douleur commence à être appliquée en Europe occidentale. En Allemagne et en France, cette pratique est abolie depuis, respectivement, 2021 et 2022 (Brinke *et al.*, 2022; Larzul *et al.*, 2022). La non-pratique de la castration engendre, chez certains mâles entiers, la production de l'odeur de verrat, principalement provoquée par l'accumulation de scatole et d'androsténone dans le gras. Ce défaut d'odeur peut être senti par les consommateurs lors de la cuisson de la viande (Duarte *et al.*, 2021). Une solution peut être d'utiliser la sélection génétique pour assurer un risque réduit de transmission de l'odeur à la descendance.

Les modèles de sélection génétique s'établissent généralement sur les concentrations de scatole et d'androsténone dans le gras mesurées en laboratoire, compte tenu de leurs héritabilités de moyennes à élevées (Duarte *et al.*, 2021). Cependant, un phénotype pris en grand nombre, à faible coût et rapidement est la discrimination réalisée par la méthode du « nez humain » en abattoir. Compte tenu des impératifs d'analyses de routine, l'hypothèse d'utiliser les mesures effectuées par des nez humains comme phénotypes fiables dans un modèle génétique de sélection contre l'odeur de verrat est envisagée.

Cette étude a été menée dans l'objectif de déterminer si l'utilisation d'une échelle de scores d'attribution à l'odeur de verrat peut permettre de réaliser une estimation fiable des valeurs d'élevage du risque de l'odeur de verrat. De plus, l'utilisation d'un seul panéliste a été évaluée ainsi que la contribution de groupes de panélistes. Enfin, l'indépendance de la mesure de scatole et de l'androsténone du point de vue environnemental a été estimée pour chaque panéliste.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Animaux

Des mâles entiers ($n = 1016$) issus d'une lignée paternelle Piétrain croisés à des truies commerciales croisées (Pi×F1) ont été élevés dans trois stations de testage de performance en Allemagne. Les gras dorsaux ont été prélevés lors de l'abattage. Les échantillons, divisés en deux sous-échantillons, ont été stockés à -18°C avant d'être analysés.

1.2. Mesures

Le set de données provient de l'étude menée par Mörlein *et al.* (2016), et les méthodes de mesure y sont détaillées.

1.2.1. Analyses chimiques

La scatole (3-méthylindole) et l'androsténone (5 α -androst-16-en-3-one) ont été quantifiés par dilution isotopique stable - microextraction en phase solide dans l'espace de tête - chromatographie en phase gazeuse - spectrométrie de masse (SIDA-HS-SPME-GC-MS). Cette méthode a été développée par Fischer *et al.* (2011).

1.2.2. Evaluation sensorielle

L'évaluation sensorielle a été réalisée par un panel sensoriel humain utilisant un système de notation (SENS). La méthode a été détaillée par Mörlein *et al.* (2016). Un panel composé de 10 évaluateurs a réalisé les mesures d'odeur de verrat sur les échantillons. Ces évaluateurs ont été sélectionnés sur la base de leurs performances olfactives individuelles pour détecter le

scatole et l'androsténone, et ensuite formés à détecter ces composés sur de la graisse. Ces derniers ont également été entraînés à reconnaître des niveaux de scatole et androsténone. L'évaluation sensorielle consistait en la classification d'échantillons chauffés dans un four à micro-ondes (450 W) pendant 80 secondes par les 10 évaluateurs, sur base d'une échelle de six points. La déviation perçue depuis un échantillon standard nul (0) était évaluée sur une échelle de 0 à 5. Huit évaluateurs ont réalisé les mesures sur tous les échantillons, deux d'entre eux ont évalué un sous-ensemble de 856 échantillons.

1.3. Analyses statistiques

1.3.1. Transformations de données

Les transformations de données et les analyses statistiques ont été réalisées par le programme RStudio (RStudio Team, 2020).

