



HAL
open science

Génétique et sélection avicoles : évolution des méthodes et des caractères

Catherine C. Beaumont, Hervé Chapuis

► **To cite this version:**

Catherine C. Beaumont, Hervé Chapuis. Génétique et sélection avicoles : évolution des méthodes et des caractères. *Productions Animales*, 2004, 17 (1), pp.35-43. hal-02682906

HAL Id: hal-02682906

<https://hal.inrae.fr/hal-02682906>

Submitted on 1 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.

Génétique et sélection avicoles : évolution des méthodes et des caractères

Les caractéristiques biologiques des espèces avicoles sont particulièrement favorables aux études et aux applications de la génétique. Après avoir largement contribué au développement considérable de la filière avicole, la génétique pourrait permettre de répondre aux demandes actuelles des consommateurs et des professionnels. Pour ce faire, de nouveaux critères de sélection sont à l'étude. En parallèle les méthodes d'analyse progressent vers une meilleure modélisation mais aussi une intégration des résultats de génétique moléculaire. L'ensemble de cette démarche pourra être transposé à terme à d'autres espèces.

L'évolution des performances des espèces avicoles a été considérable : les résultats enregistrés à la Station de Ploufragan montrent que le poids vif à 42 jours des poulets de type chair a augmenté, entre 1962 et 1985, de 45 grammes par an en moyenne (L'Hospitalier *et al* 1986) tandis que le nombre d'œufs pondus en 47,5 semaines est passé de 194 en 1960 à 284 en 1994 (Besbès et Protais 1995). Il est classiquement admis que la sélection expliquerait au moins la moitié de ces gains, ce que confirment largement les calculs de Jégo *et al* (1995) sur les poulets de type chair et ceux de Besbès et Protais (1995) sur les poules pondeuses.

L'efficacité de la sélection avicole doit beaucoup aux caractéristiques biologiques des espèces avicoles. Ainsi, l'espérance du

progrès génétique par unité de temps dépend de quatre paramètres, tous favorables en aviculture :

- l'intensité de sélection (qui dépend de la pression de sélection, pourcentage d'animaux retenus par rapport aux nombre d'individus mesurés),
- la précision de l'estimation de la valeur des individus candidats à la sélection,
- la variabilité génétique du caractère sélectionné et
- l'intervalle de génération.

En effet, la forte prolificité des espèces avicoles permet à la fois d'appliquer une pression de sélection importante et d'obtenir des tailles de familles suffisantes pour une bonne estimation des valeurs génétiques des candidats à la sélection. Cette évaluation génétique est d'autant plus précise que la petite taille des animaux permet de regrouper un grand nombre d'individus dans des conditions similaires, limitant ainsi les confusions entre effets génétiques et effets du milieu. Enfin le faible intervalle de génération permet une accumulation rapide des progrès génétiques réalisés à chaque génération de sélection.

La qualité des dispositifs quasi-expérimentaux mis en place en aviculture a ainsi permis de mener, dès les années 30, une sélection efficace. Mais la sélection avicole a également largement bénéficié des progrès réalisés par

Résumé

La génétique a largement contribué au développement considérable de la filière avicole, notamment du fait des caractéristiques biologiques des espèces avicoles, particulièrement favorables à la sélection. Les demandes actuelles des consommateurs et des professionnels de la filière avicole amènent le généticien à considérer de nouveaux caractères : qualité des produits, résistance aux maladies (infectieuses ou non), réduction des rejets d'effluents, bien-être des animaux... En parallèle les méthodes d'analyse progressent vers une meilleure modélisation des caractères et des effets génétiques mais aussi vers une intégration des résultats de génétique moléculaire. L'ensemble permet non seulement d'introduire en sélection de nouveaux critères, mais aussi de renouveler l'étude des caractères déjà sélectionnés, tels que la croissance ou la ponte.

la génétique quantitative, branche de la génétique qui s'intéresse à la transmission des caractères d'intérêt économique. En particulier, l'utilisation des méthodes modernes d'évaluation génétique et d'estimation des paramètres génétiques a permis de gagner en efficacité ; cette évolution se poursuit. En parallèle, le développement considérable de la génétique moléculaire annonce une intégration prochaine de certains résultats dans les schémas de sélection. Cette dernière suscite toutefois de nouvelles questions qui ne pourront être résolues que par une approche associant ces deux branches de la génétique. Enfin, la demande des consommateurs et de la filière amène à considérer de nouveaux critères de sélection, dans des études qui pourraient à terme être élargies à d'autres espèces.

1 / Evolution des méthodes

1.1 / Evolution des modèles d'analyse des caractères

Le modèle de base de la génétique quantitative est le modèle polygénique infinitésimal. Celui-ci explique la variabilité génétique d'un caractère donné par l'action conjointe d'une infinité de gènes additifs ou "polygènes" dont chacun a un effet infiniment petit sur le caractère. La valeur génétique des animaux, somme de l'effet de ces polygènes, a donc une distribution normale. Il en est de même du caractère ainsi modélisé ou phénotype. La quasi-normalité des distributions des principaux caractères sélectionnés (poids vif en particulier) a encouragé les théoriciens à développer des méthodologies statistiques qui exploitent ce modèle. Celles-ci ont montré leur efficacité et continuent à progresser, notamment grâce à l'augmentation de la puissance des ordinateurs. Ainsi, les méthodes de Gibbs Sampling permettent d'affiner encore davantage les calculs et fournissent au généticien la distribution des paramètres génétiques estimés, permettant ainsi des comparaisons plus rigoureuses (voir par exemple Wang *et al* 1993). Toutefois, malgré sa remarquable puissance opérationnelle, ce modèle purement additif n'est pas totalement satisfaisant, notamment lorsque la distribution des caractères étudiés s'éloigne de la normalité. Il importe donc d'améliorer la modélisation des effets génétiques.

a / Prise en compte de distributions non normales

Sous la pression des consommateurs, les préoccupations des différentes filières animales se sont orientées vers des critères plus qualitatifs (résistance aux maladies, coloration, performances de couvoir...), lesquels présentent, pour la plupart, une distribution discrète. Dans certains cas (Coquerelle 2000), l'existence de gènes majeurs a été démontrée (nanisme, couleur ou structure du plumage), ce qui permet de proposer des stratégies complémentaires à la sélection quantitative. Mais, le plus souvent, il faut avoir recours à la sélection

sur des performances dont la distribution présente plusieurs catégories phénotypiques, correspondant par exemple à une échelle de couleur des pattes, ou peut se réduire à deux classes (présence/absence de germes, mortalité/survie...). Des méthodes d'analyses ont été développées (Gianola et Foulley 1983) pour ce type de caractère. L'utilisation en sélection avicole de méthodes adaptées aux caractères discrets est désormais effective, notamment pour la sensibilité aux boiteries (Le Bihan-Duval *et al* 1996, Chapuis *et al* 2001). Mais des perfectionnements peuvent être apportés. Les modèles utilisés pour l'instant supposent en effet l'homogénéité des variances, ce qui conduit à accorder une pondération excessive aux performances obtenues dans les classes les plus variables. Ceci est d'autant plus préjudiciable que la grille de notation est arbitraire, ce qui est souvent le cas des notes de qualité, influencées par le niveau moyen du lot considéré. Différents modèles ont été proposés, qui prennent en compte des facteurs d'hétérogénéité de variance dans les modèles à seuils (Foulley et Gianola 1996, Jaffrezic *et al* 1999). A notre connaissance, aucune application en aviculture n'a encore été publiée à ce jour.

