

ESTIMATION DES PARAMETRES GENETIQUES DES TROUBLES LOCOMOTEURS DANS UNE SOUCHE DE CANARD DE BARBARIE

Chapuis Hervé¹, Le Bihan-Duval Elisabeth², Beaumont Catherine²,
Leterrier Christine², Retailleau Bernard³

¹ SYSAAF, Station de Recherches Avicoles, INRA, 37380 Nouzilly, France

² Station de Recherches Avicoles, INRA, 37380 Nouzilly, France

³ Grimaud Frères, La Corbière, 49450 Roussay, France

Résumé

Cette étude vise à estimer les paramètres génétiques de troubles locomoteurs du canard de Barbarie. Les données, récoltées pendant 7 générations concernent 18360 animaux mâles. Les données sont analysées avec un modèle linéaire généralisé utilisant la transformation logistique multinomiale. Le modèle d'analyse comporte les effets du lot d'éclosion, des ancêtres mâles (père et grand-père maternel) et de la mère intra grand-père maternel. Les paramètres sont estimés par une approche bayésienne. Les résultats démontrent la possibilité de réduire par sélection l'incidence des boiteries.

Abstract

Estimation of genetic parameters for leg disorders in muscovy ducks

Genetic parameters of leg disorders were estimated in a meat-type strain of muscovy ducks. Data pertaining to 18360 male birds (selected for 7 generations) were analyzed using a linear generalized model with logistic link function. This model took into account the effects of hatch, sire, maternal grand-sire and dam within grand-sire. A bayesian approach was used for this analysis. The results clearly show the potential efficiency of a selection against leg disorders.

Introduction

Les troubles locomoteurs affectent la quasi totalité des espèces avicoles. Ils peuvent occasionner de graves souffrances pour l'animal et causer de lourdes pertes. Peu d'études, pourtant, ont été consacrées à l'analyse de leur déterminisme génétique, en raison probablement de la structure particulière des données. Celles-ci sont souvent de type « tout-ou-rien » ou « discret », un animal étant sain ou boiteux. Dans ce cas, des modèles adaptés ont été développés (Gianola et Foulley, 1983 ; Le Bihan et al., 1996). Ils supposent l'existence d'une (ou plusieurs) variable(s) sous-jacente(s) de sensibilité. L'objectif de cette étude est d'étudier le déterminisme génétique des troubles locomoteurs chez le canard de Barbarie, afin d'évaluer, dans cette espèce, les possibilités d'une sélection efficace contre les boiteries.

Matériels et méthodes

Données

Les mesures ont été recueillies dans une souche lourde de canards de Barbarie, entre 1990 et 1998 (à l'exception des années 1992 et 1994), soit 7

générations de sélection. Les données exploitables étaient réparties dans 16 lots d'élevage. Elles proviennent de 18360 animaux, issus de 593 pères, 2058 mères, et 360 grands-pères maternels. Les animaux mâles sont notés à 12 semaines d'âge pour la qualité de leurs aplombs. Trois catégories sont ainsi définies : les animaux sains, les animaux présentant une boiterie de moyenne gravité, et ceux présentant une boiterie sévère. Une description plus complète des symptômes observés dans la même souche est donnée par Leterrier (1999). Une quatrième catégorie regroupe les individus morts durant la phase d'élevage. En analysant simultanément les données concernant la sensibilité aux boiteries et la mortalité, nous espérons quantifier la liaison entre troubles locomoteurs et mortalité. L'évolution du tableau clinique est représentée sur la figure 1.

Modèle

Les 4 catégories définies plus haut sont mutuellement exclusives. La mortalité ne peut être considérée d'emblée comme le stade ultime de la boiterie, d'où la nécessité d'utiliser un modèle linéaire généralisé avec fonction de lien logistique multinomial. Dans ce modèle, l'appartenance d'un individu à l'une des 4 catégories discrètes définies dépend d'une variable continue non observable déterminée par la valeur génétique et les conditions

de milieu. Afin d'estimer cette valeur génétique, on considère le logarithme entre la probabilité de déclencher la maladie (i.e. subir une boiterie moyenne, sévère ou mourir avant 12 semaines) et la probabilité de rester sain. Ce rapport est appelé logit. Aux 4 catégories (incluant la classe des animaux sains) correspondent donc trois logits. Une augmentation du logit va dans le sens d'une plus forte sensibilité. Les logits sont ensuite expliqués par le modèle d'analyse suivant :

$$\mu_k = X\beta_k + Z_1u_{1k} + Z_2u_{2k}$$

où μ_k est le vecteur des logits correspondant à la $k^{\text{ème}}$ pathologie, et β_k le vecteur des effets « lots ». u_{1k} et u_{2k} sont les vecteurs des effets génétiques, considérés comme aléatoires, et se référant respectivement aux ancêtres mâles et femelles. X , Z_1 et Z_2 sont des matrices d'incidence connues. Le modèle retenu est un modèle 'père-mère-grand-père maternel' prenant en compte les parentés partielles entre individus. Il permet de distinguer, pour chaque caractère, héritabilités « père » et héritabilités « mère ».