Les variables scatole et androsténone ont été transformées par la fonction logarithme après un test de Shapiro-Wilk. Les scores des SENS ont été transformés en « Snell Scores » selon une procédure d'approximation se basant sur Snell (1964) et Mujibi et Crews (2009). Le principe a été de remplacer les SENS, c'est à dire les numéros d'ordre de 6 catégories (0 à 5) par des scores représentant les 6 classes d'observations. Pour les 4 classes intermédiaires (catégories 1 à 4), le « Snell Score » représentant chaque classe a été estimé à partir des fréquences cumulées des bornes de la classe transformées en z-scores puis moyennés. Pour les classes extrêmes, les SENS ont été remplacés par des approximations estimées en fonction des bornes connues et de la proportion couverte par la classe extrême (Mujibi et Crews, 2009). Dans la suite du document quand la terminologie SENS sera utilisée, il est sous-entendu qu'il s'agit de Snell Scores provenant de cette transformation effectuée sur les scores attribués par le panel sensoriel humain utilisant un système de notation.

1.3.2. Modèle génétique

Les composantes de (co)variance ont été estimées par la suite de programmes BLUPF90 (Miszta *et al.*, 2018). Les paramètres génétiques (héritabilité (h^2) et corrélations génétiques (r_G)) ont été calculés en utilisant le maximum de vraisemblance restreint et des modèles linéaires mixtes. Les erreurs standards ont été calculées selon Meyer et Houle (2013). Le modèle multivarié ci-dessous a permis d'estimer les composantes de (co)variance :

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b}^* + \mathbf{Z}\mathbf{u}^* + \mathbf{e}^*$$

où \mathbf{y} est le vecteur contenant les phénotypes (log(scatole), log(androsténone) et Snell(SENS)), \mathbf{b} est le vecteur d'effets fixes (station de testage et mois d'abattage) et de la régression appliquée sur le poids à l'abattage ($94,9 \pm 4,8$ kg), \mathbf{u}^* est le vecteur des effets aléatoires génétiques additifs comprenant un pedigree de 1934 animaux, \mathbf{e}^* est le vecteur des résidus ; \mathbf{X} et \mathbf{Z} sont les matrices d'incidences des effets fixes et aléatoires, respectivement. Les effets génétiques additifs et résiduels sont distribués selon des distributions gaussiennes multivariées : $\mathbf{u}^* \sim N(0, \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}^*)$ et $\mathbf{e}^* \sim N(0, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}^*)$ où \mathbf{A} est la matrice de parenté additive de dimension identique au nombre d'animaux dans le pedigree, \mathbf{I} est une matrice identité de dimension égale au nombre d'enregistrements multivariés, \mathbf{G}^* et \mathbf{R}^* sont des matrices de (co-)variances élémentaires génétiques et résiduelles entre caractères analysés.

1.3.3. Fonctions de covariable

Les paramètres génétiques moyens et les groupements par SENS ont été calculés par des fonctions de covariable avec le logiciel de calcul numérique GNU Octave (Eaton *et al.*, 2020).

Les paramètres de toutes les combinaisons de deux et trois panélistes et la moyenne de tous les panélistes ont été calculés. Seuls les résultats des groupements ayant une héritabilité supérieure à celle de la moyenne ont été rapportés.

1.3.4. Modèle récursif

Afin d'évaluer l'indépendance des valeurs olfactives attribuées aux échantillons par rapport à la perception du scatole et de l'androsténone par les évaluateurs, un modèle récursif a été appliqué selon la méthode présentée par Varona et González-Recio (2023), en appliquant une transformation aux matrices génétiques (G^*) et résiduelles (R^*), obtenue en 1.3.2., pour décrire le modèle récursif et ainsi obtenir a posteriori les composantes de covariance associées au modèle récursif.

La méthode s'est appliquée comme suit :

1. Estimation du modèle multivarié (1.3.2.).
2. Calcul des coefficients d'ajustement (Λ) des SENS par rapport aux mesures de scatole et d'androsténone. Λ est une matrice 12 × 12 des paramètres du modèle récursif.
3. Application des Λ sur les matrices de variances estimées multivariées ($R = \Lambda R^* \Lambda'$ et $G = \Lambda G^* \Lambda'$) afin de d'estimer les composantes de covariance associées au modèle récursif.

Les pourcentages de variation entre variances phénotypiques (VP), génétiques (VG) et résiduelles (VR) obtenues avec le modèle multivarié (MM) et le modèle récursif (MR) ont été calculés comme suit :

$$\%VP = \frac{VP_{MM} - VP_{MR}}{VP_{MM}} * 100$$

$$\%VG = \frac{VG_{MM} - VG_{MR}}{VG_{MM}} * 100$$

$$\%VR = \frac{VR_{MM} - VR_{MR}}{VR_{MM}} * 100$$

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. Composantes de (co-)variance

Les héritabilités estimées, présentées en Tableau 1, pour le scatole et l'androsténone ($h^2 = 0,52$) sont élevées comme relaté par exemple par Duarte *et al.* (2021).

