



HAL
open science

Sélectionner des béliers efficaces pour faire face aux enjeux agro-écologiques

Jean Louis Weisbecker, Christel Marie-Etancelin, Didier Marcon, Annabelle Meynadier, Frédéric Bouvier, Dominique Francois, Edmond Ricard, Jean-François Bompa, Carole Moreno-Romieux, Flavie Tortereau

► To cite this version:

Jean Louis Weisbecker, Christel Marie-Etancelin, Didier Marcon, Annabelle Meynadier, Frédéric Bouvier, et al.. Sélectionner des béliers efficaces pour faire face aux enjeux agro-écologiques. 24. Rencontres Recherches Ruminants (3R), Dec 2018, Paris, France. hal-02738234

HAL Id: hal-02738234

<https://hal.inrae.fr/hal-02738234>

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.

Sélectionner des béliers efficaces pour faire face aux enjeux agro-écologiques

WEISBECKER J.-L. (1), MARIE-ETANCELIN C. (1), MARCON D. (2), MEYNADIER A. (3), BOUVIER F. (2), FRANÇOIS D (1), RICARD E. (1), BOMPA J.-F. (1), MORENO-ROMIEUX C. (1), TORTEREAU F. (1)

(1) INRA – GenPhySE, chemin de Borde Rouge, Auzeville-Tolosane, CS 52627, 31326 Castanet-Tolosan Cedex

(2) INRA – UE 0332 Bourges, Domaine de la Sapinière 18390 Osmoy

(3) ENVT – GenPhySE, 23 chemin des Capelles, BP 87614, 31076 Toulouse cedex 3

RESUME – La sélection d’animaux efficaces est un enjeu majeur pour les filières animales, que ce soit pour des raisons économiques, mais aussi agro-environnementales. En effet, sélectionner des animaux efficaces permet de limiter les quantités ingérées et les émissions de polluants (gaz à effet de serre et résidus azotés). Chez les ovins allaitants, nous avons montré que la consommation résiduelle (CR) est un critère de sélection héritable ($h^2=0,41$) corrélé génétiquement à la quantité de concentré ingérée par jour ($r_g=+0,73$). La mise en place de lignées divergentes sur la CR (mesurée avec une alimentation concentrée) en race Romane permet 1) de mieux comprendre les mécanismes biologiques impliqués dans l’efficacité alimentaire et 2) d’évaluer les conséquences de la sélection génétique de ce critère d’efficacité alimentaire sur une diversité d’autres caractères (croissance, engraissement, développement musculaire, ...) mais aussi lorsque les animaux ont une ration fourragère. Après deux générations de sélection, la divergence est marquée puisqu’elle s’élève à 1,9 écart-type génétique. Nous avons montré que les animaux efficaces (CR-) avec une ration concentrée mangent également moins de fourrage (103 g en moins par jour par animal) que les animaux peu efficaces (CR+) tout en ayant des niveaux de croissance équivalents. Des différences significatives entre CR- et CR+ se retrouvent au niveau du microbiote ruminal.

Selecting efficient rams to face agro-ecological challenges

WEISBECKER J.-L. (1), MARIE-ETANCELIN C. (1), MARCON D. (2), MEYNADIER A. (3), BOUVIER F. (2), FRANÇOIS D (1), RICARD E. (1), BOMPA J.-F. (1), MORENO-ROMIEUX C. (1), TORTEREAU F. (1)

(1) INRA – GenPhySE, chemin de Borde Rouge, Auzeville-Tolosane, CS 52627, 31326 Castanet-Tolosan Cedex

(2) INRA – UE de Bourges, Domaine de la Sapinière 18390 Osmoy

(3) ENVT – GenPhySE, 23 chemin des Capelles, BP 87614, 31076 Toulouse cedex 3

SUMMARY – Selecting efficient animals is a major concern for livestock production, not only for economic but also for agro-environmental purposes. The selection of efficient animals leads to a decrease of feed intakes and limits pollutant emissions (greenhouse gases and nitrogen). In meat sheep, we demonstrated that Residual Feed Intake (CR) is a heritable selection criteria ($h^2=0.41$) which is genetically correlated to average daily feed intake ($r_g=+0.73$) under a concentrated diet. We setup a divergent selection experiment on CR (under a concentrated diet) in the Romane breed in order to 1) have a better understanding of biological processes underlying feed efficiency and 2) to evaluate the consequences of the genetic divergence on feed efficiency over a panel of traits (growth, fattening, muscular development, ...), also when animals are fed with forages. After two generations of selection, the divergence is marked since it reaches 1.9 genetic standard deviations. Efficient animals (CR-) under a concentrated diet also have a lower daily feed intake with a forage-based diet (103 g less) than less efficient animals (CR+) while displaying similar growth. Significant differences between CR- and CR+ animals were also described at the level of the rumen microbiota.