D'autres données actuellement à l'étude présentent une distribution éloignée de la normalité. Tel est en particulier le cas des données de survie qui présentent la particularité d'être censurées : soit les animaux meurent pendant la phase d'élevage, soit ils sont encore en vie à la fin du cycle. Dans ce dernier cas il y a censure puisque l'on ne sait pas quelle aurait été leur durée de vie réelle si l'observation avait été poursuivie. Une méthode d'analyse de telles données (Ducrocq 1994) est désormais disponible, ce qui permet d'étudier la longévité, en particulier dans des conditions d'élevage éprouvantes, telles que des cages collectives où s'exprime le picage (Craig et Muir 1996a et 1996b), ce qui pourrait être un moyen d'obtenir des souches mieux adaptées aux conditions de l'élevage dit alternatif (Ducrocq *et al* 2000).

L'étude de données répétées au cours de la vie de l'animal (comme le poids ou la ponte) constitue un autre domaine de recherches très actives (voir par exemple Foulley *et al* 2000). Le but est de mieux utiliser l'information disponible en intégrant aux calculs de sélection l'ensemble des mesures élémentaires. En aviculture, ces méthodes pourraient s'appliquer aux pesées à différents âges pour le poids corporel ou au nombre d'œufs par semaines pour la ponte. Parmi les approches statistiques possibles figure la modélisation des courbes de croissance (voir la revue de Mignon-Grasteau et Beaumont 2000) ou de ponte (voir par exemple Anang *et al* 2002) qui permet de prendre en compte la cinétique d'évolution des performances. L'étude des séries de ponte (pendant lesquelles la poule pond chaque jour un œuf) apparaît également comme une approche intéressante : déjà sélectionnée avec succès chez la poule (Chen et Tixier-Boichard 2003a), elle présente une héritabilité supérieure au taux de ponte (Chen et Tixier-Boichard 2003b).

De nouvelles méthodes d'analyse statistique sont développées pour étudier des données de distribution non normale, par exemple celles relatives à la durée de vie des animaux, ou pour intégrer toutes les mesures d'un caractère au cours du temps.

L'ensemble de ces approches pose de nouvelles questions, notamment celle de combiner les valeurs génétiques estimées avec des modèles linéaires (caractères de production classiques) ou non (caractères discrets, données de survie...) pour obtenir un index. Besbès *et al* (2002) ont proposé une méthode dont les premiers résultats, encourageants, doivent encore être validés.

b / Vers une modélisation plus fine des mécanismes génétiques

L'intégration, dans le modèle statistique utilisé pour l'évaluation génétique, d'autres effets aléatoires que la seule valeur génétique additive des candidats à la sélection vise le plus souvent à prendre en compte des effets maternels (ayant ou non une composante génétique) ou encore à mieux prévoir l'intérêt des croisements.

Nombreuses sont en effet les raisons qui poussent le généticien à estimer la part de variabilité due à la dominance : une estimation sans biais de l'héritabilité, une meilleure prédiction des valeurs génétiques additives, voire l'exploitation d'une partie de la variance génétique non additive à travers le croisement, couramment utilisé en aviculture. Dans les espèces avicoles, plusieurs études ont porté sur l'estimation des paramètres de croisement qui permettent de prévoir l'intérêt de croisements entre souches (par exemple pour le poids par Barbato 1991), mais beaucoup reste à faire, en particulier pour les caractères plus récemment étudiés. La sélection en vue du croisement est une approche complémentaire qui comporte un volet expérimental (Minvielle *et al* 1999 et 2000a) et de la modélisation. Mais la combinaison des effets génétiques additifs et non-additifs dans une même évaluation génétique entraîne d'importantes difficultés numériques ayant trait à la construction et à la résolution des équations, ce qui explique le peu d'applications recensées à ce jour, en particulier dans les espèces avicoles.

Dans le cas d'une espèce à diffusion mondiale comme le poulet, se pose inévitablement la question du choix du milieu de sélection et des éventuelles interactions entre l'environnement dans lequel est entretenu le noyau de sélection et le classement de animaux qui le constituent (Mathur 2003). Ainsi, les poulets de chair issus d'un noyau sélectionné sous nos latitudes tempérées n'auront pas nécessairement des performances optimales dans des conditions de chaleur plus intense en région tropicale (Deeb et Cahaner 2002). Les études montrent l'intérêt à la fois de gènes majeurs comme le gène « cou-nu » (Bordas *et al* 1978, Chen *et al* 2002) et du test de nouveaux critères de sélection. L'estimation des corrélations génétiques entre performances réalisées dans les deux milieux, qui suppose l'identification et le suivi généalogique d'un effectif suffisant, apporte des éléments de réponse en vue d'une sélection plus efficace. Elle peut s'appliquer à la prise en compte de l'interaction entre génotype et température (Beaumont *et al* 1998) ou mode d'élevage (pour préciser les conséquences d'une sélection en claustration dans

des milieux surprotégés que constituent les centres de sélection) ou encore à l'étude des possibilités de modification du dimorphisme sexuel (écart de poids entre mâle et femelles, Mignon-Grasteau *et al* 1998).

Enfin, cet énoncé des voies de recherche en génétique animale ne saurait être exhaustif sans évoquer le considérable apport potentiel de la biologie moléculaire. En effet, si les interrogations demeurent nombreuses sur le nombre de gènes régissant les différents caractères et leur effet, l'existence de gènes à effet notable, voire très important, sur certains caractères quantitatifs n'est plus à démontrer.

