

ANALYSE GÉNÉTIQUE ET SÉLECTION D'UNE LIGNÉE COMMERCIALE PATERNELLE

Garreau Hervé¹, Maupin Mickaël², Hurtaud Jacques², Gunia Mélanie¹

¹GenPhySE, INRA, INPT, ENVT, Université de Toulouse, 31326 Castanet Tolosan, France

²HYPHARM SAS, La Corbière, Roussay, 49450 Sèvremoine, France

Correspondant : herve.garreau@inra.fr

Résumé – Les paramètres et les évolutions génétiques des critères de sélection poids à 70 jours (P70), rendement de carcasse (RC) et résistance aux troubles infectieux (TI) ont été estimés dans la lignée paternelle AGP59 du sélectionneur Hypharm. Le critère TI est un caractère binaire (0,1) renseigné par la présence (1) ou l'absence (0) de signes cliniques de maladies non spécifiques constatés à la pesée ou sur les animaux morts pendant l'engraissement. L'étude a porté sur 39726 animaux candidats à la sélection et 5372 collatéraux abattus, contrôlés entre 2008 et 2016. L'ensemble des animaux a été pesé à 70 jours. Les signes cliniques de maladie sont systématiquement enregistrés pour l'ensemble des animaux à la pesée à 70 jours, ainsi que pour les animaux morts entre le sevrage et la fin de l'engraissement. La population de collatéraux est créée à chaque sevrage par prélèvement de 4 lapereaux chez les lapines primipares. Leur poids vif et leur poids de carcasse sont enregistrés après abattage à 71 jours. L'héritabilité et les évolutions génétiques des caractères ont été estimées par les méthodes du Reml et du BLUP. Les héritabilités estimées étaient respectivement de $0,28 \pm 0,02$, $0,44 \pm 0,05$ et $0,03 \pm 0,01$ pour P70, RC et TI. Le progrès génétique annuel moyen estimé en unités d'écart type génétique (unités du caractère) était respectivement de 0,49 (+92 g), 0,32 (+0,38 point de rendement) et -0,12 (-0,004 points de fréquence d'animaux malades) pour P70, RC et TI. Il est donc possible d'améliorer simultanément des caractères de production et des caractères de santé par la sélection.

Abstract – Genetic analysis and selection in a commercial paternal line.

Genetic parameters and trends were estimated for the selection criteria weight at 70 days (P70), carcass yield (RC) and resistance to infectious diseases (TI) in the paternal commercial line AGP59 of the Hypharm breeding company. The TI criteria is a binary trait based on presence (1) or absence (0) of clinical signs of disease systematically observed on all growing animals at 70 days weighing or on animals which died between weaning and weighing. This study included 39726 selection candidates and 5372 slaughtered collaterals, measured between 2008 and 2016. All animals were weighed at 70 days. Clinical signs of disease were systematically recorded for all weighed animals and also for those which died between weaning and the end of the growing period. The population of collateral is created at each weaning by collecting young rabbits in primiparous does litters. Their live weight and carcass weight was recorded at 71 days of age. Heritabilities and genetic trends were estimated using Reml and Blup methodology. Heritability estimates were 0.28 ± 0.02 , 0.44 ± 0.05 and 0.03 ± 0.01 for P70, RC and TI, respectively. The annual genetic gain, estimated in genetic standard deviation (traits units) was 0.49 (92 g), 0.32 (0.38 points of carcass yield) and -0.12 (-0.004 points of sick animal frequency) for P70, RC and TI, respectively. The results demonstrate that selection for both production and health traits is possible.

Introduction

En Europe et dans la majorité des pays, la production de lapin de chair repose sur le croisement de trois ou quatre lignées spécialisées maternelles et paternelles. Pour produire le lapin de chair terminal, la femelle parentale croisée est inséminée par un mâle d'une lignée paternelle, ou un mâle croisé issu de deux lignées paternelles, sélectionnées principalement pour des caractères d'intérêt économique (Garreau et al. 2015).

