

Intérêt de l'efficacité digestive pour améliorer le progrès génétique de l'efficacité alimentaire chez le porc nourri avec une alimentation riche en fibres alimentaires

Vanille DERU (1,2), Marie-José MERCAT (3), David PICARD DRUET (3), Bruno LIGONESCHE (4), Carolina GARCIA BACCINO (4), Loïc FLATRES-GRALL (5), Guillaume LENOIR (5), Florence YTOURNEL (5), Maxime BANVILLE (3), Hélène GILBERT (2)

(1) Ecole d'ingénieurs de Purpan, 31076 TOULOUSE Cedex 3, France

(2) Université de Toulouse, INRAE, ENVT, GenPhySE, 31320 Castanet-Tolosan, France

(3) IFIP-Institut du Porc, 35740 Pacé, France

(4) Nucléus SAS, 35650 Le Rheu, France

(5) Axiom, 37310 Azay-sur-Indre, France

vanille.deru@purpan.fr

Importance of digestive efficiency in improving genetic progress of feed-use efficiency in pigs fed a high-fibre diet

Improving feed-use efficiency (FE) remains a major challenge for the sustainability of the pig-production sector. Digestive efficiency, estimated through digestibility coefficients (DC) of nitrogen, organic matter, and energy, is a mechanism for enhancing the digestive component of FE. This study evaluated the additional genetic gain obtained in the feed conversion ratio (FCR) when phenotyping these three DC and integrating them into a selection index, depending on whether selection was performed using a conventional (CO) or high-fibre (F) diet, which influences genetic parameters. Four scenarios were tested for each diet using the AlphaSimR package: a generic scheme with weight on FCR only in the selection index, a generic scheme with a 30% additional budget for DC phenotyping, and two variants that integrated DC in the index, with 25% or 50% of the FCR weight. For each scenario, the annual genetic progress (ΔG_a), expressed in genetic standard deviations (σ_a), was simulated and compared among diets. Within the generic scheme, ΔG_a for FCR was significantly more favourable under the F diet than under the CO diet (-0.81 vs -0.71 σ_a , respectively; $P < 0.001$). With a 30% additional budget for DC phenotyping, ΔG_a for FCR increased by 13% under the CO diet and by 14% under the F diet. When allocating 25% or 50% of the FCR weight to DC, ΔG_a for FCR increased by 10% and 4%, respectively, under the CO diet, and by 10% and 9%, respectively, under the F diet compared to the generic scheme. Thus, alternative scenarios improve ΔG_a for FCR compared to the generic scheme, regardless of the diet. Consequently, phenotyping and integrating DC is relevant for improving FE under both diets.

INTRODUCTION

L'amélioration génétique de l'efficacité alimentaire (EA) est un levier clé pour soutenir la durabilité des élevages porcins. Elle constitue un critère central de sélection, pesant 30 à 40 % dans les objectifs des lignées paternelles (Verrier *et al.*, 2020). L'utilisation de régimes plus riches en fibres, difficiles à digérer, représente une option réaliste pour réduire la compétition sur les ressources. Dans ce contexte, les coefficients d'utilisation digestive (CUD) de la matière organique (CUDMO), de l'énergie (CUDE) et de l'azote (CUDN), sont des indicateurs pertinents pour améliorer la composante digestive de l'EA. Leur héritabilité est modérée en régime conventionnel (CO) (0,26–0,27) et élevée avec un régime plus fibreux (F) (0,54–0,56), avec des corrélations génétiques favorables avec l'EA (Déro *et al.*, 2024). Ces différences suggèrent des réponses à la sélection distinctes selon le régime. Cette étude simule des schémas de sélection avec ou sans données de CUD, afin de comparer les progrès génétiques sur l'indice de consommation (IC), objectif principal de l'EA, selon le régime.

1. MATÉRIEL ET MÉTHODES

1.1. Simulations des schémas de sélection

Des simulations de schémas de sélection ont été réalisées à l'aide du package R AlphaSimR (Gaynor *et al.*, 2021). Chaque schéma a été évalué dans deux contextes alimentaires distincts, correspondant à des régimes de type CO et F.

Un premier schéma de sélection générique (Générique) d'une population paternelle a été simulé, avec 40 % des mâles phénotypés pour l'IC, comme décrit en détail dans Déro *et al.* (2024). L'index de sélection (I) des reproducteurs a été construit à partir des valeurs génétiques (VG) pour l'âge à 100 kg (A100), l'épaisseur de lard dorsal (ELD), le taux de muscle (X5), l'IC, le rendement de carcasse (RDT), le pH 24h après l'abattage (pH24) et le taux d'exsudat (TEX) :

$$I = -1,5 * VG_{A100} - 4 * VG_{ELD} + 5 * VG_{X5} - 225 * VG_{IC} + 8 * VG_{RDT} - 250 * VG_{pH24} - 4 * VG_{TEX}$$

Sur cette base, trois schémas alternatifs ont été simulés : le scénario « +30%CUD » alloue 30% de budget supplémentaire