SELECTION DIVERVENTE DE PERES BARBARIES SUR LA CONSOMMATION RESIDUELLE DE LEURS FILS MULARDS

Drouilhet Laurence[1], Basso Benjamin[1], Bernadet Marie-Dominique[2], Cornuez Alexis[2], Gilbert Hélène[3], Marie-Etancelin Christel[1]

[1]INRA, UR631 Station d'Amélioration Génétique des Animaux, F-31326 CASTANET-TOLOSAN, France; [2]INRA, UE89 Unité Expérimentale sur les Palmipèdes à Foie Gras, Artiguères, F-40280 BENQUET, France; [3]INRA, UMR444 Laboratoire de Génétique Cellulaire, F-31326 CASTANET-TOLOSAN, France

laurence.drouilhet@toulouse.inra.fr

RESUME

Par comparaison à d'autres filières avicoles, les canards, et particulièrement le canard mulard (hybride stérile d'une cane commune et d'un canard de Barbarie), présentent de mauvais indices de consommation en élevage (>3,4). De façon à améliorer ce rendement alimentaire, en 2009, une sélection génétique divergente de pères Barbaries sur l'efficacité alimentaire de leurs fils mulards a débuté. Le critère de sélection qui a été retenu est la consommation résiduelle (CR) qui correspond à la consommation totale corrigée par régression linéaire pour les besoins d'entretien, de croissance et d'engraissement. Pour cela l'ensemble des mâles mulards a été mesuré pour des données de consommation en groupe (mini-loges par famille de père Barbarie), de poids et d'engraissement (par TOBEC : TOtal Body Electrical Conductivity) durant la phase d'élevage (entre 4 et 7 semaines d'âge). De plus, les mulards issus de la génération G2 de Barbaries ont été gavés et abattus afin d'estimer l'impact de la sélection divergente sur les principaux caractères de carcasse et de qualité du foie. Cette étude présente une première exploration des différences entre lignées obtenues après deux générations de sélection. La sélection génétique sur la consommation résiduelle chez le canard mulard semble possible. Cette sélection ne semble pas influencer des réponses phénotypiques sur le poids ou la qualité du foie.

ABSTRACT

Divergent selection of Barbarie ducks on residual feed intake of their mule sons.

Compared with other poultry species, duck and in particular mule duck (sterile hybrid of a cross between female Pekin duck and male Barbarie duck), have bad feed conversion ratio (>3.4) in farm. To improve this feed efficiency, in 2009, a genetic divergent selection of Barbarie ducks on the feed efficiency of their mule sons began. The selection criteria is the residual feed intake (RFI) which represents the fraction of total feed intake that is unexplained by maintenance requirements, growth and fat deposit needs. All the mule ducks have measures of feed consumption (by group of 9 half-brothers), weights and fat deposit (by TOBEC: TOtal Body Electrical Conductivity) during the growing phase (between 3 and 7 weeks of age). Moreover, mule ducks of the G2 generation were forced-feed and slaughtered to estimate the effect of selection on main carcass traits and liver quality. This study presents a first investigation of differences between lines obtained after 2 generations of selection. The genetic selection on residual feed intake seems possible in mule ducks. This genetic selection does not seem to influence phenotypic responses on weight or quality liver.

INTRODUCTION

L'aliment des canards représente plus de 60 % des coûts d'élevage. Par comparaison à d'autres filières avicoles, les canards, et particulièrement le canard mulard (hybride stérile d'une cane commune et d'un canard de Barbarie), présentent des indices de consommations en élevage particulièrement élevés (>3,4). Ce mauvais rendement de transformation de l'aliment ingéré conduit à une ingestion élevée d'aliment et à des rejets importants, ce qui représente un coût économique mais aussi un impact sur l'environnement.

L'amélioration de l'efficacité alimentaire peut être réalisée par sélection génétique, directement sur l'indice de consommation ou par le moyen de caractères alternatifs. La sélection sur la consommation résiduelle (CR) a été proposée pour la première fois par (Koch *et al.*, 1963). La consommation résiduelle représente la consommation non expliquée par les besoins d'entretien, de croissance et d'engraissement des animaux, c'est-à-dire la consommation corrigée des différences de performance et de poids. Par rapport à l'indice de consommation, elle présente l'avantage d'être non corrélée avec les caractères de production inclus dans la correction. Ce critère de sélection a déjà été étudié chez d'autres animaux en croissance : poulet de chair (Aggrey *et al.*, 2010), bovins (Arthur et al., 2001; Korver et al., 1991), lapins (Larzul and De Rochambeau, 2005), porcs (Cai *et al.*, 2008; Gilbert *et al.*, 2007) et poissons (Silverstein *et al.*, 2005). L'objectif spécifique du canard gras est d'améliorer les performances du mulard en termes d'efficacité alimentaire, sans entraîner de modifications du poids ou de la qualité du foie, sachant que l'amélioration génétique d'un hybride stérile implique l'amélioration d'une des espèces parentales (voire des deux).

