

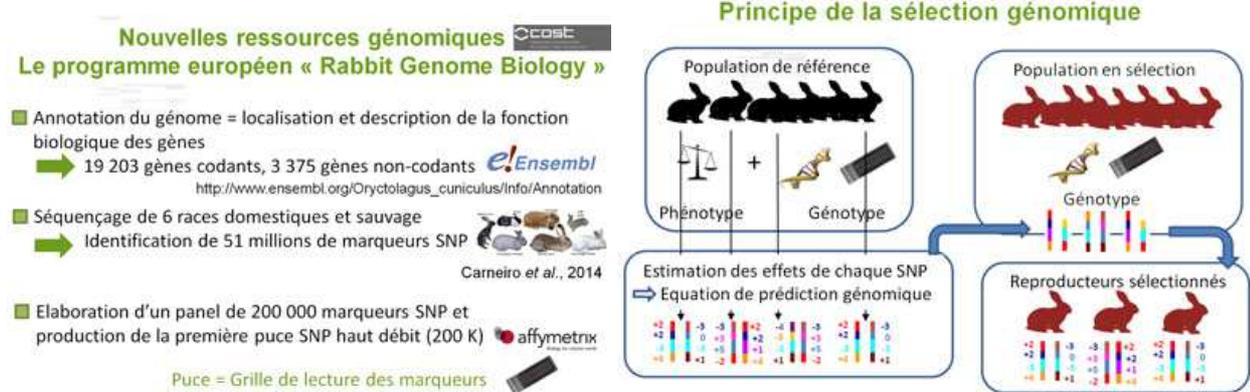
17èmes Journées de la Recherche Cunicole - 2017



Résumés des communications de la session  
Génétique

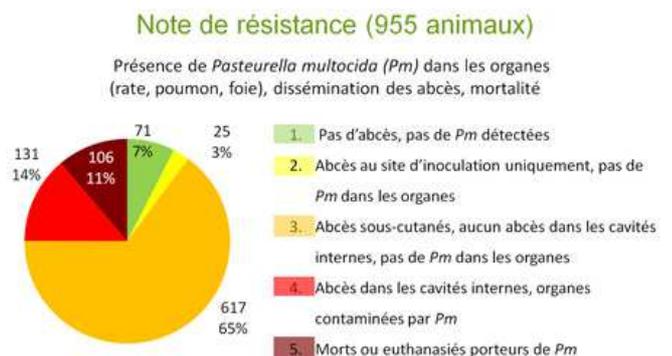
**Garreau H., Gunia M., 2017** . La génomique du lapin : Avancées, applications et perspectives (Synthèse). *17èmes Journées de la Recherche Cunicole, Le Mans, 21-22 Nov. 2017, 141-150*

L'évolution récente des technologies de séquençage et l'apport des approches de génomique a révolutionné nos connaissances sur les génomes et leurs polymorphismes, et permis d'élaborer des outils de génotypage qui accélèrent l'identification de polymorphismes causaux et contribuent à améliorer significativement le progrès génétique réalisé par certaines espèces d'élevage, en particulier les bovins laitiers. Le séquençage complet du génome du lapin réalisé par le Broad Institute (Boston, USA), avec l'appui d'un consortium international auquel a contribué l'INRA, a été publié en 2014. Les résultats obtenus ont apporté un éclairage nouveau sur l'évolution et la domestication du lapin. En 2016, dans le cadre d'un projet Européen (COST Action TD1101 "A Collaborative European Network on Rabbit Genome Biology – RGB-Net), une puce de génotypage avec 200000 SNP (Single-Nucleotide Polymorphism) a été développée, permettant de renouveler les approches de génétique chez le lapin. L'objet de cette synthèse est de faire le point sur les connaissances relatives au génome du lapin et d'établir un inventaire des gènes ou régions génomiques liés à certaines fonctions ou caractères d'intérêt dans cette espèce. Nous décrivons ici le principe des outils (cartes génétiques, puces SNP, séquençage) et des méthodes (détection de QTL, approche gènes candidats, identification de mutations causales) qui ont déjà été appliqués chez le lapin. Nous illustrons les perspectives d'utilisation des outils maintenant disponibles pour la sélection avec deux projets de recherche portant sur la résistance aux maladies et l'efficacité alimentaire. Une réflexion prospective sur la sélection génomique est également proposée.



