

# CUNICULTURE Magazine


Volume 48 (année 2021) pages 31 à 38

(ISSN 2273-8142)


## 12ème Congrès Mondial de Cuniculture - 2021



## Résumés des communications de la session *Sélection & Génétique*

Charger la version \*.pdf (xxx Ko) 

**Note :** La référence complète de chaque communication a été placée en tête, en anglais, pour une éventuelle citation bibliographique. Lors de la traduction, le cas échéant les résumés ont été complétés en utilisant le texte de la communication. Parfois certaines remarques supplémentaires ont été faites lors de la traduction, indiquées dans le résumé après la mention NDLR (Note De La Rédaction). Intra session les communications sont classées par ordre alphabétique du premier auteur, c'est-à-dire sans relation avec le sujet de la communication. Le rapport invité de la session est placé en tête.

Pour chaque communication, en cliquant sur le logo  vous pouvez accéder au texte complet de la communication en anglais

### Rapport invité

García M.L., Gunia M., Argente M.J., 2021. Genetic factors of functional traits (Invited paper). *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, communication BG-00, 16 pp.*  
Espagne, France



La sélection des caractères fonctionnels est un défi pour les chercheurs, mais un objectif de plus en plus nécessaire en raison de la préoccupation croissante concernant le bien-être animal et pour surmonter les problèmes de réduction de l'utilisation d'antibiotiques dans la production de lapins sans nuire à la productivité des animaux. L'objectif de cette revue est de discuter du contrôle génétique de la résistance aux maladies, de la longévité et de la variabilité du poids à la naissance au sein d'une portée, ou de la variabilité de la taille de la portée à la naissance chez la lapine, et de décrire les programmes de sélection et les premiers résultats d'une analyse multi-omique. de résistance/susceptibilité aux maladies. L'héritabilité est d'environ 0,13 pour la longévité, de 0,01 pour l'uniformité du poids à la naissance, de 0,09 pour la variabilité de la taille des portées et d'environ 0,11 pour la résistance aux maladies. Les corrélations génétiques entre les caractères fonctionnels et les caractères de production ne sont généralement pas différentes de zéro, ou sont modérément favorables dans certains cas. Six programmes de sélection développés dans trois pays sont passés en revue. Les créations de lignées avec une pression élevée de sélection ou des expériences de sélection divergentes sont différentes méthodologies utilisées, et des réponses favorables à la sélection ont été obtenues. Des études génomiques ont révélé des associations dans les régions liées à la fonctionnalité du système immunitaire et au stress dans les lignées sélectionnées pour la variabilité de la taille des portées. La connaissance du rôle du microbiote intestinal sur la réponse immunitaire du lapin est très limitée. Une approche multi-omique peut aider à connaître les mécanismes microbiens sur la régulation des gènes d'immunité de l'hôte.

### Communications courtes

Agea I., Muelas R., García M.L., Hernández P., Santacreu M.A., Armero E., Blasco A., Argente M.J., 2021. Correlated response in plasma fatty acids profile in rabbits selected for environmental sensitivity. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, communication BG-02, 4 pp.*  
Espagne



.Deux lignées de lapins ont été sélectionnées de manière divergente pour augmenter ou diminuer la variabilité environnementale de la taille de la portée à la naissance. La diminution de la variabilité de la taille des portées génère des femelles plus résistantes et moins sensibles au stress et aux maladies, ce qui constitue un critère de sélection utile pour améliorer la sensibilité environnementale. Les acides gras modulent les fonctions des cellules immunitaires. Les acides gras saturés (AGS) ont un effet inhibiteur sur la prolifération des lymphocytes, les acides gras monoinsaturés (AGMI) exercent un effet protecteur et anti-inflammatoire sur les macrophages, et les acides gras polyinsaturés n-3 (AGPI) affectent la réponse des lymphocytes au moyen de

IL- 1, IL-2, IL-6, TNF ainsi que la prostaglandine E2 et le leucotriène B4. Le profil des acides gras plasmatiques a été évalué chez 10 femelles de la lignée homogène et 12 femelles de la lignée hétérogène de la 12e génération de sélection. La ligne homogène a montré des niveaux plus élevés d'AGS (+3.98 ng/ml P=0.90 pour C14:0; +2.30 ng/ml P=0.98 pour C15:0; +54 ng/ml P=0.90 pour C16:0 et +29 ng/ml P=0.90 pour C18:0) et AGMI (+12,0 ng/ml P=0.98 pour C16:1 et +53 ng/ml P=0.90 pour C18:1n9c) que la lignée hétérogène. En outre, cette lignée avait également une quantité plus élevée d'AGPI n-3 (+2,18 ng/ml P=0.90 pour C18:3 n-3 et +1.91 ng/ml P=0.90 pour C20:5 n-3) et une quantité plus faible de AGPI n-6 (-3,66 ng/ml P=0,96 pour C20:3 n-6 et -0,28 ng/ml P=0,90 pour C20:4 n-6) que celui hétérogène. En conclusion, la sélection pour l'homogénéité de la taille de portée à la naissance montre une réponse corrélée avec le profil des acides gras plasmatiques.

