



**HAL**  
open science

## Déterminisme génétique de l'état des réserves corporelles par l'épaisseur de tissu adipeux dorsal chez la poule pondeuse

Nicolas Bédère, Joëlle Dupont, Yannick Baumard, Christophe Staub, David Gourichon, Frédéric Elleboudt, Pascale Le Roy, Tatiana Zerjal

### ► To cite this version:

Nicolas Bédère, Joëlle Dupont, Yannick Baumard, Christophe Staub, David Gourichon, et al.. Déterminisme génétique de l'état des réserves corporelles par l'épaisseur de tissu adipeux dorsal chez la poule pondeuse. 15. Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras (JRAPFG), ITAVI, Mar 2024, Tours, France. pp.206, <10.1016/j.anscip.2024.06.040>. <hal-05135582>

**HAL Id: hal-05135582**

**<https://hal.inrae.fr/hal-05135582v1>**

Submitted on 30 Jun 2025

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.



Distributed under a Creative Commons CC BY 4.0 - Attribution - International License

# DÉTERMINISME GÉNÉTIQUE DE L'ÉTAT DES RÉSERVES CORPORELLES PAR L'ÉPAISSEUR DE TISSU ADIPEUX DORSAL CHEZ LA POULE PONDEUSE

Nicolas Bédère<sup>1</sup>, Joëlle Dupont<sup>2</sup>, Yannick Baumard<sup>3</sup>, Christophe Staub<sup>4</sup>,  
David Gourichon<sup>3</sup>, Frédéric Elleboudt<sup>5</sup>, Pascale Le Roy<sup>1</sup>, Tatiana Zerjal<sup>6</sup>

<sup>1</sup> PEGASE, INRAE, Institut Agro, 35590, Saint Gilles, France

<sup>2</sup> CNRS, IFCE, INRAE, Université de Tours, PRC, 37380, Nouzilly, France

<sup>3</sup> INRAE, PEAT, 37380, Nouzilly, France

<sup>4</sup> INRAE, PAO, 37380, Nouzilly, France

<sup>5</sup> INRAE, Université de Tours, CHU de Tours, Plate-forme PIXANIM, Nouzilly, France

<sup>6</sup> Université Paris-Saclay, INRAE, AgroParisTech, GABI, 78350, Jouy-en-Josas, France

[nicolas.bedere@inrae.fr](mailto:nicolas.bedere@inrae.fr)

## RÉSUMÉ

Dans cette étude, nous proposons de premièrement de tester et valider le phénotypage de l'épaisseur du tissu adipeux dorsal (TAd) comme indicateur de l'engraissement chez la poule pondeuse ; deuxièmement, estimer les paramètres génétiques du TAd ; troisièmement, étudier les relations phénotypiques et génétiques entre le TAd et d'autres caractères liés à la production et à la composition corporelle. 394 poules issues de deux lignées en sélection divergente pour la consommation résiduelle ont été phénotypées pour le poids vif (PV), la composition corporelle (TAd) évalué par échographie, volume de lipides corporels (VLC) évalué par tomographie, et niveaux d'adipokines sanguines, ainsi que le nombre d'œufs. Des modèles mixtes ont permis d'estimer les composantes de la variance et de calculer les paramètres génétiques. La lignée efficiente a eu un TAd 1,5 fois plus épais et des niveaux de chémérine sanguins 30% plus faibles que la lignée inefficente. En revanche, aucune différence entre lignées n'a été constatée pour le PV, le VLC, les niveaux sanguins des autres adipokines (adiponectine, ghréline et visfatine), et la production d'œufs. Le TAd et le PV se sont révélés modérément héritables (0,38 et 0,42), les niveaux d'adipokines très fortement héritables (au-delà de 0,80), la production d'œufs et le volume de lipides faiblement héritables (0,24 et 0,27). Le TAd et le VLC ont présenté une corrélation génétique forte et positive (0,91). Le PV et le VLC ont également présenté une corrélation génétique forte et positive (0,67). En revanche, le TAd et le PV ont présenté une corrélation génétique modérée et positive (0,39). Enfin, le TAd et le nombre d'œufs pondus ont présenté une corrélation génétique modérée et négative (-0,34). En conclusion, les mesure de l'épaisseur de tissu adipeux dorsal par échographie pourrait fournir des informations génétiques supplémentaires à celles du poids corporel comme critère de sélection de la composition corporelle. En revanche, sa corrélation avec la performance de ponte doit être prise en compte pour éviter des réponses à la sélection indirectes et indésirables.

