

CHIEF - Un poulet respectueux de l'environnement

Sandrine Mignon-Grasteau, Bernard B. Carré, Agnès Narcy, Irène Gabriel, Nicole Rideau, Aline Bertin, Nadine N. Sellier, Marie Yvonne M. Y. Boscher, Céline Chantry-Darmon, Denis Bastianelli

▶ **To cite this version:**

Sandrine Mignon-Grasteau, Bernard B. Carré, Agnès Narcy, Irène Gabriel, Nicole Rideau, et al.. CHIEF - Un poulet respectueux de l'environnement. [Contrat] ANR-09-GENM-007, Inrae. 2013. hal-02805214

HAL Id: hal-02805214
https://hal.inrae.fr/hal-02805214

Submitted on 6 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.

AGENCE NATIONALE DE LA RECHERCHE ANR	**Compte-rendu de fin de projet**	

Projet ANR-09-GENM-007

CHIEF – Chicken Environmentally Friendly

Programme GENOMIBTV 2009

A IDENTIFICATION....2
B RÉSUMÉ CONSOLIDÉ PUBLIC....2
B.1 Instructions pour les résumés consolidés publics....2
B.2 Résumé consolidé public en français....2
B.3 Résumé consolidé public en anglais....4
C MÉMOIRE SCIENTIFIQUE – 5 PAGES MAXI....6
C.1 Résumé du mémoire....6
C.2 Enjeux et problématique, état de l'art....6
C.3 Approche scientifique et technique....7
C.4 Résultats obtenus....7
C.5 Exploitation des résultats....9
C.6 Discussion....10
C.7 Conclusions....10
C.8 Références....10
D LISTE DES LIVRABLES....11
E IMPACT DU PROJET....12
E.1 Indicateurs d'impact....12
E.2 Liste des publications et communications....13
E.3 Liste des éléments de valorisation....14
E.4 Bilan et suivi des personnels recrutés en CDD (hors stagiaires)....16

A IDENTIFICATION

Acronyme du projet	CHIEF
Titre du projet	Chicken Environmentally Friendly
Coordinateur du projet (société/organisme)	Sandrine Mignon-Grasteau (INRA)
Période du projet (date de début – date de fin)	01/2009-06/2012
Site web du projet, le cas échéant	

Rédacteur de ce rapport	
Civilité, prénom, nom	Sandrine Mignon-Grasteau
Téléphone	0247427691
Adresse électronique	Sandrine.grasteau@tours.inra.fr
Date de rédaction	30 Juin 2013

Si différent du rédacteur, indiquer un contact pour le projet	
Civilité, prénom, nom	
Téléphone	
Adresse électronique	

Liste des partenaires présents à la fin du projet (société/organisme et responsable scientifique)	Bernard Carré, Agnès Narcy, Irène Gabriel, Nicole Rideau (Unité de Recherches Avicoles, INRA) Aline Bertin (UMR Physiologie de la reproduction et des comportements, INRA) Nadine Sellier (UE Pôle Expérimental de Tours, INRA) Marie-Yvonne Boscher, Céline Chantry-Darmon (Labogena) Denis Bastianelli (CIRAD)

B RÉSUMÉ CONSOLIDÉ PUBLIC

B.1 INSTRUCTIONS POUR LES RÉSUMÉS CONSOLIDÉS PUBLICS

B.2 RÉSUMÉ CONSOLIDÉ PUBLIC EN FRANÇAIS

Comment améliorer les capacités digestives du poulet par la sélection ?

Pourquoi veut-on sélectionner des poulets sur leur capacité à digérer les aliments difficiles ?

Les poulets sont nourris essentiellement à base de céréales, principalement le maïs et le blé. Si le maïs est facile à digérer, le blé, pourtant abondant en Europe, est plus difficile à digérer et entraîne une hétérogénéité importante des performances au sein d'un même groupe d'animaux. Aujourd'hui, être capable de digérer un aliment difficile devient

d'autant plus important que l'on cherche à diversifier les sources de matières premières dans les régimes avicoles pour limiter la concurrence entre homme et animal pour l'accès aux céréales.
Au-delà de la simple performance économique, des animaux qui digèrent mal leur aliment vont produire plus de rejets, qu'il va ensuite falloir traiter et épandre dans les champs. Nos recherches précédentes avaient montré que la capacité des poulets à digérer le blé était en partie contrôlée par la génétique, et que la sélection d'animaux efficaces réduisait fortement les rejets dans l'environnement. L'objectif de ce projet était d'aller rechercher les zones du génome impliquées dans le contrôle de ces caractères, afin de fournir aux sélectionneurs des outils plus précis pour améliorer les performances économiques et environnementales des poulets.

Nous cherchons à détecter des QTL (Locus à Effet Quantitatif), des zones du génome contrôlant l'efficacité digestive

Les QTL pour « Locus à effet quantitatif » sont des zones du génome impliquées dans le contrôle d'un ou de plusieurs caractères. Pour les détecter, nous mettons en relation les performances des animaux avec leur génotype, sur l'ensemble du génome. Afin de maximiser les chances de détecter ces zones, nous avons tout d'abord sélectionné pendant 8 générations deux groupes de poulets, soit pour une efficacité digestive élevée (D+), soit pour une efficacité digestive réduite (D-). Nous supposons donc que les allèles induisant une forte efficacité digestive (allèles "+") sont présents chez les D+, alors que ceux qui réduisent cette efficacité (allèles "-") sont présents chez les D-. Nous avons ensuite croisé ces deux groupes d'animaux, afin d'obtenir des animaux homozygotes "++" (à forte efficacité) ou "--" à faible efficacité, et des animaux hétérozygotes "+-" à efficacité intermédiaire. La mise en relation des performances avec les génotypes des animaux croisés a été réalisée sur 820 animaux sur lesquels nous avons mesuré différents paramètres d'efficacité digestive, de rejets et de performances. Ces animaux ont été génotypés à l'aide de 6000 marqueurs répartis tout le long du génome.

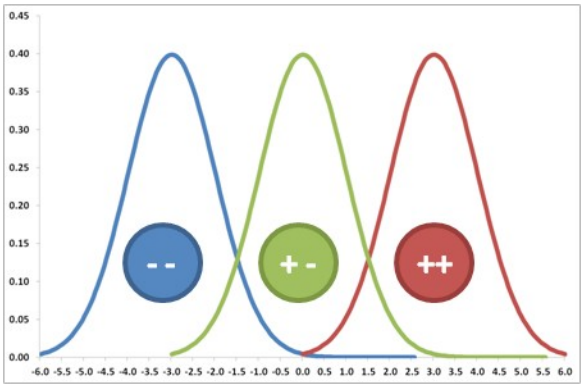
Résultats majeurs du projet

Au total, nous avons détecté 9 QTL contrôlant l'efficacité digestive, 11 pour les rejets, 19 pour les performances de croissance et de composition corporelle, 15 pour la consommation alimentaire, 14 pour l'efficacité alimentaire, 14 pour la composition du microbiote intestinal, 15 pour le comportement des animaux, 35 pour le métabolisme du phosphore et 61 pour l'anatomie du tube digestif. En général, ces QTL sont d'effet modéré, mais 18 d'entre eux sont plus fortement significatifs. Nous avons également effectué une recherche bio-informatique sur ces zones et mis en évidence une liste de gènes dont la fonction biologique est liée au caractère, et qui pourraient à terme être utilisés pour la sélection.

Production scientifique et brevets depuis le début du projet

Ce projet abouti à la publication de 2 articles scientifiques (sur le comportement des animaux et sur le microbiote des animaux) et à la soumission d'un 3ème.(sur les QTL d'efficacité digestive). D'autres publications scientifiques sont également en cours de préparation (sur les QTL des autres catégories de caractères mentionnées dans le paragraphe précédent). Les résultats ont en partie déjà été présentés lors de 5 congrès scientifiques et lors de 6 séminaires et congrès à destination des professionnels.

Illustration



Distribution des performances des animaux croisés en fonction de leur génotype au QTL.

Informations factuelles

Le projet CHIEF est un projet de recherche fondamentale coordonné par Sandrine Mignon-Grasteau (Unité de Recherches Avicoles, INRA). Il associe également différents chercheurs des unités INRA « Recherches avicoles » (Bernard Carré, Agnès Narcy, Irène Gabriel, Nicole Rideau), « Physiologie de la reproduction et des comportements » (Aline Bertin), « Pôle Expérimentale Avicole de Tours » (Nadine Sellier), du CIRAD (Denis Bastianelli) et du laboratoire Labogena (Marie-Yvonne Boscher, Céline Chantry-Darmon). Le projet a commencé en janvier 2009 et a duré 42 mois. Il a bénéficié d'une aide de l'ANR de 302 418 € pour un coût global de l'ordre de 1 372 558 €.

B.3 Résumé consolidé public en anglais

How can we improve digestive efficiency in chicken by selection ?

Why do we want to improve digestive efficiency of chickens fed with difficult diets?

Chickens are mainly fed with cereals, principally corn and wheat. If corn is easy to digest, wheat, though abundant in Europe, is more difficult to digest, which leads to heterogeneous performances within animal groups. Nowadays, it is more and more important to be able to digest difficult feedstuffs, as we are trying to diversify the sources of feedstuffs used in poultry diets, in order to limit the competition between humans and animals for the access to cereals.

Above the economic performance, birds with poor digestive efficiency will produce more manure, that will have to be treated and spread on fields.

Our former researches showed that chickens digestive efficiency was partly controlled by genetics and that selecting birds to improve this efficiency largely reduced the amount of excreta. The goal of this project was to seek for genomic regions implied in the determinism of these traits, in order to provide new tools to breeding companies for selecting birds with improved economic and environmental performances.

We want to detect QTL (Quantitative Trait Loci), ie genomic regions that control digestive efficiency

QTL for « Quantitative Trait Loci » are genomic regions that are implied in the control of one or several traits. To detect them, we connect information on performances and on genotypes on the whole genome. In order to maximize our chances of success, we first selected during 8 generations two groups of birds either for their high (D+) or low (D-) digestive efficiency. By doing this, we assume that alleles with a positive effect on digestive efficiency (alleles "+") are present in D+ birds, and that those reducing digestive efficiency (alleles "-") are present in D- birds. We then crossed these two groups to produce homozygous "++" birds (very efficient) or "--" birds (poorly efficient) and heterozygous birds "+-" (with intermediate efficiency). The link between performances and genotypes has been done on 820 animals on which we measured traits of digestive efficiency, excretion and performances. These birds have been genotyped with 6000 markers spread all over the genome.

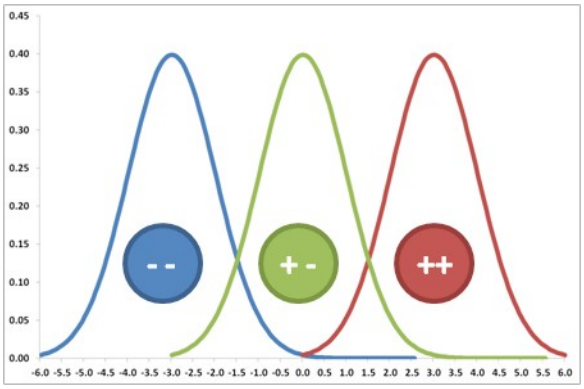
Main results of the project

In all, we detected 9 QTLs controlling digestive efficiency, 11 for excreta, 19 for growth and body composition, 15 for feed consumption, 14 for feed efficiency, 14 for intestinal microbiota composition, 15 for behavior, 35 for phosphorus metabolism and 61 for anatomy of the digestive tract. On average, these QTLs have a moderate effect, but 18 of them are more highly significant. We also started a bioinformatics search on these zones and highlighted a list of genes which function is linked to the traits, and that could in the end be used for selection.

Scientific production and patents since the project began

This project already led to the publication of 2 scientific papers on animal behavior and microbiota, and a third on QTL of digestive efficiency is submitted. Other papers are in preparation on QTL of the different groups of traits measured in the project. In addition, these results have already been presented in 4 scientific congresses and in 6 seminars or congresses dedicated to professionals.