INTRODUCTION

Depuis 2013, deux organismes de sélection en ovins allaitants (OS Romane et GID Lacaune) ont introduit l’efficacité alimentaire dans leur objectif de sélection. Si ce choix était principalement motivé par l’augmentation des coûts des matières premières (les animaux efficaces ingérant moins de concentré), les préoccupations agro-environnementales font de l’efficacité alimentaire un caractère majeur pour les productions animales. Chez les ovins, il a été montré que la consommation résiduelle (CR), un critère d’efficacité alimentaire qui représente la différence entre l’ingestion réelle et l’ingestion théorique, est héritable et est corrélé à la quantité ingérée (Snowden and Van Vleck, 2003; Cammack et al., 2005). La sélection des béliers sur la CR est possible grâce aux Distributeurs Automatiques de Concentrés (DAC) qui permettent l’enregistrement individualisé des quantités de concentré ingérées. La CR actuelle est donc sélectionnée sur la base d’une alimentation concentrée, ce qui correspond à la réalité d’agneaux à l’engraissement, mais beaucoup moins à celle des brebis qui ont des rations basées sur du fourrage.

Nos travaux visent à confirmer les résultats de paramètres génétiques d’efficacité alimentaire en race Romane et à mettre en place un dispositif de sélection divergente sur la CR de façon à 1) mieux connaître les mécanismes biologiques qui sous-tendent l’efficacité alimentaire et 2) étudier les conséquences de la sélection sur la CR sur d’autres caractères, notamment lorsque les animaux consomment plutôt des fourrages que du concentré.

1. Matériels et Méthodes

1.1 Données historiques

Entre 2009 et 2016, 951 agneaux mâles de race Romane ont été phénotypés sur l’Unité Expérimentale de La Sapinière pour des caractères bouchers selon le protocole du contrôle individuel établi au niveau national (Perret et al., 1994). Les agneaux sont testés sur une période de 8 semaines (à partir de 90 jours d’âge) durant laquelle ils sont pesés (au début et à la fin du contrôle) et échographiés (au milieu et à la fin du contrôle) par ultrasons au niveau du *longissimus dorsi* pour mesurer les épaisseurs de muscle et de gras dorsal. Les

Consommations Moyennes Journalières (CMJ) en concentré sont enregistrées grâce à des DAC, l'aliment étant disponible *ad libitum*. L'ensemble de ces mesures permet le calcul du Gain Moyen Quotidien (GMQ) ainsi que le calcul de deux critères d'efficacité alimentaire que sont l'Indice de Consommation (IC), et la CR. L'IC est le ratio entre la CMJ et le GMQ sur la période de contrôle, tandis que la CR est la différence entre la CMJ réelle et la CMJ estimée à partir des besoins d'entretien et de production de l'animal. En pratique, la CR est obtenue par une régression linéaire multiple de la CMJ sur le GMQ, le poids et les épaisseurs de muscle et de gras (proc reg de SAS®). Les DAC enregistrant chaque visite de l'animal, le comportement alimentaire a pu être approché au travers de la quantité ingérée par visite (QIV), de la durée des visites (DV), du nombre de visites par jour (NVJ), de la vitesse d'ingestion estimée à la journée (VIJ) ou à la visite et de l'intervalle de temps entre visites (IEV).

1.2 Estimation des paramètres génétiques

Les paramètres génétiques de l'IC, de la CR et des phénotypes élémentaires enregistrés lors des 8 semaines de contrôle (poids, GMQ, composition corporelle et efficacité alimentaire) ont été estimés sous un modèle animal avec le logiciel ASReml (Gilmour et al., 2009). Les paramètres génétiques des caractères de comportement alimentaire ont été estimés sous un modèle animal avec le logiciel VCE (Groeneveld et al., 2010). Les héritabilités ont été obtenues par des analyses univariées, et les corrélations génétiques et phénotypiques, par des analyses bivariées. Les effets fixes pris en compte sont 1) la bande, le lot, et un facteur d'interaction synthétisant les modes de naissance, d'élevage et d'allaitement des agneaux pour les caractères d'efficacité alimentaire ; et 2) la bande, le DAC et le poids à la fin du test en co-variable pour les caractères de comportement alimentaire. Les phénotypes des 951 agneaux mâles ont été pris en compte, et le pedigree comporte 4 894 individus.

1.3 Lignées divergentes

1.3.1 Animaux

A partir des séries de contrôle ayant eu lieu en 2013 et 2014, 7 béliers CR- et 6 béliers CR+ ont été sélectionnés sur leur valeur génétique CR extrêmes estimées avec le logiciel PEST (Groeneveld et al., 1990). Les 13 béliers ont été accouplés avec 171 brebis pour produire la première génération de sélection (G1). La G1 se compose de 84 et 86 agneaux mâles CR- et CR+ respectivement. Les béliers les plus extrêmes en valeurs génétiques ont été retenus pour procréer la seconde génération de sélection (G2). Ainsi, 8 béliers CR- et 9 béliers CR+ nés en G1 (soit 10% de l'effectif des mâles) ont été retenus puis accouplés à 143 brebis. 68 agneaux mâles CR- et 92 CR+ nés en G2 ont été phénotypés.

