



HAL
open science

Évaluation génomique chez la poule pondeuse en interaction avec le régime alimentaire

Hervé Chapuis, Frédéric Herault, Amandine Varenne, Hélène Romé, Christophe Alleno, Patrice Dehais, Alain Vignal, Thierry Burlot, Pascale Le Roy

► **To cite this version:**

Hervé Chapuis, Frédéric Herault, Amandine Varenne, Hélène Romé, Christophe Alleno, et al.. Évaluation génomique chez la poule pondeuse en interaction avec le régime alimentaire. Séminaire du département de génétique animale, Apr 2014, Fréjus, France. 2014, La recherche en génétique animale: réussites et perspectives. hal-01594306

HAL Id: hal-01594306

<https://hal.science/hal-01594306>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Evaluation génomique chez la poule pondeuse en interaction avec le régime alimentaire

Chapuis H¹, Hérault F², Varenne A³, Romé H², Alleno C⁴, Dehais P⁵, Vignal A⁵, Burlot T³ et Le Roy P²

¹SYSAAF 37380 Nouzilly, ²INRA UMR1348 PEGASE 35590 Saint-Gilles, ³Novogen 22800 Le Foeil, ⁴Zootests 22440 Ploufragan, ⁵INRA UMR1388 GenPhySe 31326 Castanet-Tolosan, France

Dans le cadre du volet avicole du programme ANR UtOpIGe, une expérience de sélection a été conduite, dans le cadre d'une collaboration entre l'INRA, le SYSAAF et la société NOVOGEN. Elle s'appuie sur l'évaluation génomique des performances de ponte de poules soumises à deux régimes alimentaires différant pour la quantité d'énergie métabolisable (2881 kcal pour le régime HE, « Haute énergie », vs. 2455 kcal pour le régime BE, « Basse énergie »). Quatre cent trente-huit mâles de la lignée A, issus de trois cheptels successifs (2010-1, 2010-2 et 2011-1), ont été génotypés à l'aide de la puce Affimetrix® Axiom® HD 600k SNP afin de constituer la population de référence. Les phénotypes utilisés étaient les performances de ponte en élevage de production de 31381 de leurs filles croisées AxD conduites en cages collectives de 12 poules (3 ou 4 cages par coq dans chaque régime alimentaire). Six cents jeunes mâles, issus des 3 cheptels suivants (2011-2, 2012-1 et 2012-2), ont également été génotypés. Ces 600 candidats à la sélection n'avaient aucune fille mesurée pour la ponte au moment de l'évaluation de leur valeur génétique.

Plusieurs caractères ont été évalués, dont le poids des œufs à 70 semaines (EW) pour lequel nous présentons ici quelques résultats. L'évaluation génomique a été menée avec la suite logicielle de I. Mizstal (renumf90 et gibbs2f90) qui permet une évaluation multicaractère par l'approche Single Step. Le modèle d'analyse considère le poids des œufs des poules croisées comme une performance répétée de leur père. Il corrige également pour les effets liés au positionnement de la cage dans le bâtiment. L'utilisation du Gibbs Sampling permet d'estimer un écart-type d'erreur pour les valeurs génétiques, dont on peut déduire un CD. L'évaluation a été réalisée en utilisant, soit la matrice de parenté pedigree (EBV), soit la matrice de parenté génomique (GEBV), en mono caractère ou en bicaractère (EW_{HE}, EW_{BE}).

La distribution des performances n'est pas significativement différente entre les 2 régimes (60.6 g +/- 4.8 g en BE vs. 61.0 g +/- 4.9 g en HE) mais le classement des pères change en fonction du régime (la corrélation de rang étant de 0.73 entre performances les moyennes par père), ce qui laisse entrevoir des interactions GxE. Cependant la corrélation génétique entre les poids des œufs dans les deux régimes est élevée ($\rho=0.95$ dans l'analyse classique et $\rho=0.98$ dans l'analyse génomique) Par comparaison aux EBV, les GEBV présentent un CD moyen plus élevé pour les cheptels 2011-2, 2012-1 et 2012-2, ce qui démontre l'intérêt d'une évaluation génomique permettant un choix précoce des mâles. Par ailleurs, 60 mâles parmi les candidats ont maintenant des filles croisées (AxB) mesurées en début de ponte qui constituent une première population de validation. Concernant le poids des œufs, la prédiction de la valeur génétique des mâles est meilleure avec la GEBV qu'avec l'EBV calculée pour l'évaluation génétique de routine en lignée pure.