

# Etude de la composante génétique du défaut « jambon déstructuré »

## Partenariats :

France Génétique Porc, groupement Porvéo, SCEA Moulin Neuf, abattoir Jean Floc'h et salaisons Bernard.

## Financeurs :

ABC Peyrolles, Herta, Jean Floc'h, Kermené.

## Contact :

sandrine.schwob@ifip.asso.fr

## Valorisation

### Publications

- Rapport d'étude : Schwob S., Vautier A., Lhommeau T., 2018, 15 p.
- Article : Les cahiers de l'IFIP, 2018, 5(2) :9-20.

### Autres transferts

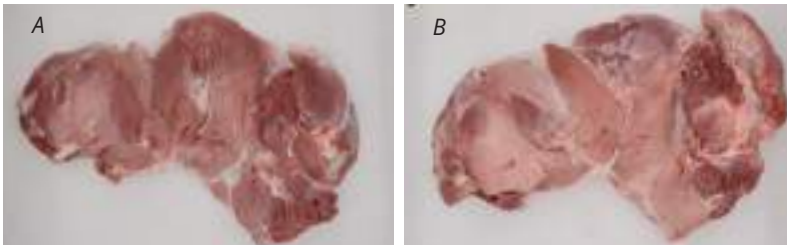
- Restitution des résultats auprès des industriels qui ont cofinancé l'étude et des partenaires techniques.

## Contexte et objectifs

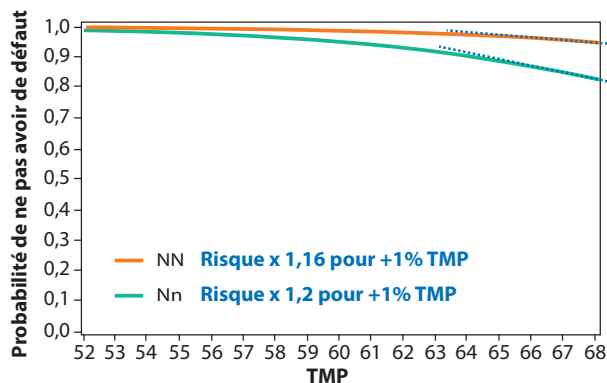
Le défaut « jambon déstructuré » constitue un handicap majeur dans la technologie de fabrication du jambon cuit. Actuellement, il n'est détectable qu'après désossage du jambon, ce qui complique son élimination. Cette étude a pour objectif de **mieux comprendre l'origine génétique du défaut afin de réduire la fréquence d'apparition par la voie génétique.**

## Résultats

L'étude a été menée sur 1 196 porcs charcutiers, issus de verrats Piétrain purs et de truies croisées Large White x Landrace, représentatifs de porcs commerciaux produits et abattus en France. Les animaux ont été abattus en 10 lots et suivis individuellement jusqu'au désossage du jambon. Les conditions de pré-abattage et d'abattage ont été standardisées, respectant les préconisations de l'IFIP (ajeûnement, transport et temps d'attente à l'abattoir).



Jambon désossé ne présentant pas de défaut de déstructuration (A, note 1) ou présentant des lésions profondes (B, note 4).



Courbe de prédiction de la probabilité de ne pas avoir de défaut selon le TMP et le génotype halothane de l'animal

La fréquence d'apparition du défaut « jambon déstructuré » est de 14,4% en moyenne, alors que la qualité technologique globale de la viande est bonne

(pHu=5,73). Les résultats confirment l'origine multifactorielle du défaut, avec un **effet du sexe** (1,5 fois plus de jambons déstructurés chez les femelles que chez les mâles castrés), **du génotype halothane** (3,3 fois plus de défauts chez les animaux Nn que chez les NN) et l'influence simultanée **du taux de muscle de la carcasse (TMP) et surtout du pH ultime (pHu) du jambon** sur l'apparition du défaut. **Plus le pHu est bas, plus la fréquence du défaut est élevée.** Toutefois, le risque d'apparition du défaut est limité (moins de 10%) si le TMP est inférieur à 61.

L'analyse par famille de verrot a mis en évidence une origine polygénique du défaut : 16% de la variabilité du caractère est expliquée par d'autres gènes que celui de sensibilité à l'halothane. Ainsi, **l'éradication de l'allèle de sensibilité à l'halothane (n) dans la population Piétrain France Génétique Porc** réduirait la fréquence d'apparition du défaut par deux (6,8% de jambons déstructurés au lieu de 14,4%), mais ne conduirait pas à sa disparition. Cette étude fournit des résultats importants pour mettre en place **une stratégie de sélection du défaut « jambon déstructuré ».**

## Perspectives

Le défaut « jambon déstructuré » est noté en routine sur les collatéraux contrôlés à la station FG Porc du Rheu depuis novembre 2017 (voir Encadrement de la station de phénotypage du Rheu), ce qui devrait permettre de mieux **identifier les familles d'intérêt.** Afin d'envisager un travail de sélection efficace sur ce caractère, il est nécessaire de pouvoir le mesurer à grande échelle et de bien comprendre les relations qui existent entre le **TMP, le pHu et l'apparition du défaut**, indépendamment du génotype halothane.

La sélection génomique pourrait permettre de sélectionner les reproducteurs sur la base de **marqueurs génétiques** liés à l'absence de déstructuration. Pour cela, la première étape consiste à constituer une population de référence composée d'animaux ayant à la fois une notation du défaut « jambon déstructuré » et une information de leur génome.