1.3.2 Phénotypage

Les agneaux des G1 et G2 ont suivi le même protocole de contrôle individuel aux DAC comme décrit au préalable, les G2 ayant commencé leur phase de contrôle un mois plus âgés que les G1 en raison de contraintes expérimentales. Suite à cette première phase, ils ont été mesurés pour leur consommation de fourrages (ration mélangée avec 2/3 de fourrage et 1/3 de concentré) à l'aide de Distributeurs Automatiques de Fourrage (DAF), développés au sein de l'INRA par le CATI-SICPA (Centre Automatisé de Traitement de l'Information – Systèmes d'Information et Calcul pour le Phénotypage Animal). Brièvement, le principe des DAF est basé sur la pesée en continue de l'auge dont l'accès est contrôlé par l'identification des animaux au moyen de leur boucle RFID (Radio Frequency Identification). A chaque visite, la quantité ingérée est connue par différence des pesées de l'auge entre la fin de la visite et le début de la visite. La stabilité de la pesée est permise grâce à un délai de trois secondes durant lequel l'auge est inaccessible. Les capacités de phénotypage avec les DAF étant moindres qu'avec les DAC, les 30 agneaux les plus extrêmes génétiquement passent aux DAF entre 150 et 192 jours d'âge, suivie par 30 autres agneaux plus intermédiaires

génétiquement qui passent aux DAF entre 200 et 242 jours d'âge.

Les différences entre lignées ont été testées avec la procédure GLM de SAS en incluant des effets fixes de la lignée, de la bande et en co-variable l'âge en fin de contrôle pour les mesures aux DAF.

1.3.3 Analyses du microbiote ruminal

A l'issue de chaque période de contrôle (DAC puis DAF), le liquide ruminal des agneaux de la G1 phénotypés a été prélevé à l'aide d'une sonde gastro-oesophagienne et d'une pompe à vide. La communauté bactérienne du rumen a été analysée au moyen du séquençage du gène codant pour l'ARN 16 S (région V3-V4) à l'aide de la technologie Illumina Miseq à la plateforme de génomique (GenoToul, INRA, Toulouse, France). Les analyses bio-informatiques ont été réalisées à l'aide du pipeline FROGS (Escudé et al., 2018) : la base Silva 128 a été utilisée pour affilier les OTU (Operational Taxonomic Unit) obtenus. Les résultats sont exprimés en abondance relative pour un taxon donné. Les analyses de variance avec la procédure GLM de SAS ont été effectuées pour chacun des taxons bactériens, dont l'abondance a été normalisée par une transformation racine carrée, et en prenant en compte comme effets fixes la lignée, la phase d'alimentation (DAC/DAF), le lot, l'interaction lignée et phase d'alimentation et en covariable l'ordre de prélèvement des animaux.

2. RESULTATS

2.1 Données historiques et paramètres génétiques

2.1.1 Mesures phénotypiques

Entre 2009 et 2016, entre 92 et 149 agneaux mâles ont été testés par année. En moyenne, sur les 8 semaines de contrôle, les agneaux ont eu une CMJ de concentré de 1962 ± 249 g/j ce qui leur a permis d'avoir un GMQ de 346 ± 54 g/j. Ainsi, en moyenne, pour atteindre une croissance d'un gramme par jour, il faut que les agneaux ingèrent 5,74 g de concentré. La CR étant le résidu d'une régression linéaire multiple, elle est en moyenne de 0 (minimum et maximum de -442 g/j et +420 g/j respectivement), avec un écart-type de 117 g/j. Les épaisseurs de gras et de muscle mesurées en fin de contrôle sont en moyenne de 7 mm et 28 mm respectivement. En moyenne, les agneaux ont fait $14,9 \pm 5,7$ visites d'une durée de $3,7 \pm 1,2$ minutes aux DAC par jour, l'intervalle moyen entre deux visites étant de $97,9 \pm 29,0$ minutes. A chaque visite, les agneaux ont consommé en moyenne 146 ± 45 g de concentré.

2.1.2 Paramètres génétiques

Les paramètres génétiques estimés à partir des phénotypes enregistrés sur les 951 animaux et du pedigree sont présentés dans les tableaux 1 et 2 pour les caractères de production et de comportement alimentaire respectivement.

Tableau 1 : Héritabilités des caractères de production et corrélations génétiques (r_g) avec IC et la CR

	GMQ	PV	EpGras	EpMus	CMJ	CR	IC
h^2	0,22	0,29	0,45	0,42	0,30	0,41	0,24
r_g avec IC	-0,60	-0,29	0,21	-0,10	0,18	0,64	
r_g avec CR	0,05	0,06	0,10	-0,27	0,72		0,64

Les écarts-types d'estimation varient de 0.07 à 0.08 pour les héritabilités et de 0.09 à 0.22 pour les corrélations génétiques. Les corrélations en italique ne sont pas significativement différentes de 0. GMQ : Gain Moyen Quotidien, PV : Poids Vif en fin de contrôle, EpGras : Epaisseur de Gras en fin de contrôle, EpMus : Epaisseur de Muscle en fin de contrôle, CMJ : Consommation Moyenne Journalière, CR : Consommation Résiduelle, IC : Indice de Consommation.

