



HAL
open science

Habilitation à Diriger des Recherches

Christel C. Marie-Etancelin

► **To cite this version:**

Christel C. Marie-Etancelin. Habilitation à Diriger des Recherches. Sciences du Vivant [q-bio]. Institut National Polytechnique (Toulouse), 2015. tel-02800956

HAL Id: tel-02800956

<https://hal.inrae.fr/tel-02800956>

Submitted on 5 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.

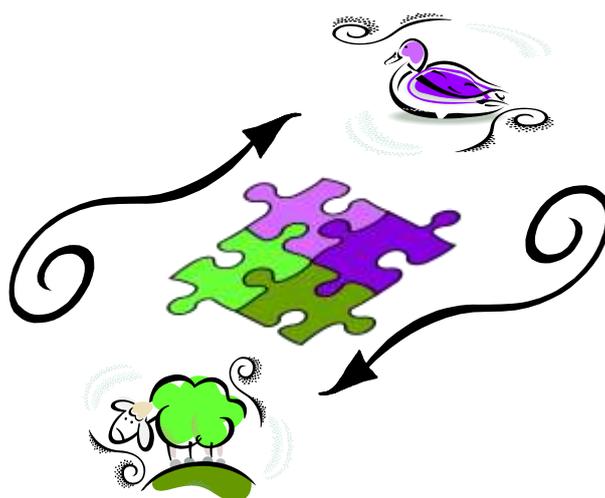
L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

INP Toulouse

Habilitation à Diriger des Recherches

Christel MARIE-ETANCELIN

Ingénieur de Recherche - INRA - GenPhySE



Soutenance le 15 décembre 2015

Membres du jury

M. Hervé REMIGNON	Professeur INP-ENSAT, Toulouse	Président
Mme Elisabeth DUVAL	Directrice de Recherche INRA, Tours	Rapportrice
Mme Eva UGARTE	Directrice de Recherche NEICKER, Espagne	Rapportrice
Mme Catherine LARZUL	Directrice de Recherche INRA, Toulouse	Rapportrice
M. Christian DIOT	Directeur de Recherche INRA, Rennes	Examinateur
Mme Caroline MOLETTE	Ingénieure de Recherche EURALIS	Examinatrice
Mme Rachel RUPP	Directrice de Recherche INRA, Toulouse	Examinatrice

TABLE DES MATIERES

INTRODUCTION.....	4
CONTEXTES.....	6
1- Filière des Palmipèdes Gras.....	6
1.1- Différents genres de canards... ..	6
1.2- La filière palmipèdes aujourd'hui	8
1.3- La sélection des palmipèdes	10
2- Filières des Brebis Laitières	11
2.1- La filière laitière d'aujourd'hui.....	11
2.2- Les schémas de sélection ovin lait.....	12
3- Elements d'évolution de la recherche en génétique quantitative animale à l'INRA	13
DE L'APTITUDE AU GAVAGE ET A LA QUALITE DES PRODUITS D'UN OISEAU SELECTIONNE EN CROISEMENT	15
1- Comment sélectionner les mulards sur la qualité de leurs produits ?	16
1.1- Déterminisme génétique de la qualité des produits du mulard dans les populations parentales	16
1.2- Impact du sexe du mulard sur la qualité de son foie gras	21
1.3- Prédiction du taux de fonte des foies gras par approche non destructive	23
2- Comment décrypter le métabolisme sous-jacent à la qualité du foie gras ?	27
2.1- Construction d'une carte génétique	29
2.2- Détection de QTL de caractères zootechniques du canard mulard.....	30
2.3- Protéome du foie gras et détection de QTL protéomiques	33
2.4- Transcriptome du foie gras.....	38
3- Sélectionner les mulards sur leur efficacité alimentaire : comment et quel impact ?	40
3.1- Amélioration de l'efficacité alimentaire du mulard via la voie paternelle	42
3.2- La diversité du comportement dans la prise alimentaire	45
4- Conclusion.....	48
... AUX CARACTERES DE LACTATION D'UN MAMMIFERE SELECTIONNE EN RACE PURE.....	50
1- La forme des mamelles : un sujet d'intérêt ?	51
1.1- La sélection laitière et la morphologie mammaire.....	51
1.2- Un phénotypage fin de la morphologie mammaire par analyse d'images.....	53
2- Les cinétiques d'émission du lait : quel déterminisme génétique ?	56
2.1- La sélection laitière et les cinétiques d'émission du lait	56
2.2- Quelques éléments d'explication	58

