



**HAL**  
open science

## **Interactions génotype-environnement entre le sol et la cage pour les principaux critères de sélection en poule pondeuse**

Emma Desdouets, Lorry Bécot, Thierry Burlot, Nicolas Bédère

### ► **To cite this version:**

Emma Desdouets, Lorry Bécot, Thierry Burlot, Nicolas Bédère. Interactions génotype-environnement entre le sol et la cage pour les principaux critères de sélection en poule pondeuse. 16èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras (JRAPFG), ITAVI; INRAE; ANSES; CTCPA, Mar 2026, Tours, France. ⟨hal-05561015⟩

**HAL Id: hal-05561015**

**<https://hal.inrae.fr/hal-05561015v1>**

Submitted on 20 Mar 2026

**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

# INTERACTIONS GÉNOTYPE-ENVIRONNEMENT ENTRE LE SOL ET LA CAGE POUR LES PRINCIPAUX CRITÈRES DE SÉLECTION EN POULE PONDEUSE

EMMA DESDOUETS<sup>1</sup>, LORRY BÉCOT<sup>2</sup>, THIERRY BURLOT<sup>2</sup>, NICOLAS BÉDÈRE<sup>1</sup>

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

<sup>2</sup>NOVOGEN, 22960, Plédran, France

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

## RÉSUMÉ

Cette étude visait à quantifier les interactions génotype-environnement (GxE) chez des poules pondeuses de race Rhode Island, élevées en cage ou au sol. Les données concernaient 23 000 poules issues de 6 lots éclos entre 2018 et 2022, réparties équitablement entre les deux systèmes. Dix caractères ont été analysés : poids corporel, intensité de ponte, qualité des œufs et état d'emplumement. Des modèles multivariés ont permis d'estimer les composantes de variance et les paramètres génétiques, notamment les héritabilités et les corrélations génétiques entre environnements. Les héritabilités étaient faibles pour l'intensité de ponte ( $h^2 \leq 0,25$ ) et modérées à élevées pour les autres caractères ( $0,25 \leq h^2 \leq 0,80$ ), stables dans les deux environnements.

Les corrélations génétiques supérieures à 0,80 pour le poids et la qualité des œufs indiquent une faible influence des interactions GxE. En revanche, les corrélations modérées pour l'intensité de ponte ( $r_g = 0,67$ ) et l'emplumement ( $r_g = 0,44$ ), révèlent des interactions GxE significatives. Ces différences s'expliquent par des dimensions comportementales spécifiques au sol (utilisation du nid et interactions sociales), absentes en cage.

Ainsi, la plupart des critères de sélection ne sont pas affectés par les interactions GxE, sauf deux essentiels : l'intensité de ponte et l'emplumement. Il semble donc opportun de mesurer ces deux caractères aussi au sol pour une amélioration génétique plus efficace.

## ABSTRACT

### Genotype-by-environment interaction on the main selection criteria in laying hens

This study aimed to quantify genotype-by-environment interactions (GxE) in Rhode Island laying hens raised in cage or floor systems. The data involved 23,000 hens from six batches hatched between 2018 and 2022, evenly distributed between the two systems. Ten traits were analyzed: body weight, laying intensity, egg quality, and feather condition.

Multivariate models were used to estimate variance components and genetic parameters, including heritabilities and genetic correlations between environments. Heritabilities were low for laying intensity ( $h^2 \leq 0.25$ ) and moderate to high for other traits ( $0.25 \leq h^2 \leq 0.80$ ), remaining stable across both environments.

Genetic correlations above 0.80 for body weight and egg quality indicate a weak influence of GxE interactions. However, moderate correlations for laying rate ( $r_g = 0.67$ ) and feather condition ( $r_g = 0.44$ ), reveal significant GxE interactions. These differences are explained by behavioral dimensions specific to floor systems (nest use and social interactions), which are absent in cages.

Thus, most selection criteria are not affected by GxE interactions, except for two key traits: laying intensity and feather condition. Therefore, selecting hens in floor systems appears appropriate for rapid genetic improvement of these traits.