Une expérience de sélection divergente sur la CR a débuté en 2009 à l'INRA, son objectif étant de sélectionner des pères Barbaries sur l'efficacité alimentaire de leurs fils mulards et d'évaluer les réponses à la sélection sur la qualité et le poids des foies. Cette étude présente une première exploration des différences entre lignées obtenues après deux générations de sélection sur des caractères de croissance, de carcasse et de qualité du foie.

MATERIELS ET METHODES

La sélection génétique divergente a été effectuée à partir de la lignée Barbarie INRA I66.

Etablissement de la G0

Initialement 83 mâles Barbaries ont été testés sur descendance via la procréation de 660 mulards en 2 lots d'éclosion à partir de 150 femelles Pékin commerciales. L'indexation de ces animaux (voir plus loin) a permis de sélectionner les 11 mâles fondateurs de la lignée Res+ (CR élevée) et 13 mâles fondateurs de la lignée Res- (CR faible). Deux lots de 28 femelles Barbaries non sélectionnées issues des mêmes accouplements ont été retenus pour initier le troupeau femelles de chaque lignée. Ces 80 animaux constituent la génération G0.

Conduite de la sélection

La sélection dans chaque lignée a ensuite été conduite de la façon suivante : à chaque génération, 55 femelles et 55 mâles Barbarie sont procréés à partir de 8 mâles et 36 femelles. Parmi ces mâles, 48 sont accouplés à 192 femelles Pékin pour produire des fratries de 9 demi-frères par père en 2 lots d'éclosion. Cependant, pour des raisons de faibles performances en reproduction, les effectifs de mâles réellement testés en G1 et G2 ont été variables (de 23 à 48 selon les lignées et générations). Ces mulards mâles sont élevés en lot et contrôlés entre 4 et 7 semaines d'âges. Afin de mesurer la quantité de nourriture consommée, les demi-frères de pères ont été placés dans une même mini-loge (9 mulards par mini-loge). Une quantité individuelle consommée a été estimée pour chaque canard comme la moyenne de la consommation de sa mini-loge. Les 9 demi-frères ont donc la même estimation de consommation. Les mesures de poids (en début et en fin de période de contrôle) et les estimations TOBEC (TOtal Body Electrical Conductivity) en fin de période de contrôle ont elles été réalisées individuellement sur chaque mulard. Ces valeurs TOBEC en fin de contrôle permettent de déterminer la quantité de lipides des animaux grâce à une équation pré-établie (Cornuez *et al.*, 2013). Les performances des mulards sont utilisées dans une évaluation génétique pour indexer les pères Barbarie sur descendance. Les 8 pères présentant l'index le plus élevé pour la CR (Res+) ou le plus faible (Res-) sont ensuite retenus pour procréer la génération suivante. Sur la voie maternelle, 36 canes parmi les 55 produites sont retenues au hasard. Le tableau 1 présente les effectifs de chaque génération.

Estimation de la consommation résiduelle

La CR a été calculée comme le résidu de la régression linéaire multiple phénotypique de la consommation moyenne journalière entre 3 et 7 semaines d'âge sur le poids métabolique en fin de test (poids vif à 7 semaines à la puissance 0,75) pour prendre en compte les besoins d'entretien, le gain moyen quotidien entre 3 et 7 semaines d'âge (GMQ) afin de prendre en compte les besoins de croissance, et la quantité de lipides en fin de contrôle afin de prendre en compte la variabilité de la composition du gain de poids. Les coefficients de l'équation de régression ont été estimés à chaque génération (REG procedure, SAS v 9.1.3 SAS Inst. Inc. Cary, NC.)

Phénotypage fin

Les mulards G2 ont été gavés (à 12 semaines d'âge, pendant 12 jours, 25 repas distribués) et abattus afin d'obtenir des données liées à la composition de la carcasse et à la qualité du foie.