La croissance et le rendement de carcasse sont les critères les plus courants. Cependant la perception de l'élevage par le citoyen-consommateur a profondément évolué au cours des dernières années,

avec de fortes attentes relatives à la santé, à l'environnement et au bien-être animal. L'évolution des objectifs et des critères de sélection doit donc prendre en compte ces attentes, en ajoutant des critères de robustesse et de résistance aux maladies, pour améliorer la santé des animaux et réduire l'utilisation des antibiotiques. Cette étude a pour objectif d'analyser les paramètres et les évolutions génétiques de la croissance, du rendement de carcasse et de la résistance aux troubles infectieux dans la lignée paternelle la plus utilisée en Europe, l'AGP59 du sélectionneur Hypharm.

1. Matériel et méthodes

1.1. Conduite et mesure des animaux

L'étude a porté sur 39726 animaux candidats à la sélection et 5372 collatéraux abattus de la lignée AGP59 du sélectionneur Hypharm (*HYPHARM SAS, La Corbière, Roussay*). Les animaux sont sélectionnés sur la croissance, le rendement de carcasse et la résistance aux troubles digestifs depuis 2008.

La période d'étude allait de 2008 à 2016. La lignée est conduite en génération chevauchante et divisée en 14 groupes de reproduction. Une centaine de mâles et environ 200 femelles sont mis à la reproduction chaque année. Les femelles sont inséminées avec un rythme de 6 semaines. Après le sevrage à 31 jours, les candidats à la sélection sont placés en cages collectives à raison de 5 lapereaux par cage (540 animaux candidats par bande en moyenne).

La population de collatéraux est créée à chaque sevrage par prélèvement de 4 lapereaux chez les lapines primipares (80 animaux par bande en moyenne). Les collatéraux sont placés en cage individuelle pour mesurer leur consommation d'aliment. Les deux groupes d'animaux reçoivent un aliment granulé à volonté. Ils sont tous pesés individuellement à 70 jours d'âge (P70).

Les signes cliniques de maladie sont systématiquement enregistrés pour l'ensemble des animaux à la pesée à 70 jours, ainsi que pour les animaux morts entre le sevrage et la fin de l'engraissement. Le caractère de troubles infectieux (TI) traduit la présence de signes cliniques de maladies non spécifiques constatés à la pesée ou sur les animaux morts pendant l'engraissement. C'est un caractère binaire, 0 = sain, 1 = malade ou mort (Gunia *et al.*, 2015). Les signes cliniques enregistrés correspondent à des pathologies digestives (diarrhée, ballonnement ou autres formes de trouble digestif), des pathologies respiratoires (rhinites, coryza, pneumonies) ou d'autres signes de pathologies infectieuses (abcès, torticolis, conjonctivite). A 71 jours d'âge, les collatéraux sont pesés avant départ à l'abattoir. Après un ressuyage d'environ 2 heures à 4°C, les carcasses froides sont pesées. Le rendement de carcasse (RC) est calculé par le rapport du poids de carcasse sur le poids vif mesuré avant le transport.

1.2. Analyses statistiques

Les paramètres génétiques (composantes de variance et covariance) ont été estimés par la méthode du maximum de vraisemblance restreinte (REML) appliquée à un modèle animal. Les valeurs génétiques ont été calculées selon la méthode du Blup en utilisant le même modèle animal. L'ensemble des résultats (paramètres et valeurs génétiques) sont calculés en une seule étape en utilisant le logiciel ASReml (Gilmour *et al.*, 2009).

Les caractères ont été analysés individuellement dans un premier temps pour tester les effets fixes des modèles puis ensemble afin d'estimer les corrélations

génétiques et les valeurs génétiques Blup grâce à un modèle tri-caractères. Pour les trois caractères, les effets fixes retenus dans le modèle étaient la bande d'élevage (73 niveaux) et la taille de portée au sevrage (7 niveaux). Le sexe (2 niveaux) et le rang de portée de naissance (9 niveaux) ont été ajoutés au modèle de P70 et de RC. Deux effets aléatoires ont été ajoutés au modèle des 3 caractères : l'effet génétique additif et l'effet d'environnement commun de portée de l'animal.