## INTRODUCTION

Actuellement, les critères de sélection sont principalement mesurés sur des poules pondeuses élevées en cage. Ce système est en régression en Europe au profit de systèmes alternatifs tels que le sol ou la volière avec ou sans un accès plein air. L'objectif des sélectionneurs étant d'avoir des animaux performants dans tous les types d'élevage (l'élevage en cage demeurant le système dominant en dehors de l'Europe), il est ainsi essentiel de déterminer si l'environnement de sélection a un effet sur l'expression des caractères, comme la production d'œufs, les qualités d'œuf ou le poids corporel des poules. Ce phénomène est appelé interactions génotype-environnement. Selon Falconer et Mackay (1996), ces interactions induisent des situations où le meilleur génotype dans un environnement donné ne l'est pas nécessairement dans un autre.

Chez la poule pondeuse, les différences de conditions d'élevage (espace, densité, interactions sociales, alimentation, éclairage...) peuvent entraîner une modification de l'expression de plusieurs critères de sélection. Des études ont mis en évidence un reclassement des reproducteurs entre environnement (Romé *et al.*, 2015 ; Mulder, 2017 ; Calus *et al.*, 2023), notamment sur la production d'œufs, mais peu d'entre elles se sont intéressées à la comparaison sol/cage (Icken *et al.*, 2012).

L'évaluation de ces interactions est ainsi déterminante pour savoir s'il est nécessaire de développer des schémas de sélection spécifiques pour les systèmes d'élevages existants sur le marché de l'élevage de production des poules pondeuses (Phocas *et al.*, 2016 ; Coustham *et al.*, 2023).

Les objectifs de cette étude sont d'estimer 1 / les héritabilités de différents critères de sélection en environnement cage et sol, 2 / les corrélations génétiques sur ces mêmes critères de sélection entre les environnements.

## 1. MATERIELS ET METHODES

### 1.1. Population étudiée

Pour cette étude, les données proviennent du noyau de sélection d'une lignée de poules Rhode Island de l'entreprise de sélection Novogen (Plédran, France). Les poules, apparentées et issues de 6 lots éclos entre 2018 et 2022, ont été élevées soit en cages collectives, soit au sol, de 17 à 64 semaines d'âge.

Les cages comprenaient un espace de vie avec accès libre à l'alimentation et à l'eau. Le système au sol incluait des nids individuels disposés sur deux rangées (environ 1 nid pour 5 poules) et un espace de vie en parquet (avec accès libre à l'alimentation et à l'eau). Dans le système en cage, les poules étaient logées par groupes de 5 pleines-sœurs, tandis qu'au sol, elles étaient élevées avec l'ensemble de la cohorte, y compris les coqs (environ 1 coq pour 10 poules).

La généalogie de chaque individu enregistré a été retracée sur au moins 4 générations.

### 1.2. Critères de sélection

Le **poids vif (PV)** a été mesuré à 30 et 50 semaines d'âge (**PV30** et **PV50**) en pesant individuellement les poules (les mâles ne sont pas concernés), quelles que soient leurs conditions d'élevage. Les données de poids corporel ont porté sur 2 833 individus élevés au sol et 7 449 individus en cage collective à 30 semaines, puis 2 981 individus au sol et 9 849 individus en cage à 50 semaines. Pour les 2 derniers lots, très peu de poids à 30 semaines sont mesurés.

La **note d'emplumement (NEmp)** a également été déterminée à 50 semaines d'âge. Il s'agit d'un score allant de 1 (bon état) à 4 (mauvais état) établi selon une grille interne de notation utilisée par les techniciens de Novogen. Les données de notes d'emplumement ont porté sur 2 459 individus au sol et 9 849 individus en cage.

L'**intensité de ponte (IP)** est calculée pour le système sol en divisant le nombre total d'œufs pondus au nid par le nombre de jours de mesure (durée d'élevage prenant en compte la longévité). Seules les intensités de ponte supérieures à 50 % sont conservées (Bécot, 2023). En cage, l'intensité de ponte est calculée pour chaque jour en divisant le nombre total d'œufs collectés par le nombre de poules présentes dans la cage. Ensuite, cette intensité de ponte quotidienne est moyennée sur la période pour obtenir l'IP en cage. Les données de ponte ont porté sur 2 367 individus au sol et 2 002 cages collectives.

