

PARAMÈTRES GÉNÉTIQUES DES CARACTÈRES DE SANTÉ ET DE PRODUCTION D'UNE LIGNÉE FEMELLE

Maupin M.^{1*}, Robert R.¹, Chapuis H.², Gunia M.², Garreau H.²

¹ HYPHARM SAS, 3 La Corbière, Roussay, 49450 Sèvremoine, France.

² GenPhySE, INRAE, Université de Toulouse, ENVT, 31326, Castanet-Tolosan, France

*Auteur correspondant : mickael.maupin@hypharm.fr

Résumé – Pour répondre aux attentes sociétales et aux exigences de la multiperformance, les programmes de sélection doivent évoluer vers la recherche de durabilité des élevages. Dans cet objectif, les paramètres génétiques pour les caractères de santé et de production ont été estimés dans la lignée Arrière-Grand-Parentale (AGP) OPTIMA, en utilisant la méthodologie REML appliquée à un modèle animal multi-caractères. Les estimations de l'héritabilité du Score de Maladie Infectieuse (SMI), du Poids individuel à la Naissance (PN) et de l'Ecart-Type des Poids à la Naissance au sein de la portée (ETPN) étaient faibles mais significativement différentes de zéro ($0,06 \pm 0,01$, $0,07 \pm 0,02$ et $0,09 \pm 0,03$, respectivement). L'estimation de l'héritabilité du Rendement Carcasse (RC) était modérée ($0,25 \pm 0,06$). L'héritabilité du nombre d'animaux Nés Vivants par portée (NV) était cohérente avec la littérature ($0,11 \pm 0,02$) mais l'héritabilité de l'Ecart-Type du nombre d'animaux Nés Vivants (ETNV) n'était pas significativement différente de zéro ($0,02 \pm 0,05$). Toutes les corrélations phénotypiques étaient proches de zéro, à l'exception de la corrélation favorable modérée entre NV et ETNV ($-0,21 \pm 0,02$). En général, les corrélations génétiques étaient faibles, ce qui signifie une indépendance génétique globale entre les caractères mais, en raison du nombre limité de performances, leurs erreurs standard étaient élevées. Les valeurs les plus remarquables étaient les corrélations génétiques favorables significatives entre le SMI et les deux caractères de production PN et RC ($-0,29 \pm 0,14$ et $-0,22 \pm 0,14$, respectivement). Il est donc possible d'améliorer efficacement les caractères de santé, de facilité de conduite et de production de la lignée.

Abstract – To meet society's expectations and the demands of multi-performance, breeding programs need to evolve towards the search for sustainability on farms. With that in mind, genetic parameters for health and production traits were estimated in the Great-Grand-Parental (GGP) OPTIMA line, using the REML methodology applied to a multitrait animal model. Heritability estimates of infectious disease score (SMI), individual birth weight (PN) and within litter standard deviation of birth weight (ETPN) were low but significantly different from zero (0.06 ± 0.01 , 0.07 ± 0.02 and 0.09 ± 0.03 , respectively). Heritability estimate of carcass yield was moderate (0.25 ± 0.06). Heritability for number of kits born alive per litter (NV) was consistent with the literature (0.11 ± 0.02) but heritability for standard deviation of number of kits born alive (ETNV) was not significantly different from zero (0.02 ± 0.05). All phenotypic correlations were close to zero except for the moderate favorable correlation between NV and ETNV (-0.21 ± 0.02). In general, genetic correlations were low, meaning overall genetic independence between traits but, due to the limited number of performances, their standard errors were high. The most remarkable values were the significant favorable genetic correlations between SMI and the two production traits PN and RC (-0.29 ± 0.14 and -0.22 ± 0.14 , respectively). It is therefore possible to effectively improve health, production and ease of handling traits.