Estimation de l'effet de la sélection

Les effets fixes inclus dans les modèles ont été testés en utilisant un modèle linéaire (procédure GLM, SAS v 9.1.3 SAS Inst. Inc. Cary, NC.). Pour les caractères de croissance, les effets positionnement de la mini-loge dans le bâtiment (rang et profondeur), lot d'éclosion (1 à 4), génération (G1, G2), lignée (Res+, Res-) et interaction lignée x génération (4 niveaux) ont été retenus. Pour les caractères de carcasse (mesures en G2 uniquement), les effets positionnement de la mini-loge dans le bâtiment (rang et profondeur), disséqueur (10 niveaux), date d'abattage (2 niveaux) et lignée (Res+, Res-) ont été utilisés.

Estimation des corrélations phénotypiques

Les corrélations phénotypiques entre la consommation résiduelle et les autres caractères ont été estimées à partir des résidus de modèle linéaire pour corriger les performances des mulards en génération G0, G1 et G2 pour les effets fixes indésirables (rang, profondeur, lot, opérateur, date d'abattage).

RESULTATS ET DISCUSSION

Statistiques descriptives

Le tableau 2 présente les moyennes des différents caractères étudiés ainsi que leurs écart-types. Les caractères de croissance ont été mesurés sur les mulards G0, G1 et G2 (1571 individus en moyenne), alors que les caractères liés à la carcasse ont été enregistrés sur les mulards G2 uniquement (639 individus en moyenne).

Corrélations phénotypiques

Les corrélations phénotypiques entre CR et les autres caractères sont présentées dans le tableau 2. La corrélation phénotypique entre CR et consommation moyenne journalière est la seule élevée (0,89). Concernant les caractères de croissance, seules les corrélations phénotypiques entre la CR et le GMQ (-0,07), le poids vif à 7 semaines (-0,06) et la teneur en lipides de la carcasse (-0,05) sont significativement différentes de zéro, bien que faibles. Les corrélations phénotypiques entre la CR et les caractères de carcasse ne sont pas significativement différentes de zéro, sauf celle liée au poids de cuisse qui est néanmoins faible (-0,09).

Test des effets fixes

Le tableau 3 récapitule les niveaux de signification obtenus pour l'ensemble des effets fixes retenus pour les caractères de croissance (G1 et G2) et de carcasse (G2 uniquement). Concernant les caractères de croissance, l'interaction lignée x génération correspond à un effet différentiel de la sélection entre les deux lignées en fonction des générations. Seules la consommation résiduelle ($p<0,0001$), la consommation moyenne journalière ($p<0,0001$) et la valeur TOBEC ($p=0,03$) sont significativement affectées par cette interaction.
L'effet de la lignée testé dans le modèle représente une différence équivalente entre les lignées sur les 2 générations. Cet effet est significatif pour la CR ($p<0,0001$), la consommation moyenne journalière ($p<0,0001$), le GMQ ($p=0,004$) et la teneur en lipides ($p=0,04$). Ces différences sont en accord avec le fait que certaines corrélations entre CR et caractères en croissance sont significativement différentes de zéro. Cependant, la CR est théoriquement par construction indépendante des caractères inclus dans la régression de prédiction de la consommation. Ces résultats suggèrent des corrélations génétiques entre caractères qui entraînent une divergence en réponse à la sélection sur la CR.
Concernant les caractères de carcasse, l'effet lignée, qui représente la divergence phénotypique obtenue en G2, est significatif pour le poids du muscle du magret et de la cuisse ($p=0,0008$ et $p<0,0001$, respectivement). Il est important de noter que la sélection sur la consommation résiduelle n'influence à ce stade pas le poids de foie ni la qualité de foie (évaluée à travers le test de fonte).

Estimations des moindres carrés

Concernant les caractères de croissance, les estimations des moindres carrés (Lsmeans) pour l'interaction lignée x génération sont présentées pour les 3 caractères significativement affectés par l'interaction lignée x génération (figure 1). Les Lsmeans de la consommation résiduelle et de la consommation moyenne journalière sont significativement très différentes entre lignées en G1 et en G2 ($p<0,0001$). L'effet est moins marqué sur le caractère TOBEC avec seulement une différence en G2 ($p=0,02$).
De la même manière, concernant les caractères de carcasse, les Lsmeans de l'effet lignée sont présentées pour le poids du muscle du magret et de la cuisse (tableau 4). La sélection pour une consommation résiduelle plus faible entraînerait une augmentation du poids de ces morceaux sans pour autant augmenter le poids de la carcasse dans sa globalité (poids ressue). Cette réponse corrélée différentielle en fonction des morceaux à la découpe a également été mise en évidence chez le porc (Gilbert *et al.*, 2012).