Les qualités des œufs ont été mesurées à 60 semaines d'âge sur 3 œufs en moyenne par poule au sol et sur 7 œufs en moyenne par cage. Les données de qualité des œufs ont porté sur 10 035 œufs collectés en cage et 5 654 au sol. Les mesures ont été réalisées par l'entreprise Zootests (Ploufragan, France). Le poids des œufs a été mesuré en élevage entre 30 et 60 semaines sur 22 858 œufs au sol et 30 904 œufs en cage. Cinq caractères de qualités ont été mesurés : le **poids d'œuf (PO)** avec une balance ; la **force de fracture de la coquille (FF)**, en utilisant une machine à compression ; la **couleur de la coquille (CoulCoq)**, en utilisant un chromamètre et en combinant les échelles L, a et b ; la **forme de l'œuf (Formœuf)**, en combinant le diamètre et le poids de ce dernier ; la **hauteur d'albumen (HA)** en utilisant un micromètre tripode ; l'**unité Haugh (UH)** qui est déduite de HA et du PO.

### 1.3. Traitements des données

Les composantes de la variance ont été estimées pour calculer les paramètres génétiques ( $h^2$  : héritabilités et  $r_g$  : corrélations génétiques entre le sol et la cage). Pour cela, nous avons utilisé des analyses bivariées avec un modèle animal (Henderson, 1975) :

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Où  $y_1$  et  $y_2$  sont les vecteurs des observations pour chaque caractère, au sol et en cage respectivement. Les matrices d'incidence  $X_1$  et  $X_2$  définissent les effets fixes et les vecteurs  $b_1$  et  $b_2$  leurs valeurs. Dans ces matrices  $X$ , il y a la date d'éclosion ainsi qu'un effet de la position de la cage dans le bâtiment pour tous les caractères ; un effet de l'âge de la poule au moment de la ponte pour tous les caractères sauf NEmp ; un effet du temps entre la ponte et l'analyse à Zootests ainsi que de l'emplacement de l'œuf sur les plateaux pour la qualité des œufs. Les matrices d'incidence  $Z_1$  et  $Z_2$  définissent l'effet aléatoire génétique additif, basé sur le pedigree et les vecteurs  $a_1$  et  $a_2$  les valeurs génétiques. Les matrices d'incidence  $W_1$  et  $W_2$  permettent d'estimer les valeurs des vecteurs  $pe_1$  et  $pe_2$  de l'effet aléatoire répété de la cage ou de la poule pour les caractères de qualité ou d'emplumement. Cet effet permet de tenir compte de l'appariement non-génétique de phénotypes issus d'une même cage ou d'une même poule. Les vecteurs  $e_1$  et  $e_2$  contiennent les résidus. Concernant IP, les données issues du sol sont des données individuelles, alors que celles issues des cages sont des données moyennées. Cette valeur est une moyenne de pleine-sœur, donc d'une répétition du couple père-mère. Ainsi, les valeurs génétiques d'IP en cage ne sont pas sur la même échelle que celles au sol, elles sont divisées par 5. Alors, il faut corriger la valeur de la covariance génétique dans le calcul de la corrélation génétique pour tenir compte de cet effet d'échelle en multipliant cette dernière par  $\sqrt{5}$ . En revanche, aucun ajustement des héritabilités n'est nécessaire puisque les variances génétiques et résiduelles sont sur la même échelle intra-condition d'élevage.

La préparation et le contrôle qualité des données ont été réalisés avec le logiciel R (R Core Team, 2025). IP a été normalisé à l'aide du package R bestNormalize (Peterson et Cavanaugh, 2019). Les composantes de la variance et les erreurs types ont été estimées avec un modèle animal linéaire ou à seuil (NEmp uniquement) via la suite de programme BLUPF90 (Lourenco *et al.*, 2022).

## 2. RESULTATS ET DISCUSSION

### 2.1. Héritabilités

Les héritabilités sont élevées dans les deux conditions d'élevage pour PV30 ( $h^2 \geq 0.77$ ) et PV50 ( $h^2 \geq 0.50$ ) mais avec une valeur sensiblement plus élevée en cage qu'au sol pour PV50 (**Figure 1**). Elles sont élevées au sol et modérées en cage pour CoulCoq ( $h_{sol}^2 = 0.60$  et  $h_{cage}^2 = 0.31$ ). Elles sont modérées dans les 2 conditions pour PO, FormŒuf, UH et HA ( $0.32 \leq h^2 \leq 0.49$ ). Elles sont faibles dans les deux conditions pour IP ( $h^2 \leq 0.24$ ), NEmp ( $h^2 \leq 0.31$ ) et FF ( $h^2 \leq 0.26$ ).

La **figure 1** illustre que les valeurs observées sont globalement stables entre les deux environnements, indiquant que l'expression de ces caractères n'est pas fondamentalement modifiée par les conditions d'élevage. On peut s'attendre à une réponse à la sélection similaire dans les 2 conditions d'élevage.