Introduction

Pour répondre aux attentes sociétales et aux exigences de la multiperformance, les systèmes d'élevage et les schémas de sélection doivent évoluer et trouver des compromis. Les programmes de sélection s'adaptent et s'orientent vers la recherche de durabilité des élevages, en combinant les performances de production, la robustesse et la facilité de conduite des animaux, cette dernière étant obtenue, par exemple, en limitant le travail au nid des éleveurs grâce à des lapereaux uniformes à la naissance (facilité de calibrage, d'adoptions, ...). L'objectif de l'étude était d'estimer les paramètres génétiques des caractères de santé et de production dans une lignée femelle ou maternelle Arrière-Grand-Parentale (AGP) afin d'étudier comment les combiner dans le futur dans un objectif de durabilité de l'élevage.

1. Matériel et méthodes

1.1. Animaux et données

L'étude a été menée sur la lignée maternelle AGP OPTIMA du sélectionneur français HYPHARM, lignée de sélection des mères des femelles parentales, largement utilisées dans la production de lapins. La population est gérée en générations chevauchantes, divisée en 21 groupes familiaux avec 42 mâles et 300 femelles à chaque insémination (cycle de 42 jours). Ces animaux sont élevés dans des cages avec mezzanine, avec une alimentation sans antibiotique. Les lapins sont identifiés par tatouage. Après le sevrage à l'âge de 36 jours, ils sont placés dans des cages collectives de 6 individus chacune et nourris de manière rationnée avec un aliment commercial en granulés jusqu'à l'âge de 72 jours. Le nombre de lapereaux Nés Vivants (NV) a été enregistré dans 7968 portées de janvier 2020 à janvier 2025. L'Ecart-Type du nombre de lapereaux Nés Vivants (ETNV) a été calculé pour évaluer la variabilité de la taille des portées pour les lapines qui ont atteint 3 parités ou plus (1129 animaux). Les Poids individuels à la Naissance (PN) et les dates de naissance ont été enregistrés pour les trois premières portées de chaque lapine. Il n'y a pas eu d'identification individuelle des lapins à la naissance, c'est-à-dire que les poids des lapereaux ont été considérés comme une caractéristique répétée de leur mère. Les lapins nouveau-nés ont été pesés dans les 24 heures suivant leur naissance. Dans de rares cas, certains ont été pesés le premier ou le deuxième jour après la naissance. Pour l'étude, 28 201 lapins ont été pesés. L'Ecart-Type des Poids à la Naissance intra-portée (ETPN) a été calculé pour évaluer la variabilité du poids à la naissance dans chaque portée (2724 portées). Les signes cliniques des maladies survenant naturellement dans l'élevage ont été enregistrés à la fin de l'engraissement, à l'âge de 71 jours. La cause de mortalité des lapins morts en cours d'engraissement a également été enregistrée après autopsie. Les maladies étaient les suivantes 1) les maladies digestives, qui comprennent la diarrhée, le ballonnement de l'abdomen et toute forme de

symptômes digestifs, 2) les maladies respiratoires et les symptômes de type pasteurellose, qui comprennent le coryza, les lésions pulmonaires, les infections oculaires, le cou tourné, 3) les maladies non spécifiques, qui comprennent les poids anormalement bas et d'autres signes cliniques d'origine infectieuse. Le Score de Maladie Infectieuse (SMI) a été codé comme 1 (absence) ou 2 (présence du moindre signe des maladies susmentionnées observées à 71 jours ou à la mort pendant la période d'engraissement). Gunia et al. (2015) donnent plus de détails sur cette caractéristique. Pour l'étude, il y avait 30 004 lapins enregistrés pour la santé de juillet 2021 à janvier 2025. L'incidence des maladies infectieuses était de 16,8% de la population (score égal à 2) et 38% de ces lapins sont morts avant la pesée à 71 jours. Pour chaque mère, le rendement de la carcasse a été mesuré sur 2 à 4 lapereaux sains issus de la première portée. Les lapins ont été pesés à l'âge de 72 jours à l'élevage. Ils ont ensuite été abattus dans un abattoir commercial. Après 2 heures de ressuage, chaque carcasse froide a été pesée. Le Rendement de la Carcasse (RC) a été calculé comme le poids de la carcasse froide divisé par le poids vif. Les statistiques descriptives des caractéristiques mentionnées sont présentées dans le Tableau 1.