## ABSTRACT

### Genetic improvement of resilience in laying hens: promising traits

In this study, we pursued three primary objectives: firstly to test and validate the phenotyping of TAd thickness as an indicator of the overall fatness of laying hens; secondly, to estimate genetic parameters for this trait; thirdly, to study the phenotypic and genetic relationships between this trait and other traits related to production and body composition. To address these questions, hens from two lines under divergent selection for residual feed intake, were phenotyped for body weight (BW), body composition traits (TAd, total body fat volume, TBFV, and blood adipokines levels), and egg number. Linear mixed models enabled to estimate variance components and to calculate genetic parameters. The two lines largely differed in body fatness: the efficient line had larger TAd and lower chemerin levels compared to the inefficient line. However, there were no significant differences between the two lines on BW, TBFV, other blood adipokines levels (adiponectin, ghrelin, and visfatin), and egg production. The genetic parameter estimation revealed moderate heritability (0.38 and 0.42) for TAd and BW, high heritability (higher than 0.80) for blood adipokines levels and low heritability (0.24 and 0.27) for egg production and TBFV. The TAd and TBFV were genetically highly and positively correlated (0.91). The BW and TBFV were also highly positively correlated (0.67). However, TAd and BW were moderately positively correlated (0.39). The genetic correlation between TAd and egg number was moderate and negative. In conclusion, TAd could provide additional genetic information to that of the BW as a selection criterion for body reserves. However, its correlation with laying performance should be taken into account to avoid indirect and undesired responses to selection.

## INTRODUCTION

L'un des principaux défis du secteur de la production d'œufs est d'allonger la période de production d'œufs des poules pondeuses, pour des raisons éthiques, environnementales et économiques (revue : Bain *et al.* 2016). Cependant, la production d'œufs est une dépense nutritive majeure pour les pondeuses : environ 25 % de l'apport énergétique brut est consacré à la production d'œufs (Luiting, 1990).

Or, un investissement excessif dans la production d'œufs peut entraîner différentes maladies métaboliques. Par exemple, l'allongement de la période de ponte rend les poules plus susceptibles de développer une stéatose hépatique, qui est une maladie responsable d'une baisse de la production d'œufs et d'obésité (Bain *et al.*, 2016). En dehors de ce type de situations pathologiques, des éleveurs rapportent qu'en vieillissant, les pondeuses ont tendance à grossir. L'objectif des éleveurs est que leurs poules atteignent un état d'engraissement optimal : ni trop maigres afin d'avoir les réserves nécessaires pour faire face à des périodes de restrictions, ni trop grasses pour éviter un stockage d'énergie inutile.

Il faut donc suivre à la fois la production d'œufs et l'engraissement des poules pondeuses. Or, la méthode de référence d'évaluation de l'état d'engraissement chez la poule est invasive et létale car elle consiste en la composition lipidique du broyat de l'animal. Parce qu'elle nécessite l'euthanasie de l'animal, cette méthode pose des problèmes pratiques (sélection collatérale) et éthiques. Des méthodes alternatives et non invasives sont désormais disponibles pour déterminer la composition corporelle chez diverses espèces (Lerch *et al.*, 2021 ; Staub *et al.*, 2019 ; Xavier *et al.*, 2022). Chez les volailles, la tomographie s'est avérée suffisamment précise pour être considérée comme une méthode de référence pour la composition corporelle, avec des corrélations phénotypiques supérieures à 0,80 chez les poulets de chair (Cobo *et al.*, 2015 ; Mellouk *et al.*, 2018b). Cependant, l'utilisation en routine de la tomographie est difficile à mettre en œuvre en élevage : il s'agit de rayons X, l'animal doit subir une contention ou être sédaté, et l'examen et le traitement d'image sont longs. D'autres méthodes, reposant sur l'échographie ont été mises au point sur des poulets. Une région spécifique a été identifiée au sommet du *synsacrum* où l'épaisseur du tissu adipeux sous-cutané (TAd) était fortement corrélée à la composition lipidique du broyat ( $r=0,92$  ; Mellouk *et al.* 2018b), à la masse de tissus adipeux viscéral obtenue par dissection ( $r=0,86$  ; Mellouk *et al.*, 2018b), ainsi qu'au volume total de lipides corporels (VLC) estimé par tomographie ( $r>0,84$  ; Mellouk *et al.* 2018b ; Grandhay *et al.* 2019). Jusqu'à présent, les caractères d'adiposité enregistrés par échographie ont tous été testés sur des poulets de chair alors qu'aucune donnée n'est disponible sur les poules pondeuses. Bien qu'ils appartiennent à la même espèce (*Gallus gallus domesticus*), les poulets de chair et les poules

pondeuses ont été soumis à une sélection génétique distincte et intense pendant plus de 60 ans. Par conséquent, ils diffèrent grandement en termes de taux de croissance et de métabolisme énergétique. En outre, la sélection et l'enregistrement des phénotypes ciblent différents stades physiologiques, en se concentrant sur les animaux en croissance pour les poulets de chair et sur les adultes pour les poules pondeuses.