3- Conclusion.....	59
PERSPECTIVES	61
1- L'intégration des données « omics » de la qualité du foie gras : des révélations ?.....	61
2- Le microbiote ruminal : un réel front de science ?.....	62
3- Conclusion.....	65
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	66
LISTE DES TRAVAUX.....	74
Articles publiés dans des revues scientifiques à comité de lecture	74
Mémoire d'obtention de diplômes	76
Communications à des congrès	76
<i>Congrès Internationaux</i>	76
<i>Congrès Nationaux</i>	80
Chapitre d'ouvrages	84
Principaux dossiers de financement et rapports scientifiques de programmes de recherche	84
Encadrements et Formations.....	85
CURRICULUM VITAE	87

INTRODUCTION

Après une formation d'Ingénieur Agronome à l'Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie de Rennes spécialisation « Production et Produits Animaux », j'ai débuté ma carrière professionnelle en 1992, à l'Institut Technique de l'Elevage Bovin (ITEB) dans le Service « Nutrition des Bovins Laitiers », à Nancy. En mai de cette même année, la fusion de l'ITEB et de l'ITOVIC (l'Institut Technique de l'Elevage OVIN et Caprin) pour constituer l'Institut de l'Elevage, a conduit à une compression du personnel, d'où une situation délicate pour les derniers recrutés dont je faisais partie. Dès lors, je me suis naturellement tournée vers l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), organisme où j'avais réalisé avec grand intérêt mon stage d'Ingénieur Agronome sur « l'impact des variants génétiques des caséines sur la technologie laitière » à Jouy-en-Josas. Ayant réussi le concours d'entrée, j'ai donc rejoint l'INRA en février 1993 en tant qu'Ingénieur de Recherche en Génétique Animale, à la « Station d'Amélioration Génétique des Animaux » (SAGA) de Toulouse.

A la SAGA, les recherches étaient organisées autour de filières animales (les ovins laitiers et viandes, les caprins laitiers, les lapins et les palmipèdes) et d'axes transversaux soit méthodologiques (autour de l'indexation et de la sélection) soit thématiques (reproduction, résistance aux maladies, phanères, efficacité alimentaire...). De 1993 à 2003, j'étais positionnée au sein de l'équipe « Brebis laitières » animée par F. Barillet, et l'objet de mon travail de recherche concernait l'étude de la *variabilité génétique des caractères associés à la production laitière*. Après une incursion sur l'étude de *l'efficacité alimentaire de la brebis laitière en lactation*, mon activité scientifique s'est centrée sur les caractères fonctionnels que sont la *morphologie mammaire* et les *cinétiques d'émission du lait*. Fin 2003, suite à la mobilité géographique et thématique de C. Larzul, j'ai eu l'opportunité de changer d'espèce d'intérêt et donc d'équipe de recherche tout en restant à la SAGA : j'ai intégré l'équipe « Palmipèdes à Foie Gras » animée par J.M. Brun, au sein de laquelle je me suis intéressée principalement à la *variabilité génétique de la qualité du foie gras*, puis à *l'étude du comportement et à l'efficacité alimentaire du canard*. De 2007 à 2013, j'ai eu la responsabilité d'animer cette petite équipe composée de 4 personnes et renommée « Génétique et Génomique des Palmipèdes Gras ». En 2014, la fusion des 3 Unités de Recherches SAGA, « Laboratoire de Génétique et Cytogénétique » (LGC) et « Tissus Animaux, Nutrition, Digestion, Ecosystème et Métabolisme » (TANDEM) en une seule unité dénommée « Génétique, Physiologie et

Système d'Élevage » (GenPhySE) a conduit malheureusement à la disparition de l'activité de l'équipe « Génétique et Génomique des Palmipèdes Gras ». Après une phase de réflexions sur mon positionnement scientifique au sein de GenPhySE, je me suis réorientée vers ma première espèce d'intérêt pour étudier la *variabilité génétique de caractères d'intérêt des petits ruminants laitiers*, et à ce titre, j'ai intégré à l'automne 2015 l'équipe GesPR (Génétique et Sélection des Petits Ruminants).

Quels que soient le sujet ou la filière animale étudiés, l'objectif de mes recherches a, autant que possible, deux finalités : la première est d'accroître les connaissances du déterminisme génétique du caractère étudié et la seconde de contribuer concrètement à l'amélioration de la sélection des populations animales concernées. Cette dualité suppose donc des collaborations aussi bien avec les acteurs de la recherche académique, mais aussi des interactions fortes avec le monde professionnel de la sélection animale. Si le fils conducteur de ces 20 années de recherche est indéniablement la *variabilité génétique de caractères zootechniques*, j'ai exploré durant la première décennie la sélection en population pure d'un mammifère destiné à produire du lait tandis que durant la seconde décennie, j'ai étudié la sélection en croisement d'un oiseau destiné à produire du foie gras.