1.2 / Vers une intégration des résultats de génétique moléculaire

La recherche des gènes contrôlant les principales performances a débuté chez les volailles comme dans les autres espèces de rente. Ce type de démarche aura des répercussions sur les modes de sélection avicoles. Plusieurs zones du génome (dites QTL pour *Quantitative Trait Loci*) viennent d'être identifiées, notamment en France, dans une démarche de génomique positionnelle, pour leur effet sur différents caractères : la composition corporelle (Pitel *et al* 2002), la résistance aux coccidies (Pinard-Van der Laan *et al* 2003a), l'efficacité alimentaire de la poule pondeuse (Pitel *et al* 2002, Tixier-Boichard *et al* 2002), la croissance en relation avec la qualité de viande et de carcasse (Cogburn *et al* 2003) ou la résistance au portage de salmonelles. Les QTL ainsi identifiés peuvent être intégrés dans les schémas de sélection, soit intra-lignée par sélection assistée par marqueurs (SAM), soit dans des croisements suivis d'introgression (Hillel *et al* 1993). Dans les espèces avicoles, les applications de la SAM seront sans doute limitées : il faut en effet, avant toute application, identifier à quel allèle du marqueur est associé l'allèle favorable que l'on souhaite sélectionner. Cette étape préalable doit le plus souvent se faire à l'intérieur de chaque famille, ce qui entraîne des coûts élevés, en particulier pour des espèces à renouvellement très rapide. Ceux-ci ne pourront se justifier que pour des caractères difficiles à mesurer (comme la résistance aux maladies), ne s'exprimant que dans un sexe ou très tardivement. L'application sera beaucoup plus aisée dès lors que la mutation causale expliquant le QTL aura été identifiée, mais ce travail d'identification de la mutation causale est généralement très long. Quel que soit l'avancement des connaissances sur le génome, des avancées notables ont d'ores et déjà été réalisées dans la modélisation et le traitement des cas d'hérédité mixte, mettant en jeu un gène majeur et des polygènes (voir par exemple Manfredi 2000).

Utiliser des marqueurs répartis sur l'ensemble du génome facilite et accélère également l'introduction après croisement d'un nouvel allèle dans une population dite receveuse (Hillel *et al* 1993), en permettant de repérer les individus porteurs de l'allèle favo-

rable et ayant éliminé les autres zones du génome donneur. Enfin l'intérêt d'un croisement entre deux souches peut être prédit par la similarité entre les empreintes génétiques des animaux de ces deux origines (Haberfeld *et al* 1996), au moins dans le cas de sélection classique (Minvielle *et al* 2000b).

A plus long terme, la génomique aura d'autres conséquences sur la sélection : en améliorant la connaissance des mécanismes en jeu, notamment à travers l'étude du niveau d'expression des gènes (voir par exemple Carré *et al* 2002), elle permettra d'approfondir l'étude de la variabilité génétique, débouchera sur de nouveaux critères de sélection et l'identification de nouveaux gènes. Tout ceci facilitera la sélection et permettra de mieux comprendre les interactions entre gènes.

2 / Evolution des caractères sélectionnés

2.1 / Qualité des produits

La qualité des produits est une préoccupation très générale de la filière. Certaines caractéristiques, comme la qualité interne de l'œuf, appréciée par les unités Haugh, ou la résistance de la coquille sont déjà prises en compte dans les schémas de sélection, mais pourraient bénéficier des nouvelles avancées faites sur la caractérisation moléculaire de la coquille (Nys *et al* 2001).

Mais la plupart des études portent sur la qualité des viandes et carcasses. En effet, le marché français du poulet est en pleine mutation : si les ventes sous forme de carcasse entière sont en perte de vitesse, les produits élaborés connaissent une forte croissance, que ce soit pour les produits de type industriel ou pour ceux vendus sous signe de qualité tels que les labels. En conséquence, après la réduction de l'engraissement, la qualité des carcasses et en particulier le développement des muscles pectoraux, morceaux nobles de la carcasse, représentent aujourd'hui des objectifs prioritaires de la filière. Ces caractères présentent des héritabilités élevées, ce qui montre les fortes possibilités d'amélioration génétique de ces caractères chez la dinde (Chapuis *et al* 1996), le poulet (Le Bihan-Duval *et al* 1998) et l'oie (Larzul *et al* 2000). Ces caractères, déjà sélectionnés dans la très grande majorité voire la totalité des lignées de type intensif, seront sans doute de plus en plus souvent considérés dans les productions de type plus extensif et éventuellement sélectionnés indirectement (Leclercq *et al* 1989) par une modification génétique des courbes de croissance (Ricard 1975).

Mais la principale innovation dans ce domaine viendra sans doute de l'importance accordée à la qualité de la viande. La lourdeur de la mesure de la qualité organoleptique de la viande empêche, pour l'instant du

moins, toute amélioration génétique directe de ce type de caractère. En revanche, les études sur la qualité technologique de la viande se développent et ce d'autant plus que des viandes de mauvaise qualité, présentant des pertes en eau excessives ou une instabilité de la couleur, sont de plus en plus souvent décrites. Ces défauts pourraient notamment résulter de viandes de type *Pale, Soft, Exsudative* (PSE). Le déterminisme de ce phénotype PSE ainsi que de celui des viandes acides ont fait l'objet de nombreux travaux chez le Porc (Monin et Sellier 1985). Ceux-ci ont montré l'importance de la cinétique du pH dans la qualité technologique de la viande. Les travaux sur les espèces avicoles sont, quant à eux, très récents. Chez le poulet, les premières études (Le Bihan-Duval *et al* 1999 et 2001) portaient sur la vitesse de chute du pH, le niveau du pH ultime, la coloration et les pertes en eau de la viande fraîche. Tous ces caractères présentent des héritabilités élevées (variant de 0,35 à 0,49 pour le pH et de 0,50 à 0,57 pour les paramètres de coloration de la viande), ce qui montre l'utilité de la prise en compte de ces caractères en sélection. L'étude d'un croisement diallèle entre canard Pékin et canard de Barbarie montre également le rôle de la génétique, en particulier sur la couleur et les propriétés mécaniques de la viande (Larzul *et al* 2002). Après la mise en évidence d'interactions entre génétique et stress avant abattage (Debut *et al* 2003), l'étude des mécanismes sous-jacents est en cours. Il en est de même du rôle, dans les espèces avicoles, des gènes analogues à ceux impliqués chez le Porc dans la régulation de la qualité de la viande : récepteur à la ryanodine, responsable du syndrome d'hypersensibilité au stress et gène RN, récemment cloné par Milan *et al* (2000).

2.2 / Résistance aux maladies

Les contraintes expérimentales ainsi que les modalités d'application diffèrent grandement selon que l'on considère des maladies d'origine infectieuse ou non. La sélection apparaît comme l'une des seules méthodes de lutte efficaces contre les troubles dits plurifactoriels (comme les boiteries), dont l'étiologie reste très mal connue mais pour lesquels plusieurs facteurs favorisants ont été identifiés. Mais leur fréquence étant peu prévisible, leur étude génétique nécessite l'observation d'un grand nombre d'animaux. De plus, en l'absence de lésion spécifique, leur diagnostic est parfois délicat. A l'opposé, il est possible de reproduire expérimentalement les maladies infectieuses et donc de maîtriser les conditions de mesure, mais cela implique de disposer d'animaleries protégées et augmente considérablement les coûts. Comme les animaux infectés ne peuvent plus être utilisés comme reproducteurs (parce que morts ou porteurs du germe), la sélection ne pourra se faire que sur collatéraux, en mesurant les frères des candidats à la sélection. Dans ce cas, disposer de marqueurs génétiques de la résistance améliorerait fortement la rentabilité de la sélection.

a / Résistance génétique aux troubles plurifactoriels

La notion de troubles plurifactoriels regroupe un grand nombre de syndromes, tous susceptibles d'une amélioration génétique. Nous présenterons les principaux résultats obtenus pour deux types de caractères : discrets (les boiteries) et censurés (la longévité), l'approche retenue pouvant servir à d'autres troubles plurifactoriels, avant de présenter rapidement la démarche retenue dans la sélection pour la résistance aux ascites, laquelle fait davantage appel aux travaux physiopathologiques (Balog 2003).