Illustration



Distribution of animal performances depending on their genotype at the QTL.

Factual Information

The CHIEF project is a fundamental research project coordinated by Sandrine Mignon-Grasteau (Unité de Recherches Avicoles, INRA). Several scientists are also associated to the project, issued from INRA units « Recherches avicoles » (Bernard Carré, Agnès Narcy, Irène Gabriel, Nicole Rideau), « Physiologie de la reproduction et des comportements » (Aline Bertin), « Pôle Expérimental Avicole de Tours » (Nadine Sellier), from CIRAD (Denis Bastianelli) and from Labogena laboratory (Marie-Yvonne Boscher, Céline Chantry-Darmon). This project started in january 2009 and lasted 42 months. It was supported by an ANR grant of 302 418 € for a total cost of 1 372 558 €.

C Mémoire scientifique – 5 pages maxi

Mémoire scientifique confidentiel : non

C.1 Résumé du mémoire

Les poulets sont nourris essentiellement à base de céréales, principalement le maïs et le blé. Si le maïs est facile à digérer, le blé, pourtant abondant en Europe, est plus difficile à digérer et entraîne une hétérogénéité importante des performances au sein d'un même groupe d'animaux. Au-delà de la simple performance économique, des animaux qui digèrent mal leur aliment vont produire plus de rejets, qu'il va ensuite falloir traiter et épandre dans les champs. Nos recherches précédentes avaient montré que la capacité des poulets à digérer le blé était en partie contrôlée par la génétique, et que la sélection d'animaux efficaces réduisait fortement les rejets dans l'environnement. L'objectif de ce projet était d'aller rechercher les zones du génome impliquées dans le contrôle de ces caractères, afin de fournir aux sélectionneurs des outils plus précis pour améliorer les performances économiques et environnementales des poulets.
Pour détecter les QTL d'efficacité digestive et de rejets, nous avons mis en relation les performances des animaux avec leur génotype, sur l'ensemble du génome. La mise en relation des performances avec les génotypes des animaux croisés a été réalisée sur 820 animaux issus d'un croisement de 2ème génération (F2) entre deux lignées sélectionnées pour une efficacité digestive élevée (D+) ou faible (D-) pendant 8 générations. Au total, près de 70 caractères d'efficacité digestive et alimentaire, de rejets, de performances, de comportement, d'anatomie, de microbiote digestif et de métabolisme du phosphore ont été mesurés. Ces animaux ont été génotypés à l'aide de 6000 marqueurs répartis tout le long du génome.
Au total, nous avons détecté 9 QTL contrôlant l'efficacité digestive, 11 pour les rejets, 19 pour les performances de croissance et de composition corporelle, 15 pour la consommation alimentaire, 14 pour l'efficacité alimentaire, 14 pour la composition du microbiote intestinal, 15 pour le comportement des animaux, 35 pour le métabolisme du phosphore et 61 pour l'anatomie du tube digestif. En général, ces QTL sont d'effet modéré, mais 18 d'entre eux sont plus fortement significatifs. Nous avons également effectué une recherche bio-informatique sur ces zones et mis en évidence une liste de gènes dont la fonction biologique est liée au caractère, et qui pourraient à terme être utilisés pour la sélection.
Ce projet abouti à la publication de 2 articles scientifiques (sur le comportement des animaux et sur le microbiote des animaux) et à la soumission d'un 3ème sur les QTL d'efficacité digestive. D'autres publications scientifiques sont également en cours de préparation (sur les QTL des autres catégories de caractères mentionnées dans le paragraphe précédent et sur les paramètres génétiques des caractères mesurés). Les résultats ont en partie déjà été présentés lors de 5 congrès scientifiques et lors de 6 séminaires et congrès à destination des professionnels.

C.2 Enjeux et problématique, état de l'art

L'enjeu initial du projet était de permettre, par la détection de QTL d'efficacité digestive, d'améliorer les perspectives de sélection des poulets de chair pour les rendre plus efficaces et réduire leur impact négatif sur l'environnement. En effet, si les rejets des volailles constituent un excellent apport fertilisant, leur excès dans les zones de fortes concentrations de production entraîne des problèmes environnementaux, principalement à cause des rejets en azote et en phosphore. La génétique peut s'avérer un outil précieux pour réduire ces rejets et modifier leur composition [2]. Depuis le début du projet, la pression sur les matières premières n'a cessé d'augmenter, entrainant le coût de l'aliment à la hausse (+9.1% entre 2009 et 2010, [3]). Il devient donc de plus en plus important de pouvoir incorporer des matières premières alternatives, souvent de moindre qualité, dans les régimes avicoles. Cela renforce l'intérêt de pouvoir sélectionner des animaux dont les capacités digestives sont importantes.

C.3 Approche scientifique et technique

Afin de maximiser les chances de détecter des QTL, nous avons utilisé un croisement entre deux lignées divergentes sélectionnées pour leur faible (D-) ou forte (D+) efficacité digestive, dont des travaux précédents avaient montré qu'elles étaient également très différentes sur les quantités de rejets. Nous avons phénotypé l'ensemble des animaux sur plus de 70 caractères, liés à l'efficacité digestive et alimentaire, aux rejets, mais également aux performances (croissance, composition corporelle, qualité de viande), à l'anatomie du tractus digestif, au comportement, au microbiote intestinal, au métabolisme du phosphore. Pour les analyses de comportement et de microbiote sur lesquels aucune information préalable n'était disponible, une expérience préliminaire a été réalisée sur des animaux des lignées D+ et D- afin décider quelles mesures devaient être réalisées en priorité sur le dispositif F2. Les paramètres génétiques de ces caractères ont été estimés grâce au logiciel VCE6.
Dans un premier temps, quelques mâles F0 et F1 (12 animaux) ont été génotypés avec la puce 60K, dans le cadre du projet ChickIBD, afin de sélectionner les 6000 marqueurs à utiliser sur l'ensemble du dispositif (les mieux répartis et les plus informatifs) grâce au logiciel MarkerSet [1]. Le logiciel QTLMap a ensuite été utilisé pour détecter les zones de QTL sur l'ensemble de ces caractères. Ce logiciel détecte notamment les marqueurs mal positionnés sur la carte physique, ce qui nous a permis de les éliminer des analyses afin d'éviter la détection de faux positifs. Enfin, dans un dernier temps, dans les zones QTL détectées, nous avons réalisé une recherche bio-informatique avec Ensembl et AnnotQTL afin de repérer la présence de gènes candidats potentiels dans ces zones.

C.4 Résultats obtenus

Etude des F0 - Une 1ère étude sur les animaux de la génération 9 a permis de mettre au point les méthodes d'analyse histologique (technique de prélèvement des tissus, orientation et taille des coupes, identification et caractérisation des zones et éléments d'intérêt, mise au point des colorations pour l'aspect général ou les plexus nerveux par immunohistochimie et immunofluorescence). L'annexe 1 montre des coupes de D+ et de D-, ces derniers présentant par exemple une lumière plus repliée.
Cette étude a également permis de comparer le microbiote digestif des contenus et des muqueuses D+ et D- au niveau de l'iléon et des caeca, par empreinte moléculaire ciblant l'ensemble des bactéries (TTGE). Les modifications du microbiote ont été étudiées par analyse de similarité des profils électrophorétiques d'ADN bactérien. Le degré de similarité entre profils bactériens d'animaux de la même lignée varie entre D+ et D-, au niveau des contenus de l'iléon et des caeca. Par ailleurs, il existe une différence de profils bactériens entre lignées, légère au niveau des contenus de l'iléon, plus forte au niveau des caeca, aussi bien au niveau des contenus digestifs que des muqueuses (cf. Annexe 2). Au niveau des contenus d'iléon, les D+ présentent plus de C. Arthromitus (bactérie filamenteuse bénéfique du cluster I des clostridies), et moins de L. crispatus. Au niveau des contenus et des muqueuses des caeca, les D+ présentent plus de F. prausnitzii (bactérie bénéfique du fait de sa production de butyrate) et moins de C. coccoides. Les contenus des caeca des D+ contiennent également plus de Roseburia. Les muqueuses caecales des D+ présentent moins de L. salivarius (bactérie néfaste car hydrolysant les sels biliaires et entrainant une baisse de digestibilité des lipides). Enfin, E. Shigella est présente en plus grande quantité dans les muqueuses et en moins grande quantité dans les contenus des D+. Des analyses de qPCR ont également montré que les D+ présentent 4 à 6 fois moins de Lactobacilles que les D- dans la muqueuse de l'iléon et des caeca, ainsi qu'environ 3 fois moins d'E. coli dans les contenus digestifs de ces deux segments. Ces analyses préliminaires ont permis de sélectionner les groupes bactériens à déterminer dans les F2.
Au cours du stage d'A. Pelhaitre (M2R Ethologie, Univ. Paris XIII), le comportement des animaux D+ et D- de la génération 10 a été comparé au travers de tests de peur (test d'immobilité tonique, environnement nouveau, test de capture par l'homme), de comportement et de néophobie alimentaire, de motivation sociale, de capacité d'exploration et d'apprentissage. Ces premiers résultats ont permis de retenir les caractères les plus pertinents (test d'immobilité tonique, de comportement en environnement nouveau, comportement alimentaire et activité

générale) pour l'étude sur un grand nombre d'animaux F2, à la fois pour la divergence importante montrée sur les animaux F0 et pour le temps relativement modéré nécessaire à la collecte de ces données sur un grand nombre d'animaux.

Etude des F2 - Les 864 F2 ont été obtenus en 5 lots successifs, entre janvier et juin 2010. Le phénotypage de l'ensemble des animaux a porté sur les caractères de digestibilité (EMAn, digestibilité des protéines, lipides et de l'amidon), de croissance et consommation alimentaire (poids vif à 0, 9, 14, 17, 20 et 23 jours, consommation alimentaire individuelle de 9 à 14, 14 à 17, 17 à 20 et 20 à 23 jours), de caractéristiques des fientes (quantité de fientes fraîches et sèches, pH, teneur en eau, équilibre entre azote et phosphore), d'anatomie du tractus digestif (poids du proventricule, gésier, duodénum, jéjunum et iléon, longueur des duodénum, jéjunum et iléum), de composition corporelle (poids du filet et du gras abdominal), de métabolisme du phosphore (taux de rétention de phosphore, concentration plasmatique de phosphore, minéralisation osseuse, taille et résistance à la rupture des tibias), de comportement animal (durée d'immobilité tonique, latence avant le premier pas en test d'openfield, fréquence des comportements par scan sampling, comportement alimentaire par focal sampling). Les analyses statistiques de ces données ont montré une gamme de variabilité des F2 importante pour les principales caractéristiques de digestibilité et de composition des excréta (cf. Annexe 3). Pour l'ensemble de ces données, des analyses multifactorielles ont été réalisées lors du stage de Thanh Nhan Lê (M2 Productions Animales, Univ. Tours), afin de déterminer quelles caractéristiques principales distinguaient les animaux à bonne ou mauvaise capacité digestive (cf. Annexe 4). L'axe 1 de cette analyse montre le lien entre une bonne efficacité digestive et alimentaire (EMAn et IC), une consommation alimentaire faible, un gésier et un proventricule développés et un ratio « Gésier+Proventricule/Intestin » élevé. Même si leur contribution est plus modeste (6%), le pH des fientes et le poids de fientes fraîches sont représentés sur cet axe, un pH élevé et un poids de fientes faible étant associé à une meilleure efficacité. L'axe 2 est déterminé principalement par le poids à 23 jours (27.7%) et le poids du filet (13.0%). Le positionnement de ces caractères sur un axe perpendiculaire à l'EMAn était attendu, ces deux caractères n'étant que très peu corrélés.
De plus, sur un échantillon d'animaux aux valeurs extrêmes d'indice de consommation (IC+ et IC-), des analyses fines de microbiote et d'histologie ont été réalisées.
Microbiote - Les groupes bactériens majoritaires ont été quantifiés par PCR en temps réel dans les contenus de caeca. Compte tenu du nombre important d'échantillons à traiter, une nouvelle méthode d'extraction rapide d'ADN a été mise au point. De même que chez les F0, on observe une baisse significative des lactobacilles (environ 2/5) et d'E. coli (environ 2 fois moins) chez les IC- par rapport aux IC+. Une analyse factorielle réalisée sur ces caractères a montré une association entre bonne efficacité et présence accrue de lactobacilles et de clostridies par rapport à E. coli, et à plus de L. crispatus que de L. salivarius parmi les lactobacilles (cf. Annexe 5).
Histologie - Pour une étude similaire à l'étude réalisée dans les lignées pures, 18 échantillons du croisement F2 ont été choisis dans le premier lot de F2 sur la base de l'indice de consommation de 9 à 23 jours, seule mesure disponible au moment des prélèvements. Dans ce lot, le plus hétérogène sur l'indice de consommation, nous avons échantillonné les 9 plus faibles et les 9 plus fortes valeurs d'indice (1.67 vs 2.34). Des coupes sériées d'isthme transversal ont été réalisées (3 niveaux de coupe/ lame). Deux lames par échantillon ont été traitées pour quantifier les surfaces et périmètres des différents tissus constituant l'isthme et mettre en évidence et compter les plexus nerveux NeuN positifs. Nous avons constaté a posteriori que ces 2 groupes ne présentaient que 429Kcal/Kg de différence d'EMAn. Cela peut expliquer pourquoi les échantillons F2 ne présentent pas les caractères morphologiques distinctifs observés dans la F0 quel que soit le mode d'observation. Le travail serait à refaire à partir d'une nouvelle série d'échantillons sélectionnés sur l'EMAn, meilleur critère permettant de distinguer les bons des mauvais digesteurs. Enfin, des essais de quantification des plexus immunoréactifs NeuN + (plexus d'Auerbach) ont également été réalisés dans ce projet. Les résultats ne permettent pas d'apporter une information significative sur l'innervation de l'isthme entre proventricule et gésier dans les 2 lignées. Une telle étude demande de développer une approche de comptage rigoureuse sur des coupes de qualité et sur un nombre plus important de coupes. Ceci s'applique également pour le comptage des plexus de Meissner. L'hétérogénéité