Tableau 1 : Nombre d'enregistrements (N), Moyennes (Moy.), Ecarts-Types (ET) et Coefficients de Variation (CV) du SMI, des NV, du PN, du RC, de l'ETPN et de l'ETNV

	N	Moy.	ET	CV
SMI (1 ou 2)	30004	1,17	0,37	32,80
NV	7968	10,60	3,60	33,90
PN (g)	28201	66,40	13,80	20,80
RC (%)	2675	53,60	1,80	3,40
ETPN	2724	9,75	3,46	35,52
ETNV	1129	2,98	1,33	44,68

SMI = Score de Maladie Infectieuse, NV = Nés Vivants, PN = Poids de Naissance, RC = Rendement Carcasse, ETPN = Ecart-Type des Poids à la Naissance, ETNV = Ecart-Type des Nés Vivants.

1.2. Modèle et analyses statistiques

Les paramètres génétiques ont été estimés par la méthodologie REML appliquée à un modèle animal multi-caractères, en utilisant le logiciel ASReml (Gilmour et al., 2009). Les effets fixes retenus pour chaque caractère se sont révélés significatifs avec une p -value $< 0,01$ ou $< 0,001$ en utilisant un test de Wald (voir détails dans le Tableau 2). Pour SMI, les effets fixes significatifs inclus dans les modèles étaient le lot (20 classes) et le rang de la portée (2 classes : 1, 2 et plus). Pour RC, les effets fixes significatifs étaient la taille de la portée au sevrage (6 classes : 1-5, 6, 7, 8, 9, 10) et le lot (20 classes). Pour les NV, les effets fixes significatifs inclus dans le modèle étaient l'année-saison de naissance (17 classes) et l'effet combiné

parité-statut de lactation (9 classes : première parité, parité 2, 3, 4, 5 et plus, combiné avec le statut de lactation et de non-lactation). Pour PN et ETPN, les effets fixes étaient l'année-saison de naissance (17 classes) et l'effet combiné parité-statut de lactation (9 classes : première parité, parité 2, 3, combinée avec le statut allaitante ou non allaitante), la taille de la portée à la naissance, la durée de la gestation (4 classes : 30, 31, 32, 33 jours), l'âge à la pesée (4 classes : 0, 1, 2, 3 jours entre la date de la naissance et la date de la pesée). Le seul effet fixe inclus dans le modèle pour l'ETNV était la cohorte de la femelle (20 classes : année et semaine de naissance de la femelle). Les modèles comprenaient un effet polygénique additif aléatoire pour tous les caractères, un effet aléatoire d'environnement commun de portée pour SMI, PN et RC, un effet d'environnement permanent pour tenir compte de la mesure répétée des NV, PN et ETPN sur les lapines.

Tableau 2 : Les effets fixes retenus dans les modèles pour la SMI, les NV, le PN, le RC, l'ETPN et l'ETNV (= p-value < 0,01 ; *** = p-value < 0,001).**

	SMI	NV	PN	RC	ETPN	ETNV
Taille portée sevrage				**		
Lot	***			***		
Rang de portée	***					
Année-saison naissance		***	***		***	
Parité-Statut lactation		***	***		***	
Taille portée naissance			***		***	
Durée de gestation			***		***	
Âge de pesée			**		***	
Cohorte de la femelle						***

SMI = Score de Maladie Infectieuse, NV = Nés Vivants, PN = Poids de Naissance, RC = Rendement Carcasse, ETPN = Ecart-Type des Poids à la Naissance, ETNV = Ecart-Type des Nés Vivants.

2. Résultats et discussion

2.1. Héritabilités

Les paramètres génétiques des caractères de santé et de production sont présentés dans le Tableau 3. Pour estimer les paramètres génétiques du SMI, l'utilisation d'un modèle linéaire, plutôt qu'un modèle à seuil théoriquement plus adapté à un caractère binaire, est justifiée par Gunia et al. (2018) : plusieurs études ont en effet montré que les estimations de l'héritabilité ou des valeurs d'élevage issues des modèles linéaires et à seuil sont fortement corrélées (Ramirez-Valverde et al., 2001). L'héritabilité du SMI était faible ($0,06 \pm 0,01$) mais significativement différente de 0, conformément à la littérature (Gunia et al. 2015, 2018 ; Eady et al., 2007). Les syndromes de maladie évalués visuellement sont faciles à enregistrer et donc collectés en routine pour sélectionner les lapins pour une meilleure résistance aux maladies non spécifiques. Les estimations de l'héritabilité pour les caractères de production NV et RC ($0,11 \pm 0,02$ et $0,25 \pm 0,06$,