Casto-Rebollo C., Argente M.J., Garcia M.L., Blasco A., Ibáñez-Escriche N., 2021. Immunological genes selected for environmental variance could control the animal resilience. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, communication BG-04, 4pp.*

Espagne



La variance environnementale des caractères (VE) a récemment été liée à la résilience (aptitude à résister à un traumatisme). Ainsi, une meilleure connaissance du fond génétique de l'EV pourrait aider à mieux comprendre la résilience animale. Une expérience de sélection réussie chez le lapin pour une VE élevée et une faible taille de portée (LS) a permis d'identifier des différences de résilience entre les animaux. La lignée avec une faible VE de la taille de portée semble mieux supporter les perturbations environnementales que la lignée avec une forte VE de la taille de portée. Le but de cette étude est d'identifier les régions génomiques modifiées par sélection de VE et qui pourraient affecter la résilience des animaux. Pour cela, les génotypes de 91 lapines de la population de base, et 142 de la lignée avec une haute VE de LS et 134 de la lignée avec une faible VE de LS à la génération 11 ont été utilisés pour identifier les signatures de sélection. 93 génotypes à la génération 13 ont été utilisés pour valider les résultats. Les signatures de sélection ont été identifiées à l'aide de trois analyses complémentaires : les séries d'homozygotie (ROH), les variations de déséquilibre de liaison (VarLD) et l'indice de fixation (FST). Une analyse de séquençage du génome entier (WGS) a été réalisée sur 54 animaux à la génération 10 pour mettre en évidence les gènes présentant des mutations fonctionnelles. Nous avons identifié 311 gènes candidats présentant une mutation fonctionnelle pertinente dans leur unité de transcription. 107 d'entre eux avaient des fonctions liées à la réponse au stress, à la reproduction et au développement embryonnaire, au métabolisme des glucides et des lipides et/ou au système immunitaire. Des mutations fonctionnelles fixées dans l'une des lignées de lapin et absentes dans l'autre ont été identifiées dans les gènes C3orf20, GRN, EPCAM, ENSOCUG00000017494, ENSOCUG00000024926, ENSOCUG00000026560, MYLK, HECA et NMNAT3. Les voies biologiques des gènes candidats expliquent les différences trouvées entre les lignées de lapins dans les biomarqueurs de la réponse immunitaire (cortisol plasmatique, leucocytes et taux de protéines en phase aiguë), dans les concentrations plasmatiques de cholestérol et de triglycérides, la mortalité et la résilience. De plus, ces résultats pourraient expliquer la réponse corrélée de l'EV du LS avec l'implantation embryonnaire, la survie embryonnaire et la taille de portée. Cependant, les implications réelles de ces gènes pour l'EV et la résilience animale doivent encore être démêlées grâce à leur analyse fonctionnelle.

Demars J., Labrune Y., Iannuccelli N., Aymard P., Benitez F., Leroux S., Gilbert H., Riquet J., 2021.. Deciphering the molecular architecture of the coat colour variability in a European rabbit population. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, communication BG-05, 4 pp.*

France



Comprendre le mécanisme moléculaire de la coloration de la fourrure a été l'objectif de nombreuses études génétiques et évolutives dans un grand nombre d'espèces. Néanmoins, la plupart de nos connaissances actuelles se limitent aux caractères de couleur présentant des variations discrètes et des modèles d'hérédité relativement simples. Plus d'une centaine de gènes sont impliqués dans les caractères de coloration chez les rongeurs et de nombreuses mutations ont été identifiées. Chez le lapin européen (*Oryctolagus cuniculus*), différentes couleurs de pelage ont été sélectionnées par la domestication et sont aujourd'hui fixées dans des races spécifiques. Bien que de nombreuses mutations affectant la couleur du pelage aient été découvertes dans diverses races de lapins, des variantes supplémentaires doivent encore être identifiées. Malgré l'évolution des technologies à travers l'ère de la génomique, la compréhension de l'architecture moléculaire de ces phénotypes complexes reste toujours un défi. Ici, nous proposons une étude à l'échelle du génome de la couleur du pelage à l'aide d'un réseau SNP haute densité de lapin. Nous avons effectué des études d'association pangénomique (GWAS) en considérant la variation de la couleur du pelage en tant que phénotypes quantitatifs et binaires. Nous avons identifié plusieurs SNP significatifs marquant des loci déjà connus pour affecter la couleur du pelage ainsi que dans quelques autres régions chromosomiques non encore décrites pour affecter ce phénotype chez le lapin (par exemple une région génomique sur le chromosome 14). De plus, nous avons déterminé le meilleur modèle d'hérédité pour chaque région associée à la couleur de la robe. Nos résultats apportent de nouvelles informations sur l'architecture moléculaire du phénotype de coloration en mettant en évidence son déterminisme oligogénique.

Eiben Cs., Mészáros M., Gulyás B., Végi B., Drobnyák Á., Barna J. Molnár T., Szalay I.T., Liptói K., 2021. Conservation and performance of the native Hungarian Giant rabbit breed. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, communication BG-06, 4 pp.*

Hongrie



Il existe peu de données fiables sur la production de lapins de race Géant Hongrois (HG) de race pure. Cette race est en danger en raison de la faible taille de sa population (moins de 200 lapines en 2012). Le but de cette étude est de présenter la reproduction et la croissance du petit noyau de Géant Hongrois (12 ♂ et 36 ♀) formé à Gödöllő (Hongrie). Le taux de mise bas a été de 68 % en 2013 dans les enclos de 1,5 x 2 m et de 76 % dans les grandes cages 95 x 116 cm en 2018-2018, avec des accouplements naturels et un rythme de reproduction extensif : saillie après un sevrage à 5 semaines en 2013 et à 7 semaines en 2018-2019. Les animaux ont été nourris à volonté avec un aliment contenant 9,9 MJ/kg, 16,5% de protéines et 15,8% de celluloses brute + foin et eau. Le nombre de petits nés vivants/portée est de 8,0 à 8,6 et le nombre de lapereaux sevrés est de 6,7 à 6,9. L'évolutoin des poids vifs des lapereaux entre 3 et 16 semaines d'âge et les taux de croissance entre 7 et 13 semaines d'âge sont significativement affectés par la saison (P<0,01). En 2013, le poids moyen à 5 - 10 et 16 semaines a été de 948 - 2279 et 4141g tandis que la vitesse de

croissance 5-10 semaines a été de 40,0/g et celle de la période 10-16 semaines de 44,1 g/j. Dans les grandes cages (2018-2019), les poids vifs à 5 – 7 – 10 - 13 et 16 semaines a été de 851 – 1612 – 2433 - 3349 et 4089 g et les taux de croissance pour les périodes 7-10 et 7-13 semaines ont été de 48,0 et 45,0 g/j, respectivement. Le poids vif des lapines en cage variait entre 6159 et 6404 g. Il n'y a pas de données publiées sur le nombre de télines chez les lapins HG. Parmi les lapines fondatrices du noyau (n= 25) celles ayant 6 – 7 – 8 – 9 - 10 ou 11 mamelles était de 8 – 8 – 60 - 8 - 12 et 4 %, respectivement. La connaissance du nombre de télines des lapines HG peut aider à mieux gérer les adoptions et à améliorer les résultats d'élevage. La longueur des oreilles a été testée dans certains cas. Elle est de 15,4 à 15,6 cm chez des lapines âgées de 10 à 26 semaines.