des différents types de plexus suggère qu'il serait intéressant de préciser leur nature à l'aide d'anticorps dirigés spécifiquement contre les neuromédiateurs constituant le système nerveux entérique.

Estimation de paramètres génétiques

Les nombreuses données de phénotypage qui ont été recueillies au cours de ce projet ont permis de confirmer les estimations de paramètres génétiques de caractères déjà connus, mais surtout d'obtenir pour la première fois des estimations pour des caractères de rejets (pH des fientes, taux d'humidité des fientes, quantité de fientes rapportée à la consommation alimentaire, cf. Annexe 6), de microbiote intestinal (cf. Annexe 7). Nous avons ainsi mis en évidence le lien fort entre efficacité digestive et quantité mais aussi qualité (pH, équilibre entre azote et phosphore) des rejets. Nous avons également mont qu'il existant une influence génétique de l'hôte sur la composition du microbiote intestinal, en particulier sur l'équilibre entre les différents groupes bactériens) et que cette composition était génétiquement liée à l'efficacité digestive.

Détection de QTL

Nous avons testé 5 mâles F0 pères des F1 (3 D+ et 2 D-) et 7 mâles F1 (pères ou oncles des animaux F2) pour 60K SNP dans le cadre du projet ChickIBD. Parmi ces marqueurs, les plus informatifs (hétérozygotes sur les animaux F1) ont été sélectionnés à l'aide du logiciel MarkerSet [1]. Notre partenaire Labogena a également génotypé les animaux F2 pour 6000 marqueurs au lieu des 1536 initialement prévus, en passant de la technologie GoldenGate à la technologie Iselect Infinium. La liste finale couvrait les chromosomes 1 à 28 et le chromosome Z. Les analyses des données de génotypage ont permis de détecter au total 193 QTL, dont la liste est donnée en annexes 8 et 9 de ce mémoire. Le tableau ci-dessous résume la répartition de ces QTL selon les différentes catégories de caractères. On constate que les QTLs d'efficacité digestive sont tous situés sur les micro-chromosomes. Ils sont d'effet moyen, dans l'ensemble, ce qui va dans le sens d'un déterminisme polygénique des caractères. De plus, l'impact économique des caractères d'efficacité est si élevé en production avicole, qu'un QTL améliorant de 2.2% la digestibilité de l'amidon (comme pour le QTL du chromosome 20) représente une économie de près de 4 tonnes d'aliment par an et par poulailler. Les effets plus importants calculés pour les caractères de microbiote sont surestimés, les animaux utilisés état des extrêmes. L'analyse bio-informatique a permis de montrer qu'il existait un nombre moyen de gènes candidats dans les zones QTL d'efficacité digestive, relevant des aspects mécaniques (11 gènes) et chimiques (22 gènes) de la digestion, du développement et de l'entretien du tube digestif (11 gènes) et de l'immunité (12 gènes, tous situés sur le chromosome 16).

Catégorie de caractères	**Nombre de QTLs**		**Effet (en écart-type du caractère)**		**Analyse bio-informatique**
	Total	**dont sign. au niveau du génome**	**µ**	**Min-Max**	
Efficacité Digestive	9	2	0.26	0.16-0.57	Réalisée
Anatomie du Tractus Digestif	61	4	0.24	0.14-0.38	Réalisée
Performances (croissance, composition corporelle)	19	1	0.32	0.17-0.92	En cours
Efficacité alimentaire	14	1	0.54	0.18-2.20	En cours
Consommation alimentaire	15	4	0.34	0.18-1.20	En cours
Comportement	15	0	0.23	0.18-0.30	En cours
Microbiote Intestinal	15	0	0.73	0.48-1.24	En cours
Rejets	11	0	0.20	0.16-0.25	En cours
Phosphore	35	6	0.23	0.17-0.37	En cours

C.5 Exploitation des résultats

Si les zones QTL qui ont été détectées sont encore trop larges pour permettre une exploitation immédiate en sélection, elles ouvrent néanmoins des perspectives à moyen terme, soit via une caractérisation plus fine des zones (pour laquelle nous disposons de croisements avancé), soit via une sélection par gène, si les candidats identifiés sont confirmés dans les projets qui débutent actuellement. D'autre part, les communications auprès des professionnels ont permis une prise de conscience de leur part de l'intérêt de sélectionner sur l'efficacité digestive, notamment dans le contexte actuel d'augmentation constante du coût de l'aliment. Plusieurs d'entre eux nous ont affirmé avoir mis en place des mesures permettant l'introduction en sélection de l'efficacité digestive.

C.6 Discussion

Les objectifs initiaux ont été réalisés dans l'ensemble, hormis pour l'analyse bio-informatique, beaucoup plus longue que ce qui était prévu initialement, du fait du nombre élevé de QTLs détectés. Compte-tenu des résultats, plusieurs pistes principales de recherche se sont dégagées suite à ce projet :

- *Recherche des gènes candidats* : dans plusieurs des régions QTLs pour lesquelles l'analyse bio-informatique a été réalisée, il existe des gènes candidats, sur lesquels nous allons poursuivre les recherches. Des tissus du tractus gastro-intestinal ont été prélevés sur les animaux utilisés dans ce projet. Ils vont être utilisés pour une analyse du transcriptome, afin de confronter les résultats du génomique positionnelle et ceux de génomique fonctionnelle, et ainsi confirmer l'intérêt des gènes candidats ou en suggérer de nouveaux. Ce projet est financé par l'interprofession (AGENAVI) dans le cadre du projet ADIGEN. A terme, il conviendra de vérifier l'intérêt des gènes ainsi mis en évidence sur des animaux à croissance plus rapide et sur des régimes différents de celui utilisé dans ce projet.
- *Microbiote* : les résultats obtenus dans ce projet ont montré qu'il existait une variabilité individuelle de composition du microbiote et que celle-ci était liée à l'efficacité digestive des animaux. Pour approfondir cette question, nous débutons un projet financé par le méta-programme de l'INRA GISA (Gestion Intégrée de la Santé Animale) dans lequel nous séquencerons le 16S du microbiote et de le mettrons en relation avec l'efficacité digestive, sur les croisements avancés créés à l'issue de ce projet.
- *Application à l'amélioration de la durabilité de l'élevage avicole* : ce projet a montré quels critères permettaient de distinguer animaux à faible ou forte efficacité digestive. Il a également mis en évidence que, pour estimer l'impact sur la durabilité de l'élevage d'une sélection sur l'efficacité digestive, certaines informations étaient encore manquantes (performances au sol, paramètres physico-chimiques de la litière et non seulement des fientes, qualité de l'air, sensibilité aux pathogènes, troubles locomoteurs). Cette étude a débuté dans le cadre d'un projet financé par l'ICSA.

C.7 Conclusions

Le projet CHIEF a mis en évidence de nombreuses zones du génome contrôlant le déterminisme génétique de l'efficacité digestive, de l'anatomie du tractus digestif et des rejets. L'ensemble des résultats ouvre de nombreuses perspectives de travaux pour aboutir à l'utilisation de ces résultats dans les schémas d'amélioration génétique des volailles, comprenant la proposition de critères de sélection classiques (efficacité digestive, anatomie du tractus digestif), et à un moyen terme, la sélection assistée par marqueur ou sur gène en fonction des résultats des travaux encore en cours.

C.8 Références

[1] Demeure O., Lecerf F., 2008. BMC Res Notes. 2008; 1: 9.
[2] de Verdal, H., S. Mignon-Grasteau, D. Bastianelli, N. Même, E. Le Bihan-Duval, and A. Narcy. 2013. J. Anim. Sci. 91:613-622.
[3] Riffard C., Gallot S., Magdelaine P., 2011. Rapport technique, ITAVI, 57 pp.

D LISTE DES LIVRABLES

Date de livraison	N°	Titre	Nature (rapport, logiciel, prototype, données, …)	Partenaires (souligner le responsable)	Commentaires
08/2010	1	First annual report	Rapport	S. Grasteau; tous	Livré
06/2011	2	Second annual report	Rapport	S. Grasteau, tous	Livré
09/2013	3	Final report	Rapport	S. Grasteau, tous	Livré
Fall 2013	4	Final seminar	Séminaire	S. Grasteau, A. Narcy, N. Sellier	En attente des derniers résultats
08/2009	5	200 F1 animals produced	Données	N. Sellier, C. Perrot	Livré
10/2009	6	50 F0 of 9th generation	Données	N. Sellier, C. Perrot	Livré
01-06/2010	7	4× 216 F2 animals	Données	N. Sellier, C. Perrot	Livré
07/2010	8	Excreta prepared for NIRS analysis	Données	N. Sellier, F. Mercerand	Livré
01/2010	9	Preliminary analysis of F0 microflora	Données	I. Gabriel	Livré
06/2010	10	Preliminary analysis of immunohistochemisty of F0	Données	N. Rideau, B. Carré	Livré
09/2010	11	Zootechnic data collected on F2	Données	N. Sellier, F. Mercerand	Livré
09/2010	12	Digestive tract measurements	Données	N. Rideau, B. Carré, A. Narcy, I. Gabriel	Livré
02/2011	13	Microflora results on F2	Données	I. Gabriel	Livré
02/2011	14	Results of immunohistochemisty of F2	Données	N. Rideau, B. Carré	Livré
11/2010	15	Results of phosphorus and bone analyses on F2	Données	A. Narcy	Livré
01/2011	16	NIRS analyses of F2 excreta	Données	B. Carré, D. Bastianelli	Livré
12/2010	17	Results of histological analyses	Données	A. Narcy	Livré
10/2009	18	Genotyping of 54K markers on 6 F0 and 6 F1 males	Données	S. Grasteau	Livré
12/2009	19	Choice of set of 1536 markers	Données	S. Grasteau, E. Duval	Livré
08/2010	20	Genotyping of F2	Données	S. Grasteau, M.Y. Boscher	Livré
09/2011	21	Multidimensional analysis	Données	S. Grasteau	Livré
09/2012	22	QTL detection	Données	S. Grasteau, E.	Livré