respectivement) étaient généralement cohérentes avec la littérature (García et Baselga, 2002 ; Garreau et al., 2008). Peu d'estimations des paramètres génétiques pour le RC ont été publiées et les études ont toutes été menées sur des lignées paternelles (Krogmeier et al., 1994 ; Larzul et al., 2005 ; Garreau et al., 2008). A notre connaissance, nous publions ici les premiers résultats de paramètres génétiques pour le rendement carcasse estimés dans une lignée maternelle de lapin. La lignée présentée ici serait donc la première lignée maternelle de lapin sélectionnée pour ce caractère, au même titre que les lignées porcines. Les estimations d'héritabilité du PN et de l'ETPN étaient dans la même fourchette ($0,07 \pm 0,02$ et $0,09 \pm 0,03$, respectivement). Garreau et al. (2008) ont rapporté des valeurs d'héritabilité similaires pour l'ETPN ($0,06 \pm 0,01$) dans une lignée maternelle. Les mêmes auteurs ont rapporté une très faible valeur d'héritabilité pour la variabilité intra-portée des poids de naissance, évaluée par le logarithme du résidu estimé d'un modèle linéaire mixte sur le poids de naissance, dans la même population ($0,012 \pm 0,004$). Néanmoins, une sélection divergente de ce critère a été réalisée avec succès par les auteurs, mettant en évidence des différences significatives de l'écart-type intra-portée des poids de naissance, la faible valeur de l'héritabilité s'expliquant par la transformation logarithmique qui rendait l'estimation ininterprétable. L'estimation de l'héritabilité de l'ETNV n'était pas significativement différente de zéro. Cependant, Blasco et al. (2017) ont rapporté une valeur plus élevée pour l'héritabilité de la variance de la taille de la portée ($0,09$) dans une sélection divergente réussie pour ce caractère.

Tableau 3 : Estimations de l'héritabilité (diagonale, en gras), des corrélations génétiques (au-dessus de la diagonale) et phénotypiques (en-dessous de la diagonale), et de leur erreur-standard ($\pm$) pour les caractères de santé et de production.

	SMI	NV	PN	RC	ETPN	ETNV
SMI	0,06 $\pm 0,01$	0,21 $\pm 0,14$	-0,29 $\pm 0,14$	-0,22 $\pm 0,14$	-0,18 $\pm 0,18$	-0,16 $\pm 0,59$
NV	0,01 $\pm 0,01$	0,11 $\pm 0,02$	0,12 $\pm 0,15$	-0,27 $\pm 0,18$	0,19 $\pm 0,19$	-0,24 $\pm 0,42$
PN	-0,02 $\pm 0,01$	0,00 $\pm 0,01$	0,07 $\pm 0,02$	-0,20 $\pm 0,18$	-0,06 $\pm 0,18$	-0,01 $\pm 0,56$
RC	-0,10 $\pm 0,03$	-0,05 $\pm 0,02$	-0,01 $\pm 0,02$	0,25 $\pm 0,06$	0,16 $\pm 0,22$	0,74 $\pm 0,89$
ETPN	-0,01 $\pm 0,01$	0,02 $\pm 0,01$	-0,04 $\pm 0,01$	0,01 $\pm 0,03$	0,09 $\pm 0,03$	0,84 $\pm 0,89$
ETNV	-0,01 $\pm 0,02$	-0,21 $\pm 0,02$	0,01 $\pm 0,02$	0,04 $\pm 0,05$	0,00 $\pm 0,03$	0,02 $\pm 0,05$

SMI = Score de Maladie Infectieuse, NV = Nés Vivants, PN = Poids de Naissance, RC = Rendement Carcasse, ETPN = Ecart-Type des Poids à la Naissance, ETNV = Ecart-Type des Nés Vivants.