Le fait que les héritabilités soient plus élevées en cage qu'au sol pour PV50 peut indiquer une influence environnementale dans le temps sur la prise de poids chez les poules pondeuses. Les caractères de qualité d'œufs, tels que UH, HA, FormŒuf, FF et CoulCoq, présentent des héritabilités similaires à celles rapportées dans de précédentes études (Beaumont *et al.*, 2010 ; Mulder *et al.*, 2016 ; Picard--Druet *et al.*, 2020). La valeur de l'héritabilité pour PO n'est pas cohérente avec celle rapportée dans de précédentes études (*e.g.*  $h^2 = 0.64$  Picard--Druet *et al.*, 2020). Il est possible que cela soit dû à la modélisation de l'environnement permanent qui biaise la partition des parts de variances puisque les valeurs de répétabilité sont élevées ( $> 0.50$ ).

L'héritabilité de NEmp est plus élevée en cage qu'au sol ( $h_{sol}^2 = 0.31$  et  $h_{cage}^2 = 0.16$ ). Il existe peu d'études sur le déterminisme génétique de ce caractère. Nos résultats montrent une plus grande variabilité génétique de ce caractère dans des conditions d'élevage au sol, ce qui peut suggérer l'importance des comportements sociaux en grands groupes plutôt qu'en petits groupes d'apparentés. NEmp est un score, et nous avons utilisé un modèle bayésien MCMC avec un algorithme Gibbs qui est adapté à l'analyse de ce type de caractère.

Les valeurs d'héritabilité estimées pour IP sont cohérentes à celles que l'on rencontre dans la littérature (Wolc *et al.*, 2007 ; Venturini *et al.*, 2013).

Tous les caractères étudiés ont présenté une variabilité génétique substantielle, quelles que soient les conditions d'élevage. En revanche, la réponse à la sélection est fonction de l'héritabilité. On peut s'attendre à ce qu'elle soit rapide pour PV30 et PV50, et CoulCoq au sol. On s'attend à une réponse plus modérée pour PO, FormŒuf, HA et UH, ainsi que pour CoulCoq en cage. Enfin, la réponse à la sélection sera moins rapide pour IP, FF et NEmp, quelles que soient les conditions d'élevage. La majorité de ces caractères est soumise à un objectif de sélection à optimum (PV30, PV50, PO, CoulCoq, FormŒuf, HA, UH, et FF). A l'inverse, NEmp et IP sont des caractères pour lesquels l'objectif de sélection est directionnel : vers des NEmp faibles (bon état) et vers un IP de 100 %. De récents travaux ont également montré l'intérêt de caractères de comportement de ponte pour sélectionner des poules selon un index adapté aux conditions d'élevage au sol (Bécot, 2023). NEmp demeure un critère de sélection intéressant dans les systèmes sol, car il intègre une dimension comportementale associée aux interactions sociales négatives. Il permet ainsi une sélection indirecte sur le picage.

## 2.2. Corrélations entre environnements

Les corrélations génétiques pour un même caractère entre l'élevage en cages et au sol sont fortes pour les caractères de poids corporel et de qualité des œufs ( $r_g \geq 0.78$  ; **figure 2**). Ces résultats sont cohérents avec ceux rapportés dans la littérature (par exemple dans la revue de Calus *et al.*, 2023, portant sur des corrélations entre pures et croisées). Toutefois, des corrélations génétiques plus faibles ont été estimées pour IP ( $r_g = 0.67$ ) et NEmp ( $r_g = 0.44$ ). Icken *et al.* (2012) ont également rapporté des corrélations génétiques modérées, inférieures à 0,56 entre un élevage au sol et en cage pour des pondeuses à œuf brun et à œuf blanc.

Il est communément admis que lorsqu'une corrélation génétique est supérieure à 0.80, les deux caractères sont suffisamment similaires pour n'en considérer qu'un seul dans le programme de sélection (Robertson, 1959). La **figure 2** permet de se rendre compte que la majorité des caractères serait suffisamment similaire entre le sol et la cage pour n'en considérer qu'un des deux dans le programme de sélection (PV30, PV50, PO, FF, CoulCoq, FormŒuf, UH et HA). En revanche, les corrélations génétiques pour IP et NEmp sont inférieures à ce seuil. Ces résultats témoignent de la présence d'interactions génotype-environnement (**GxE**) sur ces deux caractères. Ces GxE peuvent générer du reclassement : les meilleurs candidats IP<sub>sol</sub> peuvent être différents des meilleurs candidats IP<sub>cage</sub>, de même pour NEmp. Cela est d'autant plus important qu'il s'agit des deux critères soumis à une sélection directionnelle. Il se peut que des processus biologiques différents soient à l'origine du même phénotype en fonction des conditions d'élevage. En effet, IP en cage implique principalement l'ovulation comme processus biologique alors que IP au sol implique non seulement ovulation mais aussi comportement au nid (notamment le choix du nid pour pondre plutôt que le sol). De la même manière NEmp en cage reflète la qualité du