Par conséquent, nous nous sommes fixés trois objectifs pour cette étude : premièrement, de tester et valider le phénotypage de l'état d'engraissement des poules pondeuses par échographie de l'épaisseur du tissu adipeux sous-cutané au sommet du *synsacrum* ; deuxièmement, d'estimer l'héritabilité de ce nouveau caractère ; troisièmement d'étudier les corrélations phénotypiques et génétiques entre ce caractère et d'autres critères de sélection de la plupart des lignées de poules pondeuses.

## 1. MATERIELS ET METHODES

### 1.1. Population étudiée et conditions d'élevage

Les poules pondeuses utilisées dans cette étude appartiennent à deux lignées expérimentales issues de la même population Rhode Island Red, sélectionnées de manière divergente depuis 1976 sur la consommation résiduelle d'aliment (RFI), un caractère d'efficacité alimentaire (Bordas *et al.*, 1992). Nous avons choisi ces lignées pour cette étude car le processus de sélection sur la RFI a également conduit à des différences marquées dans l'adiposité des carcasses, la lignée efficiente (R-) étant plus grasse que la lignée inefficace (R+), en dépit d'une consommation alimentaire réduite (El-Kazzi *et al.*, 1995).

Au total, nous avons utilisé 394 animaux : 215 de la lignée R+ et 179 de la lignée R- qui ont été phénotypés sur 2 campagnes : 92 R+ et 75 R- en 2019 puis 123 R+ et 104 R- en 2021. La population comprend une dizaine de pères pour une quarantaine de mères dans chaque lignée. L'incubation et l'élevage des animaux ont été réalisés au Pôle d'Expérimentation Avicole de Tours d'INRAE (UE PEAT, Nouzilly, France ; <https://doi.org/10.15454/1.5572326250887292E12>).

Les animaux ont été élevés dans des conditions standards dans des parcs au sol jusqu'à l'âge de 17 semaines. Ils ont ensuite été transférés dans des cages individuelles avec un régime d'éclairage fixé à 14 heures de lumière par jour. La température a été maintenue entre 19°C et 21°C, et les poules ont été nourries *ad libitum* avec un régime commercial (15,5 % CP et 2 650 kcal d'EM/kg). Des euthanasies ont eu lieu à 17 semaines (23 poulettes par ligne) ainsi qu'à 53 semaines afin de réaliser les examens tomographiques et les dissections.

## 1.2. Mesure des phénotypes

La composition corporelle des poules a été déterminée immédiatement après l'euthanasie à l'aide d'un tomographe (Siemens Somatom Definition AS, Siemens Corp., Allemagne). Chaque poule a été placée en position dorsale sur la table d'examen. La source de rayons X était réglée à 120 kV et 500 mA/s. Le tissu adipeux présente des unités Hounsfield (UH, unité de mesure de la radiodensité) comprises entre -130 et -90 UH. Le volume total des pixels situés dans ces limites a été utilisé comme pour estimer le volume total de lipides corporels (caractère nommé VLC).

L'épaisseur du tissu adipeux sous-cutané dorsal au sommet du *synsacrum* (caractère nommé TAd) a été enregistrée à l'aide d'un échographe (MyLab 30 Gold Vet, Hospimedi France, Saint-Crépin-Ibouwillers, France) équipé d'une sonde linéaire à haute fréquence (18 MHz ; L435, Esaote S.P.A., Genova, Italie). L'ensemble du processus d'enregistrement a duré environ 1 minute par poule et aucune plume n'a été arrachée. Le TAd a été enregistré 5 fois à 129, 192, 218, 289 et 371 jours d'âge. Le poids vif (caractère nommé PV) a été enregistré en même temps.

Toutes les poules disposaient de deux échantillons de sang pour déterminer les concentrations d'adipokines : à 17 semaines lors d'un prélèvement dans la veine de l'aile et à 53 semaines lors de la saignée. Les concentrations de quatre adipokines (visfatine, adiponectine, chémérine et ghréline) ont été déterminées dans le plasma à l'aide de kits ELISA spécifiques aux poules, comme décrit précédemment (Barbe *et al.*, 2020 ; Mellouk *et al.*, 2018b).

La production d'œufs a été enregistrée quotidiennement à partir du premier œuf pondu jusqu'à la fin de l'expérience (caractère nommé NOT).

## 1.3. Traitement statistique

Pour calculer les paramètres génétiques (corrélations et héritabilités), les composantes de la variance ont été estimées par des analyses de modèles animaux bivariés (Henderson, 1975), en utilisant la méthode du maximum de vraisemblance restreinte à l'information moyenne (Gilmour *et al.*, 1995).