Le progrès génétique annuel est estimé par la régression des valeurs génétiques Blup sur l'année de l'étude.

Des analyses précédentes des caractères de troubles infectieux avec un modèle à seuil avaient donné des valeurs d'héritabilité du même ordre de grandeur que celles obtenues avec un modèle linéaire, mais n'avaient pas permis d'estimer les corrélations génétiques (Gunia *et al.*, 2015). Pour cette raison, seuls les résultats du modèle linéaire sont présentés ici.

2. Résultats et discussion

2.1. Description des caractères mesurés

Les statistiques de base des trois critères de sélection sont présentées au tableau 1.

Tableau 1: Statistiques élémentaires des critères de sélection de la lignée AGP59

	N	Moyenne	Ecart-type
Poids 70 jours (g)	34245	3288	336
Rendement de carcasse (%)	5372	58,7	1,88
Troubles infectieux	38726	0,08	0,28

2.2. Paramètres génétiques

Les héritabilités, corrélations génétiques et phénotypiques sont données dans le tableau 2.

Tableau 2 : Héritabilités (sur la diagonale), corrélations génétiques (au-dessus de la diagonales), corrélations phénotypiques (au-dessous de la diagonales et écart type d'erreur (\pm)) pour le poids à 70 jours (P70), le rendement de carcasse (RC) et les troubles infectieux (TI)

	P70	RC	TI
P70	0,28 \pm 0,02	-0,11 \pm 0,07	0,08 \pm 0,10
RC	0,14 \pm 0,02	0,44 \pm 0,05	-0,15 \pm 0,12
TI	-0,42 \pm 0,05	0,00 \pm 0,02	0,03 \pm 0,01

Les valeurs d'héritabilités de P70 et RC sont plus élevées que celle de TI (0,28 \pm 0,02 et 0,44 \pm 0,05 contre 0,03 \pm 0,01, respectivement). La valeur d'héritabilité de TI est tout à fait conforme à celle publiée par Gunia *et al.* (2015) pour le même caractère analysé simultanément dans deux populations commerciales

du sélectionneur Hypharm ($0,030 \pm 0,003$). Elle est également conforme à celles données par Eady *et al.* (2004 ; 2007) pour l'incidence d'infections bactériennes dans les deux mêmes populations commerciales ($0,044 \pm 0,010$ et $0,034 \pm 0,006$) et dans une population expérimentale australienne (0,062). L'héritabilité des caractères de santé est généralement faible (Bishop and Woolliams, 2014). Bishop et Woolliams (2010) ont démontré que, en conditions d'infection naturelle, l'exposition incomplète des animaux aux pathogènes conduit à une sous-estimation de l'héritabilité. L'imperfection du diagnostic (animaux considérés comme malades ou sains, à tort) est une autre source de sous-estimation. Les valeurs d'héritabilité pour le poids en fin d'engraissement et pour le rendement de carcasse sont conformes aux résultats donnés par Larzul *et al.*, (2005). La valeur d'héritabilité estimée dans notre étude pour RC est toutefois plus élevée que celle estimée par Garreau et al (2005) ($0,24 \pm 0,06$) dans une autre lignée paternelle du sélectionneur Hypharm (AGP39) ou par Gunia et al. (2016) dans une étude qui combinait les données des lignées AGP39 et AGP59 ($0,243 \pm 0,026$). Les corrélations génétiques entre les 3 critères sont faibles et non significativement différentes de 0 : de $-0,15 \pm 0,12$ pour la corrélation entre RC et TI à $0,08 \pm 0,10$ pour la corrélation entre P70 et TI. Les corrélations phénotypiques sont également très faibles exceptée la valeur négative assez forte pour P70 et TI ($-0,42 \pm 0,05$) indiquant une relation favorable entre les deux caractères : les animaux les plus lourds sont ceux qui présentent le moins de troubles infectieux.