Date de livraison	N°	Titre	Nature (rapport, logiciel, prototype, données, …)	Partenaires (souligner le responsable)	Commentaires
				Duval, C. Hennequet-Antier	
01/2013 (digestibilité, phosphore)	23	Bioinformatic study of QTL regions	Données	S. Grasteau, E. Duval, S. Tran	En cours
09/2013	24	Selection strategy proposal to reduce environmental impact of poultry	Données	S. Grasteau	Livré

E IMPACT DU PROJET

E.1 INDICATEURS D'IMPACT

Nombre de publications et de communications (à détailler en E.2)

		Publications multipartenaires	Publications monopartenaires
International	Revues à comité de lecture	2	
	Ouvrages ou chapitres d'ouvrage		1
	Communications (conférence)	3	3
France	Revues à comité de lecture		
	Ouvrages ou chapitres d'ouvrage		
	Communications (conférence)	2	2
Actions de diffusion	Articles vulgarisation		
	Conférences vulgarisation		
	Autres	2	5

Autres valorisations scientifiques (à détailler en E.3)

	Nombre, années et commentaires (valorisations avérées ou probables)
Brevets internationaux obtenus	
Brevet internationaux en cours d'obtention	
Brevets nationaux obtenus	
Brevet nationaux en cours d'obtention	
Licences d'exploitation (obtention / cession)	

Créations d'entreprises ou essaimage	
Nouveaux projets collaboratifs	3 projets, 2013-2014 (1 projet soumis pour financement, 2 projets avec financement obtenu)
Colloques scientifiques	
Autres (préciser)	

E.2 Liste des publications et communications

Revues à comité de lecture

1. Tran T.S., Narcy A., Carré A., Gabriel I., Rideau N., Gilbert H., Demeure O., Bed'Hom B., Chantry-Darmon C., Boscher M.Y., Bastianelli D., Sellier N., Chabault M., Calenge F., Le Bihan-Duval E., Beaumont C., Mignon-Grasteau S., 2013. Detection of QTL controlling digestive efficiency and anatomy of the digestive tract in chicken fed a wheat-based diet. Genet. Sel. Evol. (soumis).
2. Pelhaitre A., Mignon-Grasteau S., Bertin A., 2011. Selection for wheat digestibility affects emotionality and feeding behaviours in broiler chicks. Appl. Anim. Behav. Sci., 139, 114-122.

Chapitres d'ouvrages

3. Gabriel, I., Konsak,B. and Mignon-Grasteau, S. (2012) Genetic selection of poultry based on digestive capacity – impact on gut microbiota. pp 197-238 In Recent Advances in Animal Nutrition – 2012 (Eds P.C. Garnsworthy and J. Wiseman). Nottingham University Press, Nottingham.

Conférences

4. Bertin A., Pelhaitre A., Mignon-Grasteau S., 2013. Selection for wheat digestibility affects emotionality in broiler chicks. Proc. 47th International Symposium on Applied Ethology: "Applied Ethology: understanding behavior to improve livelihood", M.J. Hötzel et L.C.P.M. Filho (eds), Wageningen Academic Publishers, Florianopolis, 2-6/06/2013, 122. [Poster, Résumé]
5. Tran T.-S., Narcy A., Carré B., Gabriel I., Rideau N., Bastianelli D., Sellier N., Chabault M., Calenge F., Le Bihan-Duval E., Beaumont C., Mignon-Grasteau S., 2013. Detection of QTL controlling digestive efficiency and anatomy of the digestive tract in chicken. 8th European Symposium on Poultry Genetics, Venise, 25-27/09/2013. [Poster, Résumé]
6. Mignon-Grasteau S., Narcy A., Tran T.-S., de Verdal H., Bastianelli D., Juin H., Carré B., 2013. Variabilité génétique de l'efficacité alimentaire en régime suboptimal : perspectives pour la sélection. 10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, 26-28/03/2013, La Rochelle, 502-506. [Comm. Orale, Texte Intégral]
7. Rideau N., Godet E., Combémorel C., Chaudeau M., Carré B., Mignon-Grasteau S., 2013. L'isthme gastrique de 2 lignées de poulets sélectionnées sur leurs capacités digestives présente des différences morphologiques et histologiques. 10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, 26-28/03/2013, La Rochelle, 581-585. [Poster, Texte Intégral]
8. Tran S.T., Narcy A., Carré B., Gilbert H., Demeure O., Bed'Hom B., Chantry-Darmon C., Boscher M.-Y., Bastianelli D., Sellier N., Chabault M., Calenge F., Le Bihan-Duval E., Beaumont C., Mignon-Grasteau S., 2013. Détection de QTL contrôlant l'efficacité digestive dans un croisement de lignées de poulets selectionnées de façon divergente pour ce caractère. 10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, 26-28/03/2013, La Rochelle, 540-544. [Comm. Orale, Texte Intégral]

9. Mignon-Grasteau S., Narcy A., Tran S.T., de Verdal H., Bastianelli D., Juin H., Carré B., 2012. Genetic Variability of FCR with Suboptimal Food and Prospects for Selection. 24th World Poult. Cong., Salvador de Bahia, 05-09/08/2012. [Comm. Orale invitée, Texte Intégral]
10. Gabriel I., Konsak B., Mignon-Grasteau S., 2012. Genetic selection of poultry based on digestive capacity – impact on gut microbiota. Notthingham Feed Conf., 27-28/06/2012, Notthingham, UK. [Comm. Orale invitée, Texte intégral]
11. Konsak B., Guardia S., Leconte M., Moreau-Vauzelle C., Dupont C., Doré J., Levenez F., Mignon-Grasteau S., Gabriel I., 2012. Comparison of the digestive microbiota between two divergent lines of chickens selected based on apparent metabolisable energy. 8th INRA-Rowett Symposium on Gut Microbiology. Clermont-Ferrand (France). p 86. [Poster, Résumé]
12. Konsak B., Guardia S., Leconte M., Moreau-Vauzelle C., Dupont C., Mignon-Grasteau S., Gabriel I., 2011. Comparison of the digestive microbiota between two divergent lines of chickens selected based on digestive capacity. 7th Int. Symp. Anaerobic Microbiol., Smolenice, Slovaquie, 15-18/06/2011. [Commuincation orale, Résumé]
13. Gabriel I., Guardia S., Konsak B., Leconte M., Rideaud P., Moreau-Vauzelle C., Dupont C., Mignon-Grasteau S.3, 2011. Comparaison du microbiote bactérien digestif de poulets sélectionnés sur leur énergie métabolisable. 9èmes Journées de la Recherche Avicole, Tours, 29-30 mars 2011, 760-764. [Communication orale, Texte Intégral]

Documents à vocation de transfert ou relatifs à l'animation de la recherche

14. Narcy A., Mignon-Grasteau S., 2012. La nutrition vue à travers la génétique. Séminaire AGENAE, 12/06/2012, Paris. [Comm. Orale]
15. Mignon-Grasteau S., Tran T.-S., Narcy A., Carré B., Gabriel I., Rideau N., Bastianelli D., Sellier N., Chabault M., Calenge F., Le Bihan-Duval E., Beaumont C., 2012. CHIEF- Chicken Environmentally Friendly. Colloque ANR « Génomique Animale et Microbienne », 20-21/03/2012, La Rochelle. [Comm. Orale, Résumé]

Travaux encadrés ou coordonnés

16. Tran S.T., 2013. Etudes génomiques chez la poule : application à la résistance au portage de salmonelles et à la digestibilité. Thèse de l'Université François Rabelais, Tours, 260 pp. (Encadrement : Beaumont C., Mignon-Grasteau S., co-encadrement : Calenge F.)
17. Lê T. N., 2011. Etude des relations entre efficacité digestive, anatomie et comportement dans un croisement entre lignées divergentes pour leur efficacité digestive. M2 Productions Animales, Université François Rabelais, Tours. (encadrement : S. Mignon-Grasteau).
18. Combemorel C., 2011. Caractérisation par immunohistochimie de deux lignées de poulets sélectionnées selon une efficacité digestive divergente BTS Biotechnologie 2ème année. Lycée J. Monod, 45803 Saint Jean de Braye. (encadrement : N. Rideau)
19. Pelhaitre A., 2010. Caractérisation comportementale de poulets de chair sélectionnés sur la capacité à digérer le blé. M2 Éthologie Spécialité Éthologie Appliquée, Université Paris XIII, 27 pp. (encadrement : A. Bertin, S. Mignon-Grasteau).
20. Combemorel C., 2010. Mise au point pour la caractérisation histologique de cellules du tube digestif impliquées dans la régulation gastrique du poulet. BTS Biotechnologie 1ère année. Lycée J. Monod, 45803 Saint Jean de Braye. (encadrement : N. Rideau)

E.3 Liste des éléments de valorisation

Le projet CHIEF a fourni des premières données dans plusieurs domaines, ce qui a abouti au dépôt de plusieurs projets de recherche visant à approfondir et développer ces premiers résultats.

Afin de confirmer si les résultats obtenus en cage dans le cadre de CHIEF pouvaient être reproduits au sol, nous avons déposé un projet dans le cadre de l'institut Carnot Santé Animale, dans lequel nous avons comparé les performances des animaux D+ et D- au sol, avec deux régimes alimentaires (facile ou difficile à digérer). Afin d'aboutir à une évaluation plus complète en terme de durabilité, nous avons développé de nouvelles collaborations avec l'UMR SENAH à Rennes et avec l'unité ISP de Tours. Ces nouvelles collaborations nous ont permis d'aborder des thèmes absents de CHIEF comme les conséquences d'une bonne ou mauvaise efficacité digestive sur la qualité de l'air ou la sensibilité aux pathogènes majeurs du poulet de chair.
Les premiers résultats obtenus sur le microbiote étaient très encourageants et nous ont également incités à poursuivre dans ce domaine, en déposant un projet de recherche des relations entre efficacité digestive, immunité et microbiote. Ce projet vient d'obtenir un financement au méta-programme GISA. Pour ce projet, nous avons également élargi nos collaborations à l'unité GABI de Jouy-en-Josas, spécialisée dans l'analyse des données de microbiote en lien avec le système immunitaire.

Enfin, dans la plupart des régions QTL détectées, il existe des gènes candidats fonctionnels et positionnels. Pour les deux plus prometteurs, nous avons développé une collaboration avec l'unité LGC à Toulouse visant à séquencer les gènes en question. Pour la plupart des régions cependant, les zones QTL sont encore trop larges et peuvent contenir plusieurs dizaines de gènes candidats. Afin de réduire cette liste, nous avons donc déposé un projet visant à confronter les données de transcriptome et de génotypage, grâce aux échantillons de tissus prélevés au cours de ce projet. Ce projet vient d'obtenir un financement par la profession (AGENAVI).