Les phénotypes enregistrés lors de la phase d'alimentation aux DAC sont modérément héritables avec des héritabilités variant de 0,22 pour le GMQ à 0,45 pour l'épaisseur de gras, les caractères d'efficacité alimentaire (CR et IC) étant intermédiaires. Les corrélations génétiques entre la CR et les caractères de croissance et d'engraissement sont faibles

(inférieures ou égales à 0,10), mais elle est plus élevée (-0,27) avec l'épaisseur de muscle : génétiquement, les animaux les plus efficaces seraient plus disposés à avoir des épaisseurs de muscle élevées. Les corrélations génétiques entre l'IC et les caractères de croissance, d'engraissement et de composition corporelle sont plus élevées que celles estimées avec la CR (à l'exception de l'épaisseur de muscle). Enfin, la CMJ a une corrélation génétique plus élevée avec la CR qu'avec l'IC (tableau 1).

Tableau 2 : Héritabilités des caractères de comportement alimentaire et corrélations phénotypiques (r_p) et génétiques (r_g) avec la CR

	QIV	DV	NVJ	IEV	VIJ
h^2	0,38	0,28	0,31	0,38	0,48
r_g avec CR	-0,33	-0,22	0,51	-0,56	-0,02

Les écarts-types d'estimation varient de 0.05 à 0.07 pour les héritabilités et de 0.13 à 0.17 pour les corrélations génétiques. QIV : Quantité Ingérée par Visite, DV : Durée de la Visite, NVJ : Nombre de Visites par Jour, IEV : Intervalle Entre deux Visites, VIJ : vitesse d'ingestion à la journée, CR : Consommation Résiduelle

La vitesse d'ingestion présentée dans le tableau 2 a été estimée à l'échelle de la journée. Quand elle est estimée par visite, l'héritabilité est de 0,37. La corrélation génétique entre les vitesses d'ingestion estimées à la visite et à la journée est de 0,96. Pour la quantité ingérée, l'héritabilité est de 0,30 quand elle est estimée à l'échelle de la journée (tableau 1), avec une corrélation génétique de 0,09 avec la quantité ingérée par visite. La CR est modérément corrélée génétiquement avec le NVJ et l'IEV : les animaux les plus efficaces tendent à faire moins visites aux DAC, avec des intervalles plus longs entre deux visites successives (tableau 2).

2.2 Lignées divergentes

2.2.1 Croissance et quantités ingérées

Les performances phénotypiques des agneaux de la seconde génération de sélection (G2) enregistrées lors de la phase de contrôle aux DAC ainsi que le niveau de significativité de l'effet de la lignée divergente sont renseignés dans la figure 1.

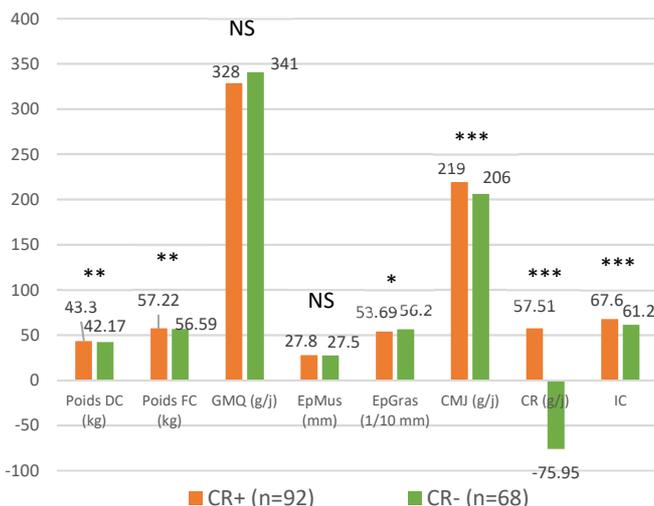


Figure 1 : Moyennes phénotypiques corrigées des caractères enregistrés lors de la phase de contrôle aux DAC chez les agneaux G2.

DC : Début Contrôle, FC : Fin Contrôle, GMQ : Gain Moyen Quotidien, EpMus : Epaisseur de Muscle en Fin de Contrôle, EpGras : Epaisseur de Gras en Fin de Contrôle, CMJ : Consommation Moyenne Journalière, CR : Consommation Résiduelle, IC : Indice de Consommation.

p-value : NS (> 0.05), * (>0.01), ** (>0.001), *** (<0.001).

Au niveau de la G2 et durant la phase d'alimentation concentrée, les différences sont significatives entre les CR- et les CR+ tous les caractères liés à l'ingestion (CMJ, CR et IC) ainsi que pour les poids. Au niveau de la CR, phénotype sur lequel les agneaux sont évalués génétiquement pour établir la divergence, l'écart de moyennes est de 133 g/j, ce qui correspond à une divergence 1,9 écart-type génétique.