Les estimations de l'héritabilité et de l'erreur standard indiquées sont des moyennes calculées avec toutes les analyses bivariées. Les paramètres génétiques ont été considérés comme faibles entre 0,00 et 0,25, modérés entre 0,25 et 0,50, et élevés au-dessus de 0,50.

Les effets fixes dans les modèles comprennent la lignée génétique pour tenir compte de leurs différences moyennes (niveaux : R+ ou R-), l'effet du lot (niveaux : 2019 ou 2021) et le coefficient de régression pour le moment de l'enregistrement pour le caractère répété. La lignée génétique n'a pas été utilisée pour stratifier les effets aléatoires car les analyses préliminaires ont indiqué que les composantes de la variance étaient similaires dans les deux lignées.

Les statistiques descriptives des données suggèrent une distribution bimodale de la graisse dorsale dans les deux lignées. Ce type de distribution peut mettre en

évidence la présence d'un gène majeur contrôlant le caractère. Un test simple pour détecter l'effet d'un gène majeur sur un caractère est de tester l'homogénéité des variances entre les familles (Le Roy et Elsen, 1992). Un test de Bartlett a été réalisé pour tester cette hypothèse, en utilisant le père comme identifiant de la famille (Bartlett, 1937).

Le traitement des données, les graphiques et le test de Bartlett ont été réalisés avec la base R (R Core Team, 2023). Les estimations des composantes de la variance et des paramètres génétiques ont été réalisées avec ASReml 4.2 (Gilmour *et al.*, 2021).

De plus amples détails sur les matériels et méthodes mobilisés dans cette étude sont disponibles dans Bédère *et al.* (2023).

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les deux lignées utilisées, divergentes pour l'IFR, étaient très différentes en ce qui concerne TAd et la concentration sanguine de chémérine (Tableau 1, Figure 1) : la lignée R- a présenté un TAd plus important (+34%) et des niveaux de chémérine plus bas (-31%) que la lignée R+. En revanche, les lignées n'étaient pas significativement différentes en ce qui concerne le VLC, le PV, l'adiponectine, la ghréline, la visfatine et le NOT. Notons que la valeur P pour l'égalité du VLC dans les deux lignées n'est que de 0,23, ce qui peut témoigner d'un manque de puissance du dispositif. Des études antérieures sur ces lignées ont rapporté que la lignée R+ (inefficiente) a une consommation alimentaire plus élevée, une thermogénèse induite par l'alimentation plus élevée et des réponses endocriniennes différentes, ce qui entraîne un métabolisme lipidique différent qui pourrait expliquer les différences d'adiposité observées entre les lignées (Gabarrou *et al.*, 2000, 1998, 1997 ; Swennen *et al.*, 2007). Contrairement à nos hypothèses, aucune différence n'a été observée dans le niveau sanguin d'adiponectine et de ghréline, qui sont des hormones associées à la prise alimentaire et agissant comme des signaux régulateurs de l'appétit (Mellouk *et al.*, 2018a).

### 2.1. L'épaisseur de tissus adipeux dorsal est un indicateur des réserves lipidique

Le TAd et le VLC étaient génétiquement fortement corrélés positivement, et phénotypiquement modérément corrélés positivement (Tableau 1). Des études antérieures ont signalé une forte corrélation phénotypique entre TAd et VLC chez le poulet (R > 0,84 ; Mellouk *et al.* 2018, 2018b ; Grandhaye *et al.* 2019) mais ni l'héritabilité, ni les corrélations phénotypiques et génétiques avec d'autres caractères d'intérêt n'ont été calculées. La corrélation phénotypique plus faible rapportée dans le tableau 2 tient compte des effets du modèle, qui peuvent influencer l'estimation de la corrélation (la lignée génétique, le lot, l'âge à la mesure et les variances génétiques et de l'environnement permanent). En

utilisant la même méthode, c'est-à-dire la corrélation de Pearson sur les données brutes, nous obtenons une valeur de corrélation de 0,71 (0,77 en R+ et 0,60 en R-), ce qui est cohérent avec les résultats publiés précédemment de Mellouk *et al.* (2018b) et Grandhayé *et al.* (2019).

Le PV et le VLC étaient également fortement et positivement corrélés. Alors que le PV et le TAd sont plus modérément corrélés (Tableau 1). Nous interprétons les corrélations entre le TAd, le PV et le VLC comme des informations complémentaires. Par rapport au VLC, le gras dorsal présente des avantages notables : il est rapide et facile à mesurer, ne nécessite pas que l'animal soit endormi et peut être réalisé avec une machine portable et peu coûteuse. Nos résultats, combinés à ces aspects techniques, font de TAd un très bon indicateur de l'adiposité chez la poule.