Garreau H., Labrune Y., Chapuis H., Ruesche J., Riquet J., Demars J., Benitez F., Richard F., Drouilhet L., Zemb O., Gilbert H., 2021. Genome wide association study of growth and feed efficiency traits in rabbits. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-07, 4 pp*  
France



Nous avons réalisé une étude d'association à l'échelle du génome pour six caractères liés à la croissance et à l'efficacité alimentaire sur 679 lapins génotypés avec le Rabbit 200K Genotyping Array. Aucun SNP significatif n'a été trouvé pour les caractères de croissance ou la prise alimentaire. Deux et 89 SNP significatifs à l'échelle du chromosome ont été détectés pour le taux de conversion alimentaire et la prise alimentaire résiduelle, respectivement. Les 89 SNP significatifs pour la consommation alimentaire résiduelle étaient tous situés sur le chromosome 18, où le gène candidat fonctionnel putatif GOT1 a pu être identifié.

Girardie O., Robert R., Maupin M., Hurtaud J., Joly T., Ruesche J., David I., Garreau H., Canario L., 2021. Genetic trends in doe and kit behaviour and performances assessed with comparison of old and modern-type lines in a crossfostering design. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-08, 4 pp*  
France



L'étude s'est concentrée sur l'estimation des tendances génétiques pour le comportement et les performances des lapines et des lapereaux pendant la lactation en utilisant une lignée correspondant à 22 générations d'élevage de sélection pour la taille de la portée et la croissance des lapereaux (L22 ; 52 ♀ primipares) et une lignée de type ancien non sélectionnée (L0 ; 59 ♀ primipares). Les effets directs du lapereau (lignée lapereaux) ont été séparés des effets maternels de la lapine (lignée de femelles) avec l'utilisation des 4 possibilités d'adoptions croisées des lapereaux entre les ♀ des lignées de type ancien (L0) et de type moderne (L22). Les femelles ont été étudiées sur les deux premières portées. Chacune a élevé des lapereaux issus d'une seule lignée. Aucun lapereau n'a été élevé par sa mère biologique. A j21, les femelles L22 produisaient plus de lait que les femelles L0 (250 g vs 206 g, P=0,0003) ce qui a conduit à un poids plus élevé des jeunes à j21 (378 g vs 340 g, P<0,001). La femelle L22 avait de meilleures capacités maternelles que L0 en ce qui concerne la qualité du nid (P=0,06), la fourniture de poil pour le nid (P<0,0001), la production de lait (P=0,0003) et la volonté d'allaiter (P=0,007). À la plupart des stades de lactation les petits de L22 ont été observés plus souvent hors du nid que de petits L0, qu'ils aient été élevés par des lapines L0 ou L22. Les lapereaux de L22 ont quitté le nid plus tôt pendant la lactation et étaient plus audacieux dans un test d'émergence que les lapereaux L0. Les tendances du comportement des lapines étaient positives et favorables à la performance de la portée. En période d'allaitement, la génétique des lapereaux a influencé le comportement des lapereaux plus que la génétique de la mère allaitante.

Gunia M., Lantier F., Bed'hom B., Guitten E., Helies V., Helloin E., Herbert C., Maupin M., Riou M., Robert R., Shrestha M., Garreau H., 2021. *Pasteurella multocida* experimental infection 2): Genetic parameters. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-09, 4 pp*  
France



Dans cette étude, nous avons infecté expérimentalement 953 lapins croisés issus de 6 lignées paternelles avec *Pasteurella multocida*. Puis nous avons étudié leur réponse à la pasteurellose. Nous avons enregistré les abcès et la dissémination bactérienne, la croissance avant et après l'inoculation, et effectué des numérations globulaires 14 jours après l'inoculation. Une note de résistance de 0 (non résistant) à 5 (très résistant) a été donnée en fonction du taux de survie combiné à l'étendue des lésions cutanées (abcès) et de la dissémination bactérienne dans l'organisme. Les héritabilités étaient faibles à modérées pour tous les caractères sanguins ( $h^2$  variant de 0,04 pour les globules rouges à 0,30 pour les monocytes), à l'exception du pourcentage d'éosinophiles, qui ne semble pas être héritable. Il y a des corrélations génétiques positives entre la note de résistance et le nombre de globules rouges, les taux d'hématocrite, d'hémoglobine et de lymphocytes. A l'inverse, il existe des corrélations génétiques négatives entre la note de résistance et les pourcentages de plaquettes, de globules blancs, de neutrophiles et de monocytes. Parmi les caractères hématologiques, le pourcentage de lymphocytes pourrait être un critère de sélection potentiel vis-à-vis de la résistance à la pasteurellose. Son héritabilité était relativement élevée ( $h^2=0,24 \pm 0,09$ ) par rapport aux autres caractères et sa corrélation avec la note de résistance est également élevée ( $r=0,83$ ). Il s'agit des premières analyses des paramètres génétiques des caractères hématologiques chez des lapins infectés expérimentalement.

