

ESTIMATION DES PARAMETRES GENETIQUES DES DEFORMATIONS OBSERVEES DANS LE SYNDROME DIT DES "PATTES TORDUES" DU POULET DE CHAIR

Le Bihan-Duval Elisabeth¹, Beaumont Catherine¹, Colleau J.J.²

¹INRA, Station de Recherches Avicoles, 37380 Nouzilly.

²INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, 78350 Jouy-en-Josas.

Résumé

Cette étude a pour but d'estimer les paramètres génétiques des trois déformations ("valgus", "varus" et "cow-boy") rencontrées dans le syndrome dit des "pattes tordues" du poulet de chair. Les analyses portent sur deux lignées de poulet de type "chair". Dans la première, 14264 animaux des deux sexes issus de 111 pères et 76 grand-pères maternels et répartis dans 14 lots sont étudiés et, dans la seconde, 8164 animaux issus de 94 pères et 71 grand-pères maternels et répartis dans 11 lots. Les données sont analysées avec un modèle linéaire généralisé utilisant la transformation logistique multinomiale. Le modèle d'analyse comporte les effets fixes des lots d'éclosion ainsi que les effets aléatoires des pères et grand-pères maternels. Les paramètres sont estimés par une approche bayésienne. Les résultats obtenus montrent que les déformations de type "varus" et "cow-boy" ont un déterminisme génétique très proche. Le degré de gravité de la maladie peut être négligé.

Introduction

Les progrès spectaculaires réalisés sur la vitesse de croissance du poulet de chair se sont accompagnés de l'apparition de troubles locomoteurs et notamment du syndrome dit des "Pattes Tordues". Celui-ci entraîne une baisse de performance, une augmentation de la mortalité et un taux de saisie accru. Quatre études seulement ont été consacrées à l'estimation des paramètres génétiques de ce syndrome : celles de Hartmann et Flock (1979), Leenstra et al. (1984), Mercer et Hill, (1984) et Sorensen et Harlou (1984). Aucune ne distingue les trois déformations (valgus, varus ou cow-boy) décrites par Leterrier et Nys (1992). En conséquence, l'objectif de notre étude est d'estimer, sexe par sexe, les paramètres génétiques de ces trois déformations et de préciser les liaisons génétiques entre les formes légères et graves de chacune d'entre elles.

Matériel et Méthodes

Les données sont recueillies sur des animaux de deux lignées commerciales de type chair. Pendant toute la période d'élevage, les animaux sont placés au sol et répartis selon la lignée dans 14 ou 11 lots d'élevages différents. Dans la première lignée, l'étude porte sur 14.264 animaux issus de 111 pères et 76 grand-pères maternels et, dans la deuxième, sur 8.164 animaux issus de 94 pères et 71 grand-pères maternels. Les animaux sont examinés individuellement à 6 semaines et classés, en se référant aux critères proposés par Leterrier et Nys (1992), en sain, valgus, varus ou cow-boy.

Deux défauts ne pouvant être mesurés simultanément, les nombres totaux d'observations par catégorie de réponse et par sous-population (définie comme une combinaison de niveaux de variables explicatives du modèle) suivent une distribution multinomiale. L'analyse de ce type de données sort du cadre classique des méthodes linéaires. Nous avons donc utilisé un modèle linéaire généralisé avec fonction de lien logistique multinomial. L'objectif de cette étude étant d'analyser conjointement la sensibilité aux différentes déformations, nous considérons pour chaque pathologie et chaque sous-population, le logarithme du rapport entre la probabilité de déclencher la maladie et celle de rester sain. Ce rapport est appelé logit. Une augmentation du logit va donc dans le sens d'une plus forte sensibilité. Selon les analyses, ces classes pathologiques correspondent aux codes de base définis au sein du syndrome "pattes tordues" (valgus, varus ou cow-boy) ou à des subdivisions de ces mêmes catégories en fonction de la gravité du symptôme. Le modèle d'explication des logits tient compte des effets fixes du lot d'éclosion sur les logits et des effets aléatoires des pères et grand-pères maternels des animaux mesurés.

Les effets fixes b et génétiques u sont estimés en utilisant une approche bayésienne par le mode de la densité conjointe a posteriori du vecteur $\theta = (b', u')$. Trouver ce mode revient à évaluer sa dérivée à zéro. Mais

celle-ci n'est pas linéaire en θ . Un algorithme itératif de Newton-Raphson a donc été utilisé. Pour un jeu de paramètres de dispersion donné, les itérations sur les paramètres de position sont poursuivies jusqu'à ce que la différence moyenne entre deux itérations successives soit inférieure à 10^{-10} . Les paramètres de dispersion sont estimés par la Méthode de Maximum de Vraisemblance Marginale (MVM) (Foulley et al., 1987). Cette méthode correspond au REML dans le cas de données normales (Foulley et al., 1987) mais elle entraîne de lourds calculs informatiques. Van Raden et Jung (1988) ont proposé, dans le cadre du modèle linéaire, d'utiliser une approximation du REML dite "tilde-hat" pour l'estimation des paramètres de dispersion. Celle-ci réduit fortement les coûts de calcul : elle requiert uniquement l'inversion de matrices de taille très réduite (ici, $(c-1) \times (c-1)$, où c est le nombre de catégories considérées).