## 2.2. L'épaisseur de tissus adipeux dorsal est héritable et possiblement sous influence d'un gène majeur

L'héritabilité du TAd était modérée (Tableau 1). Chez les porcs, le TAd présente une forte héritabilité (de 0,63 à 0,72 ; Cai *et al.*, 2008 ; Gilbert *et al.*, 2007 ; Suzuki *et al.*, 2005) tandis que chez les bovins, ce caractère présente une héritabilité modérée (de 0,36 à 0,59 ; Arnold *et al.*, 1991 ; Nkrumah *et al.*, 2007 ; Schenkel *et al.*, 2004).

La distribution des valeurs de TAd dans les deux lignées présentait une grande variance, avec apparemment deux modes, qui semblaient s'exacerber avec le temps (Figure 1). Les variances des familles de pères se sont révélées hétérogènes selon le test de Bartlett (valeur-p = 0,008). La distribution multimodale et l'hétérogénéité de la variance des familles de pères sont des preuves de l'influence d'un gène majeur sur le TAd (Le Roy et Elsen, 1992). Des analyses supplémentaires, y compris des analyses de ségrégation et des études d'association à l'échelle du génome tenant compte des effets dominants, permettraient de l'identifier. Dans l'étude chickenQTLdb, 129 QTL sont décrits comme associés à divers critères d'adiposité (<https://www.animalgenome.org/QTLdb/chicken/>).

Nous savons que certains gènes sont impliqués dans la lipogenèse et exprimés différemment chez les poulets de chair de lignée maigre ou grasse (Bourneuf *et al.*, 2006 ; Resnyk *et al.*, 2017).

## 2.3. Héritabilité des autres caractères liés à l'état et la dynamique des réserves énergétiques

Des héritabilités modérées ont été observées pour le VLC et le PV (Tableau 1). D'autres études rapportent également une héritabilité du PV entre 0,32 et 0,53 (Rowland *et al.*, 2019 ; Wolc *et al.*, 2011b, 2009). L'héritabilité du PV dans les lignées R+ et R- peut avoir évolué car des valeurs plus élevées ont été estimées par le passé (0,56 chez les femelles et 0,61 chez les mâles des 15 premières générations ; Tixier-boichard *et al.*,

1995). Des héritabilités modérées, de 0,43 à 0,55, de la part de lipides dans la composition de la carcasse ont été rapportées dans d'autres lignées de poulets (Moreira *et al.*, 2018 ; Nunes *et al.*, 2011).

Les adipokines choisies dans cette étude sont connues pour être des indicateurs de l'état et de la dynamique des réserves corporelles (revue : Mellouk *et al.*, 2018a).

- L'adiponectine est un indicateur de déficit énergétique : plus l'oiseau est maigre, plus le niveau d'adiponectine est élevé.
- La chémérine est un indicateur de la mobilisation des réserves lipidiques : plus la masse adipeuse viscérale est faible, plus le niveau de chémérine est élevé.
- La ghréline est un indicateur de l'accumulation des réserves corporelles générales : elle est connue pour stimuler l'ingestion et la libération de l'hormone de croissance.
- La visfatine agit comme une myokine chez les oiseaux (Krzysik-Walker *et al.*, 2008) et c'est un indicateur de l'état des réserves maigres par rapport aux réserves lipidiques.

Les gènes codant pour ces protéines sont bien décrits. Phénotypiquement, nous avons observé une augmentation significative des niveaux sanguins d'adiponectine ( $P < 0,001$ ) et de visfatine ( $P = 0,007$ ), une diminution significative de la chémérine ( $P < 0,001$ ) et aucun changement significatif de la ghréline ( $P = 0,14$ ) entre 17 et 53 semaines d'âge. Dans notre étude, toutes les adipokines, à l'exception de la chémérine, présentent une héritabilité très élevée (Tableau 1). Dans notre étude, il n'est pas surprenant que la génétique soit la principale source de variation phénotypique puisque le dispositif est pensé pour minimiser les fluctuations environnementales. Les paramètres génétiques pour la chémérine n'ont pas pu être estimés car la variance génétique additive estimée était trop proche de la limite du zéro. Cela signifie que presque aucune partie de la variance observée n'est due à la génétique, malgré un coefficient de variation phénotypique proche de 40 %. Nous émettons l'hypothèse qu'il pourrait y avoir un seul haplotype par lignée dans la population, expliquant pourquoi il n'y a pas de variance génétique observée malgré une différence significative de moyennes entre les lignées. Par conséquent, aucune corrélation génétique avec d'autres caractères n'a pu être estimée (ce qui explique que la chémérine ne figure pas dans le Tableau 1).