Herbert C., Yviquel J., Flatres-Grall L., Pong-Wong R., Lenoir G., 2021. Optimal contribution selection in C line Hycole: prospect for genetic gain. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-10, 4 pp*  
France, Royaume uni



L'une des conséquences des programmes de sélection est l'augmentation de la consanguinité. Le contrôle de la consanguinité évite l'apparition de problèmes tels que ceux directement liés à la consanguinité ou des problèmes de reproduction. Certaines alternatives, comme les plans d'accouplement, peuvent être utilisées pour limiter la progression de la consanguinité. Cependant, ces alternatives ralentissent le progrès génétique et ne permettent pas d'anticiper avec précision l'augmentation de la consanguinité. La méthode Optimum Contribution Sélection (OCS) maximise le gain génétique tout en limitant l'augmentation de la consanguinité via une équation d'optimisation. Cette optimisation se fait lors de la sélection des candidats au moment du sevrage et prend en compte leur degré de parenté, leur contribution à la population et leur valeur génétique. La méthode OCS a été testée pour une application de routine sur la lignée C pour mesurer l'impact sur le gain génétique et la gestion du troupeau. Une comparaison du gain génétique de l'aptitude à la reproduction (lignée maternelle) a été réalisée avec la méthode classique de troncature de sélection et la méthode OCS. Un gain génétique jusqu'à 10 fois supérieur est obtenu en utilisant la méthode OCS avec une diminution de la consanguinité. La mise en place de cet outil n'entraînerait pas de changement significatif dans la gestion de l'élevage, et supprimerait certaines contraintes liées à la gestion de la consanguinité.



Iannucelli N., Cabau C., Sarry J., Bouchez O., Billon Y., Riquet J., Allain D., Demars J., 2021. Heterologous hybridization using the human exome - A molecular tool to target and identify major genes. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-11, 4 pp.*  
France



L'identification des mutations causales responsables des phénotypes de manière efficace et rentable reste un défi pour toutes les espèces. Bien que le portefeuille de méthodologies de séquençage de nouvelle génération offre aujourd'hui un large éventail d'opportunités, disposer des outils de génétiques moléculaires appropriés aux organismes non modèles est souvent un problème. Pour le lapin européen (*Oryctolagus cuniculus*), considéré comme un modèle animal pour la recherche expérimentale, le génome de référence OryCun2.0 a été publié en 2009 et le Affymetrix AxiomOrcun SNP Array a été mis à disposition en 2016. Cette nouvelle puce donne la possibilité de développer commodément à l'échelle du génome des études d'association (GWAS) chez le lapin sans pour autant s'affranchir des étapes ultérieures de caractérisation causale des mutations. Le séquençage de l'exome entier (WES) apparaît comme une stratégie directe et appropriée pour cibler et séquencer tous les variants en une seule fois. Malheureusement, aucun outil d'enrichissement de l'exome n'existe pour les lapins. Ici, nous avons proposé de capturer l'exome du lapin en utilisant le panel humain commercialisé puisque les génomes humain et lapin sont étroitement liés sur l'arbre phylogénétique des espèces. Nous avons effectué une hybridation hétérologue pour 48 lapins de 7 populations différentes et généré 2 milliards de lectures de séquençage pour l'ensemble de données. La qualité de l'hybridation hétérologue a permis la capture de l'exome du lapin et a permis un ensemble de données de 40 000 variants sûrs qui ciblent spécifiquement à la fois le codage des protéines et les exons étendus. Cette méthode présente également une opportunité unique d'étudier à la fois (i) la diversité génétique de différentes races de lapins et (ii) le déterminisme mendélien de phénotypes spécifiques chez les lapins sans avoir recours à des outils personnalisés coûteux.

Kasza R., Matics Zs., Gerencsér Zs., Szendrő Zs., Nagy I., Csóka Á., Donkó T., 2021. Connection between the computed tomography (CT) estimated total body fat content of rabbits at 10 weeks of age and before the first insemination. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-12, 4 pp.*  
Hongrie



L'expérience a été menée à l'Université de Kaposvár (Hongrie) avec des lapins Pannon Ka. Une sélection divergente a été effectuée pendant quatre générations vis-à-vis de la teneur totale en graisses corporelles. L'indice de gras a été calculé à l'âge de 10 semaines en déterminant le rapport entre le volume total de graisse corporelle (cm<sup>3</sup>) estimé par tomographie par ordinateur (CT) et le poids corporel (kg). Au départ, sur la base de l'indice de gras, deux lignées ont été formées : les lapins ayant l'indice de gras le plus faible appartenaient à la lignée maigre et celui ceux avec l'indice le plus élevé appartenaient à la lignée grasse. Par la suite l'indice de gras a été contrôlé systématiquement à 10 semaines pour effectuer la sélection. L'indice de gras des lapines a aussi été vérifié avant la première insémination artificielle (IA) de la même manière. Dans les 1<sup>ère</sup> et 2<sup>ème</sup> générations, de faibles corrélations positives ont été trouvées entre les indices de gras à 10 semaines et ceux mesurés avant le premier IA (R = 0,570 et 0,510 respectivement ; P < 0,001). Aux 3<sup>e</sup> et 4<sup>e</sup> générations, les corrélations étaient plus élevées (R = 0,740 et 0,830 respectivement ; P < 0,001). D'après les résultats obtenus, la méthode de sélection basée sur des indices de gras à 10 semaines est adaptée à la sélection de lapins d'élevage. Il peut être intéressant d'effectuer la sélection en deux étapes, en filtrant les individus « aberrants » sur la base de la teneur en graisse corporelle estimée à 10 semaines, donc avant la mise effective en reproduction.