L'objet de ce mémoire est d'exposer les travaux réalisés dans ces 2 volets professionnels ainsi que les principaux projets envisagés à moyen terme.

CONTEXTES

Les filières « Ovine Laitière » et « Palmipèdes à Foie Gras » ont en commun d'être des espèces d'intérêt agronomique minoritaires à l'échelle internationale, mais présentant des produits phares en termes d'image de la France, avec des fromages typiques dont le Roquefort d'une part et le foie gras d'autre part. Ces productions nationales sont de plus ancrées historiquement dans des territoires particuliers : le Rayon de Roquefort, les Pyrénées et la Corse pour les brebis laitières ; l'Aquitaine et Midi-Pyrénées pour les canards à gaver. Là, s'arrêtent les parallèles que l'on peut faire entre ces 2 filières : leurs spécificités sont nombreuses.

1- Filière des Palmipèdes Gras

1.1- Différents genres de canards...

Les canards domestiques actuels appartiennent à l'ordre des Anseriformes, à la famille des Anatidés et la sous-famille des Anatinés. Ce dernier groupe comprend lui-même différentes espèces de canards qui se distinguent notamment par leur mode de vie (Sauveur, 1990).

- L'espèce *Cairina Moschata* se compose de canards percheurs, dont l'ancêtre sauvage est le canard musqué qui vivait à l'origine dans les arbres des forêts tropicales d'Amérique Centrale et du Sud. Domesticqué par les Sud-Amérindiens depuis au moins 7 siècles, il a donné naissance au canard de Barbarie, unique race domestique de *Cairina Moschata*. Les conquistadors ayant découvert cet animal au Pérou et en Colombie, l'ont ramené en Europe au XVI^{ème} siècle. Du fait de ces grandes capacités d'adaptation à des climats autres que tropicaux, le canard de Barbarie a ensuite diffusé vers l'Afrique et l'Asie.

- L'espèce *Anas Platyrhyncos* dont l'ancêtre sauvage le plus connu est le canard Colvert, se compose de canards barboteurs de surface, migrateurs, et originaires des zones tempérées froides de l'hémisphère Nord. Sa domestication a eu lieu il y a 3 à 4000 ans en Asie du Sud-Est et dans une moindre mesure en Chine. Elle a donné naissance à des races très diverses (toutes regroupées sous le nom de « canard commun ») du coureur Indien longiligne au charnu canard Pekin. En Europe, la reproduction en captivité du canard *Anas*

Platyrrhyncos ne date que du Moyen Age, et a donné naissance aux races de canard de Rouen ou de Duclair.

Bien que dénommées toutes deux « canard », les espèces « *Cairina Moschata* » et « *Anas Platyrrhyncos* » (qui sont de genres différents) ont une distance phylogénétique estimée entre 13 et 20 millions d'années (Gonzalez *et al.*, 2009), soit le double du temps de divergence entre l'âne et le cheval. Néanmoins, les caryotypes de ces 2 espèces présentent le même nombre de chromosomes (soit $2n=80$), avec comme pour toutes les espèces avicoles, des macrochromosomes et des microchromosomes et la femelle comme sexe hétérogamétique (femelle = ZW, mâle = ZZ). Les différences caryotypiques observées entre *Anas* et *Cairina* se situent au niveau des chromosomes sexuels et des macrochromosomes 2, 3, 5 et 7 (Denjean *et al.*, 1997). Le croisement entre ces 2 espèces est possible et donne naissance à un canard hybride vrai. L'accouplement naturel entre une cane commune et un canard de Barbarie étant très rare, la production de l'hybride requiert l'intervention de l'homme, qui va de l'immobilisation de la cane à l'insémination artificielle. Selon le sens du croisement, cet hybride est un canard mulard (lorsqu'une cane commune est fertilisée par un canard de Barbarie) ou un canard hinny (lorsqu'une cane de Barbarie est fertilisée par un canard commun). En pratique, la cane commune mère du mulard peut être de différentes races : en France, la mère du mulard est une cane Pekin, mais à Taiwan c'est une cane Kayia (elle-même produit d'un croisement entre une cane Tsayia et un mâle Pekin) qui est utilisée.