L'adiponectine a montré une corrélation génétique modérée et positive avec la ghréline, aucune corrélation avec la visfatine et le NOT, et des corrélations génétiques modérées et négatives avec le VLC, TAd, et le PV. Ceci est cohérent avec son rôle chez la poule : une augmentation du taux sanguin d'adiponectine est associée à une diminution du dépôt de lipides, à une diminution du poids corporel et à une augmentation de la consommation d'aliments. (Mellouk *et al.*, 2018a). La ghréline présentait des

corrélations génétiques faibles et positives avec la visfatine et le NOT, des corrélations génétiques modérées et négatives avec le TAd et le PV, et une corrélation génétique élevée et négative avec le VLC. Ceci est cohérent avec son rôle chez la poule : une augmentation du taux sanguin de ghréline est associée à une diminution de la prise alimentaire et à une augmentation de la lipolyse (Murugesan et Nidamanuri, 2022). Ces corrélations confirment que le TAd est un bon indicateur de l'adiposité et des réserves énergétiques chez les poulets. Les niveaux de chémérine étaient significativement plus élevés dans la lignée R+, ce qui est cohérent avec le fait qu'elle est associée à une plus faible adiposité (Mellouk *et al.*, 2018a). La visfatine présentait une corrélation génétique faible et positive avec le NOT, et des corrélations génétiques faibles à modérées et négatives avec le VLC et PV. Nous nous attendions à une corrélation génétique plus faible entre la visfatine et les caractéristiques liées au métabolisme des lipides, si on la considère comme une myokine (Krzysik-Walker *et al.*, 2008). L'augmentation des niveaux sanguins de visfatine est associée à une augmentation de la prise alimentaire et du poids corporel (partie maigre ; Mellouk *et al.*, 2018a).

#### 2.4. Compromis

Le NOT présente une héritabilité modérée (Tableau 1). Ce phénotype reflète deux processus biologiques distincts : la puberté (âge de la première ponte) et le taux de ponte. Le nombre total d'œufs a montré une faible héritabilité dans d'autres études (de 0,01 à 0,20 ; Bedere *et al.*, 2022 ; Liu *et al.*, 2019 ; Wolc *et al.*, 2011a) mais dans la plupart des articles, la période précoce (avant 25 semaines d'âge) est omise pour commencer l'enregistrement après le pic de ponte. Cette fois encore, L'héritabilité du NOT dans les lignées R+ et R- peut avoir évolué car une valeur plus élevée a été estimée par le passé ( $h^2 = 0,48$  ; Tixier-boichard *et al.*, 1995).

La corrélation génétique du NOT et de TAd était modérée et négative, et élevée et négative avec le PV (Tableau 1). Ces corrélations suggèrent un compromis entre les réserves corporelles et la production d'œufs dans certaines populations. La corrélation génétique entre le NOT et le PV était plus élevée (-0,82) que celle entre le NOT et le VLC (-0,49) ou le TAd (-0,34). Cela signifie que le fond génétique commun entre le NOT et le PV est plus important qu'avec le VLC ou le TAd. Nous émettons l'hypothèse que cela pourrait s'expliquer par un compromis plus large que l'énergie, incluant éventuellement les minéraux et les protéines, alors que le compromis entre la production d'œufs et l'adiposité se limiterait aux ressources énergétiques. Les quelques études mentionnant des corrélations génétiques entre la production d'œufs et le poids corporel font état de corrélations modérées et négatives (-0,29 à -0,42 ; Yoo *et al.*, 1988) ou de l'absence de

corrélation (Wolc *et al.*, 2011b). La valeur très élevée estimée dans notre étude peut être une spécificité des lignées R+ et R-, qui est une population inhabituelle pour la filière ponte. Les objectifs de sélection concernant le gabarit et l'adiposité des poules sont des optimums : les poules ne doivent être ni trop grandes ni trop petites, ni trop grasses ni trop maigres, alors que la production d'œufs est principalement maximisée. Cela signifie que l'index de sélection doit prendre en compte ces corrélations génétiques pour combiner des critères de sélection tels que NOT, TAd et PV afin de sélectionner des poules pondeuses multiperformantes. En effet, si des corrélations génétiques similaires étaient estimées dans les lignées commerciales, l'inclusion du TAd dans l'index de sélection permettrait d'éviter une réponse indirecte de l'engraissement à la sélection sur la production d'œufs. Les entreprises de sélection peuvent être intéressées par la stabilisation du niveau d'engraissement des poules pour prévenir des problèmes de santé, de bien-être et de performance dus aux troubles métaboliques associés aux conditions extrêmes de maigreur ou d'obésité (Baéza et Le Bihan-Duval, 2013 ; Bain *et al.*, 2016).