Laghouaouta H., Sosa-Madrid B.S., Zubiri-Gaitán A., Blasco A., Hernández P., 2021. Genome-wide association study for fatty acid composition in rabbits. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-14, 4pp.*  
Espagne



La composition en acides gras est un caractère clé influençant la qualité nutritionnelle et organoleptique de la viande. Une expérience de sélection divergente pour la teneur en graisse intramusculaire chez le lapin a été réalisée pendant neuf générations, montrant une réponse corrélée sur le profil des acides gras. Une étude d'association pangénomique a été réalisée sur les lignées sélectionnées afin d'identifier les régions génomiques associées à la composition en acides gras. Les caractères étudiés étaient les acides gras saturés (AGS), les acides gras monoinsaturés (AGMI), les acides gras polyinsaturés (AGPI) et les ratios AGPI/AGS, AGMI/AGS et n-6/n-3. Les statistiques bayésiennes sous le modèle Bayes B ont été utilisées pour analyser les données génomiques de 475 lapins des deux lignées. Les principales régions génomiques abritant des gènes liés au métabolisme des lipides ont été identifiées dans les chromosomes de lapin (OCU) OCU1, OCU3, OCU8, OCU9, OCU17 et OCU18. Une région pertinente à 46,0-49,2 Mb sur OCU18 se chevauchait pour AGS, AGPI et le rapport AGPI/AGS. Cette région a expliqué 7,91 %, 1,90 % et 0,55 % des variances génomiques de AGPI/AGS, AGPI et AGS, respectivement. De plus, une région génomique importante à 34-37,9 Mb sur OCU1 se chevauchait pour AGS, AGPI, AGPI/AGS et n-6/n-3. Cette région expliquait 11,32 %, 1,89 %, 2,78 % et 1,26 % de la variance génomique de AGS, AGPI, AGPI/AGS et n-6/n-3, respectivement. Les principaux gènes récupérés par les analyses fonctionnelles étaient : SCD, PLIN2, ERLIN1 et LIPC. Ces gènes jouent un rôle crucial dans le métabolisme des lipides. Les principales régions génomiques dans lesquelles nous avons trouvé des gènes liés au métabolisme des lipides n'avaient pas été détectées auparavant dans notre expérience pour la teneur en graisses intramusculaires. *MTMR2* est le seul gène associé à la fois à la composition en acides gras et à la teneur en graisses intramusculaires. Des analyses supplémentaires sont nécessaires afin de corroborer les associations identifiées par cette étude.

Machado L.C., Faria C.G. S., Zeferino C.P., Castilha L.D., Silveira J.M.M., Silva V.G.P., Pereira D.L., 2021. Productive performance and mortality in growing rabbits from different genotypes. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-15, 4 pp.*  
Brésil



Cette étude a évalué l'effet du génotype sur les performances de production et la mortalité chez des lapins en croissance. Un total de 192 lapins en croissance Néo-Zélandais Blanc (NZB), Botucatu et des lapins issus de leur croisement ont été utilisés (64 par génotype) pour étudier les performances de croissance (entre 32 et 67 jours d'âge), et un total de 451 lapereaux issus de 62 mises bas ont été utilisés pour estimer le taux de

mortalité avant le sevrage. Bien qu'il n'y ait pas eu de différence significative pour la consommation alimentaire et l'indice de consommation après le sevrage, les lapins Botucatu et croisés étaient plus lourds à 18, 32 et 67 jours que les lapins NZB: 2083 - 2156 et 1941 g respectivement à 67 jours ( $P < 0,01$ ). Les lapins des 2 premiers génotypes ont également montré un plus grand potentiel de gain de poids quotidien et un taux de mortalité sous la mère plus faible (mortalité MB-18jours de 17- 18 et 29% respectivement pour les 3 génotypes). La présente étude contribue à estimer la productivité des lapins croisés et Botucatu. Cependant, des recherches supplémentaires évaluant des alternatives pour un taux de mortalité pré-sevrage réduit dans les conditions brésiliennes doivent être effectuées.

Nagy I., Farkas J., Atkári T., Kövér Gy., 2021. Estimating lethal equivalent of the Pannon White rabbit population applying generalised linear mixed models. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-17, 4 pp.*  
Hongrie



La population fermée de lapins Pannon White a un pedigree ancien et complet, ce qui la rend parfaitement adaptée aux études de consanguinité. La survie des lapereaux à la naissance a été modélisée comme une variable binaire appliquant des modèles mixtes linéaires généralisés (GLMM) basés sur la fonction de lien logarithmique. La modélisation a été réalisée en tenant compte du coefficient de consanguinité du lapereau, du coefficient de consanguinité de la mère, de la saison de mise bas, de la parité de la mère, et de l'animal lui-même. Sur la base des moyennes mensuelles de survie des lapereaux à la naissance, la période analysée (1992-2017) a été divisée en deux périodes (1992-1997 et 1997-2017). Au total, 22718 enregistrements de mise bas ont été analysés. Les coefficients de régression estimés pour les coefficients de consanguinité des lapereaux et pour les mères étaient de  $-0,20 \pm 0,27$  et  $-0,41 \pm 0,36$ , et  $0,05 \pm 0,08$  et  $-0,01 \pm 0,09$  dans les première et deuxième périodes, respectivement. Cela correspond à l'équivalent léthal de 0,2 en première période, qui a disparu en deuxième période. En raison des grandes erreurs types, les résultats n'étaient pas significatifs.

Oseni S.O., Bashiru H.A., Atumah C., 2021. On-farm phenotypic characterization of heterogeneous rabbits for fertility and reproductive performance in south-western Nigeria. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-18, 4 pp.*  
Nigéria



Cette étude a évalué l'effet de la taille de la portée à la naissance (LSB), du poids corporel de la lapine à la conception (DWC), du groupe de mâles (SG) et de la parité (P), sur la fertilité et les performances de la portée dans une population hétérogène de lapins dans le sud-ouest du Nigeria. Les données sur 72 portées sur 2 parités issus de 7 mâles et 42 lapines ont été analysées. La fertilité et la performance de croissance avant le sevrage et les caractéristiques de survie étudiées comprenaient le LSB, le nombre d'accouplements par conception (NMC), la taille et le poids des portées à 7, 14, 21 et 28 jours après la mise bas, le taux de survie avant le sevrage (SR) et le gain de poids moyen quotidien des lapereaux de la mise bas au sevrage. Les données ont été analysées en utilisant la procédure GLM de SAS®. Un modèle linéaire qui incluait les effets fixes des classes LSB (petites, moyennes et grandes portées), DWC (légères vs lourdes), SG et P (une ou deux) a été utilisé. Les résultats ont montré que les performances les meilleures pour LSB et NMC ont été obtenues dans la deuxième parité : 5,79 vs 5,38 et 1,41 vs 1,71 respectivement ( $P < 0,05$ ). Il a aussi été conclu que les lapereaux nés dans des portées de petite taille présentaient un poids plus élevé à la mise bas et un gain de poids moyen quotidien plus élevé avant le sevrage et que les lapines présentaient des performances de reproduction supérieures pour la deuxième portée. Par contre, la classe de poids des lapines à la conception ( $>$  ou  $<$  à 2,5 kg) n'a d'incidence sur aucune des performances