Les agneaux G2 CR+ sont significativement plus lourds en début et fin de contrôle que les CR-, les GMQ étant similaires. En fin de contrôle, les épaisseurs de muscle sont identiques entre les deux lignées, contrairement aux épaisseurs de gras dorsales qui sont significativement plus élevées chez les CR- que les CR+. Bien que significativement différente de zéro, cette différence reste toutefois limitée (0.23 mm).

Du fait de la moindre capacité de phénotypage aux DAF (40 animaux aux DAF contre 160 animaux aux DAC) et du développement de ces nouveaux outils, les mesures d'ingestion de fourrage ont été réalisées sur un sous-ensemble des animaux. Ainsi, 39 agneaux de la G2 ont été phénotypés pour leur ingestion de fourrage. Leurs performances ainsi que le niveau de significativité de l'effet de la lignée divergente sont renseignés dans la figure 2.

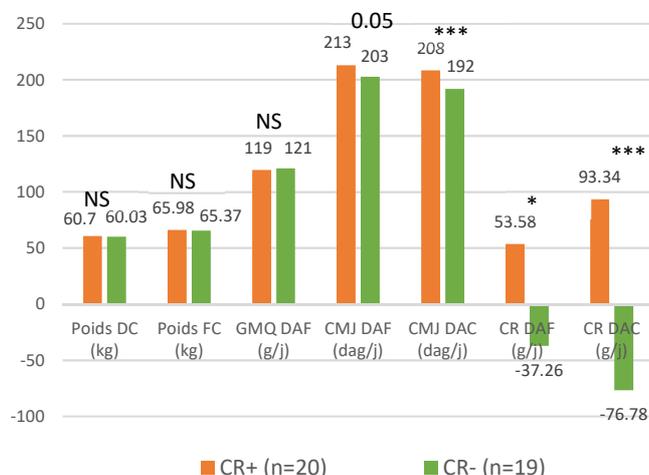


Figure 2 : Moyennes phénotypiques pour les caractères enregistrés pour une partie des animaux aux DAC et aux DAF. DC : Début Contrôle, FC : Fin Contrôle, GMQ : Gain Moyen Quotidien, CMJ : Consommation Moyenne Journalière, CR : Consommation Résiduelle.

p-value : NS (> 0.05), * (>0.01), ** (>0.001), *** (<0.001).

Ces 39 agneaux ont été choisis comme étant les plus extrêmes en valeur génétique sur la CR. La différence entre les deux lignées est ainsi plus marquée avec des CR DAC moyennes de 93.34g/j et -76.78g/j pour les CR+ et CR- respectivement (figure 2). Sur la base des enregistrements effectués sur ces agneaux, les lignées CR+ et CR- sont identiques pour leur croissance et leurs poids en phase d'alimentation aux DAF, mais les CR- tendraient à moins manger de fourrage (103 g/jour en moins) que les CR+. En terme d'efficacité alimentaire, les animaux CR- sont également les plus efficaces avec une ration plus riche en fourrage (figure 2).

Les corrélations phénotypiques entre mesures de CMJ, de CR et de GMQ durant les deux phases d'alimentation sont données dans le tableau 3.

Tableau 3 : Corrélations phénotypiques entre les CR et CMJ enregistrées aux DAC et DAF.

	CR (DAF)	CMJ (DAC)	CMJ (DAF)
CR (DAC)	0.24	0.60	<i>0.17</i>
CR (DAF)		<i>0.12</i>	0.47
CMJ (DAC)			0.27

Les p-values associées aux corrélations sont en gras ou en italique lorsqu'elles sont respectivement inférieures ou supérieures à 0.05.

Sur la base des performances réalisées par les 39 agneaux G2, les corrélations phénotypiques entre les mesures DAC et DAF sont du même ordre de grandeur (0.24 et 0.27), qu'elles soient estimées à partir des CMJ ou des CR. Les corrélations entre CR (DAC) et CMJ (DAF) et entre CR (DAF) et CMJ (DAC), ne sont quant à elles pas significativement différentes de zéro (tableau 3).

2.2.2 Microbiote ruminal

L'analyse des séquences de l'ARN 16S extrait du liquide ruminal des agneaux (après chacune des 2 périodes de contrôle) a permis l'identification de 1499 OTUs représentant 228 taxons bactériens, repartis en 128 genres, 45 familles, 28 ordres, 17 classes et 10 phylum.

L'effet « phase d'alimentation » est le plus marqué avec 211 des 228 taxons bactériens dont l'abondance est significativement différente entre les deux régimes (Figure 3). L'effet lignée n'est significatif que pour 5 genres bactériens parmi les 128 (tableau 4).