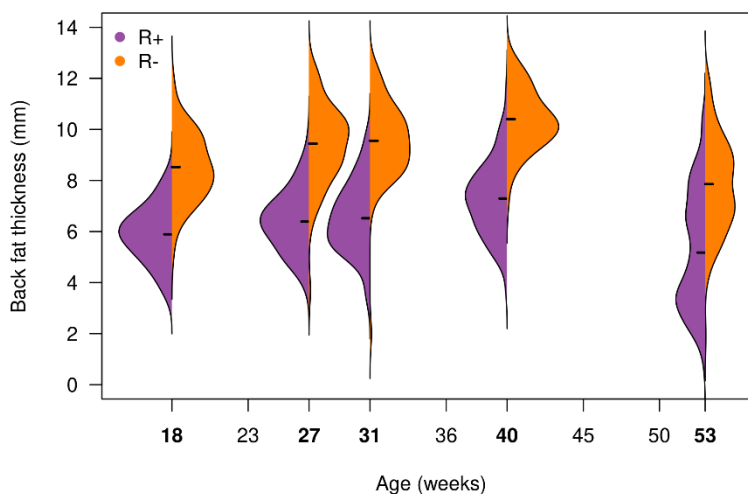
#### CONCLUSION

Cette étude a montré que l'épaisseur du tissu adipeux dorsal est un indicateur de l'adiposité globale des poules pondeuses, sur deux lignées de Rhode Island divergeant pour l'efficacité alimentaire. L'épaisseur du tissu adipeux dorsal peut être enregistrée à plusieurs reprises au cours du cycle de production, ce qui permet de mieux comprendre la dynamique des réserves corporelles chez la poule. De plus, ce caractère a montré une héritabilité modérée, ce qui implique qu'une amélioration génétique est envisageable, probablement en canalisant le caractère autour d'un optimum qui reste à définir. La distribution bimodale du caractère et l'hétérogénéité des variances entre les familles sont des signes de l'influence d'un gène majeur. La corrélation génétique avec le poids corporel était modérée, ce qui implique que l'épaisseur de tissu adipeux dorsal contient des informations génétiques complémentaires sur l'adiposité qui ne sont pas déjà prises en compte dans les programmes de sélection incluant le poids corporel dans leurs objectifs. Enfin, la corrélation génétique avec la production d'œufs était modérée et défavorable. Cette corrélation doit être prise en compte pour éviter des réponses indirectes et indésirables sur l'engraissement d'une sélection sur la ponte. Il est important de garder à l'esprit que tous les résultats rapportés dans cette étude sont basés sur des lignées génétiques particulières, sélectionnées de manière divergente depuis 1976 sur l'ingestion résiduelle d'aliments. Ils doivent être confirmés sur des lignées génétiques commerciales.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Arnold, J.W. *et al.*, 1991. *Journal of Animal Science* 69, 985–992.
- Baéza, E. et Le Bihan-Duval, E., 2013. *Animal* 7, 965–973.
- Bain, M.M., Nys, Y., et Dunn, I.C., 2016. *British Poultry Science* 57, 330–338.
- Barbe, A., *et al.*, 2020. *PLoS ONE* 15, e0231131.
- Bédère, N., *et al.*, 2022. *Genetics Selection Evolution* 54, 26.
- Bédère, N., *et al.*, 2023. HAL ver. 3 peer-reviewed and recommended by Peer Community in Animal Science.
- Bordas, A., Tixier-Boichard, M., et Merat, P., 1992. *British Poultry Science* 33, 741–754.
- Bourneuf, E., *et al.*, 2006. *Gene* 372, 162–170.
- Cai, W., Casey, D.S., et Dekkers, J.C.M., 2008. *Journal of Animal Science* 86, 287–298.
- Cobo, E., *et al.*, 2015. Onzièmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, Tours, France.
- El-Kazzi, A., 1995. *British Poultry Science* 36, 719–728.
- Gabarrou, J.-F., *et al.*, 1998. *British Poultry Science* 39, 79–89.
- Gabarrou, J.-F., *et al.*, 1997. *The Journal of Nutrition* 127, 2371–2376.
- Gabarrou, J.-F., *et al.*, 2000. *British Journal of Nutrition* 83, 645–651.
- Gilbert, H., *et al.*, 2007. *Journal of Animal Science* 85, 3182–3188.
- Gilmour, A.R., *et al.*, 2021. ASReml User Guide Release 4.2 Functional Specification.
- Gilmour, A.R., Thompson, R., et Cullis, B.R., 1995. *Biometrics* 51, 1440–1450.
- Grandhay, J., *et al.*, 2019. *Poultry Science*, 9, 4140–4152.
- Krzysik-Walker, S.M., *et al.*, 2008. *Endocrinology* 149, 1543–1550.
- Le Roy, P. et Elsen, J.M., 1992. *Theoretical Applied. Genetics* 83, 635–644.
- Lerch, S., *et al.*, 2021. *Methods* 186, 68–78.
- Liu, Z., *et al.*, 2019. *BMC Genetics* 20, 67.
- Luiting, P., 1990. *Worlds Poultry Science Journal* 46, 133–152.
- Mellouk, N., *et al.*, 2018a. *International Journal of Endocrinology* 2018, 1–19.
- Mellouk, N., *et al.*, 2018b. *PLoS ONE* 13, e0191121.
- Moreira, G.C.M., *et al.*, 2018. *Science of Reproduction* 8, 16222.
- Murugesan, S. et Nidamanuri, A.L., 2022. *World's Poultry Science Journal* 78, 1021–1036.
- Nkrumah, J.D., *et al.*, 2007. *Journal of Animal Science* 85, 2711–2720.
- Nunes, B. *et al.*, 2011. *Genetics and Molecular Biology* 34, 429–434.
- R Core Team, 2023. R: A Language and Environment for Statistical Computing.
- Resnyk, C.W., *et al.*, 2017. *BMC Genomics* 18, 626.
- Rowland, K., *et al.*, 2019. *Genetics Selection Evolution* 51, 31.
- Schenkel, F.S., Miller, S.P., et Wilton, J.W., 2004. *Canadian Journal of Animal Science* 84, 177–185.
- Staub, C., *et al.*, 2019. *Domestic Animal Endocrinology* 69, 75–83.
- Suzuki, K., *et al.*, 2005. *Journal of Animal Science* 83, 2058–2065.
- Swennen, Q., *et al.*, 2007. *Poultry Science* 86, 1960–1971.
- Tixier-boichard, M., *et al.*, 1995. *Poultry Science* 74, 1245–1252.
- Wolc, A., *et al.*, 2011a. *Poultry Science* 90, 30–34.
- Wolc, A., *et al.*, 2011b. *British Poultry Science* 52, 537–540.
- Wolc, A., *et al.*, 2009. *Poultry. Science* 88, 1156–1161.
- Xavier, C., *et al.*, 2022. *Journal of Dairy Science* 105, 4508–4519.
- Yoo, B.H., Sheldon, B.L., et Podger, R.N., 1988. *British Poultry Science* 29, 627–637.