Piles M., Tusell I., Velasco-Galilea M., Ballester M., Sánchez J.P., 2021. A comparative study of support vector machine and GBLUP to predict average daily gain from single nucleotide polymorphisms. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-19, 4 pp.*  
Espagne, France



Cette étude compare la précision de la prédiction des effets génétiques totaux, c'est-à-dire des effets génétiques additifs et non additifs, du gain de poids moyen quotidien (GMQ) à partir de polymorphismes mononucléotidiques (SNP) en utilisant la fonction de base radiale Support Vector Machine (SVM) et le meilleur modèle de prédiction linéaire sans biais (GBLUP) comme référence. Les exemples cibles étaient 425 enregistrements de GMQ qui avaient été précédemment ajustés pour les effets systématiques de l'environnement. Après contrôle qualité et sélection d'un SNP par groupe de liaison, 14 710 SNP ont été retenus. Un rééchantillonnage imbriqué a été mis en œuvre. Pour l'analyse avec SVM, dans chaque ensemble d'entraînement d'une validation croisée externe de 6 fois, les SNP ont d'abord été classés en utilisant leur corrélation de rang avec les enregistrements de GMQ ajustés. Ensuite, le réglage des hyperparamètres a été effectué à l'aide d'une validation croisée interne de 6 fois dans chaque ensemble d'apprentissage pour différentes configurations d'apprenants, y compris comme variables prédictives différents sous-ensembles avec un nombre croissant (50, 100, 200, 300, 500, 1000) des SNP les mieux classés. et un ensemble avec chacun d'eux. Enfin, les performances de prédiction ont été évaluées dans les ensembles de tests externes en utilisant la médiane de la corrélation de Spearman (SC) entre les phénotypes prédits et ajustés. Les mêmes paires d'ensembles d'entraînement/de test ont été utilisées pour la prédiction des enregistrements de GMQ ajustés à l'aide de GBLUP. Les meilleures performances de prédiction ont été obtenues avec SVM avec un sous-ensemble de 1000 SNP. Dans ce cas, la médiane (Md) de SC était de 0,34 avec un intervalle interquartile (IQR) de 0,20 pour ce paramètre. Lorsque la prédiction a été effectuée en utilisant GBLUP avec tous les SNP, le Md du SC était de 0,28 avec un IQR de 0,12. Le sous-ensemble sélectionné de SNP qui ont été identifiés pourrait être potentiellement utilisé dans la sélection pour accélérer le progrès génétique sur le GMQ.

Piles M., Sánchez J. P., Pascual M., Rodríguez-Ramilo S. T., 2021. Inbreeding depression on growth and prolificacy traits. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-20, 4 pp.*  
Espagne, France



Cette recherche vise à estimer la dépression due à la consanguinité pour les caractères de croissance et de prolificité dans une population de lapins sélectionnés pour leur taux de croissance sur 60 générations. Les données correspondaient à 173 485 individus de la lignée Caldes fondée en 1983. Les effets de la consanguinité ancienne, intermédiaire et nouvelle (Fold, Fint, Fnew), ainsi que la consanguinité classique (ie

total cumulé (F) et 3 mesures de la consanguinité ancestrale (AHC, Fa.K et Fa.B) ont été estimés pour le gain de poids moyen quotidien (GMQ), le poids d'abattage (SW), le nombre de lapereaux nés vivants (NA), le nombre total de lapereaux nés (NT) et le nombre de lapereaux sevrés (NW). Pour les caractères de croissance, l'effet de la consanguinité a été estimé avec un modèle qui comprenait les effets fixes de l'année de naissance, de l'ordre des portées et de la taille de la portée ainsi que le coefficient de consanguinité correspondant en tant que covariable (ou alternativement l'ajout des covariables Fold, Fint, Fnew), plus les effets aléatoires de la portée, du lot et des effets génétiques additifs. Pour l'analyse des caractères de prolificité, le modèle incluait les effets fixes de l'année de naissance, de l'état physiologique de la femelle à l'accouplement en plus de la covariable correspondant au coefficient de consanguinité, comme pour les caractères de croissance, et les effets aléatoires de la mère, du lot et des effets génétiques additifs. Nous avons montré une nette dépression due à la consanguinité pour tous les caractères de croissance et de prolificité (-10 g/j, -506 g, -7,4 lapereaux, -6,2 lapereaux et -6,2 lapereaux pour GMQ, SW, NA, NT et NW, respectivement sur F). Les coefficients de consanguinité ancestrale Fa.K et Fa.B ont également eu un effet négatif sur tous les caractères, et les résultats n'étaient pas significativement différents de ceux obtenus avec F. Cependant, l'effet de Fold et Fint était nul alors qu'il était négatif pour Fnew, sur la croissance mais pas sur les caractères de prolificité. Des résultats similaires à ceux obtenus pour Fint et Fold ont également été observés en utilisant l'AHC, suggérant la possibilité d'une purge par sélection d'allèles récessifs délétères affectant la croissance.