CONCLUSION

La sélection génétique sur la consommation résiduelle chez le canard Barbarie pour l'amélioration des performances des mulards semble donc possible. Cette sélection ne semble pas influencer des réponses phénotypiques sur le poids ou la qualité du foie, mais certaines réponses inattendues sur la vitesse de croissance et la composition corporelle (proportion de magret et de cuisse de la carcasse) méritent un examen approfondi. La suite de l'analyse des paramètres génétiques de cette sélection divergente devrait nous permettre de mieux caractériser la réponse à la sélection ainsi que les réponses corrélées sur les autres caractères.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Aggrey S. E., Karnuah A. B., Sebastian B., Anthony N. B. 2010. *Genet Sel Evol*, 42, 25.

Arthur P. F., Archer J. A., Johnston D. J., Herd R. M., Richardson E. C., Parnell P. F. 2001. *J Anim Sci*, 79:11, 2805-11.

Cai W., Casey D. S., Dekkers J. C. 2008. *J Anim Sci*, 86:2, 287-98.

Cornuez A., Bannelier C., Gouraud P., Lamothe L., Manse H., Basso B., Marie-Etancelin C. 2013. Dixièmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, La Rochelle.

Gilbert H., Bidanel J. P., Billon Y., Meteau K., Guillouet P., Noblet J., Sellier P., Gatellier P., Sayd T., Faure J., Lebret B. 2012. EAAP 63rd annual meeting, Bratislava

Gilbert H., Bidanel J. P., Gruand J., Caritez J. C., Billon Y., Guillouet P., Lagant H., Noblet J., Sellier P. 2007. *J Anim Sci*, 85:12, 3182-8.

Koch R. M., Swiger L. A., Chambers D., Gregory K. E. 1963. *J Anim Sci*, 22, 486-494.

Korver S., Van Eekelen E. A. M., H. V., Nieuwhof G. J., Van Arendonk J. A. M. 1991. *Livest Prod Sci*, 29, 49-59.

Larzul C., De Rochambeau H. 2005. *Livest Prod Sci*, 95, 67-72.

Silverstein J. T., Hostuttler M., Blemings K. P. 2005. *Aquaculture Res*, 36, 704-711.

Tableau 1. Nombre d'animaux contrôlés par lignée et génération

	Pères Barbaries		Fils mulards	
	Res+	Res-	Res+	Res-
G0	11	13	126	157
G1	23	40	202	422
G2	48	35	388	281
Total	82	88	716	860

Tableau 2. Statistiques descriptives (n=effectif)

	n	moyenne	écart-type	r_p^2	P value (Ho :Rp=0)[3]
Caractères de croissance (G0,G1,G2)[1]					
Consommation résiduelle (g/j)	1567	0,1	12,5		
Consommation moyenne journalière (g/jour)[4]	1575	255	14	0,89	***
Poids vif à 3 semaines (g)	1570	1363	119	-0,02	ns
Poids vif à 7 semaines (g)	1571	3055	219	-0,06	**
GMQ (g/jour)	1568	75	7	-0,07	***
TOBEC	1574	891	108	-0,05	ns
Teneur en lipides de la carcasse (g)	1572	366	68	-0,05	*
Caractères de carcasse (G2)					
Poids foie froid (g)	641	467	101	0,03	ns
Poids gras abdominal (g)	635	146	23	-0,03	ns
Poids peau magret (g)	641	144	19	-0,04	ns
Poids muscle magret (g)	640	263	24	-0,01	ns
Poids cuisse (g)	641	468	38	-0,09	*
Poids ressue (g)	640	4783	252	-0,07	ns
Taux de fonte (%)	633	28	14	0,002	ns

[1]GMQ : gain moyen quotidien. TOBEC: TOtal Body Electrical Conductivity. [2]r_p : corrélation phénotypique entre la consommation résiduelle et les autres caractères (corrigés pour les effets fixes rang, profondeur et lot). [3]* : p<0,05 ; ** : p<0,01 ; *** : p<0,001. [4] la consommation moyenne journalière individuelle est estimée à partir des consommations moyennes journalières de lots de demi-frères.