Réduction des boiteries

Les troubles locomoteurs affectent la quasi-totalité des espèces avicoles. Ils sont responsables de graves souffrances pour l'animal et occasionnent de lourdes pertes, tant directes (par réforme des animaux) qu'indirectes en perturbant la croissance. A la suite de la distinction par Leterrier et Nys (1992) des déformations de type varus et valgus des membres inférieurs du poulet de chair, les travaux de Le Bihan-Duval *et al* (1996) ont permis d'estimer les héritabilités de ces deux troubles à 0,23, ce qui permet d'espérer une sélection efficace contre les boiteries. La faible corrélation génétique estimée entre varus et valgus suggère que ces deux types de déformations aient deux origines différentes, ce qui a remis en cause le mode de sélection qui utilisait comme critère la note globale (présence ou absence de pattes tordues). La sensibilité aux boiteries des autres espèces avicoles peut également être réduite par sélection (Chapuis *et al* 2001). Mais le succès de la sélection est également conditionné par la valeur des corrélations entre la résistance aux boiteries et les autres caractères sélectionnés. Estimer cette corrélation et l'utiliser dans les calculs de sélection facilite l'amélioration conjuguée des performances économiques et de la qualité des aplombs (Le Bihan-Duval *et al* 1997 chez le poulet, Chapuis *et al* 2001 chez le canard de Barbarie). Cette approche pourra d'ailleurs se généraliser à d'autres caractères.

Réduction de la mortalité en élevage

Réduire la mortalité en élevage a une évidente justification économique. C'est également un objectif éthique. En analysant la survie d'un animal comme une variable binaire (mortalité/survie à l'issue de la période d'élevage), Chapuis *et al* (2001) obtiennent une héritabilité assez faible (0,10 chez le canard de Barbarie), mais qui permet d'identifier des familles présentant des gènes de viabilité favorables. Par ailleurs, différents travaux ont déjà été consacrés à l'analyse et l'amélioration de la longévité de poules élevées en cages collectives (Craig et Muir 1996a et 1996b, Ducrocq *et al* 2000 et §1.1).

Réduction des ascites

Ce syndrome, souvent fatal pour le poulet de chair, se caractérise par une accumulation de liquide oedémateux dans la cavité

abdominale, le plus souvent liée à de l'hypertension pulmonaire (Sanchez *et al* 2000). D'abord apparu dans les fermes situées en altitude, ce syndrome a pris une importance croissante et suscité de nombreux travaux, notamment en génétique. Il est impossible de résumer ici l'ensemble des travaux, dont Balog *et al* (2003) ont fait une excellente synthèse. La difficulté de la sélection étant notamment liée à la faible incidence de ce syndrome, certains généticiens ont cherché des critères indirects de mesure de la sensibilité de l'animal en s'appuyant sur les connaissances de sa physiopathologie. La solution alternative a consisté à augmenter la fréquence du syndrome, en plaçant les animaux dans des conditions favorisant les troubles cardio-respiratoires (notamment sous de faibles pressions, à température réduite ou en ayant recours à la chirurgie) et en faisant parfois appel à des méthodes de calculs très sophistiquées (Roush *et al* 1997). Le tout a permis de dégager plusieurs possibilités d'application, ce qui illustre l'importance d'une recherche pluridisciplinaire. Mais, malgré l'ampleur et la qualité des recherches menées sur ce thème, la question de la rentabilité de cette sélection et, par suite, de son application reste posée par Balog *et al* (2003), et ce malgré le bénéfice certain qui en résulterait pour les animaux.

b / Résistance génétique aux maladies infectieuses

Augmenter la résistance des animaux aux maladies infectieuses a été envisagé dès les années 30 pour réduire les conséquences des épizooties qui ravageaient alors les troupeaux, qu'elles soient dues à des bactéries, des virus (Beaumont *et al* 2003b) ou des parasites (Pinard-Van der Laan *et al* 2003b). Avec les progrès sanitaires, ce type d'infection est devenu rare et le coût d'une sélection sur la résistance ne se justifie désormais qu'en l'absence de vaccin ou de traitement efficace et accepté par les consommateurs.

Tel est en particulier le cas des coccidioses dont la chimio-prévention risque d'être restreinte voire interdite en Europe, alors que le coût des vaccins reste très élevé. Des études sont en cours (Pinard-Van der Laan *et al* 2003a) qui devraient permettre d'identifier des marqueurs de la résistance.

De même la résistance au portage de salmonelles pourrait être utilisée comme moyen de lutte contre les risques de contamination humaine. En effet, si l'on sait vaincre les symptômes de cette maladie, il est par contre impossible d'éliminer cette bactérie d'un troupeau commercial, en raison de l'existence d'animaux dits "porteurs sains". Ceux-ci peuvent héberger des salmonelles pendant plusieurs semaines sans exprimer le moindre symptôme. Ils représentent une des principales difficultés de la lutte contre les salmonelles car ils ne se distinguent de leurs congénères indemnes qu'au prix d'analyses approfondies. En conséquence, sélectionner des animaux sur la résistance au portage pourrait réduire la fréquence des porteurs et

La génétique moléculaire permet d'envisager une sélection sur les marqueurs associés, notamment pour les caractères lourds à mesurer comme la résistance aux maladies, et facilite l'étude des mécanismes sous-jacents.

donc les risques de toxi-infection alimentaire. Des estimations récentes de l'héritabilité de la résistance au portage, défini comme la persistance de la bactérie plusieurs semaines après inoculation, ont montré qu'il s'agissait d'un caractère qui pourrait bénéficier d'une amélioration génétique, que ce soit chez l'adulte (Beaumont *et al* 1999) ou le poussin (Berthelot 1998). Toutefois cette sélection apparaît, comme toute expérience de ce type, délicate à appliquer à grande échelle, d'où l'intérêt de l'étude des gènes en cause (Beaumont *et al* 2003a), plusieurs gènes candidats ayant été identifiés (Mariani *et al* 2001, Kramer *et al* 2003).

Une autre approche, plus générale, vise à sélectionner des lignées divergentes sur leur réponse immunitaire pour constituer des modèles animaux particulièrement appropriés à la recherche des gènes en cause et à la compréhension des relations entre capacité immunitaire, résistance aux maladies et niveau de production en relation avec le milieu. Plusieurs études ont montré la faisabilité d'une sélection sur la réponse humorale (Pinard-Van der Laan *et al* 1998) ; l'expérience de sélection menée par Pinard-Van der Laan (2002) sur la réponse en anticorps, la réponse cellulaire et les capacités de phagocytose montre à la fois la faisabilité d'une amélioration génétique de ces trois critères et leur indépendance.