2.3. Evolutions génétiques

Les évolutions génétiques estimées entre 2008 et 2016 pour P70, RC et TI sont données dans la figure 1. Le progrès génétique annuel moyen estimé a été très significatif pour P70 et RC : 0,49, et 0,32 écart type génétique, respectivement. En unité du caractère ce progrès moyen correspond à 92 grammes de poids à 70 jours et 0,38 point de rendement. Le progrès génétique annuel réalisé pour p70 était plus important que celui rapporté par Gomez et al. (2000) dans une lignée sélectionnée pour le gain de poids moyen quotidien. (+38 g).

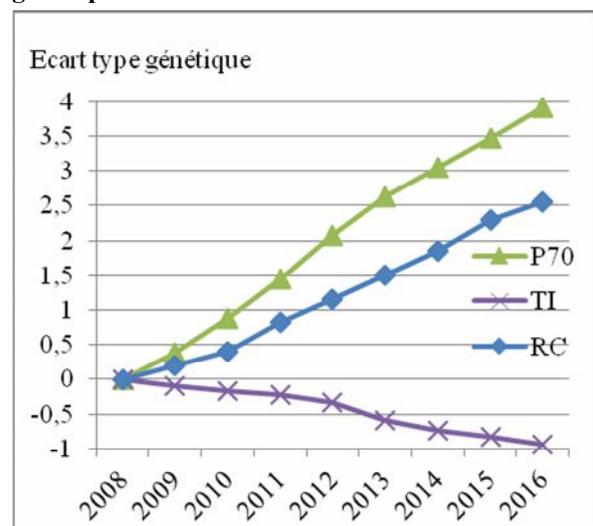
Il n'existe pas, à notre connaissance, d'étude sur le progrès génétique obtenu par sélection sur le rendement de carcasse du lapin. La diminution du rendement observée par Gomez *et al.* (1998) dans une lignée sélectionnée pour la croissance semble indiquer une liaison génétique défavorable entre les deux caractères confirmée par Garreau et al. (2008) de $-0,24 \pm 0,08$ et dans une moindre mesure par cette étude ($-0,11$). Nous montrons toutefois qu'il est possible d'améliorer conjointement ces deux caractères.

En raison de la généralisation de la restriction alimentaire dans les élevages pour maîtriser la santé digestive des animaux et de la diminution de l'âge à l'abattage, les abattoirs sont confrontés à une diminution du rendement à l'abattage depuis plusieurs

années. Le prix d'achat du lapin est aujourd'hui indexé sur le rendement de carcasse et son amélioration répond à un enjeu économique important. Lebas et al. (2014) ont mis en évidence des facteurs de conduite d'élevage qui influencent le rendement à l'abattage. Selon cette étude, il est amélioré par des poids de sevrage supérieurs à 950 grammes, un indicateur IFTAC supérieur à 0,2 et des âges d'abattage retardés. Notre étude montre que la sélection est un autre levier d'amélioration de ce caractère.

Le progrès génétique annuel pour TI était favorable mais plus faible : $-0,12$ écart type génétique soit $-0,0057$ points de fréquence d'animaux malades. Sur les 8 années, le progrès génétique correspond néanmoins à une diminution de la fréquence d'animaux malades de $-0,0463$ points. Cette diminution significative montre que la sélection pour les troubles infectieux non-spécifiques améliore la résistance des animaux aux maladies infectieuses et contribue à réduire l'utilisation d'antibiotique pour contrôler la santé des animaux. Le sélectionneur a en effet réduit le niveau de traitement antibiotique de manière très significative sur la période étudiée. Le moindre progrès génétique de TI s'explique par l'héritabilité plus faible du caractère ($0,03 \pm 0,01$) en comparaison avec les caractères P70 et RC ($0,28 \pm 0,02$ et $0,44 \pm 0,05$, respectivement). En porcs, Henryon et al. (2001) ont estimé une héritabilité de $0,18 \pm 0,05$ pour un caractère de résistance à toutes formes de maladie clinique et sub-clinique, construit à partir de symptômes observés sur les animaux. Ce caractère incluait les boiteries, maladies respiratoires, diarrhées et pertes d'appétit. Ces résultats démontrent, comme dans notre étude, qu'il existe des facteurs génétiques à la résistance non spécifique aux altérations de la santé.

