

Impact de l'amélioration de la précision de l'estimation du gras intramusculaire sur les stratégies de sélection

Denis CUDREY (1), Loïc FLATRES-GRALL (2), Kambiz KASHEFIFARD (1), Florence YTURNEL (1), Guillaume LENOIR (1)

(1) Axiom Genetics, La Garenne 37310 Azay sur Indre, France

(2) Chrysalide Loïc Flatrès-Grall, Dinéault, France

dcudrey@axiom-genetics.com

Reducing noise in phenotyping helps to define index equilibrium

The amount of intramuscular fat (IMF) is an important factor for the palatability of pork. Duroc lines are often selected on this trait due to their high potential for IMF. To select this trait, AXIOM estimates *in vivo* the IMF content based on ultrasound images of the loin. Since 2021, this estimation method has changed to reduce noise during data acquisition, which has increased the heritability of IMF. Effects of changes in genetic parameters on genetic gains can now be predicted by simulating the Duroc selection scheme. In the study described here, only the IMF genetic parameters differed between simulations. For each simulation, we chose a method to estimate the IMF content of pork and estimate genetic parameters based on it. Simulations were based on multitrait selection, but breeding goals were based completely on the IMF contents. A less biased estimation of the phenotypes led to a higher gain on IMT (+7%) through genetic correlation with other measured traits. Indeed, the gains were improved for growth (+25%) and loin muscle depth (+15%). The genetic gain for feed conversion ratio was similar among the cases studied. Only the gains for backfat thickness worsened (-11%). Simulating a more realistic index (by combining several traits that could be adversely correlated) is eased by the increase in measurement accuracy. Phenotyping noise reduction helps to manage the compromise needed to select a line.

INTRODUCTION

Le taux de Gras IntraMusculaire (GIM) est un critère important pour la qualité organoleptique des viandes de porc (Faucitano *et al.*, 2006). En raison de leurs taux de GIM habituellement élevés, les lignées Duroc sont propices à la sélection de ce caractère.

Pour réaliser cette sélection AXIOM estime *in vivo* le GIM des candidats sur la base d'image d'échographie de la longe. Depuis 2021, une méthode automatisée d'analyse d'images est utilisée afin d'estimer la teneur en GIM du carré (Kashefifard *et al.*, 2024). Ce changement a permis d'améliorer significativement l'hérédité du critère GIM (Flatres-Grall *et al.*, 2022). AXIOM a aujourd'hui suffisamment de recul sur l'utilisation de cette méthode pour remplacer l'ancienne approche (Flatres-Grall *et al.*, 2022) dans l'évaluation génétique de routine de la lignée Duroc.

Cette intégration est l'occasion de faire évoluer l'index de sélection de la lignée. Cette évolution a été permise en simulant les réponses à la sélection de la lignée pour ce critère, permettant également d'estimer les impacts des modifications des paramètres génétiques du GIM sur la réponse à la sélection.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Population considérée

La population considérée comprend 6969 mâles et 6248 femelles issus de la lignée Duroc Français Axiom, nés entre 2019 et 2024 sur un même site. L'ensemble des animaux ont des

mesures de gain moyen quotidien (GMQ), d'épaisseur de lard dorsal ajustée à 100kg (L100), d'épaisseur de muscle dorsal ajustée à 100 kg (X100), d'indice de consommation (IC), de GIM calculé avec l'ancienne méthode (GIMref) et de GIM calculé avec la nouvelle méthode de mesure (GIMn). Le pedigree comprend 14440 animaux nés entre 2000 et 2024, soit tous les animaux avec performances et leurs descendants.

Les deux méthodes d'estimation du taux de GIM, permettant d'obtenir les caractères GIMref et GIMn, ont été détaillées par Kashefifard *et al.* (2024).

1.2. Calcul des paramètres génétiques

Deux jeux de paramètres génétiques ont été calculés pour les cinq caractères sélectionnés, un pour chacun des deux caractères de GIM disponible (jeuGIMref et jeuGIMn pour GIMref et GIMn, respectivement).

Ces calculs ont été réalisés à l'aide de la suite de logiciels BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2014). Les modèles utilisés sont similaires pour tous les caractères et incluent comme effet fixe la bande de mesure (incluant l'élevage de mesure et le sexe), et comme effets aléatoires, la portée de naissance (sauf pour les GIM) et l'effet génétique additif de chaque animal. Le poids au moment de la mesure a été intégré comme covariable dans le modèle.

1.3. Simulation des progrès génétiques

Les simulations déterministes de progrès génétiques ont été réalisées avec le logiciel SelAction (Rutten *et al.*, 2002). La modélisation se base sur l'organisation actuelle de la population