Tableau 1 – Estimations des héritabilités (h^2) et erreurs standards du scatole (SCA), de l'androsténone (AND) et scores attribués par le panel sensoriel humain utilisant un système de notation (SENS) pour chaque panéliste (1-10)

	h^2		Erreur standard
SCA	0,52	±	0,07
AND	0,52	±	0,08
SENS 1	0,11	±	0,02
SENS 2	0,16	±	0,05
SENS 3	0,07	±	0,02
SENS 4	0,24	±	0,05
SENS 5	0,11	±	0,03
SENS 6	0,06	±	0,02
SENS 7	0,30	±	0,06
SENS 8	0,08	±	0,03
SENS 9	0,23	±	0,05
SENS 10	0,12	±	0,03

Les héritabilités des scores attribuées par le panel sensoriel humain utilisant un système de notation (SENS) varient de faibles à modérées (de 0,06 à 0,30). Aucune héritabilité n'avait été reportée précédemment sur un système d'évaluation sensorielle regroupant une échelle de 0 à 5. Cependant, selon d'autres systèmes de notation, les héritabilités de « nez humains » (échelle 0-4) ont été estimées entre 0,12 et 0,19 par Windig *et al.* (2012). Le paramètre d'héritabilité va permettre d'avoir une idée de la répétibilité d'attribution du score par un panéliste à travers les familles. Par exemple, les panélistes 4, 7 et 9 attribuent de manière plus assurée et répétable les SENS que les panélistes 8 et 3.

Les corrélations phénotypiques (r_p) et génétiques estimées (r_g) du scatole, de l'androsténone et des SENS sont reportées dans le Tableau 2.

Les corrélations phénotypique et génétique entre le scatole et l'androsténone sont de 0,38 et 0,46, valeurs similaires à ce que reporte Windig *et al.* (2012).

Tableau 2 – Estimations des corrélations génétiques (au-dessus de la diagonale) et phénotypiques (en-dessous) du scatole (SCA), de l'androsténone (AND) et des scores attribués par le panel sensoriel humain utilisant un système de notation (SENS) pour chaque panéliste (1-10)

	SENS											
	SCA	AND	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SCA		0,46	0,85	0,47	0,82	0,83	0,80	0,89	0,71	0,36	0,86	0,61
AND	0,38		0,52	0,44	0,30	0,52	0,60	0,58	0,50	0,24	0,53	0,54
1	0,36	0,21		0,57	0,58	0,70	0,58	0,70	0,64	0,19	0,77	0,47
2	0,26	0,26	0,30		0,64	0,35	0,53	0,61	0,39	0,36	0,57	0,58
3	0,24	0,12	0,19	0,19		0,81	0,71	0,74	0,51	0,38	0,79	0,66
4	0,38	0,27	0,26	0,30	0,16		0,62	0,60	0,58	0,16	0,83	0,58
5	0,39	0,30	0,27	0,25	0,15	0,26		0,91	0,64	0,19	0,85	0,46
6	0,24	0,17	0,21	0,20	0,12	0,23	0,18		0,75	0,52	0,79	0,68
7	0,43	0,30	0,32	0,25	0,14	0,35	0,31	0,23		0,47	0,78	0,72
8	0,07	0,09	0,41	0,06	0,05	0,09	0,07	0,03	0,13		0,11	0,72
9	0,45	0,26	0,20	0,19	0,07	0,23	0,23	0,17	0,29	0,04		0,53
10	0,26	0,22	0,27	0,32	0,17	0,23	0,24	0,16	0,23	0,05	0,18	

Les corrélations phénotypiques entre SENS et le scatole sont comprises entre 0,07 et 0,45 et celles entre SENS et l'androsténone sont comprises entre 0,09 et 0,30. Ces valeurs montrent que bien que les panélistes aient été sélectionnés sur la base des mêmes compétences, leur assignation des scores par rapport au scatole et à l'androsténone est variable en fonction de chaque individu.

Les corrélations phénotypiques entre caractères SENS sont comprises entre 0,03 et 0,41. Sans surprise, les résultats sont variables. Cependant, la question de leur similarité peut se poser compte tenu certaines valeurs plus élevées entre SENS.