**Gunia M., Lantier F., Babilliot J.-M., Balmisse E., Bed'hom B., Belmonte E., Bertagnoli S., Boucher S., Breton S., Chambellon E., Chaumeil T. Coisne F., Delaunay R., Fadeau A., Guittion E., Héliès V., Hurtaud J., Jardet D., Kempf F., Lantier I., Lavillate S., Le Cren D., Lenoir G., Le Normand B., Marais C., Maupin M., Morin H., Poncet C., Pujol S., Robert R., Rossignol C., Ruesche J., Sarce F., Thiebot C., Helloin E., Garreau H., 2017.** Premiers résultats du projet RELAPA : génomique pour la résistance génétique des lapins à la Pasteurellose. *17èmes Journées de la Recherche Cunicole, Le Mans, 21-22 Nov. 2017, 151-154*

La pasteurellose est la première cause de mortalité des femelles en élevage cunicole. Le projet RELAPA (Génomique pour la REsistance génétique des LAPins à la PAs-teurellose) a pour objectif de mettre en évidence des régions du génome associées à la réponse à la pasteurellose. Pour ce faire, 955 lapins ont été inoculés à 6 semaines d'âge avec une souche de *Pasteurella*



*multocida* pyogène et suivis pendant 14 jours. La réponse des animaux était très variable, avec 7% de lapins résistants (sans aucun symptôme de pasteurellose et sans *Pasteurella multocida* détectée dans les organes) et 11% d'animaux très sensibles (morts ou euthanasiés pendant l'essai avec des *Pasteurella multocida* détectées). L'effet du père sur les caractères mesurés est très significatif, ce qui laisse présager l'existence d'une variabilité génétique importante dans la résistance à la pasteurellose.

**Gunia M., Hurtaud J., Maupin M., Gilbert H., Garreau H., 2017.** Utilisation d'un dispositif challenge pour la sélection sur la résistance aux maladies. *17èmes Journées de la Recherche Cunicole, Le Mans, 21-22 Nov. 2017, 155-158*

L'amélioration de la résistance aux maladies est un enjeu crucial pour augmenter le bien-être des animaux, réduire la mortalité dans les élevages, les saisies à l'abattoir et les réformes d'animaux pour causes sanitaires. Pour améliorer génétiquement la résistance aux maladies de la lignée arrière-grande-parentale maternelle AGP77, le sélectionneur Hypharm a mis en place l'enregistrement de caractères de santé dans son élevage de sélection et dans plusieurs élevages dits « Challenge » dans lesquels l'environnement sanitaire est moins favorable aux animaux, et donc ayant une occurrence de maladies plus fréquente. Les signes cliniques de maladies ont été enregistrés sur 23 773 animaux (75% en élevage de sélection, 25% en élevages challenge) en fin d'engraissement entre 10 et 11 semaines. Les caractères de santé étudiés sont les troubles digestifs, respiratoires et infectieux (caractère composite prenant en compte les troubles digestifs et respiratoires). En élevage de sélection, 26% des animaux présentent des troubles infectieux (de très légers à sévères, ce caractère inclut la morbidité et la mortalité) contre 41% en élevages challenge. L'héritabilité du caractère de résistance aux troubles infectieux est de  $0,05 \pm 0,01$  dans l'élevage de sélection et de  $0,10 \pm 0,02$  dans les élevages challenge, en lien avec une variabilité phénotypique et génétique accrue dans ces derniers. La corrélation génétique entre ces deux caractères est de  $0,70 \pm 0,13$ . La forte corrélation génétique entre la résistance aux troubles infectieux mesurée en élevage de sélection et en élevages challenge suggère que tout progrès génétique réalisé dans l'un ou l'autre environnement sera favorable en terme de progrès génétique dans le deuxième environnement. L'héritabilité supérieure en élevages challenge confirme l'intérêt du dispositif challenge pour identifier les meilleurs reproducteurs de façon plus efficace, avec une meilleure discrimination des animaux selon leur résistance génétique aux maladies.