Enfin, des études récentes visent à tester les possibilités d'amélioration génétique d'autres mécanismes généraux de résistance, comme les capacités bactériostatiques de l'œuf, qui pourraient également améliorer la sécurité sanitaire (Vidal *et al* 2003).

2.3 / Réduction des rejets dans l'environnement

Les rejets des animaux d'élevage sont de plus en plus souvent critiqués. Or il est possible de les réduire par sélection. Les travaux précurseurs de Bordas et Mérat (1975) ont montré qu'il était possible de sélectionner des lignées de poules pondeuses divergeant pour leur consommation résiduelle, fraction de l'ingéré qui n'est expliquée ni par les besoins d'entretien de l'organisme, ni par ceux de production (ponte dans ce cas), ce qui rend ce critère de sélection indépendant du niveau de performance de l'animal (Bordas *et al* 1992).

Chez le poulet de type chair, c'est l'indice de consommation qui est considéré. Si sa sélection est déjà pratiquée dans certaines souches destinées aux élevages intensifs (Jego *et al* 1995), son coût reste élevé, d'où l'intérêt d'une amélioration indirecte à travers l'accélération de la croissance, la réduction du niveau d'engraissement, la modification de la forme de la courbe de croissance, mais aussi l'augmentation des capacités de digestion des animaux dont Mignon-Grasteau *et al* (2003) viennent de montrer qu'il s'agissait d'un caractère très héritable, au moins dans le cas de poulets nourris avec une forte proportion de blé de mauvaise qualité.

2.4 / Amélioration des capacités de reproduction

Les capacités de reproduction des animaux sont nécessairement maintenues par la sélection naturelle. Mais la dégradation régulière des performances de reproduction des souches lourdes pourraient à terme renforcer l'importance accordée à ces critères ou susciter de nouvelles recherches, notamment sur les capacités de production spermatique, domaine dans lequel les recherches restent encore extrêmement limitées. L'augmentation de la durée de période fertile, période pendant laquelle la femelle peut pondre des œufs fertiles après une insémination, peut également permettre d'espacer les inséminations (Beaumont 1992). Cette démarche apparaît particulièrement intéressante dans les espèces comme le canard où la faible durée de période fertile, notamment pour la production de mulards, implique des inséminations rapprochées (Tai *et al* 1994, Brun et Larzul 2003).

2.5 / Amélioration du bien-être animal

Que ce soit à la demande des consommateurs ou pour tenir compte de la législation européenne, la question du bien-être animal est de plus en plus souvent discutée, ce qui entraîne également des questions sur ses relations avec la génétique (voir revue de Mignon-Grasteau et Faure 2002). Deux grands types d'approches peuvent être considérés dans ce domaine. Le premier porte sur des aptitudes générales (tendance à la peur, motivation sociale, dominance...) qui peuvent modifier un grand nombre de comportements, le second se focalise sur un type de comportement particulièrement important.

Améliorer la sociabilité et diminuer la sensibilité au stress pourrait permettre d'augmenter les capacités d'adaptation des animaux. En conséquence, plusieurs expériences de sélection ont déjà été menées sur des caractères généraux de tempérament : la motivation sociale (Mills et Faure 1991) et la sensibilité aux agents stressants mesurée par le taux de corticostérone après un stress social (Gross et Siegel 1985) ou thermique (Brown et Nestor 1973), l'activité en open-field (Faure et Folmer 1975) ou encore la durée d'immobilité tonique chez la caille (Mills et Faure 1991). Il faut maintenant tirer tous les enseignements, notamment moléculaires, de ces expériences et les transposer à d'autres espèces avicoles. En parallèle, d'autres aptitudes sont à étudier comme la peur vis-à-vis de l'homme, chez le canard (Faure *et al* 2002) ou d'autres espèces, ou encore l'activité locomotrice (Bizeray *et al* 2000).

Par ailleurs, différents travaux ont été menés pour apporter une réponse spécifique à différentes sources de réduction du bien-être. Tel est en particulier le cas des recherches menées sur la résistance aux maladies (§2.2), mais aussi de celle visant à

La préoccupation du bien-être des animaux d'élevage conduit à développer des études génétiques du comportement sur, par exemple, la sensibilité au stress ou le comportement de picage.

limiter le comportement de picage des animaux. Celui-ci étant en partie sous contrôle génétique (voir revue de Chapuis *et al* 2000), la sélection de lignées de poulets moins sensibles au comportement de picage pourrait constituer une solution en réduisant les pertes économiques liées au phénomène, sans recourir au débecquage ou à l'élevage en obscurité, tous deux fortement contestés. Au moins trois stratégies de sélection sont recensées à ce jour : l'observation directe des animaux (Kjaer et Sorensen 1997, Kjaer *et al* 2001), la sélection en cages collectives d'apparentées pour les pondeuses (Craig et Muir 1996a et 1996b), ou le recours à un « picomètre » qui enregistre le nombre et la force de coups de becs portés à un leurre (Bessei 1999 cité par Chapuis *et al* 2003). La diversité des pistes suivies par les chercheurs pour limiter le picage illustre à la fois la difficulté de la démarche et l'intérêt qu'elle suscite.

Si la génétique intervient dans ces caractères, son rôle n'est que très partiel puisque ce type de caractère est influencé par un nombre particulièrement important de facteurs (Beaumont *et al* 2002). De nombreuses questions sont à résoudre avant d'introduire en sélection un nouveau critère :

- celui-ci doit s'exprimer de façon aussi cohérente que possible dans deux environnements très différents, de sélection et de production ;

- il doit être à la fois de portée générale et susceptible d'être mesuré sur de grands effectifs.

Enfin, l'estimation des corrélations génétiques entre tout nouveau critère et les performances zootechniques reste un préalable à

toute introduction dans les schémas de sélection commerciale. Si ces questions se posent pour tout critère de sélection, elles sont particulièrement délicates lorsqu'il s'agit de critères comportementaux.

Conclusion

Cette synthèse montre l'ampleur et la diversité des possibilités offertes par la génétique avicole. Les applications pratiques de ces différentes approches dépendront de la demande de la filière, mais aussi des conséquences indirectes à en attendre. Il est en effet impossible de définir un animal idéal et, a fortiori, de le sélectionner ; il faut se « contenter » de l'animal optimal. De même, il est sans aucun doute impossible d'obtenir des lignées spécialisées pour chaque type de production ou d'élevage et, là encore, il faut trouver un compromis entre le coût de la sélection et les contraintes de la production. Mais il faut aussi souligner que les progrès génétiques vont de pair avec l'évolution des méthodes d'élevage. Cette « co-évolution » est sans nul doute une des forces de l'aviculture qu'il convient de préserver.