Les paramètres génétiques des trois déformations sont d'abord estimés sexe par sexe dans les deux lignées avec un modèle "père et grand-père" et l'approximation "tilde-hat". Les itérations génétiques sont poursuivies jusqu'à ce que la différence moyenne entre deux itérations successives soit inférieure à 10^{-10} . Puis les paramètres sont estimés en distinguant les déformations légères et graves. Cette analyse a été restreinte aux mâles du fait de la faible incidence des défauts graves chez les femelles. Cette analyse portant sur un total de six caractères, des difficultés de convergence ont été rencontrées avec le tilde-hat. Nous avons donc choisi, pour cette application, d'estimer les composantes de la variance par le Maximum de Vraisemblance Marginale (MVM) avec un algorithme de type EM. Cette méthode a comme désavantage une vitesse de convergence lente, mais garantit contrairement au tilde-hat une estimation définie positive de G . En raison de coûts de calcul importants, cette analyse a été conduite en considérant un modèle statistique simplifié, dans lequel les effets génétiques sont réduits aux effets pères (supposés non apparentés dans ce cas particulier). Les itérations génétiques sont poursuivies jusqu'à ce que la différence moyenne entre deux itérations successives soient inférieures à 2.10^{-9} .

Résultats

Il ressort de l'analyse réalisée en utilisant un modèle "père et grand-père maternel" et en distinguant mâles et femelles que tous les défauts sont héréditaires dans les deux sexes. Pour les valgus, les héritabilités estimées apparaissent similaires dans les deux sexes. Elles sont, respectivement chez les mâles et les femelles, de 0.27 et 0.28 dans la lignée A et de 0.37 et 0.44 dans la lignée B. Les estimations des héritabilités des déformations de type cow-boy et varus sont plus variables. L'héritabilité du cow-boy est forte et varie de 0.50 à 0.69, à l'exception des femelles de la lignée B pour lesquelles l'héritabilité est de 0.22. L'héritabilité du varus varie de 0.18 à 0.45 selon la lignée et le sexe.

Les résultats soulignent également l'existence d'une corrélation génétique fortement positive entre "varus" et "cow-boy". Dans la lignée A, cette estimation vaut 0.75 dans les 2 sexes ; dans la lignée B, elle vaut 0.80 et 0.71 pour les mâles et femelles respectivement. Les liaisons génétiques entre le valgus et les deux autres déformations varient selon le sexe. Chez les femelles la sensibilité au valgus est négativement corrélée avec la sensibilité au varus : les estimations de la corrélation génétique sont de - 0.52 dans la lignée A et de - 0.54 dans la lignée B. Les corrélations génétiques entre valgus et cow-boy sont très faibles dans ce sexe (- 0.13 dans la lignée A et 0.11 dans la lignée B). Chez les mâles de la lignée B, valgus et varus sont positivement corrélés (r_g de 0.50) ; il en est de même des valgus et cow-boy (r_g de 0.53). Chez les mâles de la lignée A, la corrélation génétique entre valgus et cow-boy est toujours positive (0.28), celle entre valgus et varus légèrement négative (-0.09).

L'héritabilité des défauts sévères est plus élevée que celle des défauts légers. Ces différences sont plus marquées pour les déformations de type valgus et cow-boy. L'héritabilité du valgus grave est, dans les 2 lignées respectivement, de 0.39 et 0.53, celle du valgus léger de 0.09 et 0.18. Pour le cow-boy grave, elle est de 1.13 et 0.95 dans les deux lignées et pour le cow-boy léger de 0.43 et 0.61. Par ailleurs, cette étude montre l'existence d'une forte corrélation génétique entre les formes légères et graves de chaque déformation. Ces corrélations sont estimées (respectivement dans les lignées A et B) à 0.91 et 0.96 pour le valgus, 0.95 et 0.74 pour le varus et 0.88 et 0.73 pour le cow-boy.

Discussion

Les déformations étudiées ici ne peuvent être considérées comme des caractères ordonnés. Le modèle à seuil développé par Gianola et Foulley (1983) ne s'applique pas à ce cas. Par contre le modèle logistique linéaire multinomial convient à des données discrètes non ordonnées. Mais si de nombreuses applications du modèle à seuil avec un modèle mixte ont été décrites dans la littérature (Foulley et Manfredi, 1991), l'utilisation d'un

modèle logistique est rare. A notre connaissance du moins, seul Gianola (1980) a utilisé une transformation logistique pour étudier des données polytomiques discrètes non ordonnées dans le cas d'un modèle mixte. Mais les logits considérés correspondent aux rapports des effectifs observés et non aux rapports de probabilités. La qualité des estimations obtenues avec notre méthode (exprimée en terme d'une part d'écart entre moyenne des estimations et valeur introduite dans la simulation, de variance des estimations d'autre part) a été vérifiée par simulations sur deux caractères pour différentes valeurs d'incidence et de paramètres génétiques (Le Bihan-Duval, 1995). En particulier, les estimations sont peu ou pas biaisées lorsque les incidences sont suffisantes.