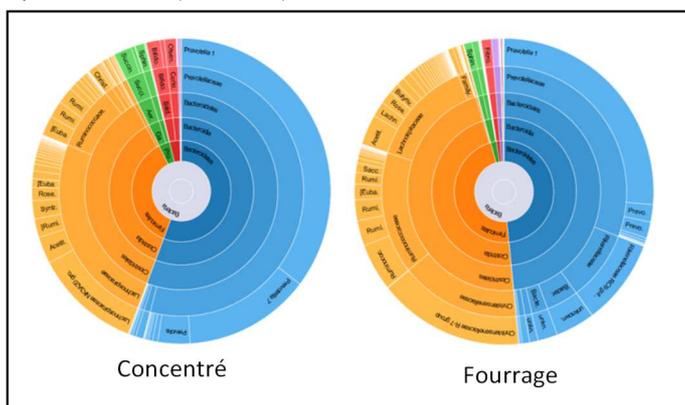


Figure 3 : répartition des abondances bactériennes selon la phase d'alimentation

Tableau 4 : Moyennes corrigées des abondances des genres bactériens différentiels selon la lignée CR

En %	CR-	CR+	Effet lignée (p-value)
Anaerovorax	0,02	0,03	0,015
Lachnospiraceae UCG0088	0,16	0,22	0,038
Lachnospiraceae UCG006	0,01	0,02	0,014
Lachnospiraceae Xpb1014	0,24	0,31	0,020
Prevotella 7	2,59	4,63	0,027

3. DISCUSSION

3.1 Paramètres génétiques

Chez les ovins, de nombreuses études ont porté sur l'efficacité alimentaire, mais peu d'entre elles se sont intéressées à son déterminisme génétique. Pour la race Romane, nous avons montré que la CR est un caractère modérément héritable ($h^2=0,41$) (tableau 1). Dans d'autres races, des héritabilités similaires ou inférieures ont été rapportées : 0.46 pour une lignée maternelle néozélandaise (Johnson et al., 2018), 0,26 pour la race Targhee (Snowder and Van Vleck, 2003) et 0,11 pour une race composite (issue de béliers de race Columbia et de femelles croisées Hampshire-Suffolk) (Cammack et al., 2005). Il faut noter que la CR n'a pas été estimée selon les mêmes modèles dans les différentes études : le même terme « CR » peut représenter des caractères différents. Dans notre étude, la composition corporelle a été prise en compte dans la régression linéaire multiple comme cela est préconisé dans l'étude de Knott et al. (2008). Les corrélations génétiques que nous avons estimées entre la CR et les autres caractères de croissance et d'engraissement sont cohérentes avec celles rapportées dans d'autres races (Snowder and Van Vleck,

2003;Cammack et al., 2005). Ces deux études et celle présentée ici montrent une corrélation génétique forte entre la CR et la CMJ, les animaux les plus efficaces consommant moins de concentré par jour que les animaux les moins efficaces. Chez la Romane, nous observons que les agneaux les plus efficaces sont ceux qui font moins de visites par jour aux DAC et qui ont des intervalles plus longs entre deux visites successives (tableau 2) : Cammack et al. (2005) sur agneaux croisés et Durunna et al. (2013) sur bouvillons avaient déjà constaté que les animaux peu efficaces fractionnaient plus leurs prises alimentaires. Pour la race composite, l'héritabilité du nombre de visites par jour (0.35) est très proche de celle estimée ici (Cammack et al., 2005). La vitesse d'ingestion est le caractère de comportement alimentaire le plus héritable en race Romane (0,48), ce qui a aussi été montré chez d'autres espèces comme le bovin (Durunna et al., 2011). De plus, la vitesse d'ingestion est le même caractère, qu'elle soit mesurée à la visite ou à l'échelle de la journée, et n'est pas, dans notre étude, génétiquement corrélée à l'efficacité alimentaire. Johnson et al. (2018) rapporte néanmoins une faible mais significative corrélation phénotypique entre CR et VIJ, les animaux les moins efficaces ayant des vitesses d'ingestion plus grandes.

3.2 Conséquences de la sélection sur la CR

Les préoccupations agro-écologiques actuelles font de l'efficacité alimentaire un caractère majeur à améliorer. Afin d'étudier les conséquences d'une sélection sur l'efficacité alimentaire chez les ovins allaitants, nous avons entrepris d'établir des lignées divergentes sur ce caractère. La CR est apparue comme étant le critère de sélection le plus approprié. Nous avons en effet montré que son héritabilité est supérieure à celle de l'IC (0,41 vs. 0,24). De plus, l'IC est un ratio et il a été montré que la sélection sur ce type de caractère entraîne la sélection d'individus sur les composantes du ratio et rend ainsi difficile la prédiction de la réponse à la sélection (Gunsett, 1984). Dans les espèces cunicole et porcine, l'étude génétique de l'efficacité alimentaire au travers de l'établissement de lignées divergentes a également été réalisée en utilisant la CR comme critère de sélection (Drouilhet et al., 2013; Gilbert et al., 2017). Pour les Romane, les corrélations génétiques de -0,60 et -0,29 entre l'IC et respectivement le GMQ et le poids en fin de contrôle indiquent que la sélection sur l'IC entraînerait indirectement la sélection d'animaux à fort potentiel de croissance, mais aussi plus lourds. Par contre, la CR est un caractère qui est génétiquement indépendant des caractères de croissance, et avec une corrélation génétique légèrement favorable avec l'épaisseur de muscle (-0,27). La sélection sur ce critère n'aurait donc que peu de conséquences sur les autres caractères, qui chez la Romane sont déjà sélectionnés par ailleurs. De plus, la CR est génétiquement corrélée à la CMJ, ce qui n'est pas le cas de l'IC (tableau 1). Ainsi, une sélection pour diminuer la CR permettrait de diminuer les quantités de concentré ingérées.