Estimation

Les estimations sont obtenues par une approche bayésienne qui maximise la densité conjointe *a posteriori* du vecteur des variables de position $\theta'=(\beta', u_1', u_2')$. Pour un jeu de paramètres de dispersion donné, le système d'équations résultant étant non linéaire en θ , un algorithme itératif de type Newton-Raphson est utilisé pour atteindre le mode. Une fois l'estimation des paramètres de position réalisée, les paramètres de dispersion sont estimés par Maximum de Vraisemblance Marginale (MVM) (Foulley et al., 1987). En réduisant considérablement les coûts de calcul, l'approximation 'tilde-hat' (Van Raden et Jung, 1988) permet d'en assurer la faisabilité.

Résultats

Les paramètres génétiques estimés sont résumés dans le tableau 1. Les héritabilités de la sensibilité aux trois catégories sont non nulles, voire élevées pour les boiteries sévères ($h_p^2=0,3$). Ce syndrome est lui-même fortement corrélé, que l'on considère la voie « père » ou la voie « mère », avec les boiteries de moindre gravité, plus délicates à repérer, et avec la mortalité.

Si un animal ne peut exprimer qu'une seule des 4 classes, la modélisation permet de lui attribuer une probabilité de se trouver dans chacune d'elles. Il est ainsi possible de déterminer l'évolution génétique de la population pour ces probabilités. Celle-ci, présentée sur la figure 2, montre une légère amélioration du niveau génétique des animaux.

Discussion

Les héritabilités estimées sont du même ordre de grandeur que celles calculées, à l'aide du même modèle, chez le poulet de chair pour les boiteries de type varus et valgus (Le Bihan, 1995 ; Le Bihan et al., 1996), et légèrement plus élevées que celles obtenues, chez le canard de Barbarie, avec un modèle à seuil et un fichier contenant seulement deux générations consécutives (Beaumont et al., 1997). Ces valeurs permettent d'envisager, comme chez le poulet, une sélection efficace contre les boiteries. Et ce d'autant mieux que les boiteries sévères, plus faciles à repérer, plus hérissables, et, par conséquent, plus faciles à sélectionner, sont corrélées positivement avec les boiteries de moyenne gravité et avec la mortalité. La réduction par sélection de l'incidence des boiteries sévères entraînera par conséquent une diminution de l'incidence des boiteries moyennes et des mortalités en élevage dues aux boiteries.

La forte corrélation génétique estimée entre les boiteries sévères et moyennes suggère que les mêmes gènes sont impliqués dans leur déterminisme, et plaide en faveur de l'utilisation du modèle à seuils, qui fait implicitement l'hypothèse que ces deux syndromes représentent différents niveaux d'une même pathologie. Se pose alors le problème du traitement des mortalités. On envisagera une analyse à l'aide d'un modèle à seuils, impliquant uniquement les boiteries moyennes et sévères. La réduction des mortalités est alors attendue comme un effet indirect de la sélection.

Le modèle génétique utilisé permet de prendre en compte un grand nombre de parentés, et la différence observée entre les composantes « père » et « mère » de la variance suggère l'existence d'un effet maternel ou d'effets de dominance qui ne peuvent être précisément quantifiés avec les programmes utilisés. D'autres modèles peuvent être envisagés, qui tiennent compte de toutes les parentés entre animaux reproducteurs. De tels programmes sont actuellement à l'étude. Ils associeront une meilleure prise en compte des parentés avec un stockage en mémoire des matrices à inverser, pour permettre une résolution plus rapide des équations.

Dès à présent, le modèle utilisé démontre sa fiabilité, par la bonne cohérence entre les fréquences observées et les probabilités estimées. L'évolution des niveaux génétiques est encourageante, car la probabilité d'être atteint diminue. Cette réduction pourrait être optimisée en sélectionnant directement sur les valeurs génétiques estimées. Le gain sera rapide au départ, mais se ralentira au fur et à mesure que l'incidence des troubles ira en diminuant.

Leterrier et al. (1999), dans son étude comparative détaillée des carcasses des animaux sains et

boiteux, a montré que les animaux atteints présentaient un poids de carcasse et de filets plus faible que les animaux sains. Ces moindres performances semblent être le résultat des boiteries. Reste à déterminer si la cause ne serait pas une croissance initiale trop rapide, si les familles d'animaux à risque ne seraient pas précisément des familles d'animaux à poids moyen élevé.