E.4 Bilan et suivi des personnels recrutés en CDD (hors stagiaires)

Identification				Avant le recrutement sur le projet			Recrutement sur le projet				Après le projet				
Nom et prénom	Sexe H/F	Adresse email (1)	Date des dernières nouvelles	Dernier diplôme obtenu au moment du recrutement	Lieu d'études (France, UE, hors UE)	Expérience prof. Antérieure, y compris post-docs (ans)	Partenaire ayant embauché la personne	Poste dans le projet (2)	Durée missions (mois) (3)	Date de fin de mission sur le projet	Devenir professionnel (4)	Type d'employeur (5)	Type d'emploi (6)	Lien au projet ANR (7)	Valorisation expérience (8)
CHAUDEAU Mylène	F	Mylene.chaudeau@free.fr	Juillet 2013	Licence Professionnelle « Développement et Valorisation des Produits de l'Elevage »	France	7	1	Assistant Ingénieur	18	Juillet 2011	CDD	ITAVI, EFSA, INRA	Technicienne/ Assistante Ingénieur	Non/Non /Oui	Oui
TRAN Thanh-Son	H	Son.tran@tours.inra.fr	Juillet 2013	Master	Hors UE	-	1	Doctorant	18	Septembre 2013	CDI	Université/ Centre International Interdisciplinaire pour la science et l'éducation	Professeur/ Directeur	Non/Non	Oui
KONSAK B.	F	barbkonsak@gmail.com	Juin 2012	Master	Hors UE	-	1	Post-Doctorant	15	Novembre 2011	CDD	Université de Melbourne	Ingénieur	Non	Non

Aide pour le remplissage

(1) Adresse email : indiquer une adresse email la plus pérenne possible

(2) Poste dans le projet : post-doc, doctorant, ingénieur ou niveau ingénieur, technicien, vacataire, autre (préciser)

(3) Durée missions : indiquer en mois la durée totale des missions (y compris celles non financées par l'ANR) effectuées sur le projet

(4) Devenir professionnel : CDI, CDD, chef d'entreprise, encore sur le projet, post-doc France, post-doc étranger, étudiant, recherche d'emploi, sans nouvelles

(5) Type d'employeur : enseignement et recherche publique, EPIC de recherche, grande entreprise, PME/TPE, création d'entreprise, autre public, autre privé, libéral, autre (préciser)

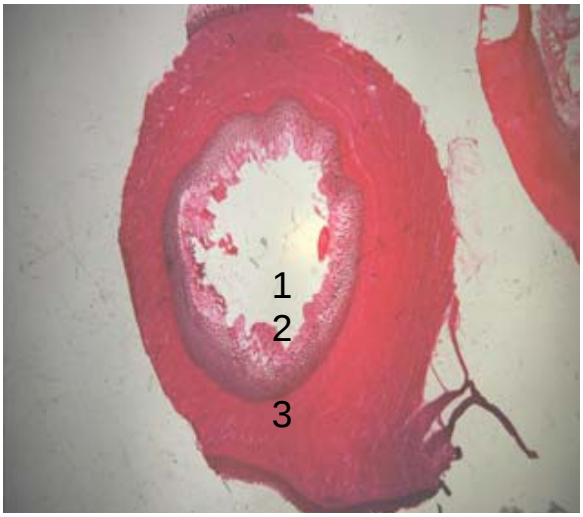
(6) Type d'emploi : ingénieur, chercheur, enseignant-chercheur, cadre, technicien, autre (préciser)

(7) Lien au projet ANR : préciser si l'employeur est ou non un partenaire du projet

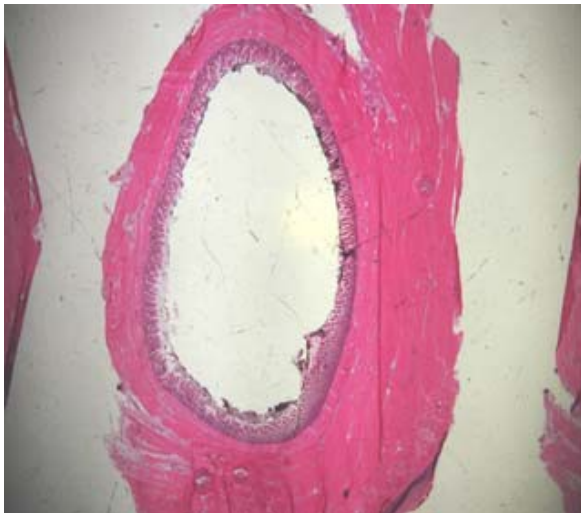
(8) Valorisation expérience : préciser si le poste occupé valorise l'expérience acquise pendant le projet.

Annexe 1. Coupe histologique transversale de l'isthme gésier-proventricule d'animaux D+ (a, b) et D- (c, d) (1 : Epithélium ; 2 : Muscularis mucosae ; 3 : Fibres lisses circulaires)

a.



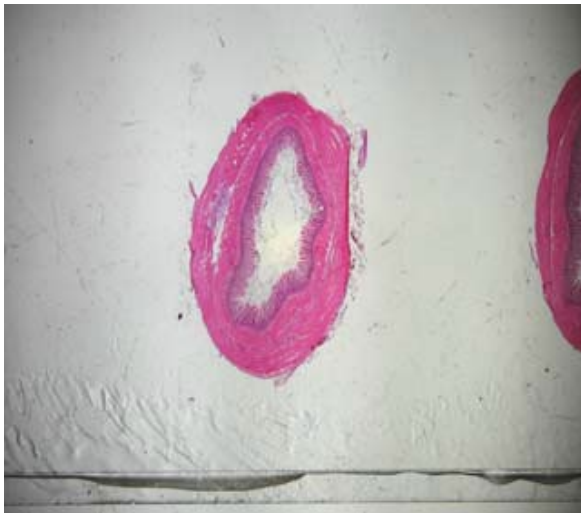
b.



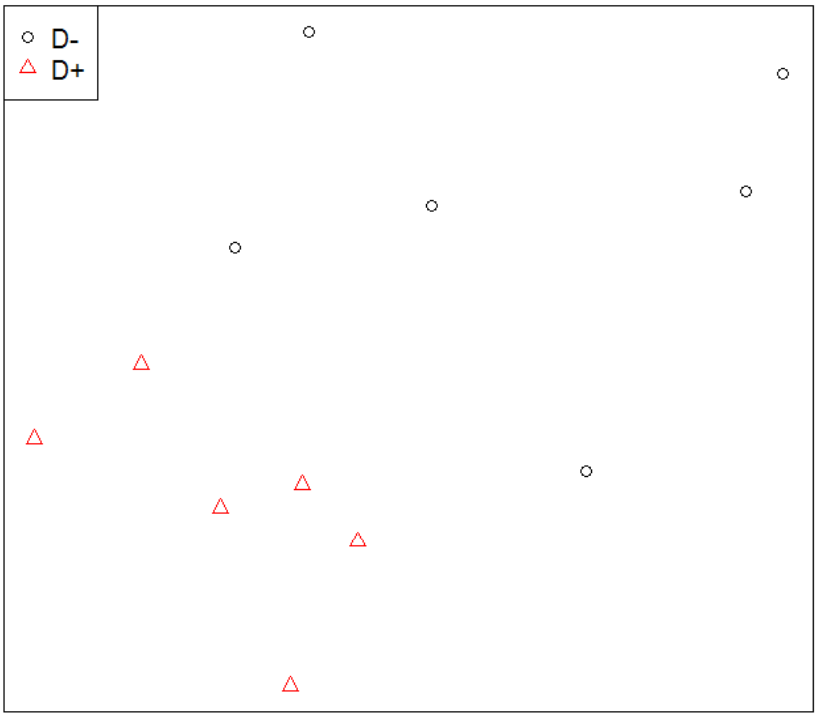
c.



d.



Annexe 2. Représentation graphique par nMDS à deux dimensions des profils TTGE de contenus de caeca des poulets des lignées D+ et D- (Effectuée avec l'index de similarité de Pearson ; Stress de Kruskal : 12,079)



Annexe 3. Statistiques élémentaires sur les caractères de comportement et de croissance enregistrés sur les F2

Description de la variable	Age (j)	Unité	N	Moyenne	Ecart type
Comportement					
Scan sampling d'une heure					
Nombre de séquences pendant lesquelles l'animal est en mouvement	16	-	714	1.864	1.473
Nombre de séquences pendant lesquelles l'animal est couché	16	-	714	1.527	1.832
Nombre de séquences pendant lesquelles l'animal est debout et immobile	16	-	714	8.335	4.115
Nombre de séquences pendant lesquelles l'animal est en train de manger	16	-	714	19.26	5.00
Focal sampling d'une heure pour le comportement alimentaire					
Nombre de « repas » (repas = séquence alimentaire distante de 3 s ou plus de la suivante)	16	-	718	10.84	6.83
Durée moyenne des repas	16	s	712	20.08	12.25
Log(Intervalle moyen entre deux repas successifs)	16	s	703	5.448	0.854
Somme de la durée des repas	16	s	718	187.42	121.61
Longueur du repas le plus long	16	s	712	52.94	41.87
Log(pourcentage de temps passé à manger entre le début du 1er repas et la fin du dernier repas)	16	%	711	2.062	0.737
Tests de sensibilité au stress					
Durée d'immobilité tonique (0 à 300)	13	s	860	66.07	71.08
Nombre d'inductions pour déclencher la réaction d'immobilité tonique (1 à 5)	13	-	860	1.520	0.917
Latence avant le 1er pas en test d'openfield (0 à 300)	15	s	858	34.25	55.22
Croissance					
Poids à l'éclosion	0	g	1353	37.83	3.20
Poids à 9 jours	9	g	1047	135.0	18.7
Poids à 14 jours	14	g	933	175.1	25.4
Poids à 17 jours	17	g	930	244.3	34.3
Poids à 20 jours	20	g	931	334.0	44.9
Poids à 23 jours	23	g	840	451.4	59.3

Annexe 3 (suite). Statistiques élémentaires sur les caractères de consommation et d'efficacité alimentaire et digestivee enregistrés sur les F2

Description de la variable	Age (j)	Unité	N	Moyenne	Ecart type
Consommation alimentaire et efficacité alimentaire					
Consommation brute de 9 à 14 jours	9-14	g	929	116.7	26.8
Consommation brute de 14 à 17 jours	14-17	g	922	116.3	23.3
Consommation brute de 17 à 20 jours	17-20	g	927	158.3	27.7
Consommation brute de 20 à 23 jours	20-23	g	846	196.5	32.6
Consommation brute de 9 à 23 jours	9-23	g	811	586.6	83.9
Consommation brute en 2h30 (durée de réalimentation avant abattage)	23	g	830	24.75	5.27
Consommation en matière sèche de 9 à 14 jours	9-14	g	929	100.7	25.3
Consommation en matière sèche de 14 à 17 jours	14-17	g	920	105.1	21.7
Consommation en matière sèche de 17 à 20 jours	17-20	g	921	143.0	25.9
Consommation en matière sèche de 20 à 23 jours	20-23	g	850	178.4	31.9
Consommation en matière sèche de 9 à 23 jours	9-23	g	819	526.4	81.9
Indice de consommation de 9 à 14 jours	9-14	g	907	3.124	1.098
Indice de consommation de 14 à 17 jours	14-17	g	913	1.745	0.554
Indice de consommation de 17 à 20 jours	17-20	g	924	1.778	0.234
Indice de consommation de 20 à 23 jours	20-23	g	826	1.688	0.329
Indice de consommation de 9 à 23 jours	9-23	g	811	1.860	0.206
Indice de consommation de matière sèche de 9 à 14 jours	9-14	g	891	2.706	0.984
Indice de consommation de matière sèche de 14 à 17 jours	14-17	g	910	1.527	0.246
Indice de consommation de matière sèche de 17 à 20 jours	17-20	g	918	1.621	0.346
Indice de consommation de matière sèche de 20 à 23 jours	20-23	g	830	1.545	0.381
Indice de consommation de matière sèche de 9 à 23 jours	9-23	g	819	1.674	0.208
Efficacité digestive					
Energie métabolisable corrigée pour un bilan azoté nul	17-20	kcal/kg ms	857		
Coefficient d'utilisation digestive de l'amidon	17-20	%	857	95.96	4.85
Coefficient d'utilisation digestive des lipides	17-20	%	857	76.89	12.14
Coefficient d'utilisation digestive des protéines, méthode urique	17-20	%	857	81.70	3.89
Coefficient d'utilisation digestive de la matière sèche	17-20	%	857	70.11	4.78