Après une génération de sélection au DAC, les CR- consommaient en moyenne 20 g/j de concentré de moins que les CR+, tout en ayant des GMQ similaires. La différence de CR entre les lignées était de 0,8 écart-type génétique (résultats non présentés). Après la seconde génération de sélection, la divergence atteint 1,9 écart-type génétique. Au sein de la G2, les agneaux CR- consomment en moyenne 133 g/j de concentré de moins par jour que les CR+, tout en ayant des niveaux de croissance similaires (figure 1). Ces résultats confirment la forte corrélation génétique que nous avons estimée entre la CR et la CMJ (+0,72 ; tableau 1). Différentes études se sont intéressées aux liens existants entre la CR et d'autres caractères de production mais aussi de mesures métaboliques (Paula et al., 2013; Zhang et al., 2017), mais leur classification des animaux en CR+ et CR- ne reposait que sur la mesure phénotypique de la CR. Ainsi, phénotypiquement, Zhang et al. (2017) ont également montré une absence de corrélation entre la CR et le GMQ, mais une corrélation positive significative entre la CR et la CMJ (0.51) et entre la CR et l'IC

(0.62). Ils ont aussi montré que les animaux les plus efficaces tendent à avoir des volumes ruminiaux réduits, ainsi que des organes (foie, poumons et reins) plus petits.

Après deux générations de sélection, nous observons une très faible mais significative différence entre les deux lignées sur l'épaisseur de gras dorsal mesurée par échographie, les CR- ayant une épaisseur légèrement supérieure (+0,25 mm) aux CR+ (figure 1). Cette différence n'était pas attendue puisque la corrélation génétique entre la CR et l'épaisseur de gras en fin de contrôle n'était pas significative (+0,10, tableau 1). Si, Zhang et al. (2017) ont observé que les animaux les moins efficaces (phénotypiquement) avaient des épaisseurs de gras significativement supérieures aux animaux les plus efficaces, Johnson et al. (2018) obtiennent des corrélations phénotypiques de -0,23 et -0,02 (en début et fin de contrôle respectivement) dans le sens où les animaux les plus gras sont les plus efficaces.

La sélection que nous avons réalisée repose sur la base d'une alimentation concentrée, fournie *ad libitum*, régime alimentaire qui ne correspond pas à celui des brebis pour lesquelles le régime est plutôt composé de fourrages. Peu d'études ont approché la CR sous un régime fourrager chez les ovins. Chez la race Targhee, Redden et al. (2011) ont conclu à l'absence de corrélation phénotypique significative entre les CR mesurées sous un régime concentré et sous un régime fourrager, le résultat étant similaire avec les CMJ. Dans notre étude, le coefficient de corrélation phénotypique entre les CR estimées à partir des deux régimes alimentaires est positif (+0,24) et significatif; la corrélation entre les CMJ correspondantes est du même ordre de grandeur (+0,27) (tableau 3). Ainsi, nous montrons, que génétiquement, chez la race Romane, les animaux sélectionnés avec du concentré pour être plus efficaces, restent les plus efficaces quand ils ingèrent du fourrage, même s'il y a certainement plein de reclassement des animaux car la valeur de la corrélation est très modérée.

Dans notre étude, les agneaux en fin de contrôle aux DAC ont en moyenne 140 à 165 jours d'âge, et aux DAF 260 à 290 jours d'âge, alors que dans l'étude de Redden et al. les âges moyens sont de 280 et 414 jours respectivement pour les phases d'alimentation basées sur du concentré puis sur du fourrage (Redden et al., 2011). Or, il a été montré que la CR mesurée chez des béliers de 6 mois d'âge est significativement différente de celle de béliers de 13 mois d'âge (Knott et al., 2008). L'effet sexe peut aussi expliquer ce résultat différent, l'étude de Redden étant réalisée avec des femelles alors que la nôtre ne porte que sur des mâles. En races Suffolk et Scottish Blackface, des modélisations de l'ingestion en fonction du poids vif ont montré une différence significative entre mâles et femelles, les mâles ayant une ingestion supérieure à poids vif donné (Lewis and Emmans, 2010). Chez les porcs, toutefois, la corrélation génétique entre la CR mesurée chez des mâles et la CR mesurée chez des femelles est très élevée (+0,88) (Saintilan et al., 2012).