plumage dans un environnement restreint et en petit groupe de pleines soeurs, tandis que NEmp au sol reflète la qualité du plumage dans un grand groupe avec des interactions sociales complexe (picage, cochage...) et dans un milieu plus ouvert. Ces deux caractères sont donc associés à des composantes comportementales très peu exprimées en conditions d'élevage en cage. Cela souligne l'importance de collecter des données dans les systèmes sol, à la fois pour permettre de cibler la sélection dans cet environnement, et également pour mettre en évidence le rôle de facteurs sociaux et environnementaux dans certains critères de sélection majeurs.

## CONCLUSION

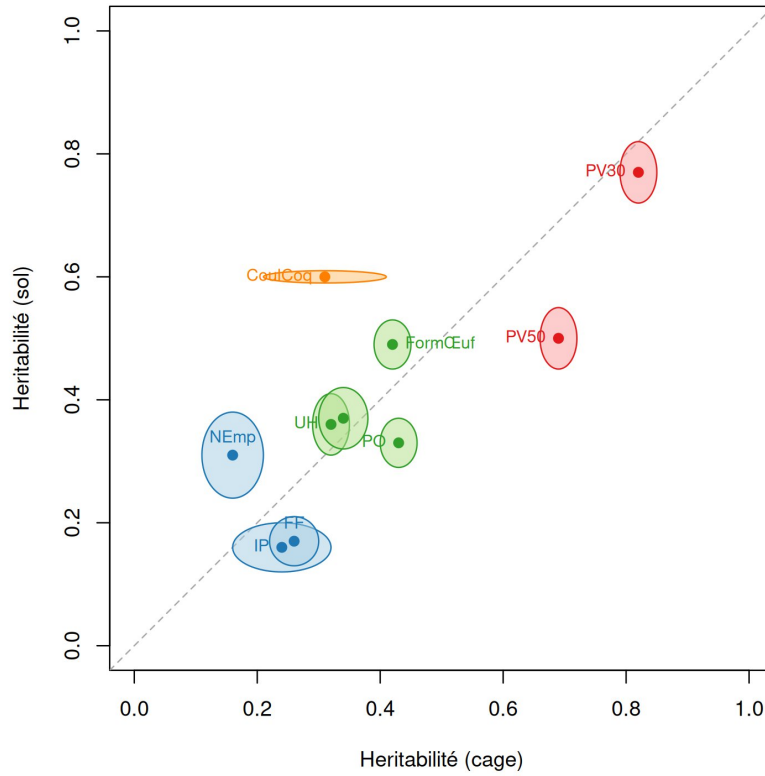
Ces résultats suggèrent que les critères de sélection liés au poids et à la qualité des œufs sont peu sensibles aux conditions d'élevage. Une réponse à la sélection semblable dans les deux environnements pour ces caractères permet ainsi d'envisager une continuité des schémas de sélection actuels, même dans un contexte de transition vers les systèmes alternatifs.

En revanche, deux critères de sélection majeurs associés à la ponte et au picage, se sont révélés sous influence de GxE. Ainsi, il semble nécessaire de collecter et d'utiliser des données mesurées dans des conditions d'élevage au sol pour favoriser leur amélioration génétique dans ce type de système.