Remerciements

Cet article a fait l'objet d'une présentation lors des cinquièmes Journées de la recherche avicole en mars 2003 ; il s'inspire largement de la publication faite à cette occasion. Les auteurs remercient les organisateurs de leur invitation et les relecteurs de leurs suggestions.

Références

- Anang A., Mielenz N., Schüler L., 2002. Monthly model for genetic evaluation of laying hens II. Random regression. *Br. Poult. Sci.*, 43, 384-390.
- Balog J.M., 2003. Ascites syndrome (Pulmonary hypertension syndrome) in broiler chickens: Are we seeing the light at the end of the tunnel? *Avian and poultry biology reviews*, 14, 3, 99-125.
- Barbato G.F., 1991. Genetic architecture of growth curve parameters in chickens. *Theor. Appl. Genet.*, 83:24-32.
- Beaumont C., 1992. Genetic parameters of the duration of fertility in hens. *Can. J. Anim. Sci.*, 72, 193-201.
- Beaumont C., Guillaumin S., Geraert P.A., Mignon-Grasteau S., Leclercq B., 1998. Genetic parameters of body weight of broiler chickens measured at 22°C or 32°C. *Br. Poult. Sci.*, 39, 488-491.
- Beaumont C., Protais J., Guillot, J.F., Colin, P., Proux, K., Millet, N., Pardon, P. 1999. Genetic resistance to mortality of day-old chicks and carrier-state of hens after inoculation with *Salmonella enteritidis*. *Avian Path.*, 28, 131-135
- Beaumont C., Roussot O., Marissal-Avry N., Mormède P., 2002. Génétique et adaptation des animaux d'élevage: introduction. *INRA Prod. Anim.*, 15, 343-348.
- Beaumont C., Protais J., Pitel F., Lantier F., Plisson-Petit F., Colin P., Protais M., Le Roy P., Leveque G., Malo D., Elsen J.M., Milan D., Lantier I., Neau A., Salvat G., Vignal A., 2003a. Effect of two candidate genes on the *Salmonella* carrier-state in fowl. *Poult. Sci.*, 82, 721-726.
- Beaumont C., Dambrine G., Chausse A.M., Flock D., 2003b. Selection for disease resistance: conventional breeding for resistance to bacteria and viruses. In: *Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology*, 357-384, Muir (ed), CABI Publishing.
- Berthelot F., Beaumont C., Mompert F., Girard-Santosuosso O., Pardon P., Duchet-Suchaux M., 1998. Estimated heritability of the resistance to cecal carrier state of *Salmonella enteritidis* in chickens. *Poult. Sci.*, 77, 797-801.
- Besbès B., Protais M., 1995. Evaluation génétique d'une lignée de poule pondeuse. In : 2èmes Jour. de la Rech. Avic., Tours 8-10 Avril, ITAVI, Paris, 128-130.
- Besbès B., Ducrocq V., Protais M., 2002. An approximate total merit index combining linear traits, a survival trait and a categorical trait in laying hens. 7th World Cong. on Livest. Product., Montpellier, 19-23 Août, INRA-CIRAD, communication 20-05.
- Bizeray D., Letierrier C., Constantin P., Picard M., Faure J.M., 2000. Early locomotor behaviour in genetic stocks of chickens with different growth rates. *Appl. Anim. Behav.*, 68, 231-242.
- Bordas A., Mérat P., 1975. Enregistrement sur une courte période de la consommation d'aliment chez la poule pondeuse pour l'étude génétique de l'efficacité alimentaire. *Ann. Gén. Sél. Anim.*, 7, 331-334.
- Bordas A., Mérat P., Ricard F.H., 1978. Influence of the NA (naked neck) gene on growth, feed consumption and body composition of chicken according to environmental temperature. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, 10, 209-213.
- Bordas A., Tixier-Boichard M., Mérat P., 1992. Direct and correlated responses to divergent selection for residual food intake in Rhode Island Red laying hens. *Br. Poult. Sci.*, 33, 741-754.