L'estimation de la corrélation entre caractères discrets et continus (Le Bihan-Duval et al., 1997) est alors indispensable afin de prédire l'effet de la sélection et connaître la latitude dont dispose le sélectionneur pour travailler les deux caractères simultanément. Le Bihan-Duval et al. (1997) ont montré qu'une forte incidence des boiteries contribue à diminuer l'héritabilité pour les performances de croissance, du fait des effets secondaires de la maladie sur le poids. Les réduire devrait donc permettre d'améliorer l'efficacité de la sélection sur la croissance. L'estimation de la liaison génétique entre les défauts d'aplomb, la croissance et le développement musculaire des animaux constituera donc la prochaine étape de l'analyse en cours.

Conclusion

L'existence d'un déterminisme génétique a été prouvée pour la prédisposition aux boiteries. Les

boiteries de gravité moyenne et sévère possèdent un déterminisme génétique similaire, attesté par une très forte corrélation génétique, qui permet de les considérer comme un seul caractère. La sélection menée contre les boiteries peut d'ores et déjà permettre une amélioration des conditions d'élevage, en diminuant la souffrance des animaux, et des résultats économiques, en réduisant les mortalités inhérentes aux boiteries.

Références

- Beaumont C., Le Bihan-Duval E., Desnoues B., 1997. 11th Europ. Symp. on Waterfowl, Nantes (France), 8-10/9/97
 Le Bihan-Duval E., 1995. Thèse de Doctorat en Science. Université Paris Sud, Centre d'Orsay.
 Le Bihan-Duval E., Beaumont C., Colleau JJ., 1996. Genet., Sel., Evol., 28, 177-195
 Le Bihan-Duval E., Beaumont C., Colleau JJ., 1997. J. Anim. Breed. Genet., 114, 239-259,
 Foulley J.L., IM S. Gianola D. Höschele I., 1987, Genet., Sel., Evol., 19, 197-224
 Gianola D., Foulley J.L., 1983. Génét., Sél., Evol., 115, 201-224
 Leterrier C., Constantin P., Marché G., Duval E., Retailleau B., 1999. 3^e J. Rech. Avicole., St Malo, 23-25/3/99
 Van Raden P.M., Jung Y.C., 1988. J. Dairy Sci., 71, 187-194

TABEAU 1 :

Paramètres génétiques (héritabilités sur la diagonale et corrélations génétiques) calculés sur la voie « père » (triangle supérieur) ou « mère » (triangle inférieur, en italique).

BM = boiterie de moyenne gravité, BS = boiterie sévère, Mort = mortalité survenue durant la phase d'élevage.

BM	0,26			BM	BS	Mort
BS	0,92	0,60		0,10	0,88	0,41
Mort	0,33	0,52	0,60		0,30	0,56
	BM	BS	Mort			0,09

FIGURE 1 :

Evolution du tableau clinique.

BM = boiterie de moyenne gravité, BS = boiterie sévère, Mort = mortalité survenue durant la phase d'élevage juvénile.

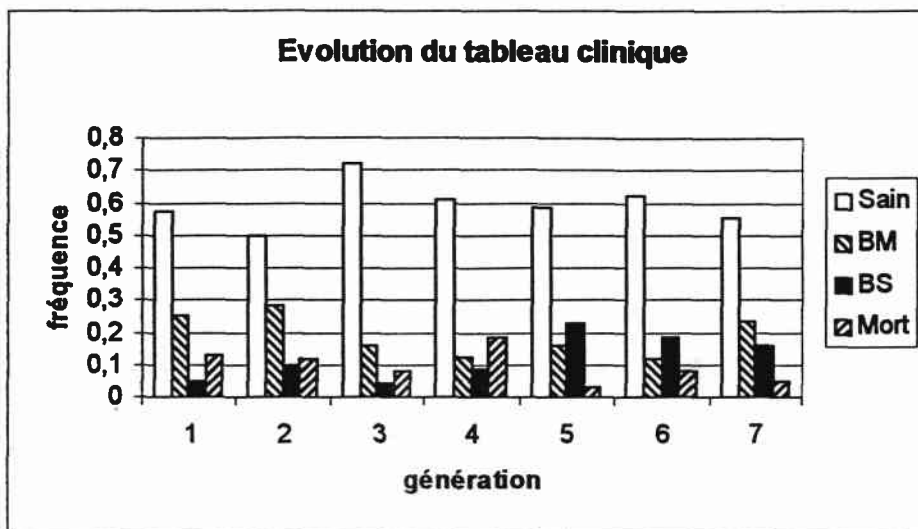


FIGURE 2 :
 Evolution du niveau génétique.
 BM = boiterie de moyenne gravité, BS = boiterie sévère, Mort = mortalité survenue durant la phase d'élevage juvénile.