Au niveau du microbiote ruminal, notre étude montre qu'il existe une très grande variabilité des abondances bactériennes entre régimes alimentaires, et dans une moindre mesure entre lignées (tableau 4). Les béliers les moins efficaces (CR+) présentent des abondances plus élevées que les béliers CR- de *Prevotella 7*, d'*Anaerovorax* et de 3 genres de *Lachnospiraceae*, qui sont des bactéries dégradant les fibres végétales (fibrolytiques) ou le lactate (lactolytiques). Nos résultats semblent être confortés par la bibliographie. En 2017, Ellison et al. ont comparé des moutons ayant des CR phénotypiquement extrêmes et mis en évidence 11 espèces microbiennes dont l'abondance relative était impactée par le niveau d'efficacité alimentaire, avec en particulier une forte élévation des espèces de *Prevotella* chez les animaux peu efficaces. La comparaison de 20 bovins allaitants extrêmes en CR montre en tendance une plus grande abondance de 3 familles bactériennes (*Lachnospiraceae*, *Lactobacillaceae* et *Veillonellaceae*) dans le rumen des animaux peu efficaces (Li et al., 2016) par rapport à ceux d'efficaces.

CONCLUSION

La CR est un caractère héritable, la sélection sur ce caractère permettant l'amélioration génétique des animaux sur l'efficacité alimentaire. Quand la sélection ne porte que sur ce critère, comme dans le cas des lignées divergentes présentées ici, nous avons montré que la réduction des quantités ingérées est significative, que ce soit pour du concentré et dans une moindre mesure du fourrage, les caractères de croissance et d'engraissement semblant peu voire pas impactés. Ces diminutions des niveaux d'ingestion devraient permettre une réduction des émissions de gaz à effets de serre (Basarab et al., 2013). Les différences de diversités de la flore ruminale entre les animaux CR+ et CR- pourraient expliquer une partie de ces différences d'efficacité. Il reste encore à explorer le métabolisme au niveau ruminal et sanguin des individus ainsi que leurs stratégies individuelles d'utilisation de l'énergie ingérée (dépôt de muscle, de gras interne) pour expliquer les différences entre les deux lignées. Enfin, des développements méthodologiques en cours permettront d'estimer les quantités de gaz à effet de serre émis ainsi que les quantités ingérées au pâturage afin d'évaluer l'efficacité alimentaire au pâturage.

Les auteurs remercient l'ensemble du personnel de l'Unité Expérimentale de La Sapinière et du CATI SICPA pour leurs investissements dans ces travaux.

- Basarab J.A., Beauchemin K.A., et al. 2013.** *Animal* 7: s2, pp 303–315
- Cammack, K.M., Leymaster, K.A., et al. 2005.** *J. Anim. Sci.* 83:777–785.
- Drouilhet, L., Gilbert, H., et al. 2013.** *J. Anim. Sci.* 91:3121–3128.
- Durunna, O.N., Wang, Z., et al. 2011.** *J. Anim. Sci.* 89:3401–3409.
- Durunna, O.N., Mujibi, F.D.N., et al. 2013.** *Can. J. Anim. Sci.* 93:79–87.
- Ellison M.J., Conant G.C., et al. 2017.** *Small Rum. Res.* 156:12–19.
- Escudié, F., Auer, L., et al. 2018.** *Bioinformatics* 34:1287–1294.
- Gilbert, H., Billon, Y., et al. 2017.** *Animal* 11:1427–1439.
- Gilmour, A.R., Gogel, B.J., et al. 2009.** ASReml user guide release 3.0. VSN Int. Ltd Hemel Hempstead UK.
- Groeneveld, E., Kovač, M., and Wang, T. 1990.** In WCGALP, (Edinburg (UK)), pp. 488–491.
- Groeneveld E, Kovač M, and Mielenz N. 2010.** VCE User's Guide and Reference Manual, version 6.0. Institute of Farm Animal Genetics (Neustadt, Germany).
- Gunsett, F.C. 1984** *J. Anim. Sci.* 59:1185–1193.
- Johnson, P.L., Knowler, K., et al., 2018.** WCGALP, 11.608.
- Knott, S.A., Cummins, L.J., et al. 2008.** *Anim. Feed Sci. Technol.* 143:242–255.
- Lewis, R.M., and Emmans, G.C. 2010** *J. Anim. Sci.* 88:467–480.
- Li F., Zhou M., et al. 2016.** *J. Anim. Sci.* 94:44–48.
- Paula, E.F.E. de Souza, D.F. et al. 2013.** *Rev. Bras. Zootec.* 42:806–812.
- Perret, G., Bouix, J., et al. 1994.** In *Rencontres Recherches Ruminants*, (Paris), pp. 187–192.
- Redden, R.R., Surber, L.M.M., et al. 2011.** *Small Rumin. Res.* 96:155–159.
- Saintilan, R., Sellier, P., et al. 2012.** *J. Anim. Breed. Genet.* 129:103–106.
- Snowder, G.D., and Van Vleck, L.D. 2003.** *J. Anim. Sci.* 81:2704–2713.
- Zhang, X., Wang, et al. 2017.** *Sci. Rep.* 7.12681