Les corrélations génétiques entre SENS et le scatole sont comprises entre 0,36 et 0,89 et celles entre SENS et l'androsténone sont comprises entre 0,24 et 0,60. Ces résultats montrent un lien très fort avec le scatole (p. ex. les panélistes 6 ($r_g = 0,89$) et 9 ($r_g = 0,86$)) et un lien plus modéré avec l'androsténone (p.ex. les panélistes 5 ($r_g=0,60$) et 6 ($r_g=0,58$)). Les corrélations génétiques entre SENS varient entre 0,11 et 0,91. Il est possible donc d'émettre l'hypothèse que les

membres du panel, bien que formés de manière approfondie, ont détecté différemment les composés en fonction de leur sensibilité et de leur spécificité. Génétiquement parlant, l'attribution des scores de certains panélistes est plus similaire que celle d'autres.

D'après le Tableau 2, le panéliste 7 qui a produit la plus haute héritabilité ($h^2=0,30$, Tableau 1) et des corrélations phénotypiques et génétiques comprises parmi les plus élevées avec le scatole et l'androsténone ($r_{GSCA} = 0,71$; $r_{GAND} = 0,50$; $r_{PSCA}=0,43$; $r_{PAND}=0,30$) par rapport au panéliste 8 qui a eu un h^2 très faible ($h^2=0,08$) et des corrélations très faibles par rapport à la moyenne ($r_{GSCA}=0,36$; $r_{GAND}=0,24$; $r_{PSCA}=0,07$; $r_{PAND}=0,09$). À long terme, ces résultats montrent que les estimations de h^2 et les corrélations avec le scatole et l'androsténone peuvent aider à valider les capacités de discrimination des panélistes formés.

2.2. Moyennes et groupements par fonctions de covariable

Tableau 3 – Estimations des héritabilités (diagonale), corrélations phénotypiques (en-dessous) et génétiques (au-dessus) du scatole (SCA), de l'androsténone (AND) et de la moyenne des scores attribués par le panel sensoriel humain utilisant un système de notation (SENS)

	SCA	AND	Moyenne SENS
SCA	0,52	0,46	0,91
AND	0,38	0,52	0,60
Moyenne SENS	0,58	0,41	0,31

L'utilisation de la moyenne des SENS augmente l'estimation de l'héritabilité (0,31) (Tableau 3) comparée à celle des SENS individuels ($h^2 \sim 0,06-0,30$) (Tableau 1). Les corrélations génétiques montrent un lien très fort avec le scatole ($r_G=0,91$) et plus modéré avec l'androsténone ($r_G=0,60$) ce qui signifie que l'utilisation de la moyenne de SENS a entraîné une réponse très forte pour le scatole et, dans une moindre mesure, pour l'androsténone. Les résultats obtenus ici ont révélé que l'utilisation de la moyenne des SENS d'un groupe d'évaluateurs donne, comme attendu, des estimations plus élevées de h^2 et que les corrélations avec l'odeur de verrot sont plus faibles que les SENS individuels. Cependant, la valeur maximale des

Tableau 5 – Estimations des corrélations génétiques (au-dessus de la diagonale) et phénotypiques (en-dessous) des scores attribués par le panel sensoriel humain utilisant un système de notation (SENS) pour chaque panéliste (1-10) corrigés pour le scatole (SCA) et l'androsténone (AND) selon le modèle récursif

		SENS											
		SCA	AND	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
SCA			0,46	0,23	-0,05	0,38	0,69	-0,32	0,68	0,39	0,33	0,60	0,11
AND		0,38		0,03	-0,11	-0,25	0,29	-0,41	0,20	0,23	0,02	0,33	0,09
1		0,03	0,00		0,28	-0,16	0,09	-0,47	-0,10	0,09	-0,18	0,20	-0,21
2		-0,01	-0,03	0,21		0,49	-0,16	0,22	0,27	-0,03	0,20	0,20	0,34
3		0,05	-0,03	0,11	0,13		0,55	0,20	0,37	-0,01	0,32	0,42	0,37
4		0,20	0,08	0,13	0,20	0,08		-0,40	0,09	0,20	0,03	0,63	0,12
5		-0,05	-0,06	0,13	0,15	0,06	0,09		0,25	-0,09	-0,27	0,12	-0,29
6		0,07	0,02	0,13	0,13	0,07	0,16	0,08		0,45	0,55	0,39	0,26
7		0,12	0,07	0,18	0,13	0,04	0,23	0,14	0,14		0,38	0,55	0,46
8		0,07	0,00	0,03	0,03	0,04	0,07	0,03	0,01	0,11		-0,18	0,84
9		0,14	0,08	0,04	0,06	-0,04	0,09	0,04	0,07	0,13	0,01		-0,02
10		0,02	0,02	0,19	0,25	0,11	0,13	0,13	0,10	0,11	0,03	0,07	