- Brown K. I., Nestor K. E., 1973. Some physiological responses of turkeys selected for high or low adrenal response to cold stress. *Poult. Sci.*, 52, 1948-1954.
- Brun J.M., Larzul C., 2003. Inheritance of reproductive traits of female common ducks (*Anas platyrhynchos*) in pure breeding and in inter-generic crossbreeding with muscovy ducks (*Cairina moschata*). *Br. Poult. Sci.*, 44, 40-45.
- Carré W., Bourneuf E., Douaire M., Diot C., 2002. Differential expression and genetic variation of hepatic messenger RNAs from genetically fat and lean chickens. *Genes*, 299, 235-243.
- Chapuis H., Tixier-Boichard M., Delabrosse Y., Ducrocq V., 1996. Multivariate restricted maximum likelihood estimation of genetic parameters for production traits in three selected turkey strains. *Gen. Sel. Evol.*, 28, 299-317.
- Chapuis H., Beaumont C., Faure J.M., 2000. Le picage chez les oiseaux domestiques : revue bibliographique. *Sci. et Tech. Avic.*, 31, 5-15.
- Chapuis H., Le Bihan-Duval E., Maillary L., Beaumont C., 2001. L'amélioration génétique des critères qualitatifs en aviculture. *Sci. et Techn. Avic.*, 37, 11-17.
- Chapuis H., Boulay M., Retailliau J.P., Arnould C., Mignon-Grasteau S., Berri C., Coudurier B., Faure J.M., 2003. Sélection d'une souche de poulet label contre le picage : bilan après trois générations de sélection au picomètre. 5^{èmes} Jour. de la Rech. Avic., Tours, 27-29 Mars, 363-366. ITAVI, Paris.
- Chen C.F., Tixier-Boichard M., 2003a. Estimation of genetic variability and selection response for clutch length in dwarf brown-egg layers carrying or not the naked neck gene. *Genet. Sel. Evol.*, 35, 219-223.
- Chen C.F., Tixier-Boichard M., 2003b. Correlated Responses to Long-Term Selection for Clutch Length in Dwarf Brown-Egg Layers Carrying or Not Carrying the Naked Neck Gene. *Poult. Sci.*, 82, 709-720.
- Chen C.F., Bordas A., Tixier-Boichard M., 2002. Effect of high ambient temperature and naked neck genotype on performance of dwarf brown-egg layers selected for improved clutch length. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, August 19-23, Communication N° 18-08.
- Cogburn L.A., Wang X., Carre W., Rejto L., Porter T.E., Aggrey S.E., Simon J., 2003. Systems-wide chicken DNA microarrays, gene expression profiling, and discovery of functional genes. *Poult. Sci.*, 82, 939-952.
- Coquerelle G., 2000. Les poules : diversité génétique visible. Collection du labo au terrain, INRA Editions, Paris, 184 p.
- Craig J.V., Muir W.M., 1996a. Group Selection for Adaptation to Multiple-Hen Cages: Behavioral Responses. *Poult. Sci.*, 75, 1145-1155.
- Craig J.V., Muir W.M., 1996b. Group Selection for Adaptation to Multiple-Hen Cages: Beak-Related Mortality, Feathering, and Body Weight Responses. *Poult. Sci.*, 75, 294-302.
- Debut M., Berri C., Baeza E., Sellier N., Arnould C., Guémené D., Jehl N., Boutten B., Jégo Y., Beaumont C., Lebihan-Duval E., 2003. Variation of chicken technological meat quality in relation to genotype and preslaughter stress conditions. *Poult. Sci.*, 82, 1829-1838.
- Deeb N., Cahner A., 2002. Genotype-by-environment interaction with broiler genotypes differing in growth rates. 3. Growth rate and water consumption of broiler progeny from weight-selected versus non-selected parents under normal and high ambient temperatures. *Poult. Sci.*, 81, 293-301.
- Ducrocq V., 1994. Statistical analysis of length of productive life for dairy cows of the normande breed. *J. Dairy Sci.*, 77, 855-866.
- Ducrocq V., Besbès B., Protas M., 2000. Genetic improvement of laying hens viability using survival analysis. *Gen. Sel. Evol.*, 32, 23-40.
- Faure J.M., Folmer J.C., 1975. Etude génétique de l'activité précoce en open-field du jeune poussin. *Ann. Gén. Sél. Anim.*, 7, 123-132.
- Faure J.M., Val-Laillet D., Guy G., Bernardet M.D., Guémené D., 2002. Réaction de peur et de stress chez le mulard et les deux espèces parentes. 5^{èmes} Jour. de la Rech. sur les Palmipèdes à Foie Gras, Pau, 9-10 Octobre, 64-68, ITAVI, Paris.
- Foulley J.L., Gianola D., 1996. Statistical analysis of ordered categorical data via a structural heteroskedastic threshold model. *Gen. Sel. Evol.*, 28, 249-273.
- Foulley J.L., Jaffrezic F., Robert-Granié C., 2000. EM-REML estimation of covariance parameters in Gaussian mixed models for longitudinal data analysis. *Genet. Sel. Evol.*, 32, 129-141.
- Gianola D., Foulley J.L., 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Génét. Sél. Evol.*, 32, 129-141.
- Gross W.B., Siegel P.B., 1985. Selective breeding of chickens to corticosterone response to social stress. *Poult. Sci.*, 64, 2230-2233.
- Haberfeld A., Dunnington E.A., Siegel P.B., Hillel J., 1996. Heterosis and DNA Fingerprinting in Chickens. *Poult. Sci.*, 75, 951-953.
- Hillel J., Verrinder Gibbins A.M., Etches R.J., Shaver D. McQ., 1993. Strategies for the rapid introgression of a specific gene modification into a commercial poultry flock from a single carrier. *Poult. Sci.*, 72, 1197-1211.
- Jaffrezic F., Robert-Granié C., Foulley J.L., 1999. A quasi-score approach to the analysis of ordered categorical data via a mixed heteroskedastic threshold model. *Gen. Sel. Evol.*, 31, 301-318.
- Jégo Y., Besbès B., Donal J.L., 1995. Analyse de la variabilité génétique et de la réponse à la sélection dans deux lignées commerciales de poulets de chair. In : 1^{ères} Jour. de la Rech. Avic., Angers 28-30 Mars, ITAVI, Paris, 125-127.
- Kjaer J.B., Sørensen P., 1997. Feather pecking behaviour in White Leghorns : a genetic study. *Br. Poult. Sci.*, 38, 333-341.
- Kjaer J. B., Sorensen P., Su G., 2001. Divergent selection on feather pecking behaviour in laying hens (*Gallus gallus domesticus*). *Appl. Anim. Behav. Sci.*, 71, 229-239.
- Kramer J. Malek M., Lamont S.J., 2003. Association of twelve candidate gene polymorphisms and response to challenge with *Salmonella enteritidis* in poultry. *Anim. Genet.*, 34, 339-348.
- Larzul C., Rouvier R., Rousselot-Pailley D., Guy G., 2000. Estimation of genetic parameters for growth, carcass and overfeeding traits in a white geese strain. *Gen. Sel. Evol.*, 32, 415-427.
- Larzul C., Imbert B., Bernardet M.D., Guy G., Rémignon H., 2002. Qualité du magret dans un croisement factoriel barbarie x INRA44. In : 5^{èmes} Jour. de la Rech. sur les Palmip. à Foie Gras, Pau, 9-10 Octobre, 33-36, ITAVI, Paris.
- Le Bihan E., Millet N., Rémignon H., 1999. Broiler meat quality: effect of selection for increased carcass quality and estimates of genetic parameters. *Poult. Sci.*, 78, 822-826.
- Le Bihan E., Berri C., Baeza E., Millet N., Beaumont C., 2001. Estimation of the genetic parameters of meat characteristics and of their genetic correlations with growth and body composition in an experimental broiler line. *Poult. Sci.*, 80, 839-843.
- Le Bihan-Duval E., Beaumont C., Colleau J.J., 1996. Genetic parameters of the twisted legs syndrome in broiler chickens. *Gen. Sel. Evol.*, 28, 177-195.
- Le Bihan-Duval E., Beaumont C., Colleau J.J., 1997. Estimation of the genetic correlations between twisted legs and growth or conformation traits in broiler chickens. *J. Anim. Breed. Genet.*, 114, 239-259.
- Le Bihan-Duval E., Mignon-Grasteau S., Millet N., Beaumont C., 1998. Genetic analysis of a selection experiment on increased body weight and breast muscle weight as well as on limited abdominal fat weight. *Br. Poult. Sci.*, 39, 346-353.
- Leclercq B., Guy G., Rudeaux F., 1989. Growth characteristics and lipid distribution in two lines of chicken selected for low or high abdominal fat. *Gen. Sel. Evol.*, 21, 69-80.