### Paramètres génétiques entre caractère de santé et production

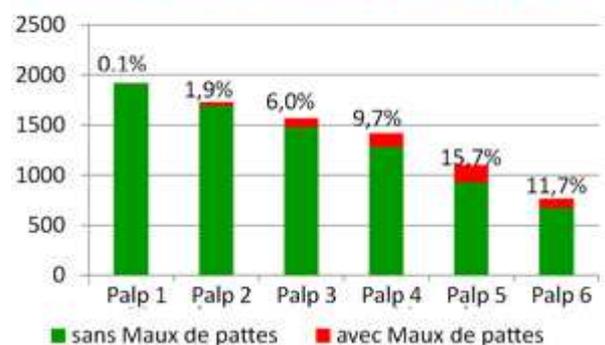
Corrélations génétiques (au-dessus)  
Héritabilités (diagonale)  
Corrélations phénotypiques (en-dessous)

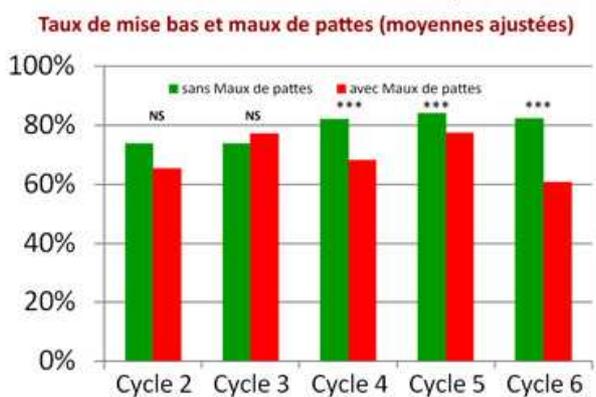
|                          | Troubles infectieux | Nés vivants        | Poids sevrage (direct) | Poids sevrage (maternel) |
|--------------------------|---------------------|--------------------|------------------------|--------------------------|
| Troubles infectieux      | <b>0,05 ± 0,01</b>  | -0,10 ± 0,16       | -0,29 ± 0,11           | -0,05 ± 0,19             |
| Nés vivants              | -0,39 ± 0,03        | <b>0,16 ± 0,03</b> | -0,22 ± 0,11           | 0,51 ± 0,16              |
| Poids sevrage (direct)   | -0,12 ± 0,01        | 0,03 ± 0,03        | <b>0,29 ± 0,04</b>     | -0,70 ± 0,13             |
| Poids sevrage (maternel) |                     |                    |                        | <b>0,05 ± 0,02</b>       |

**Gunia M., Balmisse E., Heliès V., Pujol S., Ruesche J., Gilbert H., Garreau H., 2017.** Héritabilité des maux de pattes et relations avec les performances de reproduction de la lignée INRA 1777. *17èmes Journées de la Recherche Cunicole, Le Mans, 21-22 Nov. 2017, 159-162*