2.2. Corrélations phénotypiques et génétiques

Toutes les corrélations phénotypiques étaient proches de zéro, à l'exception de la corrélation favorable modérée entre NV et ETNV ($-0,21 \pm 0,02$). Blasco et

al. (2017) ont également rapporté une corrélation phénotypique négative entre la taille de la portée et la variance de la taille de la portée, mais légèrement plus faible (-0,09).

En raison d'un nombre relativement limité de performances, les erreurs-standards des estimations de corrélations génétiques étaient élevées, en particulier pour la corrélation entre ETNV et les autres caractères. Par conséquent, les valeurs doivent être interprétées avec prudence.

En général, les corrélations génétiques étaient faibles, ce qui suggère une indépendance génétique globale entre les caractères. Les valeurs les plus remarquables étaient les corrélations génétiques favorables significatives entre le SMI et les deux caractères de production PN et RC ($-0,29 \pm 0,14$ et $-0,22 \pm 0,14$, respectivement) et la corrélation défavorable entre le SMI et NV ($0,21 \pm 0,14$). D'autres études ont rapporté des corrélations génétiques faibles ou favorables entre le SMI et le NV (Gunia et al., 2017) ou entre le SMI et le RC ou le poids corporel à 70 jours (Gunia et al., 2015). En l'absence d'antagonisme génétique fort, il est donc possible d'améliorer efficacement à la fois les caractères de santé, de production, tout en facilitant le travail au nid des éleveurs.

Conclusion

Cette étude montre qu'il est possible d'améliorer des caractères de santé, de performances de production et de facilité de conduite d'une lignée de lapins par sélection génétique. A l'exception de la variabilité de la taille de portée, les valeurs d'héritabilité sont suffisamment élevées, et les corrélations génétiques favorables ou faibles entre caractères pour permettre un progrès génétique significatif afin d'atteindre les objectifs de la multiperformance et d'attentes sociétales, pour la durabilité des élevages. Par ailleurs, il est possible de progresser génétiquement sur le rendement carcasse par la voie femelle afin de maximiser le rendement du lapin de chair, à l'image des lignées porcines.

Remerciements

Les auteurs remercient l'équipe de sélection de HYPHARM pour le suivi des animaux et la collecte des données.

Références

- Blasco, A.; Martínez-Álvaro, M.; García, M.L.; Ibáñez-Escriche, N.; Argente, M.J. 2017. Selection for environmental variance of litter size in rabbit. *Genet. Sel. Evol.*, 49, 48–56.
- Eady, S. J., Garreau, H., and Gilmour, A. R. 2007. Heritability of resistance to bacterial infection in meat rabbits. *Livest. Sci.* 112, 90–98. doi:10.1016/j.livsci.2007.01.158.
- Garcia, M.L. and Baselga, M. 2002. Genetic response to selection for reproductive performance in a maternal line of rabbit. *World Rabbit Science* 10, 71-76.
- Garreau H., Eady S.J., Hurtaud J., and 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.
- Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R. et al. 2009. ASReml User Guide Hemel Hempstead, HP1 ES, UK: VSN International Ltd.
- Gunia, M., David, I., Hurtaud, J., Maupin, M., Gilbert, H., and Garreau, H. 2015. Resistance to infectious diseases is a heritable trait in rabbits. *J. Anim. Sci.* 93, 5631–5638. doi:10.2527/jas2015-9377.
- Gunia M., David I., Hurtaud J., Maupin M., Gilbert H., Garreau H. 2018. Genetic parameters for resistance to non-specific diseases and production traits measured in challenging and selection environments; application to a rabbit case. *Frontiers in Genetics*. doi:10.3389/fgene.2018.00467).
- Krogmeier, D., Dzapo, V., Mao, I.L., 1994. Additive genetic and maternal effects on post-weaning growth and carcass traits in rabbits. *J. Anim. Breed. Genet.*, 111(1), 289-297.
- 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.
- Ramirez-Valverde, R., Misztal, I., and Bertrand, J. 2001. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 79, 333–338. doi: 10.2527/2001.792333x.