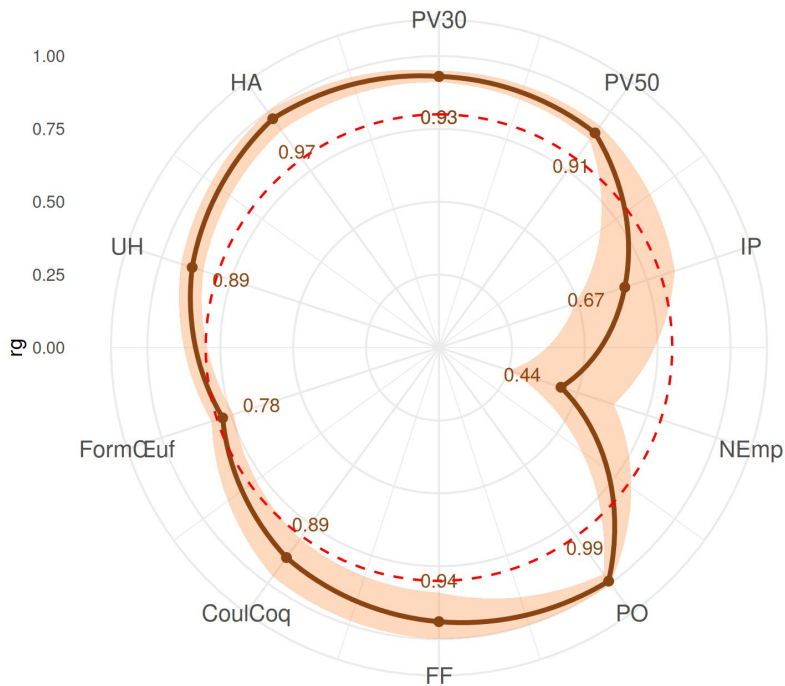
Il est également important de considérer que cette étude a été réalisée par l'intermédiaire de données issues d'élevage de sélection, et donc de lignées pures, présentant des conditions d'élevage contrôlées. Il serait ainsi opportun d'étudier ces mêmes caractères dans des environnements commerciaux, plus hétérogènes et impliquant des animaux croisés. Ces conditions diverses pourraient ainsi introduire des interactions GxE non observables dans le cadre de notre étude.

## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Beaumont C., Calenge F., Chapuis H., Fablet J., *et al.*, 2010. Inra Prod. Anim., 23, 123-132.
- Bécot L., 2023. Thèse de doctorat de l'institut Agro Rennes-Angers. C-165, 2023-4
- Calus M.P.L., Wientjes Y.C.J., Bos J., Duenk P., 2023. Animal. 17 :11, 100997
- Coustham V., Andrieux C., Cerutti C., Collin A., *et al.*, 2023. INRAE Prod. Anim., 36(4), 7384.
- Falconer, D. S., Mackay T.F.C., 1996. Longmans Green, Harlow, Essex, UK.
- Icken W., Caverio D., Schmutz M., Thurner S., *et al.*, 2008. Poult. Sci., 49(5), 533-541.
- Lourenco D, Tsuruta S, Aguilar I, Masuda Y, *et al.*, 2022. In: Proceedings of the 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production; 2022 July 3-8; Rotterdam
- Mulder H.A., Visscher J., Fablet J., 2016. Genet Sel Evol, (48), 39.
- Peterson R.A., Cavanaugh J.E., 2020. J App. Stat, 47(13-15), 2312-2327.
- Phocas F., Belloc C., Bidanel J., Delaby L., *et al.*, 2016, Animal, 10(11), 1749-1759.
- Picard--Druet D., Varenne A., Herry F., Herault F., *et al.*, 2020. BMC Genet 21(1), 17.
- R Core Team, 2025. Available at: <https://www.R-project.org>.
- Robertson, A., 1959. Biometrics 15, 469-485.
- Romé H., Varenne A., Hérault F., Chapuis H., *et al.*, 2015. Genet Sel Evol 47(1), 83.
- Venturini G.C., Savegnago R.P., Nunes B.N., Ledur M.C., *et al.*, 2013. Poult. Sci., 92(9), 2283-2289.
- Wolc A., Lisowski M., Szwaczkowski T., 2007. Czech J. Anim. Sci. 52(8), 254-260.



**Figure 1.** Héritabilités estimées au sol (axe des ordonnées) et en cage (axe des abscisses) pour le même caractère. Les points sont les estimées, les ellipses représentent les erreurs-type (au sol pour le diamètre vertical, et en cage pour le diamètre horizontal). Les héritabilités faibles sont bleues, les modérées sont vertes, les héritabilités élevées sont rouges, et l'héritabilité présentant une valeurs élevée au sol mais modérée en cage est orange



**Figure 2.** Radar des corrélations génétiques estimées pour un même caractère au sol et en cage. Le profil des valeurs estimées est tracé par des points marrons reliés et les erreurs associées sont représentés en fond plus clair. Le radar rouge pointillé représente le seuil d'une corrélation génétique de 0.80.