Description de la variable	Age (j)	Unité	N	Moyenne	Ecart type
Anatomie du tractus digestif et composition corporelle					
Poids du duodénum rapporté au poids vif	23	g :g	800	1.442	0.317
Poids du jéjunum rapporté au poids vif	23	g :g	801	2.317	0.322
Poids de l'iléum rapporté au poids vif	23	g :g	801	1.598	0.263
Poids du gésier rapporté au poids vif	23	g :g	802	2.037	0.369
Poids du proventricule rapporté au poids vif	23	g :g	803	0.800	0.240
Rapport du poids du proventricule sur le poids du gésier	23	g :g	805	0.395	0.098
Poids du gras abdominal rapporté au poids vif	23	g :g	804	0.466	0.188
Poids du filet rapporté au poids vif	23	g :g	803	4.172	1.774
Poids du duodénum rapporté à la consommation alimentaire brute de 9 à 23 jours	23	g :g	773	1.077	0.248
Poids du jéjunum rapporté à la consommation alimentaire brute de 9 à 23 jours	23	g :g	774	1.725	0.252
Poids de l'iléum rapporté à la consommation alimentaire brute de 9 à 23 jours	23	g :g	774	1.186	0.182
Poids du gésier rapporté à la consommation alimentaire brute de 9 à 23 jours	23	g :g	775	1.522	0.327
Poids du proventricule rapporté à la consommation alimentaire brute de 9 à 23 jours	23	g :g	776	0.594	0.185
Poids du gras abdominal rapporté à la consommation alimentaire brute de 9 à 23 jours	23	g :g	777	0.351	0.142
Poids du filet rapporté à la consommation alimentaire brute de 9 à 23 jours	23	g :g	776	3.128	1.383
Longueur du duodénum rapportée au poids vif	23	cm :g	803	0.056	0.009
Longueur du jéjunum rapportée au poids vif	23	cm :g	801	0.109	0.016
Longueur de l'iléum rapportée au poids vif	23	cm :g	801	0.094	0.015
Rapport du poids sur la longueur du duodénum	23	g :cm	803	0.262	0.054
Rapport du poids sur la longueur du jéjunum	23	g :cm	803	0.215	0.034
Rapport du poids sur la longueur de l'iléum	23	g :cm	803	0.173	0.032
Rapport du poids du proventricule et du gésier sur celui de l'intestin	23	g :g	797	0.539	0.130
Poids de l'intestin (duodénum+jéjunum+iléum) rapporté au poids vif	23	g :g	796	5.35	0.70
Poids de l'intestin (duodénum+jéjunum+iléum) rapporté à la consommation alimentaire brute de 9 à 23 jours	23	g :g	769	3.99	0.55

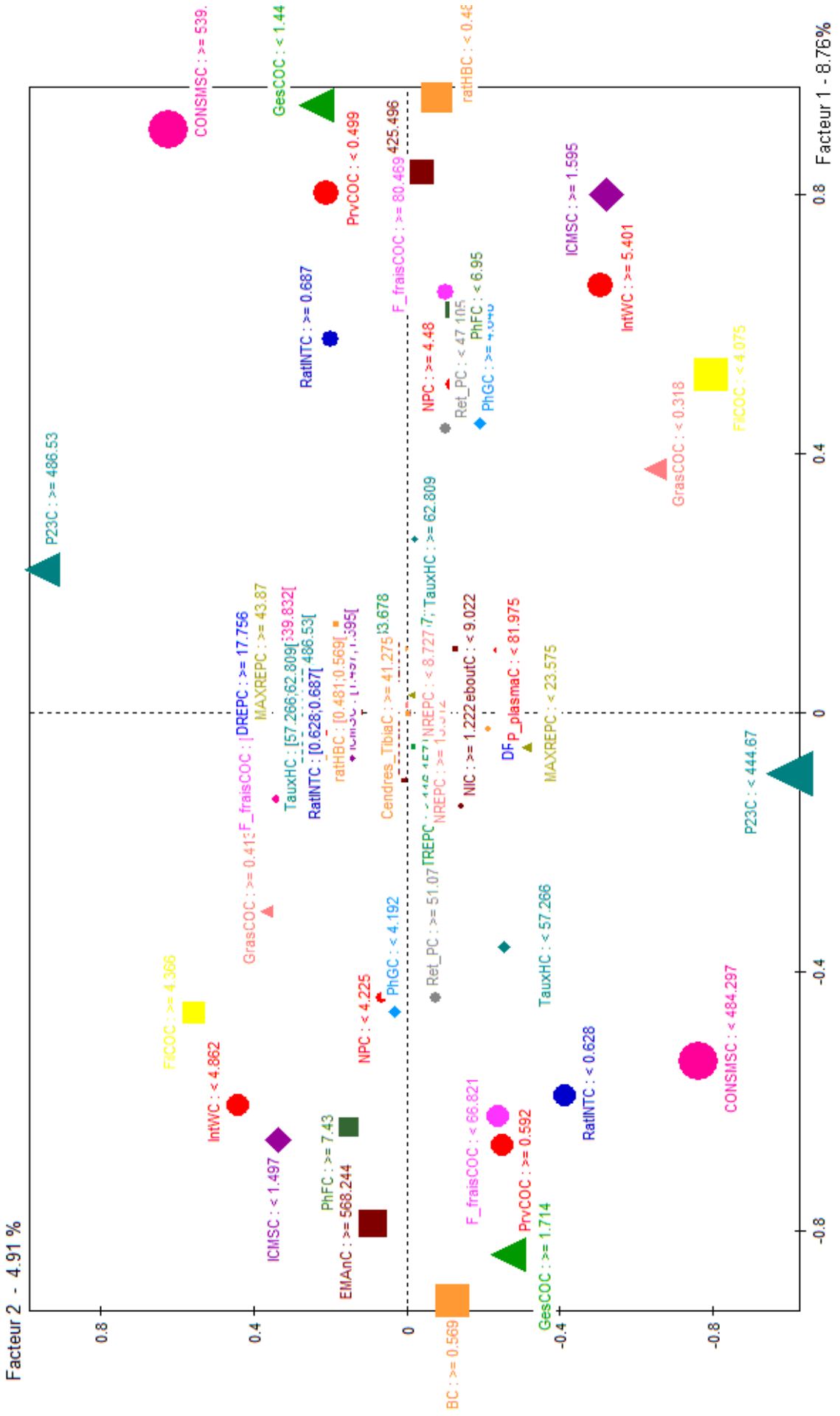
Annexe 3 (suite). Statistiques élémentaires sur les caractères de rejets, de métabolisme du phosphore et de développement osseux enregistrés sur les F2

Description de la variable	Age (j)	Unité	N	Moyenne	Ecart type
Caractéristiques des fientes					
pH des fientes	21	-	856	6.48	0.64
pH du contenu de jéjunum	23	-	798	6.268	0.189
pH du contenu du gésier	23	-	667	3.83	0.60
Poids total de fientes fraîches	17-20	g	854	119.53	55.34
Poids total de fientes lyophilisées	17-20	g	856	46.768	13.009
Poids total de fientes fraîches rapporté à la consommation alimentaire de 17 à 20 jours	17-20	g	849	76.03	29.34
Poids total de fientes lyophilisées rapporté à la consommation alimentaire de 17 à 20 jours	17-20	g	846	33	5
Taux d'humidité dans les fientes	17-20	%	851	61.02	11.00
Equilibre entre azote et phosphore dans les fientes	17-20	g:g	865	4.30	0.41
Métabolisme du phosphore et développement osseux					
Concentration plasmatique en phosphore	23	mg/l	819	71.09	8.30
Charge maximale de compression du tibia	23	n	826	88.32	18.91
Diamètre du tibia	23	mm	826	4.469	0.414
Longueur du tibia	23	mm	825	64.57	3.30
Volume du tibia [(p/4)xdiam_tibiaxlg_tibia]	23	mm^3	825	1028	224
Taux de matières sèches dans le tibia	23	%	826	39.61	1.44
Taux de cendres dans le tibia	23	%	827	39.72	1.80
Taux de rétention du phosphore [100x(Ingéré-Excrété)/Ingéré]	23	%	862	47.05	6.12

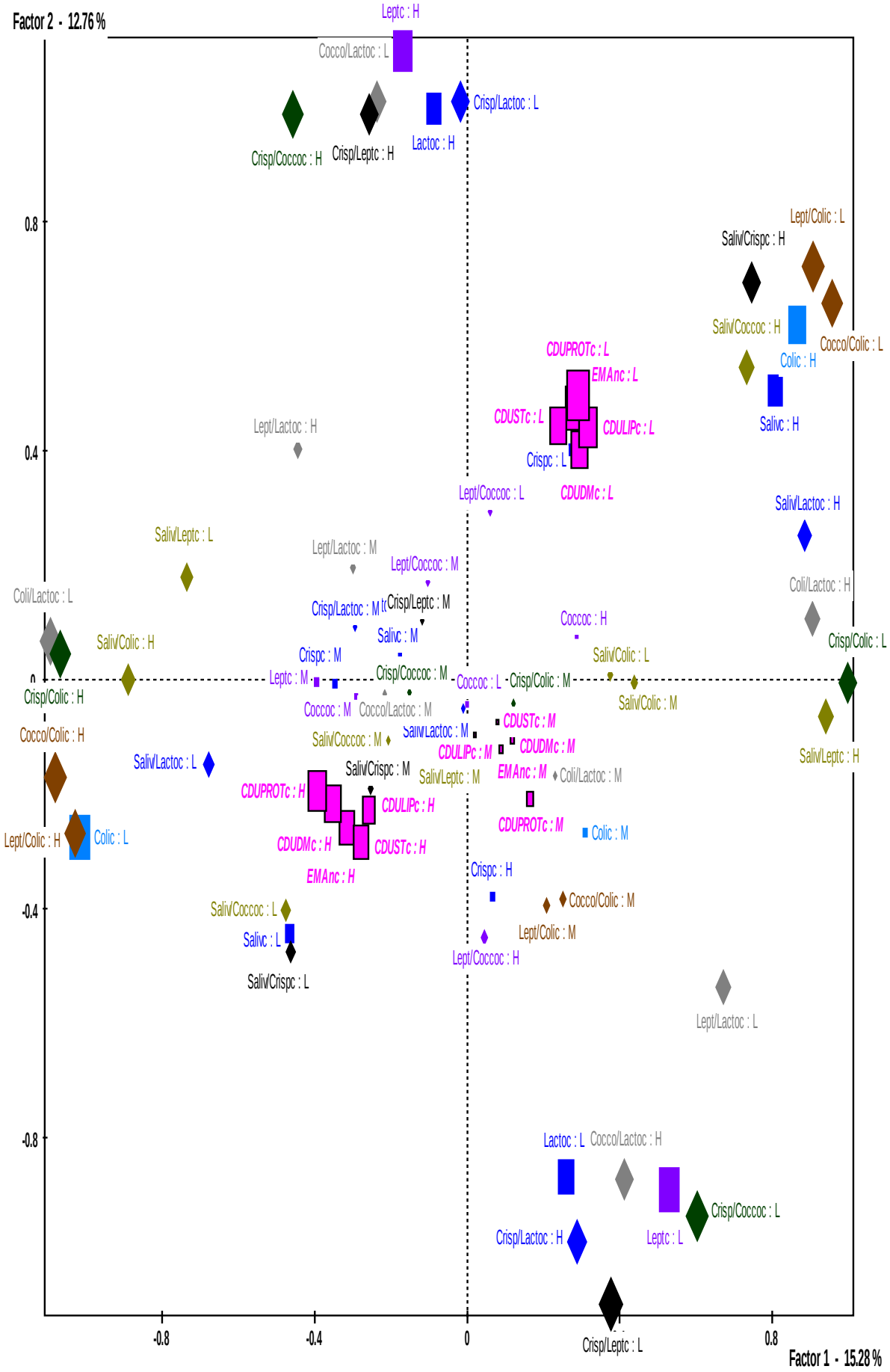
Annexe 3 (suite). Statistiques élémentaires sur la composition du microbiote intestinal enregistrés sur des animaux F2 d'indice de consommation extrême