Les héritabilités des trois déformations apparaissent élevées mais il est délicat de les comparer aux résultats de la littérature. Très peu de travaux ont été consacrés à l'étude du déterminisme génétique des différents types de défauts d'aplomb. Ceux-ci étaient de plus le plus souvent confondus dans un seul caractère. La seule exception semble être l'étude de Mercer et Hill (1984) qui distinguent les angulations en valgus et varus. Ceux-ci travaillent sur plus de 25.000 poulets mâles et femelles issus de 3 lignées. Les paramètres génétiques de ces deux déformations, ainsi que d'autres défauts du squelette, sont estimés à la fois par une méthode linéaire et la méthode des "Probands" de Falconer (1965). La moyenne de leurs estimations d'héritabilité est de 0.22 pour le valgus à de 0.29 pour le varus. Ces valeurs sont un peu plus faibles que les nôtres mais obtenues sur des lignées différentes et avec d'autres méthodes d'analyse. Les corrélations génétiques entre varus et cow-boy sont élevées. Une telle similitude des déterminismes génétiques de ces deux déformations n'est guère surprenante car ces deux défauts sont cliniquement et épidémiologiquement très similaires. Par contre, le signe de la corrélation génétique entre varus et les deux autres déformations peut varier avec le sexe. Pour l'instant du moins, aucune interprétation biologique ne peut être donnée à ce phénomène. Il pourrait être dû au hasard d'échantillonnage ou à des différences de déterminisme génétique entre sexes.

Pour chaque déformation l'héritabilité de la forme légère est plus faible que celle de la forme grave. Ces différences sont importantes pour la déformation de type valgus dans les 2 lignées et pour la déformation de type cow-boy dans la lignée A. La plus faible héritabilité des formes légères est très probablement due à des confusions entre animaux sains et légèrement atteints. Ces erreurs de notations sont sans doute aggravées par la tendance du notateur à appliquer une notation très sévère. Dans la présente étude, les corrélations génétiques estimées entre les formes légères et graves sont très élevées. Cela justifie le fait de considérer les animaux légèrement atteints comme malades et de confondre les deux formes de la maladie. Regrouper ces deux catégories réduit le nombre de sous-classes présentant des incidences extrêmes. Pour chacune des déformations l'héritabilité estimée sur l'échelle continue en regroupant les formes légères et graves est de plus assez élevée.

Conclusion

Ces premiers résultats montrent qu'au moins le valgus devrait être distingué des deux autres déformations. Il semble en effet qu'une sélection basée sur le seul critère de la présence (ou absence) de troubles locomoteurs réduirait les valgus en raison de leur incidence prépondérante. Mais les conséquences sur l'incidence des varus ou cow-boy pourraient être faibles voire défavorables du fait des corrélations génétiques négatives estimées chez les femelles. Par contre regrouper varus et cow-boy peut être envisagé. Leur fréquence cumulée est proche du 10 %, ce qui amène d'après nos simulations à une meilleure précision des estimations.

Références

- Falconer D.S., 1965. *Ann. Hum. Genet. Lond.*, 29, 51-76.
- Foulley J.L., Im S., Gianola D., Höschele I., 1987. *Génét., Sél., Evol.*, 19, 197-224.
- Foulley J.L., Manfredi E., 1991. *Génét., Sél., Evol.*, 23, 309-338.
- Gianola D., 1980. *J. Anim. Sci.*, 51, 1272-1276.
- Gianola D., Foulley J.L., 1983. *Génét. Sél. Evol.*, 115, 201-224.
- Hartmann W., Flock D. K., 1979. *Proc. Brit. Poult. Breeders Roundtable*, Glasgow, GB.
- Le Bihan-Duval E., 1995. *Thèse de Doctorat en Science*, Université Paris Sud, Centre d'Orsay.
- Leenstra F., Van Voorst A., Haye U., 1984. *Ann. Agric. Fenn.*, 23, 261-270.
- Leterrier C., Nys Y., 1992. *Av. Path.*, 21, 429-442.
- Mercer J.T., Hill W.G., 1984. *Heredity*, 53, 193-203.
- Sorensen P., Harlou B., 1984. *Proc XVII WPSA Cong.*, August 8-12, 1984, 163-164, Hämeenlinna, Finland.
- Van Raden P.M., Jung Y.C., 1988. *J. Dairy Sci.*, 71, 187-194.