Figure 1 : Evolutions génétiques pour le poids à 70 jours (P70), le rendement de carcasse (RC) et les troubles infectieux (TI) en unités d'écart type génétique



Conclusions

L'amélioration génétique est un levier puissant pour améliorer les performances zootechniques. Elle permet non seulement d'améliorer les caractères de production, croissance et rendement de carcasse mais également d'améliorer la résistance aux maladies non spécifiques grâce à un enregistrement rigoureux des signes cliniques de maladies. Notre étude montre qu'il est possible d'améliorer significativement et simultanément ces trois groupes de caractères. Pour HYPHARM, la sélection sur la croissance et le rendement vont désormais de pair avec des caractères de santé pour améliorer le bien-être animal et réduire significativement l'utilisation d'intrants médicamenteux.

Remerciements

Les auteurs remercient l'ensemble du personnel de la société Hypharm pour la qualité des informations mises à disposition.

Références

- Bishop S. C., et J. A. Woolliams. 2010. On the genetic interpretation of disease data. *PLoS One*. 5: e8940
- Bishop S. C., et J. A. Woolliams. 2014. Genomics and disease resistance studies in livestock. *Livest. Sci.* 166:190-198.
- Eady, S. J., Garreau, H., & Hurtaud, J., 2004. Heritability of resistance to bacterial infection in commercial meat rabbit populations. *Proc. 8th World Rabbit Congress* : 51-56.
- Eady S.J., Garreau H., Gilmour A.R. 2007. Heritability of resistance to bacterial infection in meat rabbits. *Livest. Sci.* 112 (1-2) : 90-98
- Garreau H., Eady S.J., Hurtaud J., Legarra A. 2008. Genetic parameters of production traits and resistance to digestive disorders in a commercial rabbit population. In: *Proc. 9th World Rabbit Congress.*, Verona, Italy. p 103-107.
- Garreau H., Fournier E., Allain D., Gunia-Jaquot M. 2015. Génétique et sélection. In: Thierry Gidenne, dir., *Le lapin. De la biologie à l'élevage* (p. 227-252). Savoir Faire (Quae). Paris, FRA : Editions Quae
- Gilmour A. R., Gogel B. J., Cullis B. R., Thompson R.. 2009. *ASReml user guide release 3.0*. VSN Int. Ltd.
- Gómez E.A., Baselga M., Rafel O., Ramon, J. 1998. Comparison of carcass characteristics in five strains of meat rabbit selected on different traits. *Livest. Prod. Sci.* 55, 53-64.
- Gómez E.A., Rafel O., Ramon J. 2000. Preliminary genetic analysis of Caldes line: a selection experiment for a global objective. In: *Proc. 7th World Rabbit Congress*. Valencia, Spain, p. 417-424.
- Gunia M., David I., Hurtaud J., Maupin M., Gilbert H., Garreau H. 2015. Resistance to infectious diseases is a heritable trait in rabbits. *J. Anim. Sci.* 93 (12): 5631-5638. DOI : 10.2527/jas.2015-9377
- Henryon M., Berg P., Jensen J., Andersen S. 2001. Genetic variation for resistance to clinical and subclinical diseases. *Anim. Sci.* 73: 375-387.
- Larzul C., Gondret F., Combes S., Rochambeau H. de. 2005. Divergent selection on 63-day body weight in the rabbit: response on growth, carcass and muscle traits. *Genet. Sel. Evol.* 37: 105-122
- Pertusa M., Roy P., Fonteniaud J., Lebas F. 2014. Quelques facteurs d'élevage influençant le rendement à l'abattage du lapin de chair. *Cuniculture Magazine*. 41: 27-32