Piles M., Tusell L., Velasco-Galilea M., Helies V., Drouilhet L., Zemb O., Sánchez J.P., Garreau H., 2021. Machine learning algorithms for the prediction of feed efficiency based on caecal microbiota. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-21, 4 pp*  
Espagne, France



Cette étude vise à prédire l'indice de consommation (IC) des jeunes lapins à partir de l'abondance des variants de la séquence d'amplicons (ASVs) pour améliorer ce caractère en sélectionnant les animaux avec le microbiote le plus favorable et en identifiant les micro-organismes les plus pertinents impliqués dans l'efficacité alimentaire. Les données proviennent de deux populations de lapins issus de la lignée paternelle INRA 1001 : la génération G10, sélectionnée depuis 10 générations pour une consommation alimentaire résiduelle réduite et la génération témoin G0 produite à partir d'embryons congelés de la lignée initiale commune. Nous avons enregistré 296 et 292 données de l'IC pour les individus de la G10 et de la G0, respectivement. Les données phénotypiques ont été pré-corrigées pour les effets systématiques du groupe, du lot, de la taille de la portée et du sexe et de l'effet aléatoire de la portée. Le contrôle de la qualité des séquences et l'élimination des chimères ont été effectués avec le "pipeline" DADA2. Les échantillons avec moins de 5 000 séquences finales et les doublons d'ASV n'ont été retirés. Les nombres d'ASV du tableau final (y compris 918 ASVs) ont été transformés en logarithme centrés et corrigés pour les effets de lot avec une analyse de variable de substitution. Un rééchantillonnage imbriqué pour le réglage des hyperparamètres et la validation des prédictions a été mis en œuvre, conduisant à 25 paires d'ensembles d'entraînement/test. Des modèles de régression bayésienne (Bayesian Lasso, Bayesian Ridge Regression et Reifying Kernel Hilbert Spaces) et des algorithmes d'apprentissage automatique (Support vector machine et Elastic net) ont été adaptés à tous les ASV, conduisant à une précision de prédiction presque nulle dans tous les cas. Ensuite, les ASVs ont été classés en fonction de leur importance de prédiction à l'aide du score d'importance de la précision de la permutation dans un algorithme de forêt aléatoire basé sur l'inférence conditionnelle et différents sous-ensembles de taille croissante (50, 100, 150, 200, 300, 400, 500, tous) des principaux ASVs et les variables de substitution les plus importants ont été utilisés comme prédicteurs dans les algorithmes d'apprentissage automatique. Les meilleures performances et les résultats les plus stables ont été obtenus avec l'apprentissage automatique utilisant les 100 ASVs les plus importants étant pour la plupart reliés à l'ordre des *Clostridiales*. Les médianes de la corrélation de Spearman (intervalle interquartile) étaient de 0,33 (0,09) et 0,32 (0,06) pour SVM et ENET, respectivement.

Savietto D., Debrusse A.M., Bonnemère J.M., Labatut D., Aymard P., Fortun-Lamothe L., Gunia M., 2021. Characterization of the French rabbit breed Fauve-de-Bourgogne in an intensive system. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-22, 4 pp*  
France



Une caractérisation de la race cunicole française "Fauve-de-Bourgogne" a été réalisée sur une population de 48 lapins (11 mâles et 37 femelles) provenant de cinq élevages amateurs différents, situés dans les régions françaises d'Alsace, de Lorraine et de Bourgogne. Nous avons vérifié la croissance des futures reproductrices, les performances de reproduction des femelles et leur consommation alimentaire pendant les 10 premiers jours de lactation, ainsi que la survie et la croissance des lapereaux. Les lapines Fauve-de-Bourgogne ont un poids adulte d'environ 4,3 kg ( $\pm 0,43$ ) et ont atteint 84 % du poids adulte vers 5 mois. Sous un rythme de reproduction de 42 jours, les performances de reproduction étaient faibles. Les taux de fécondité étaient en moyenne de 60 % et la taille des portées à la naissance était en moyenne de 4,3 ( $\pm 2,7$ ) nouveau-nés. En moyenne, les femelles ont sevré (à 35 jours) 3,4 lapereaux ( $\pm 2,4$ ) pesant 720 g ( $\pm 170$ ). En l'absence de supplémentation en antibiotiques, la survie des lapereaux à l'âge de 65 jours atteignait 83% et les animaux en croissance atteignaient 1649 g ( $\pm 192$ ) à cet âge.

Utzeri V.J., Ribani A., Fontanesi L., 2021. Variability in the tyrosinase (TYR) gene (the albino locus) in domestic and wild rabbits. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-23, 4 pp*  
Italie



Des mutations perturbatrices affectant le gène TYR provoquent différentes formes d'albinisme chez la souris, l'homme et plusieurs autres mammifères. Des études génétiques classiques ont déjà rapporté cinq allèles au locus Albinos du lapin, indiqués comme faisant partie de la série C, chacun d'eux ayant des actions différentes sur la production de phéomélanine et d'eumélanine, ainsi que sur la couleur des yeux. Quelques uns de ces allèles ont déjà été caractérisés au niveau de l'ADN par séquençage de la région codante du gène TYR du lapin dans quelques races ou souches avec des allèles spécifiques à ce locus. Dans cette étude, nous avons davantage caractérisé le gène TYR chez le lapin en séquençant environ 2000 pb englobant toutes les régions codantes et les régions flanquantes chez un total de 25 lapins de 11 races domestiques (2 lièvre belge, 2 fauve de Bourgogne, 3 californien, 3 Argenté de Champagne, 2 Géants Chinchilla, 1 Géant Gris, 1 Havane, 2



Leprino di Viterbo, 4 Néo-Zélandais Blanc, 2 Argenté et 3 Blanc de Vienne) et 11 autres lapins sauvages chassés en Sardaigne. Les données de séquençage ont identifié un total de 15 mutations. Nous avons confirmé cinq mutations "faux-sens" déjà détectées par d'autres études, dont trois associées à différents phénotypes de couleur de pelage : p.T373K déterminant l'allèle albinos ; p.E294G provoquant l'allèle himalayen et chinchilla ; p.T358I observé uniquement chez les lapins Chinchilla. En plus de sept autres mutations synonymes et d'un polymorphisme dans la région 3'-non traduite (UTR), deux nouvelles mutations "faux-sens" (une identifiée uniquement chez les lapins sauvages) ont été identifiées. Cette étude a en outre contribué à révéler la variabilité du gène TYR dans différentes populations de lapins et a confirmé l'effet de mutations fonctionnelles à ce locus.

