Paramètres génétiques le long des spectres NIRS

Christel Marie Etancelin, Zulma Vitezica, Christèle Robert-Granié, Xavier Fernandez, Laurent Bonnal, Denis Bastianelli

▶ **To cite this version:**

Christel Marie Etancelin, Zulma Vitezica, Christèle Robert-Granié, Xavier Fernandez, Laurent Bonnal, et al.. Paramètres génétiques le long des spectres NIRS. Réunion du Groupes Palmipèdes, Nov 2011, Bordeaux, France. 1 page. hal-02811197

HAL Id: hal-02811197
https://hal.inrae.fr/hal-02811197

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.

PARAMETRES GENETIQUES LE LONG DES SPECTRES NIRS

Christel Marie-Etancelin[1], Zulma Vitezica[2], C. Robert-Granié[1], Xavier Fernandez[2], Laurent Bonnal[3], Denis Bastianelli[3]

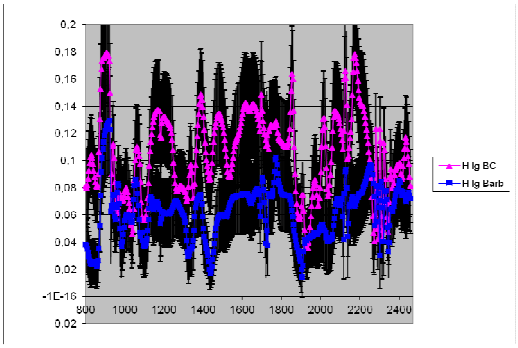
[1] INRA UR631, SAGA, BP 52627, 31326 Castanet Tolosan

[2] INRA-ENVT-INPT/ENSAT UMR1289, TANDEM, 31326 Castanet-Tolosan

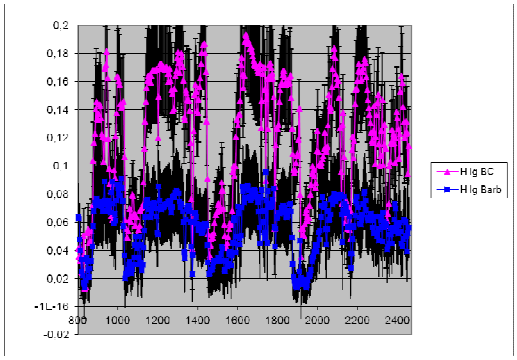
[3] CIRAD UMR0868, SELMET, 34 398 Montpellier Cedex 5

Dans le cadre du dispositif QTL, nous avons entrepris une analyse génétique le long du spectre NIRS sur les foies gras en relation avec leurs taux de fonte. Nous nous sommes concentrés sur les foies de poids compris entre 300g et 830g avec un taux de fonte estimé par stérilisation d'une boite de 60g. Les spectres NIRS composés initialement d'environ 1600 longueurs d'ondes, ont été résumés par des spectres de 400 mesures, soit un point tous les 4 nanomètres. Les taux de fonte et les spectres FOSS NIRSystem 6500 (sur les échantillons broyés) et ASD LAbspec (sur les surfaces des foies) de 1418 foies gras ont été analysés par Gibbs Sampling en multicaractères (longueur d'onde et taux de fonte) en combinant les pedigrees des 2 populations parentes (commune et Barbarie).

Les graphiques 1 et 2 représentent les variations d'héritabilités des longueurs d'onde le long du spectre, respectivement dans les populations communes et Barbarie, pour des acquisitions avec appareils FOSS versus ASD. Les héritabilités fluctuent entre 0,05 et 0,19 avec des valeurs sensiblement plus élevées coté commun que Barbarie, conformément à ce que nous avions déjà vu sur d'autres caractères du mulard. Les spectres FOSS et ASD présentent des profils d'héritabilités très différents certainement liés à l'état de l'échantillon mesuré.

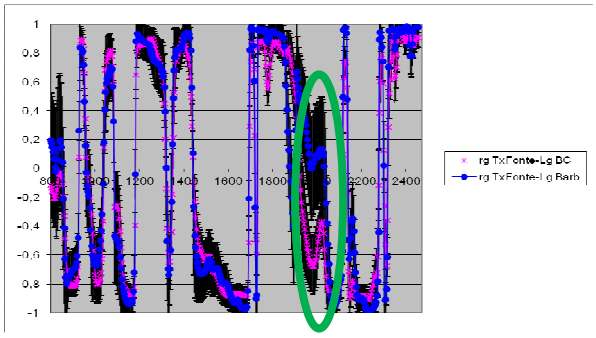


Graphique 1 : FOSS

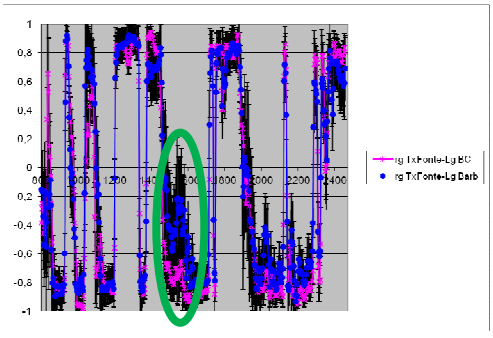


Graphique 2 : ASD

Les corrélations génétiques entre le taux de fonte et la longueur d'onde le long des spectres (graphiques 3 et 4) sont par contre sensiblement analogues entre FOSS et ASD : les mêmes plages de longueurs d'onde sont liées à la fonte. De plus, intra système d'acquisition, on observe une grande similarité des estimations réalisées dans les 2 populations parentales, hormis une zone de discordance spécifique à chacun des spectres.



Graphique 3 : FOSS



Graphique 4 : ASD