Description de la variable	Age (j)	Unité	N	Moyenne	Ecart type
Composition du microbiote intestinal					
All Bacteria	23	Nb copies/g contenu	142	1.37E+12	6.72E+11
Lactobacillus	23	Nb copies/g contenu	143	2.23E+11	2.65E+11
L. salivarius	23	Nb copies/g contenu	143	1.41E+11	6.06E+11
L. crispatus	23	Nb copies/g contenu	142	2.90E+11	4.46E+11
C. leptum	23	Nb copies/g contenu	143	1.14E+11	7.02E+10
C. coccoides	23	Nb copies/g contenu	142	1.06E+11	9.19E+10
E. coli	23	Nb copies/g contenu	143	4.99E+10	9.29E+10
L. salivarius/ L. crispatus	23	-	142	0.53	107.17
L. salivarius / Lactobacillus	23	-	143	0.48	0.90
L. salivarius / C. leptum	23	-	143	32.24	1293.89
L. salivarius / C. coccoides	23	-	142	4.99	3765.21
L. salivarius / E. coli	23	-	143	77.43	465.34
L. crispatus / Lactobacillus	23	-	142	1.32	0.59
L. crispatus / C. leptum	23	-	142	52.55	1225.18
L. crispatus / C. coccoides	23	-	141	9.84	4710.32
L. crispatus / E. coli	23	-	142	109.09	676.64
C. leptum / Lactobacillus	23	-	143	1.33	1.38
C. leptum / C. coccoides	23	-	142	1.30	0.97
C. leptum / E. coli	23	-	143	61.40	156.50
C. Coccoides / Lactobacillus	23	-	142	1.11	1.69
C. Coccoides / E. coli	23	-	142	46.50	130.57
Lactobacillus/ E. coli	23	-	143	77.43	465.34

Annexe 4. Analyse multifactorielle illustrant le lien entre l'efficacité digestive et les autres caractères mesurés dans le projet



Annexe 5. Analyse multifactorielle illustrant le lien entre composition du microbiote et efficacité digestive



Annexe 6. Paramètres génétiques (héritabilité et corrélations génétiques avec l'efficacité digestive) des caractères mesurés sur les animaux F2 (efficacité alimentaire, consommation alimentaire, croissance, métabolisme du phosphore, développement osseux, composition corporelle et rejets)

Caractères	Nombre d'estimations	h²	Corrélations génétiques avec				
			EMAn	CUD de la matière sèche	CUD de l'amidon	CUD des lipides	CUD des protéines
Efficacité digestive							
EMAn	740	0.359+0.063	-	0.980+0.014	0.826+0.055	0.908+0.036	0.879+0.058
Coefficient d'utilisation digestive de la matière sèche	39	0.290+0.053	0.980+0.014	-	0.932+0.025	0.798+0.059	0.879+0.053
Coefficient d'utilisation digestive de l'amidon	36	0.331+0.064	0.826+0.055	0.932+0.025	-	0.609+0.104	0.779+0.065
Coefficient d'utilisation digestive des lipides	38	0.287+0.063	0.908+0.036	0.798+0.059	0.609+0.104	-	0.743+0.090
Coefficient d'utilisation digestive des protéines	38	0.395+0.069	0.879+0.058	0.879+0.053	0.779+0.065	0.743+0.090	-
Efficacité et consommation alimentaire							
Consommation alimentaire brute de 17 à 20 j	35	0.384+0.072	-0.831+0.069	-0.872+0.067	-0.813+0.070	-0.631+0.136	-0.904+0.049
Consommation alimentaire brute de 9 à 23 j	32	0.444+0.075	-0.769+0.075	-0.812+0.085	-0.740+0.098	-0.551+0.150	-0.866+0.063
Consommation alimentaire en matière sèche de 17 à 20 j	37	0.348+0.067	-0.826+0.071	-0.863+0.071	-0.768+0.090	-0.596+0.137	-0.892+0.049
Consommation alimentaire en matière sèche de 9 à 23 j	37	0.419+0.704	-0.755+0.071	-0.821+0.084	-0.760+0.096	-0.552+0.149	-0.870+0.060
Indice de consommation brut de 17 à 20 j	35	0.289+0.066	-0.870+0.072	-0.903+0.070	-0.823+0.075	-0.801+0.076	-0.690+0.085
Indice de consommation brut de 9 à 23 j	32	0.428+0.075	-0.939+0.041	-0.971+0.031	-0.818+0.070	-0.886+0.052	-0.741+0.069
Indice de consommation en matière sèche de 17 à 20 j	35	0.273+0.065	-0.833+0.087	-0.876+0.079	-0.795+0.090	-0.760+0.097	-0.624+0.114
Indice de consommation en matière sèche de 9 à 23 j	35	0.423+0.084	-0.939+0.042	-0.995+0.009	-0.848+0.065	-0.887+0.057	-0.764+0.076
Métabolisme du phosphore et développement osseux							
Taux de cendres dans le tibia	66	0.616+0.067	-0.218+0.129	-0.299+0.134	-0.474+0.128	0.068+0.109	-0.162+0.141
Charge Maximum avant rupture du tibia	58	0.445+0.067	-0.250+0.162	-0.336+0.167	-0.438+0.156	-0.161+0.174	-0.452+0.141
Diamètre du tibia	58	0.421+0.069	-0.171+0.162	-0.211+0.169	-0.257+0.159	-0.066+0.162	-0.338+0.150
Longueur du tibia	58	0.476+0.078	-0.311+0.113	-0.254+0.176	-0.184+0.160	-0.235+0.172	-0.470+0.137
Volume du tibia	64	0.447+0.059	-0.182+0.146	-0.246+0.143	-0.314+0.104	0.025+0.112	-0.367+0.166
Taux de matière sèche du tibia	65	0.453+0.062	0.010+0.133	0.001+0.133	-0.058+0.142	-0.085+0.112	-0.071+0.187
Concentration plasmatique en phosphore	58	0.059+0.033	-0.301+0.239	-0.122+0.173	0.099+0.207	-0.712+0.153	-0.227+0.157
Proportion de phosphore retenu	66	0.086+0.041	0.626+0.246	0.573+0.178	0.635+0.175	0.389+0.224	0.269+0.302
Composition corporelle et qualité de la viande							
Poids du filet / Poids vif	43	0.213+0.067	0.083+0.215	0.142+0.234	0.275+0.198	0.100+0.231	0.080+0.209
Poids de gras abdominal / Poids vif	44	0.181+0.048	0.370+0.152	0.279+0.199	0.261+0.075	0.502+0.189	0.351+0.206
Poids du filet / Consommation alimentaire	49	0.254+0.068	0.901+0.081	0.909+0.104	0.832+0.086	0.961+0.046	0.828+0.102
Poids de gras abdominal / Consommation alimentaire	49	0.250+0.065	0.557+0.140	0.442+0.159	0.401+0.202	0.716+0.148	0.457+0.220
Croissance							
Poids à l'éclosion	34	0.591+0.088	-0.327+0.203	-0.385+0.295	-0.493+0.142	-0.498+0.188	-0.442+0.173
Poids à 9 j	32	0.261+0.073	-0.434+0.273	-0.512+0.199	-0.539+0.128	0.828+0.057	0.743+0.067
Poids à 23 j	740	0.236+0.064	-0.255+0.174	-0.341+0.200	-0.239+0.142	-0.066+0.143	-0.470+0.121
Rejets							
Poids des fientes fraîches	54	0.184+0.056	-0.691+0.137	-0.722+0.150	-0.743+0.111	-0.590+0.100	-0.855+0.088
Poids des fientes sèches	55	0.395+0.080	-0.933+0.034	-0.964+0.021	-0.898+0.038	-0.767+0.065	-0.929+0.028
Poids des fientes fraîches / Consommation alimentaire	60	0.131+0.029	-0.484+0.123	-0.514+0.271	-0.477+0.253	-0.514+0.115	-0.580+0.085
Poids des fientes sèches /Consommation alimentaire	58	0.280+0.037	-0.973+0.016	-0.998+0.001	-0.933+0.018	-0.811+0.038	-0.885+0.032
pH des fientes	55	0.458+0.082	0.782+0.164	0.736+0.131	0.625+0.083	0.966+0.058	0.758+0.093
pH du contenu du gésier	55	0.271+0.057	-0.796+0.078	-0.770+0.079	-0.664+0.095	-0.864+0.090	-0.719+0.079
pH du contenu du jéjunum	54	0.120+0.040	0.511+0.156	0.447+0.175	0.416+0.180	0.482+0.218	0.642+0.166
Ratio "N/P" dans les fientes	58	0.289+0.061	-0.846+0.161	-0.823+0.077	-0.944+0.062	-0.653+0.062	-0.790+0.074
Taux d'humidité dans les fientes	58	0.255+0.049	-0.086+0.135	-0.061+0.356	-0.063+0.227	-0.197+0.238	-0.237+0.086
Anatomie du tractus digestif							
Poids du proventricule / Poids vif	43	0.302+0.074	0.753+0.162	0.901+0.049	0.834+0.058	0.680+0.103	0.840+0.077
Poids du gésier / Poids vif	42	0.625+0.080	0.587+0.110	0.664+0.116	0.566+0.093	0.424+0.144	0.739+0.099
Poids de l'intestin / Poids vif	44	0.201+0.053	-0.536+0.126	-0.575+0.101	-0.429+0.074	-0.634+0.111	-0.433+0.079
Poids du duodénum / Poids vif	39	0.206+0.055	-0.215+0.136	-0.086+0.145	0.125+0.212	-0.311+0.102	-0.019+0.102
Poids du jéjunum / Poids vif	40	0.159+0.041	-0.683+0.147	-0.726+0.157	-0.635+0.121	-0.688+0.112	-0.602+0.079
Poids de l'iléum / Poids vif	40	0.182+0.045	-0.548+0.115	-0.538+0.150	-0.511+0.146	-0.605+0.119	-0.442+0.095
Poids du proventricule / Consommation alimentaire	46	0.427+0.073	0.882+0.148	0.942+0.028	0.866+0.070	0.768+0.090	0.898+0.047
Poids du gésier / Consommation alimentaire	45	0.639+0.076	0.810+0.072	0.863+0.058	0.745+0.060	0.664+0.079	0.885+0.046
Poids de l'intestin / Consommation alimentaire	46	0.225+0.055	0.369+0.139	0.347+0.134	0.449+0.106	0.205+0.128	0.343+0.111
Poids du duodénum / Consommation alimentaire	43	0.203+0.068	0.409+0.156	0.500+0.206	0.567+0.159	0.261+0.128	0.464+0.142
Poids du jéjunum / Consommation alimentaire	44	0.162+0.050	0.307+0.169	0.293+0.250	0.300+0.213	0.218+0.110	0.330+0.165
Poids de l'iléum / Consommation alimentaire	44	0.171+0.051	0.294+0.147	0.279+0.213	0.277+0.236	0.155+0.132	0.281+0.170
Lonngueur du duodénum	50	0.442+0.075	0.003+0.140	0.090+0.144	0.084+0.205	-0.190+0.167	0.245+0.195
Longueur du jéjunum	51	0.319+0.066	-0.238+0.097	-0.092+0.102	-0.032+0.194	-0.461+0.180	-0.005+0.205
Longueur de l'iléum	51	0.334+0.058	-0.175+0.129	-0.058+0.119	-0.060+0.168	-0.405+0.163	0.011+0.194
Poids de l'intestin / Longueur de l'intestin	11	0.302+0.060	-0.266+0.119	-0.476+0.083	-0.429+0.162	-0.077+0.108	-0.609+0.186
Poids du duodénum / Longueur du duodénum	51	0.195+0.049	-0.175+0.122	-0.254+0.147	-0.030+0.109	-0.025+0.087	-0.317+0.148
Poids du jéjunum / Longueur du jéjunum	52	0.163+0.044	-0.323+0.121	-0.482+0.089	-0.496+0.126	-0.044+0.098	-0.487+0.124
Poids de l'iléum / Longueur de l'iléum	52	0.272+0.059	-0.208+0.069	-0.317+0.089	-0.321+0.083	-0.018+0.087	-0.411+0.133
Poids du proventricule/Poids du gésier	54	0.217+0.060	0.356+0.129	0.403+0.101	0.456+0.113	0.408+0.149	0.220+0.126
Poids de "Proventricule+Gésier"/Poids de l'intestin	54	0.439+0.072	0.832+0.096	0.885+0.048	0.726+0.052	0.722+0.091	0.889+0.047