Les maux de pattes ont été identifiés comme la première cause de réforme sanitaire des femelles dans les élevages. Le but de cette étude est d'évaluer les différences de performances zootechniques des animaux présentant des maux de pattes et de déterminer l'héritabilité de ce caractère. Les enregistrements des performances de 2933 reproducteurs (2200 femelles et 733 mâles) nés entre 2004 et 2015 de la lignée INRA 1777 ont été analysés. La présence de maux de pattes est enregistrée à chaque cycle, pendant la pesée dite « de palpation », 14 jours après l'IA. Les femelles représentent 96,5% des animaux atteints. La proportion de lapines souffrant de pododermatite varie de 0,10% à la palpation 1 à 15,7% à la palpation 5. Les femelles présentant des maux de pattes ont un taux de mise bas significativement plus faible, un poids vif et une croissance inférieure. Les différences entre femelles atteintes et non-atteintes ne sont pas significatives pour le nombre de nés vivants, la mortinatalité et la mortalité en pré-sevrage. L'héritabilité de la présence de maux de pattes (présence de maux de pattes au moins une fois au cours des 6 premières palpations) est de  $0,07 \pm 0,03$  avec un modèle linéaire et de  $0,13 \pm 0,05$  avec un modèle à seuil. Ce caractère pourrait donc éventuellement être inclus dans les objectifs de sélection.

### Nombre de lapines avec/sans maux de pattes à la palpation



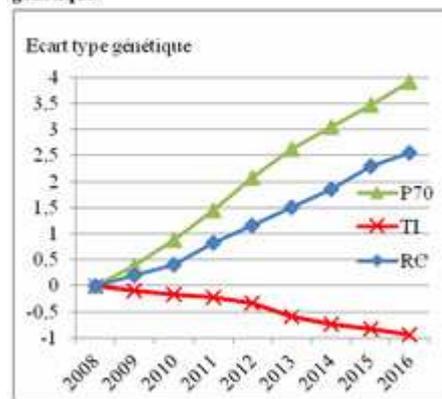


|             | Effectif | Proportion atteints | h <sup>2</sup> (linéaire) | h <sup>2</sup> (seuil) |
|-------------|----------|---------------------|---------------------------|------------------------|
| Palpation 3 | 2075     | 4,70%               | 0,16 ± 0,05               | 0,15 ± 0,09            |
| Palpation 4 | 1903     | 7,40%               | 0,09 ± 0,04               | 0,17 ± 0,07            |
| Palpation 5 | 1498     | 6,90%               | 0,03 ± 0,03               | 0,10 ± 0,06            |
| Palpation 6 | 1045     | 8,00%               | 0,06 ± 0,05               | 0,13 ± 0,09            |
| Global      | 2867     | 11,90%              | 0,07 ± 0,03               | 0,13 ± 0,05            |

**Garreau H., Maupin M., Hurtaud J., Gunia M., 2017.** Analyse génétique et sélection d'une lignée commerciale paternelle. *17èmes Journées de la Recherche Cunicole, Le Mans, 21-22 Nov. 2017, 163-166*

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 ± 0,02, 0,44 ± 0,05 et 0,03 ± 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

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



**Lenoir G., Garreau H., 2017.** Intérêt des caractères pondéraux à 23 jours d'âge pour l'amélioration des qualités maternelles des lapines d'une lignée commerciale. *17èmes Journées de la Recherche Cunicole, Le Mans, 21-22 Nov. 2017, 167-170*

Cette étude s'est attachée à déterminer l'existence d'un déterminisme génétique pour différents caractères de poids des lapereaux à 23 jours dans la lignée C Hycole. L'échantillon analysé comporte 3521 portées contrôlées entre 2013 et 2017. Le nombre maximum de lapereaux laissés au nid était de 9 en 1ère mise-bas (MB) et de 11 en MB 2 et 3. Aucun lapereau n'a été ajouté dans les portées, seuls les lapereaux surnuméraires ont été retirés (9 maxi en MB1 et 11 maxi en MB 2 & 3). L'héritabilité des caractères était de 0,05 pour le poids moyen du lapereau, 0,18 pour le poids total de la portée, 0,04 pour le poids du lapereau le plus léger de la portée, 0,06 pour le poids du lapereau le plus lourd, 0,06 pour l'amplitude de poids entre le lapereau le plus lourd et le lapereau le plus léger (AMP), et 0,07 pour le nombre de nés vivants. Le caractère poids de la portée à 23 jours présente des corrélations génétiques favorables avec le nombre de lapereaux présents 23 jours après la naissance ainsi qu'avec leur poids moyen. Le caractère amplitude de poids présente une héritabilité faible (h<sup>2</sup>=0,06) mais une sélection sur ce critère semblerait avoir un impact favorable sur la capacité de survie des lapereaux entre la mise-bas et le sevrage.