héritabilités des SENS individuels est proche de la moyenne, ce qui suggère que l'utilisation d'un panéliste ou d'un groupement de panélistes pour leur complémentarité pourrait être une stratégie afin d'utiliser les SENS de manière plus précise.

Des fonctions de covariable ont également été utilisées pour réaliser des groupements de panélistes et étudier leur complémentarité. Seuls les groupements avec une héritabilité plus élevée que la moyenne ont été gardés. Les résultats sont présentés ci-dessous.

Tableau 4 – Estimations des héritabilités (h^2), corrélations génétiques (r_G) et phénotypiques (r_P) pour les groupements des scores attribués par le panel sensoriel humain utilisant un système de notation (SENS) de 2 ou 3 panélistes (1-10) avec le scatole (SCA) et l'androsténone (AND)

Groupe de SENS			h^2	r_{PSCA}	r_{PAND}	r_{GSCA}	r_{GAND}
4	7	9	0,40	0,58	0,38	0,88	0,57
-	4	9	0,35	0,53	0,34	0,88	0,55
-	7	9	0,35	0,54	0,34	0,84	0,55
3	4	9	0,34	0,54	0,33	0,89	0,51
1	4	9	0,34	0,57	0,36	0,91	0,57
7	9	10	0,34	0,55	0,37	0,84	0,58
4	5	9	0,34	0,58	0,39	0,90	0,58
2	7	9	0,33	0,54	0,38	0,82	0,58
5	7	9	0,33	0,58	0,39	0,86	0,58
4	9	10	0,33	0,54	0,37	0,89	0,59
1	7	9	0,33	0,57	0,36	0,88	0,57
2	4	9	0,32	0,52	0,37	0,86	0,58
3	7	9	0,32	0,55	0,33	0,88	0,52

Ce calcul confirme que les panélistes 4, 7 et 9 seraient choisis pour phénotyper les gras dans un objectif de calcul de valeurs d'élevage fiables. La combinaison optimale en termes d'héritabilité est la moyenne des SENS des panélistes 4, 7 et 9 compte tenu sa haute héritabilité et ses valeurs de corrélations proches de celles de la moyenne.

Dans l'hypothèse d'un choix de panélistes, les 4, 7 et 9 seraient les meilleurs pour obtenir des SENS utiles pour la sélection génétique. Cependant, dans une réalité économique, l'utilisation de trois personnes peut être un frein. C'est pourquoi un équilibre doit être trouvé entre le nombre de panélistes et la qualité de la détection dans l'objectif d'obtenir des valeurs d'élevage fiables.

2.3. Modèle récursif

Cette étude a été réalisée pour déterminer si les panélistes attribuent les SENS de manière similaire en excluant la perception du scatole et de l'androsténone. En effet, le modèle récursif permet de modéliser les effets génétiques tout en maintenant les caractéristiques causales (scatole et androsténone) constantes au niveau environnemental. Les résultats sont présentés dans le Tableau 5.

Les corrélations phénotypiques, obtenues après application du modèle récursif, sont toutes réduites (de -0,05 à 0,21) et sont presque nulles, ce qui signifie que, au plan phénotypique, les SENS attribués l'étaient en fonction du scatole et de l'androsténone. Pour les corrélations génétiques (de -0,47 à 0,84), certaines sont toujours très élevées comme pour les panélistes 6 ($r_{GSCA}=0,68$; $r_{GAND}=0,20$) et 9 ($r_{GSCA}=0,60$; $r_{GAND}=0,33$). Ces résultats signifient que, probablement, ces panélistes sentent un composé qui est corrélé au scatole ou à l'androsténone (p. ex., indole).