NDLR : En génétique, une mutation faux-sens ou substitution non synonyme est une mutation ponctuelle dans laquelle un nucléotide d'un codon est changé, induisant le changement de l'acide aminé associé. Ceci peut rendre la protéine traduite non fonctionnelle, si les propriétés du nouvel acide aminé sont différentes.

Zhang Kai, Fu Xiangchao, Liu Ning, Wen Bin, Xu Changwen, Du Dan, Yu Zhiju, Jian Wensu, Wang Ping, Guo Xiaolin, Wang Lihuan, Liu Hanzhong, 2021. Rex rabbit illumina sequencing and bioinformatics analysis on miRNA in testes. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-24, 3 pp.*  
Chine



Le miARN, est une sorte d'ARN non codant micromoléculaire d'une longueur d'environ 22 pb; il joue un rôle régulateur important dans la biologie de la reproduction et la spermatogenèse. Cette recherche utilise la technologie de séquençage Illumina pour effectuer le séquençage de miARN sur trois lapins mâles adultes de sept mois, visant à évaluer la qualité du séquençage à haut débit dans l'exploration de données de miARN de testicules de lapin et à explorer les caractéristiques biologiques de miARN dans les tissus des testicules. Les résultats montrent que la qualité, la pureté de l'ARN total et l'intégrité de l'ARN total étaient bonnes, ce qui peut répondre aux exigences de construction d'une petite bibliothèque d'ARN et à l'applicabilité de la séquence obtenue dans l'analyse d'identification de miARN ultérieure. Les lectures Uniq représentaient 24,17 % des séquences totales. La longueur de l'ARN était principalement comprise entre 22 et 31 nt, ce qui représente plus de 89,32 % des séquences pures. Néanmoins, 82,86 % de la séquence nettoyée ne correspondaient pas à des ARN longs ou courts connus auparavant. Le déséquilibre de la longueur des séquences de miARN peut être lié au mécanisme d'action et aux fonctions spécifiques des miARN dans les tissus des testicules.

Zubiri-Gaitán A., Martínez-Álvaro, M., Hernández P., Blasco A., 2021. Correlated response to selection for intramuscular fat on the gut metagenomic profile. *12th World Rabbit Congress - November 3-5 2021 - Nantes, France, Communication BG-25, 4 pp.*  
Espagne



Une expérience de sélection divergente pour la teneur en lipides intramusculaire (FMI) dans les muscles *longissimus thoracis* et *l. lumborum* [NDLR : il y a encore quelques années ces deux muscles n'étaient distingués l'un de l'autre et l'ensemble était désigné sous le nom de *longissimus dorsi*, le muscle principal de rable] a été réalisée chez le lapin pendant 10 générations à l'Université Politechnique de Valence (Espagne), pour étudier les mécanismes impliqués dans le dépôt de graisse intramusculaire. Le but de cette expérience était d'analyser la réponse corrélée à la sélection sur le métagénome intestinal, afin d'essayer d'élucider le rôle du microbiote et de ses gènes sur les mécanismes évoqués. Un total de 89 lapins de la 10e génération de sélection ont été utilisés pour estimer la réponse corrélée à la sélection sur le métagénome intestinal. Une fois l'ensemble de données du métagénome obtenu, les données ont été transformées à l'aide de techniques d'analyse de données compositionnelles afin de traiter la nature de leur composition. Des analyses de projection sur des structures latentes (PLS) et de PLS discriminant (PLS-DA) ont été utilisées pour trouver les gènes microbiens affectés par la sélection. Les variables les plus importantes pour les deux modèles étaient celles qui avaient une importance variable dans la projection (VIP)  $\geq 0,80$  et un intervalle de confiance du coefficient de régression de Jack Knife n'incluait pas le zéro. Le modèle PLS-DA comprenait 240 gènes microbiens et a pu classer correctement tous les échantillons après une procédure de validation croisée. Le modèle de régression PLS, d'autre part, comprenait 230 gènes microbiens avec une capacité de prédiction linéaire du contenu en IMF de 79% après validation croisée (Q2). Seuls 122 gènes microbiens qui se chevauchaient entre les résultats de PLSDA (240) et PLS (230) ont été pris en compte, aidant à différencier ceux qui sont réellement liés à l'IMF de ceux qui ont été fixés en raison de la dérive génétique. Le signe et l'ampleur de la réponse corrélée à la sélection sur chaque gène microbien ont été estimés comme la différence de l'abondance relative entre les lignées haute et basse, dans un modèle linéaire qui incluait l'effet de la lignée. Le modèle a été résolu en utilisant l'inférence bayésienne et en supposant des priors plats pour toutes les inconnues. Les distributions postérieures marginales des différences mentionnées ont été décrites par la médiane, l'intervalle de densité postérieure la plus élevée avec une probabilité de 95%, et la probabilité que ces différences soient supérieures ou inférieures à 0. Enfin, les voies métaboliques affectées par ces gènes ont été identifiées grâce aux informations fournies par la base de données KEGG. La majorité d'entre eux étaient impliqués dans la synthèse des membranes de la paroi cellulaire [des bactéries du microbiote], la production et la conversion d'énergie, ainsi que le transport et le métabolisme des lipides, des acides aminés et des coenzymes. Une sélection divergente pour l'IMF a conduit à une modification du métagénome intestinal, confirmant l'existence d'un lien entre le génome de l'hôte et son métagénome. Cependant, une analyse plus exhaustive des gènes et des voies métaboliques, ainsi que l'étude des taxons microbiens impliqués, est nécessaire pour bien comprendre le rôle du microbiome dans le dépôt de graisse intramusculaire.

[retour Liste des communication](#)

Retour en haut de page



MAGAZINE

ACCUEIL