| NV     | NB23   | MIN    | MAX    | AMP    | PP23   | PM23   | PP29   |
|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 0,07   | 0,05   | 0,04   | 0,06   | 0,06   | 0,18   | 0,05   | 0,12   |
| ± 0,02 | ± 0,02 | ± 0,02 | ± 0,02 | ± 0,02 | ± 0,03 | ± 0,02 | ± 0,03 |

NV : Nés vivants - NB23 : Nombre lapereaux vivants à 23 jours - MIN et MAX: poids du lapereau le plus petit et le plus lourd à 23 j - AMP : amplitude de poids entre le plus petit et le plus lourd - PP23 : Poids de portée à 23 jours - PM23 : Poids moyen d'un lapereau à 23 j - PP29 : Poids de portée à 29 jours

**Ács V., Szendrő K., Garreau H., Donkó T., Nagy I., 2017.** Application d'un nouvel objectif de sélection dans la lignée Pannon White. *17èmes Journées de la Recherche Cunicole, Le Mans, 21-22 Nov. 2017, 171-174*

Un objectif de sélection combinant le poids de portée à 21 jours (LW21) et le volume musculaire de la cuisse (TMV) a été créé pour simplifier le processus de sélection de la lignée Pannon White à Kaposvár, en Hongrie. Les mesures de 22002 portées et 8124 volumes de cuisse (estimés par tomographie) ont été recueillies entre 1992 et 2016. Les animaux évalués sont issus de 4178 portées. Le nombre total de lapins du fichier généalogique était de 14124. La sélection traditionnelle basée sur deux étapes, où LW21 a été mesuré et les meilleurs lapereaux ont été sélectionnés pour passer à l'étape suivante la mesure de TMV par tomographie. Dans la nouvelle méthode de sélection proposée ici, un indice de sélection a été utilisé dans la première étape de la sélection, suivi d'un examen tomographique de TMV. LW21 et TMV ont été analysés conjointement avec un modèle animal bicaractère pour estimer les composantes de variance et les valeurs génétiques. L'héritabilité estimée était de  $0,10 \pm 0,01$  pour LW21 et de  $0,21 \pm 0,02$  pour TMV. La corrélation génétique estimée entre ces caractères était de  $-0,24 \pm 0,07$ . La même pondération de 50 % a été attribuée à chacun des deux caractères dans le nouvel objectif de sélection. Ce nouvel objectif

de sélection a été appliqué à une bande en particulier. Cette nouvelle méthode a été comparée à l'ancienne méthode de sélection en deux étapes (avec une première étape de sélection sur l'index de LW21 et une deuxième étape de sélection sur TMV). L'index était plus corrélé avec les valeurs génétiques de TMV (0,84) qu'aux valeurs génétiques de LW21 (0,28). La sélection sur la valeur du nouvel objectif de sélection a permis de

choisir des lapins avec des valeurs légèrement inférieures pour LW21 (-200 g, soit -11,3 %) mais avec des valeurs plus élevées pour TMV ( $1,91 \text{ cm}^3$ , soit +3 %) comparativement au programme de sélection actuel.

**Coefficients de corrélation entre l'index de sélection et les caractéristiques examinées**

| Critère | LW21 | TMV   | Index |
|---------|------|-------|-------|
| LW21    | 1.00 | -0.24 | 0.28  |
| TMV     |      | 1.00  | 0.84  |
| Index   |      |       | 1.00  |