Une corrélation génétique qui retient particulièrement l'attention est celle entre les panélistes 8 et 10 qui s'élève à 0,84. Ces SENS se classent de manière très similaire indépendamment du scatole et de l'androsténone, qui pourrait dire que ces panélistes détectent un ou plusieurs autre(s) composé(s) de façon similaire et qui est en outre partiellement héritable (Tableau 6). Ces panélistes sont probablement sensibles similairement à certains composés, non inclus dans l'étude, mais qui ne sont pas corrélés au scatole et à l'androsténone, et classent en fonction de ces derniers. Finalement, certaines corrélations sont devenues négatives, jusqu'à -0,47 ce qui signifie que des panélistes comme le 1 et le 5 renvoient génétiquement dans la direction opposée après correction pour l'influence environnementale du scatole et de l'androsténone.

Afin d'évaluer la variabilité avec et sans contribution du scatole et de l'androsténone, les variances et l'héritabilité des SENS sont présentés ci-dessous.

Tableau 6 – Pourcentage de variation des variances phénotypiques (VP), génétiques (VG) et résiduelles (VR), et héritabilité (h^2) des scores attribués par le panel sensoriel humain utilisant un système de notation pour chaque panéliste (SENS 1-10), entre le modèle multivarié (MM) et le modèle récursif (MR)

SENS	%VP	%VG	%VR	h^2 (MM)	h^2 (MR)
1	13,28	72,57	5,98	0,11	0,03
2	9,61	27,86	6,05	0,16	0,13
3	5,28	50,09	2,15	0,07	0,03
4	13,21	43,69	3,36	0,24	0,16
5	17,17	63,58	11,66	0,11	0,05
6	5,86	66,96	1,75	0,06	0,02
7	19,10	46,60	7,46	0,30	0,20
8	0,56	1,50	0,48	0,08	0,08
9	19,32	62,06	6,50	0,23	0,11
10	8,51	45,08	3,76	0,12	0,07

Ces résultats permettent d'évaluer la part des variances SENS expliquées ou non par le scatole et l'androsténone. Généralement, environ 50 % ou plus de la variance génétique s'explique par le scatole et l'androsténone à l'exception des

panélistes 2 et, remarquablement, 8. Ce dernier n'attribue pas les SENS en fonction du scatole et de l'androsténone (%VP=0,56 % ; %VG=1,50 % ; %VR=0,48 %). A l'inverse, la variance génétique du panéliste 1 varie de 72,6 % et implique que l'attribution des scores est majoritairement réalisée en fonction du scatole et de l'androsténone. En effet, ses corrélations génétiques avec le scatole et l'androsténone estimées par le modèle multivarié ($r_{GSCA}=0,85$ et $r_{GAND}=0,52$; Tableau 2) étaient déjà relativement élevées. Les résultats du modèle récursif, à travers les variances expliquées, permettent donc de confirmer l'utilité des SENS du panéliste 1, malgré une héritabilité moyenne, pour discriminer les échantillons de gras selon les composés pour lesquels il a été entraîné.

Les héritabilités estimées ont été réduites de 0,06 – 0,30 à 0,02 – 0,20 signifiant que malgré la non-contribution du scatole et de l'androsténone, certains panélistes comme le 7 détectent toujours une contribution héritable.

CONCLUSION

Dans le cadre d'un programme de sélection visant à réduire le risque de développement de l'odeur de verrat, une méthode plus fiable, pratiquement réalisable et peu coûteuse pourrait être le test de la descendance des verrats reproducteurs par l'utilisation d'une échelle de scores d'attribution à l'odeur de verrat. L'étude des SENS de 10 panélistes permet de démontrer que les panélistes, bien qu'entraînés pour les mêmes compétences, ont des réponses variables les uns par rapport aux autres. L'utilisation de plusieurs panélistes, comme observé à travers les scores moyennés des 10 panélistes testeurs, pourrait permettre d'assurer, à travers leur combinaison, des évaluations génétiques fiables. Cependant, dans une réalité économique, le choix ne peut se porter que sur un ou quelques panélistes montrant des performances proches de la moyenne validées par l'estimation de paramètres génétiques.

Enfin, l'étude de l'indépendance dans la mesure du scatole et de l'androsténone a révélé que certains panélistes semblent sentir des composés corrélés au scatole et à l'androsténone. De plus, certains panélistes sont davantage liés indépendamment du scatole et de l'androsténone et seraient capables de sentir d'autres composés d'une façon consistante à travers les familles génétiques.