**Figure 1.** Distribution des valeurs brutes de l'épaisseur de tissus adipeux dorsal selon l'âge et la lignée. La lignée R+ (inefficente) est en violet du côté gauche de la boîte à moustache, alors que la lignée R- (efficente) est en orange du côté droit de la boîte a moustache. Le tiret noir représente la moyenne de chaque échantillon.



**Tableau 1.** Moyenne des héritabilités estimées par les analyses bivariées (en diagonale, avec la moyenne des erreurs-types associées), les corrélations génétiques (en dessous de la diagonale, avec les erreurs-types associées), et les corrélations phénotypiques (au dessus de la diagonale, avec les erreurs-types associées) pour les caractères de composition corporelle (VLC : volume de lipides total corporel, TAd : l'épaisseur de tissu adipeux dorsal, et PV : le poids corporel), les niveaux sanguins d'adipokines (Adiponectine, Ghréline, et Visfatine), et la production totale d'œufs (NOT) communes à deux lignées sélectionnés pour la consommation résiduelle (R- : efficace, R+ : inefficente).

	VLC	TAd	PV	Adiponectine	Ghréline	Visfatine	NOT
VLC	<b>0,27</b> (0,04)	0,39 (0,04)	0,54 (0,04)	-0,24 (0,06)	-0,32 (0,06)	-0,06 (0,07)	-0,01 (0,09)
TAd	0,91 (0,13)	<b>0,38</b> (0,06)	0,31 (0,04)	-0,18 (0,08)	-0,23 (0,07)	-0,07 (0,06)	-0,01 (0,06)
PV	0,67 (0,16)	0,39 (0,12)	<b>0,42</b> (0,08)	-0,24 (0,07)	-0,28 (0,07)	-0,08 (0,07)	-0,17 (0,05)
Adiponectine	-0,37 (0,15)	-0,28 (0,22)	-0,42 (0,18)	<b>0,92</b> (0,02)	0,39 (0,05)	-0,03 (0,06)	0,01 (0,08)
Ghréline	-0,80 (0,16)	-0,44 (0,20)	-0,39 (0,18)	0,41 (0,06)	<b>0,91</b> (0,02)	0,17 (0,06)	0,11 (0,08)
Visfatine	-0,32 (0,19)	-0,19 (0,13)	-0,26 (0,21)	-0,05 (0,07)	0,18 (0,07)	<b>0,80</b> (0,03)	0,27 (0,06)
NOT	-0,49 (0,34)	-0,34 (0,32)	-0,82 (0,19)	0,02 (0,16)	0,20 (0,20)	0,36 (0,15)	<b>0,24</b> (0,05)