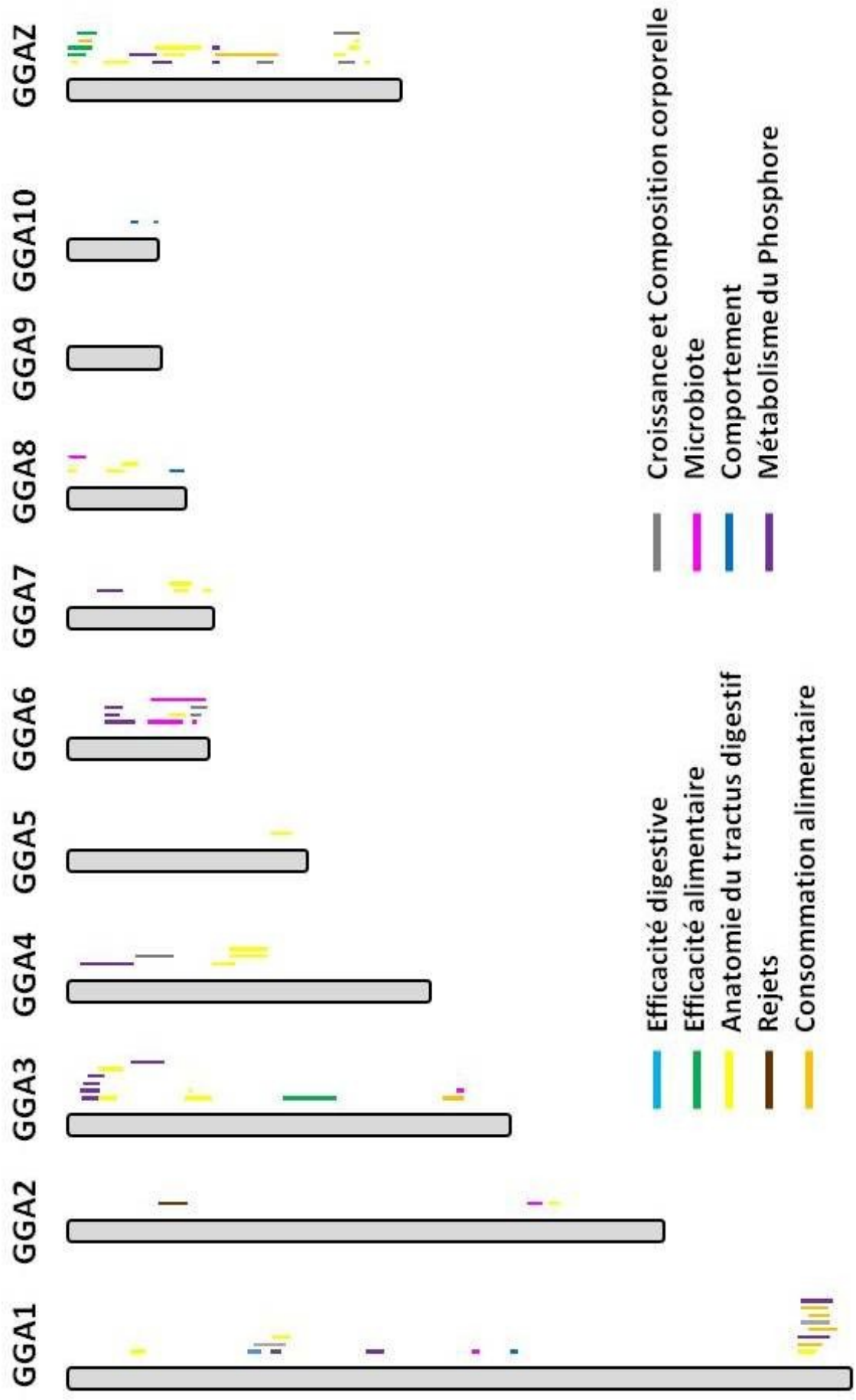
Annexe 6 (suite). Paramètres génétiques (héritabilité et corrélations génétiques avec l'efficacité digestive) des caractères de comportement mesurés sur les animaux F2

Caractères	Nombre d'estimations	h^2	Corrélations génétiques avec				
			EMAn	CUD de la matière sèche	CUD de l'amidon	CUD des lipides	CUD des protéines
Comportement							
Scan sampling à différents âges							
Proportion de temps passé couché	21	0.078+0.039	-0.034+0.213	-0.169+0.287	-0.128+0.213	0.128+0.225	0.112+0.206
Proportion de temps passé debout	22	0.060+0.036	-0.116+0.258	0.028+0.469	-0.022+0.181	-0.466+0.157	-0.089+0.142
Proportion de temps passé à manger	22	0.064+0.029	0.861+0.190	0.950+0.088	0.827+0.125	0.906+0.073	0.793+0.126
Proportion de temps passé en mouvement	20	0.092+0.036	-0.268+0.193	-0.256+0.221	-0.216+0.138	-0.159+0.203	-0.515+0.118
Tests de sensibilité au stress							
Nombre d'inductions (test d'immobilité tonique)	31	0.176+0.051	0.514+0.192	0.567+0.133	0.564+0.107	0.484+0.133	0.544+0.114
Durée d'immobilité tonique	30	0.192+0.050	-0.718+0.131	-0.772+0.115	-0.914+0.044	-0.432+0.104	-0.776+0.069
Latence avant le 1er pas en openfield	30	0.080+0.031	-0.145+0.178	-0.235+0.248	-0.277+0.103	-0.085+0.107	0.219+0.106
Vidéo de comportement alimentaire (1 h)							
Nombre de repas	27	0.073+0.034	0.229+0.220	0.400+0.284	0.075+0.207	0.286+0.200	-0.216+0.168
Durée moyenne des repas	26	0.124+0.045	-0.271+0.170	-0.208+0.310	0.191+0.158	-0.192+0.159	0.234+0.185
Durée maximale des repas	27	0.139+0.046	-0.118+0.166	0.021+0.270	0.252+0.092	-0.060+0.106	0.249+0.113
Durée totale des repas	27	0.035+0.022	0.104+0.288	0.253+0.310	0.330+0.247	0.263+0.197	0.169+0.267
Durée moyenne des intervalles entre repas	25	0.083+0.038	-0.086+0.233	-0.231+0.306	-0.069+0.132	-0.044+0.149	0.239+0.135
Pourcentage de temps consacré au repas	26	0.053+0.033	0.140+0.264	0.334+0.291	0.448+0.336	-0.100+0.315	-0.002+0.394

Annexe 7. Paramètres génétiques (héritabilité et corrélations génétiques avec l'efficacité digestive) des caractères de composition du microbiote intestinal mesurés sur des animaux F2 d'indice de consommation élevé ou faible.

Caractères	Nombre d'estimations	h^2	Corrélations génétiques avec				
			EMAn	CUD de la matière sèche	CUD de l'amidon	CUD des lipides	CUD des protéines
Composition du microbiote intestinal							
L. salivarius	1	0.048 ± 0.071	-0.084 ± 0.526	-0.333 ± 0.409	0.095 ± 0.639	-0.543 ± 0.572	**-0.672 ± 0.269**
L. crispatus	1	0.080 ± 0.058	0.235 ± 0.589	**0.764 ± 0.388**	-0.108 ± 0.623	0.230 ± 0.593	-0.255 ± 0.617
Lactobacillus	1	0.067 ± 0.069	-0.428 ± 0.355	0.043 ± 0.413	**-0.599 ± 0.275**	-0.553 ± 0.453	**-0.850 ± 0.235**
C. leptum	1	0.155 ± 0.134	0.212 ± 0.156	**0.508 ± 0.184**	-0.377 ± 0.233	-0.152 ± 0.197	-0.035 ± 0.452
C. coccoides	1	0.037 ± 0.082	**0.476 ± 0.176**	**0.503 ± 0.206**	0.267 ± 0.226	-0.063 ± 0.347	-0.278 ± 0.850
E. coli	1	0.164 ± 0.109	-0.175 ± 0.207	**-0.658 ± 0.252**	-0.027 ± 0.310	**-0.642 ± 0.289**	-0.061 ± 0.614
L. salivarius/L. crispatus	1	0.150 ± 0.159	-0.221 ± 1.545	-0.710 ± 0.965	0.080 ± 1.575	-0.605 ± 1.435	-0.408 ± 0.669
L. salivarius/Lactobacillus	1	0.067 ± 0.056	0.242 ± 0.304	-0.337 ± 0.324	0.531 ± 0.368	-0.111 ± 0.442	0.041 ± 0.764
L. salivarius/C. leptum	1	0.080 ± 0.100	-0.095 ± 0.531	-0.391 ± 0.499	0.307 ± 0.601	-0.285 ± 0.671	-0.579 ± 0.319
L. salivarius/C. coccoides	1	0.019 ± 0.044	-0.180 ± 0.741	-0.391 ± 0.767	0.075 ± 0.835	-0.501 ± 0.799	-0.736 ± 0.391
L. salivarius/E. coli	1	0.057 ± 0.065	0.202 ± 0.602	0.691 ± 0.414	0.067 ± 0.664	0.505 ± 0.604	-0.302 ± 0.738
L. crispatus/Lactobacillus	1	**0.179 ± 0.108**	0.651 ± 0.389	**0.958 ± 0.151**	0.340 ± 0.538	**0.780 ± 0.323**	0.483 ± 0.469
L. crispatus/C. leptum	1	0.077 ± 0.049	0.192 ± 0.663	0.756 ± 0.428	-0.036 ± 0.688	0.342 ± 0.616	-0.278 ± 0.599
L. crispatus/C. coccoides	1	**0.136 ± 0.077**	0.233 ± 0.499	**0.803 ± 0.297**	-0.064 ± 0.575	0.410 ± 0.479	-0.044 ± 0.570
L. crispatus/E. coli	1	**0.235 ± 0.094**	0.102 ± 0.378	**0.694 ± 0.295**	-0.111 ± 0.425	0.522 ± 0.481	-0.044 ± 0.681
C. leptum / Lactobacillus	1	0.086 ± 0.065	0.575 ± 0.311	**0.274 ± 0.292**	0.367 ± 0.274	0.494 ± 0.431	**0.960 ± 0.282**
C. leptum/C. coccoides	1	0.126 ± 0.136	-0.346 ± 0.611	0.069 ± 0.525	-0.754 ± 0.477	-0.213 ± 0.715	-0.053 ± 0.568
C. leptum/E. coli	1	**0.207 ± 0.055**	0.168 ± 0.238	**0.702 ± 0.226**	-0.172 ± 0.284	**0.528 ± 0.257**	0.043 ± 0.520
C. coccoides/Lactobacillus	1	**0.102 ± 0.058**	**0.638 ± 0.151**	0.116 ± 0.184	0.758 ± 0.392	0.559 ± 0.460	0.749 ± 0.523
C. coccoides/E. coli	1	**0.156 ± 0.076**	0.294 ± 0.369	**0.765 ± 0.271**	0.045 ± 0.403	**0.674 ± 0.302**	0.142 ± 0.352
E. coli/Lactobacillus	1	0.208 ± 0.135	0.021 ± 0.461	-0.597 ± 0.399	0.223 ± 0.486	-0.380 ± 0.426	0.258 ± 0.597

Annexe 8. Position des QTL détectés sur les macro-chromosomes



Annexe 9. Position des QTL détectés sur les micro-chromosomes et nano-chromosomes