La conclusion finale est que les scores SENS attribués par un seul panéliste sont des phénotypes potentiellement utilisables dans un modèle génétique. Cependant, leurs corrélations génétiques avec le scatole et l'androsténone, y compris à influence environnementale constante, et leur héritabilité doivent aussi être rigoureusement validées en plus de leur habilité phénotypique à détecter le scatole et l'androsténone.

REMERCIEMENTS

Nous remercions le Service Public de Wallonie (SPW) Agriculture de la Région Wallonne (RW) pour son soutien à travers le projet NoWallOdor (D65-1430) (Belgique). La mobilité scientifique à l'Université de Bonn, qui a permis ces recherches, a été financée par le Fonds de la Recherche Scientifique (FNRS), la Fédération Wallonie-Bruxelles (FWB) et la RW. Les données étudiées ici appartiennent au projet Strat-E-Ger qui a été soutenu par des fonds du Ministère fédéral de l'alimentation et de l'agriculture (BMEL) via l'Office fédéral de l'agriculture et de l'alimentation (BLE) dans le cadre du programme de soutien à l'innovation, subvention n° 313-06.01-28-1-68.024-11 (Allemagne).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Brinke I., Große-Brinkhaus C., Roth K., Pröll-Cornelissen M.J., Schiefler I., Tholen E., 2022. Meta-analyses for boar taint compounds in two purebred maternal lines and Piétrain-sired crosses. In Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), Rotterdam, the Netherlands, pp. 3302-3305.
- Duarte D.A.S., Schroyen M., Mota R.R., Vanderick S., Gengler N., 2021. Recent genetic advances on boar taint reduction as an alternative to castration: a review. *J. Appl. Genetics*, 62, 137-150.
- Eaton J.W., Bateman D., Hauberg S., Wehbring R., 2020. GNU Octave version 6.1.0 manual: a high-level interactive language for numerical computations. Consultable : <https://www.gnu.org/software/octave/doc/v6.3.0/>.
- Fischer J., Elsinghorst P. W., Bücking M., Tholen E., Petersen B., Wüst M., 2011. Development of a candidate reference method for the simultaneous quantitation of the boar taint compounds androstenone, 3 α -androstenol, 3 β -androstenol, skatole, and indole in pig fat by means of stable isotope dilution analysis–headspace solid-phase microextraction–gas chromatography/mass spectrometry. *Anal. Chem.*, 83, 6785-6791.
- Larzul C., Mercat M.-J., Hassenfratz C., Carillier-Jacquin C., Comte R., Blanchet B., Louveau I., Boulot S., Prunier A., 2022. Genetic determinism of boar taint in the French Landrace pig breed. In Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), Rotterdam, the Netherlands, pp. 3245-3248.
- Meyer K., Houle D., 2013. Sampling based approximation of confidence intervals for functions of genetic covariance matrices. *Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet*, 20, 523-526.
- Misztal I., Tsuruta S., Lourenco D. A. L., Masuda Y., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z., 2018. Manual for BLUPF90 family programs. Consultable: <http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=documentation>.
- Mörlein D., Trautmann J., Gertheiss J., Meier-Dinkel L., Fischer J., Eynck H.-J., Heres L., Looft C., Tholen E., 2016. Interaction of skatole and androstenone in the olfactory perception of boar taint. *J. Agric. Food Chem.*, 64, 4556-4565.
- Mujibi F.D.N., Crews D.H., 2009. Genetic parameters for calving ease, gestation length, and birth weight in Charolais cattle. *J. Anim. Sci.*, 87, 2759-2766.
- RStudio Team, 2020. RStudio: Integrated development for R. RStudio. Consultable : <http://www.rstudio.com/>.
- Snell E.J., 1964. A scaling procedure for ordered categorical data. *Biometrics*, 20, 592.
- Varona L., González-Recio O., 2023. Invited review: Recursive models in animal breeding: Interpretation, limitations, and extensions. *J. Dairy Sci.*, 106, 2198-2212.
- Windig J.J., Mulder H. A., ten Napel J., Knol E. F., Mathur P. K., Crump R. E., 2012. Genetic parameters for androstenone, skatole, indole, and human nose scores as measures of boar taint and their relationship with finishing traits. *J. Anim. Sci.*, 90, 2120-2129.