Tableau 3 Niveaux de signification des effets fixes des modèles linéaires appliqués aux caractères de croissance (G1, G2) et de carcasse (G2)

	Effets[2]							
	rang	profondeur	lot	génération	lignée* génération	opérateur	date abattage	lignée
Caractères de croissance (G1,G2) [1]								
Consommation résiduelle	***	***	***	***	***			***
Consommation moyenne journalière	***	***	***	***	***			***
Poids vif à 3 semaines	**	ns	**	**	ns			ns
Poids vif à 7 semaines	***	***	**	*	ns			ns
GMQ	***	***	***	ns	ns			**
TOBEC	***	ns	***	ns	*			ns
Teneur en lipides de la carcasse	***	***	ns	***	ns			*
Caractères de carcasse (G2)								
Poids foie froid	**	ns				ns	**	ns
Poids gras abdominal	*	*				***	*	ns
Poids peau magret	ns	*				***	ns	ns
Poids muscle magret	*	ns				ns	***	***
Poids cuisse	ns	**				***	ns	***
Poids ressue	**	ns				ns	ns	ns
Taux de fonte	*	ns				ns	**	ns

[1]GMQ : gain moyen quotidien. TOBEC: TOtal Body Electrical Conductivity. .Concernant les caractères de croissance, les effets opérateur et date d'abattage sont non pertinents. Concernant les caractères d'abattage, les effets lot, génération et lignée*génération sont non pertinents (animaux G2 uniquement). [2]* : p<0,05 ; ** : p<0,01 ; *** : p<0,001.

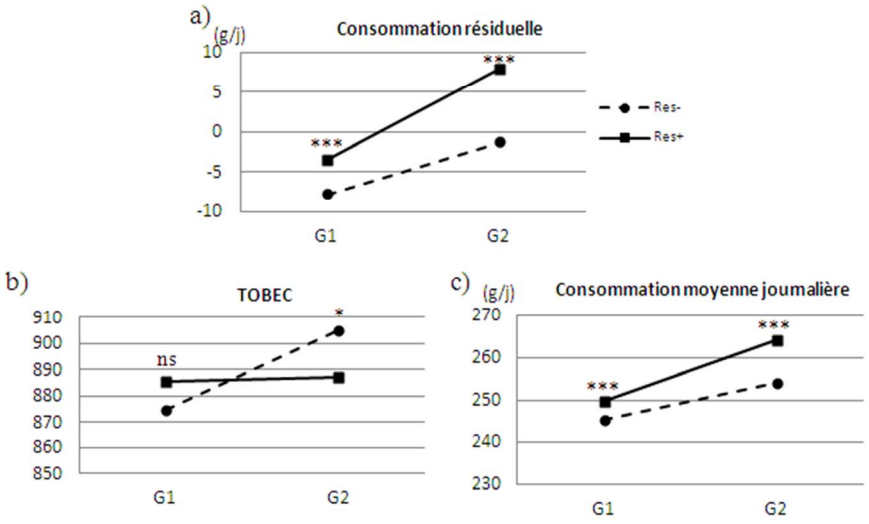


Figure 1. Lsmeans pour les caractères mesurés en croissance présentant une interaction génération x lignée significative (modèle linéaire incluant les effets fixes rang et profondeur de la position de la cage dans la salle, lot d'éclosion, génération, lignée et interaction lignée x génération appliqué aux générations G1 et G2). * : p<0,05 ; ** : p<0,01 ; *** : p<0,001.

Tableau 4. Lsmeans des caractères de carcasse présentant un effet lignée significatif en G2 (modèle linéaire incluant les effets fixes rang et profondeur de la position de la mini-loge dans le bâtiment, opérateur à la dissection, date d'abattage et lignée)

	Res+		Res-		
	moyenne	SE	moyenne	SE	H0: LSMean(Res+)=LSMean(Res-)
Poids cuisse (g)	462,6	2,1	475,2	2,6	***
Poids muscle magret (g)	262,9	2,0	269,3	2,1	***

La lignée Res- a été sélectionnée pour une consommation résiduelle réduite. La lignée Res+ a été sélectionnée pour une consommation résiduelle élevée. SE : erreur standard. * : p<0,05 ; ** : p<0,01 ; *** : p<0,001.