- Leterrier C., Nys Y., 1992. Clinical and anatomical differences in varus and valgus deformities of chick limbs suggest different aetio-pathogenesis. *Av. Path.*, 21, 429-442.
- L'Hospitalier R., Bougon M., Le Menec M., Quémeneur P., 1986. Evolution des performances des poules reproductrices de type chair et de leurs descendants de 1962 à 1985. *Bull. Inf. St. Exp. Avic. Ploufragan*, 26, 3-14.
- Manfredi E., 2000. Intérêt et limites de la sélection intracra assistée par marqueurs INRA Prod. Anim., Numéro Hors-série « Génétique Moléculaire : principes et applications aux populations animales », 239-242.
- Mariani P. Barrow P.A., Cheng H.H., Groenen M.A.M., Negrini R., Bumstead N., 2001. Localization to chicken chromosome 5 of a novel locus determining salmonellosis resistance. *Immunogenet.*, 53, 786-791.
- Mathur P.K., 2003. Genotype-environment interactions : problems associated with selection for increased production. In: *Poultry Gen., Breed. and Biotech.*, Muir (éd), 221-245, CABI Publishing..
- Mignon-Grasteau S., Beaumont C., 2000. Les courbes de croissance chez les oiseaux. *INRA Prod. Anim.*, 13, 337-348.
- Mignon-Grasteau S., Faure J.M., 2002. Génétique et adaptation : le point des connaissances chez les volailles. *INRA Prod. Anim.*, 15, 357-364.
- Mignon-Grasteau S., Beaumont C., Poivey J.P., de Rochambeau H., 1998. Estimation of the genetic parameters of sexual dimorphism of body weight in "label" chickens and Muscovy ducks. *Gen. Sel. Evol.*, 30, 481-491.
- Mignon-Grasteau S., Muley N., Bastianelli D., Gomez J., Péron A., Sellier N., Millet N., Besnard J., Hallouis J.M., Carré B., 2003. Heritability of digestibilities and divergent selection for digestion ability in growing chicks fed on a wheat diet. *Accepté pour publication.*
- Milan D., Jeon J.T., Looft C., Armager V., Robic A., Thelander M., Rogel-Gaillard C., Paul S., Iannucelli N., Rask L., Ronne H., Lundström K., Reinsch N., Gellin J., Kalm E., Le Roy P., Chardon P., Anderson L., 2000. A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science*, 288, 1248-1251.
- Mills A., Faure J.M., 1991. Divergent selection for duration of tonic immobility and social reinstatement behavior in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*) chicks. *J. Comp. Psych.*, 105, 25-38.
- Minvielle F., Monvoisin J.L., Costa J., Frenot A., Maeda Y., 1999. Changes in heterosis under within-line selection or reciprocal recurrent selection: an experiment on early egg production in Japanese quail. *J. Anim. Breed. Gen.*, 116, 363-377.
- Minvielle F., Monvoisin J.L., Costa J., Maeda Y., 2000a. Long-term egg production and heterosis in quail lines after within-line or reciprocal recurrent selection for high early egg production. *Br. Poult. Sci.*, 41, 150-157.
- Minvielle F., Coville J.L., Krupa A., Monvoisin J.L., Maeda Y., Okamoto S., 2000b. Genetic similarity and relationships of DNA fingerprints with performance and with heterosis in Japanese quail lines from two origins and under reciprocal recurrent or within-line selection for early egg production (bandsharing). *Gen. Sel. Evol.*, 32, 289-302.
- Monin G., Sellier P., 1985. Pork of low technological quality with a normal rate of muscle pH fall in the immediate post-mortem period : the case of the Hampshire breed. *Meat Sci.*, 13, 49-63.
- Nys Y., Gautron J., Mc Kee M.D., Garcia-Ruiz J.M., Hincke M., 2001. Biochemical and functional characterization of eggshell matrix proteins in hens. *World's Poult. Sci. J.*, 57.
- Pinard-Van der Laan M.H., 2002. Immune modulation: the genetic approach. *Vet. Immun. and Immunopath.*, 87, 199-205.
- Pinard-Van der Laan M.H., Siegel P.B., Lamont S.J., 1998. Lessons from selection experiments on immune response in the chicken. *Poult. Avian Biol. Rev.*, 9, 122-141.
- Pinard-Van der Laan M.H., Pitel F., Feve K., Coville J.L., Legros H., Monvoisin J.L., Neau A., Repérant J.M., 2003a. Recherche de marqueurs génétiques de la résistance à la coccidiose chez la poule. In : 5èmes Journ. de la Rech. Avic., Tours, 26-27 Mars, 1375-378, ITAVI, Paris
- Pinard-Van der Laan M.H., Lillehoj H.S., James J. Zhu., 2003b. Genetic resistance and transmission of avian parasites. In: *Poultry Genetics, Breeding and Biotechnology*, 329-356, Muir (ed), CABI Publishing.
- Pitel F., Feve K., Vignal A., Tixier-Boichard M., Coville J.L., Bordas A., 2000. A QTL detection using bulked segregant analysis with microsatellite or AFLP markers in layers divergently selected for residual food consumption. *Br. Poult. Sci.*, 42, S27-S28.
- Pitel F., Lagarrigue S., Le Roy P., Plisson-Petit F., Amigues Y., Neau A., Cahaner A., Hillel J., Sourdioux M., Leclercq B., Vignal A., Douaire M., 2003. A two-step procedure for fat QTL identification in meat-type chickens. *Submitted.*
- Ricard F.H., 1975. Essai de sélection sur la forme de la courbe de croissance chez le Poulet. Dispositif expérimental et premiers résultats. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, 7, 4, 427-443.
- Roush W.B., Cravener T.L., Kirby Y.K., Wideman R.F. Jr., 1997. Probabilistic neural network prediction of ascites in broilers based on minimally invasive physiological factors. *Poult. Sci.*, 76, 1513-1516.
- Sanchez A., Plouzeau M., Rault P., Picard M., 2000. Croissance musculaire et fonction cardio-respiratoire chez le poulet de chair. *INRA Prod. Anim.*, 13, 37-45.
- Tai L.J.J., Poivey J.P., Rouvier R., 1994. Heritabilities of duration of fertility traits in Brown Tsaiya female chicks (*Anas platyrhynchos*) by artificial insemination with pooled muscovy (*Cairina moschata*) semen. *Br. Poult. Sci.*, 35, 377-384.
- Tixier-Boichard M., Bordas A., Renand G., Bidanel J.P., 2002. Residual food consumption as a tool to unravel genetic components of food intake. 7th World Cong. on Livest. Prod., INRA-CIRAD, Montpellier, communication 10-06.
- Vidal M.L., Baron F., Ahmed A., Michel J., Gautron J., Protais M., Beaumont C., Gautier M., Nys Y., 2003. Genetic variability in the anti-microbial activity of hen egg white. *Br. Poult. Sci.*, 44, 791-792.
- Wang C.S., Rutledge J.J., Gianola D., 1993. Marginal inferences about variance components in a mixed linear models using Gibbs Sampling. *Gen. Sel. Evol.*, 25, 41-62.

Abstract

Poultry genetics: new criteria and new methods.

Genetics is responsible for a large proportion of the dramatic increase in poultry production, partly thanks to biological characteristics of poultry species which are particularly favourable to selection. Today, the requests of the consumers and of the breeders lead the geneticist to study new traits such as quality of products, resistance to diseases (whether infectious or

not), reduction of effluents, animal welfare... In parallel, methods are improving thus allowing a better modalisation of traits and of genetic effects but also an integration of results of molecular information. The whole could make it possible to select for new criteria but also to renew the study of already selected traits such as growth or laying intensity.

BEAUMONT C., CHAPUIS H., 2004. Génétique et sélection avicoles : évolution des méthodes et des caractères. *INRA Prod. Anim.*, 17, 35-43.