Ces 4 différents génotypes de canards (Barbarie, commun, mulard, hinny) diffèrent phénotypiquement et physiologiquement. A l'âge adulte, le canard de Barbarie est significativement plus lourd que le canard commun (6 kg contre 3 kg) et il existe un dimorphisme sexuel très marqué chez le Barbarie (de l'ordre de 45%) alors qu'il est quasiment nul chez le commun (Tai et Rouvier, 1998). Chez l'hybride, le dimorphisme sexuel dépend du sens du croisement, puisqu'il est très marqué chez les hinnie (40%) mais tenu chez les mulards (5%). L'aptitude au gavage est une notion complexe qui combine la capacité de synthétiser des lipides dans le foie à partir d'une quantité donnée d'aliment ingéré, de les stocker non pas en périphérie en sous cutané ou en intra-abdominal mais dans les hépatocytes sous forme de triglycérides (Hermier *et al.*, 1999), et d'avoir une grande capacité d'ingestion. Le canard commun a non seulement une faible stéatose mais aussi une forte exportation des lipides synthétisés. A contrario, le canard de Barbarie a une excellente stéatose et un engraissement périphérique plus modéré. Le canard mulard présente des caractéristiques intermédiaires à celles de ses parents : il est capable d'une stéatose correcte, avec une exportation périphérique des lipides non excessive, mais surtout possède une

grande capacité d'ingestion, bien supérieure à celle du meilleur de ses parents. C'est cet effet d'hétérosis sur la quantité ingérée qui donne au mulard sa très bonne aptitude au gavage et explique sa suprématie totale comme canard gras (Baéza *et al.*, 2013).

Schématiquement, le cycle de production d'un canard mulard destiné à la production de foie gras comporte deux phases successives : la phase d'élevage, la plus longue dans la vie de l'animal (de 11 à 12 semaines) et la phase de gavage, d'une durée très courte (de 10 à 12 jours). Durant la phase d'élevage, les animaux sont durant 1 à 4 semaines élevés en bâtiment clos chauffé et reçoivent à volonté une alimentation granulée, puis de 4 à 8 semaines d'âge, ils ont accès à un parcours extérieur et sont nourris à volonté avec un aliment composé de céréales à 75% sous forme de granulés. De 9 à 12 semaines d'âge, les animaux reçoivent cette même alimentation sous forme de repas (220 à 400 g/j) avec un temps d'accès à la mangeoire limité afin d'augmenter le volume du jabot pour préparer le gavage (Guy et Forthun-Lamothe, 2013). Enfin, pendant la phase de gavage, les animaux reçoivent à l'aide d'un embuc deux repas par jour d'une pâtée composée à 98% de maïs et d'eau. Les quantités distribuées par repas varient de 250 g en début de gavage à 480 g en fin de gavage, soit un total ingéré d'environ 10 kg de pâtée. L'objectif est d'obtenir en fin de gavage un canard de 5,5 à 6 kg de poids vif, qui après abattage produira un foie gras de 550 à 570 g et un magret de l'ordre de 350 g.

Physiologiquement, la lipogenèse hépatique est stimulée par l'aliment de gavage, très énergétique et riche en glucides mais pauvre en lipides et protéines. Une des fonctions métaboliques du foie étant de maintenir l'homéostasie glucidique, le glucose en excès est donc converti en acides gras, eux même utilisés pour produire des triglycérides. Bien qu'il y ait une exportation des lipides hépatiques néo-synthétisés, celle-ci est plus faible que la synthèse hépatique. Cumulé à une faible capacité de stockage des lipides circulants par les tissus périphériques, on observe un retour au foie d'une partie de ces lipides, ce qui contribue à l'augmentation de la stéatose (Davail *et al.*, 2003).

1.2- La filière palmipèdes aujourd'hui

Si les premières traces de gavage apparaissent en Egypte Ancienne où l'oie était parfois engraisée de force, la naissance du foie gras moderne en Europe vient de la diffusion de nouveautés américaines sur le vieux continent telles que le canard de Barbarie et le maïs. Ainsi, la production de foie gras de canard de Barbarie (appelé aussi canard Musqué) semble avoir débutée au XVI^{ème} siècle en France (Duhart, 2004). L'intérêt du canard mulard pour la

production de foie gras est documenté depuis le XVIII^{ème} siècle, et les qualités de ce palmipède sont largement reconnues : rusticité en élevage, facilité de gavage, foie gras de poids élevé et de bonne qualité (Guy *et al.*, 1995). Son handicap majeur, qui résidait dans la difficulté d’obtenir des mulards par accouplement naturel, a été levé à la fin des années 80 par le développement de l’insémination artificielle de la cane commune (Rouvier, 1992).

Aujourd’hui, la France est le premier producteur mondial de foie gras avec 19 200 T produites en 2012 (Tableau 1), représentant 72% de la production mondiale. Ce produit traditionnel français provient à 97% du gavage de canards, les 3% restant provenant des oies (Comité Interprofessionnel du FOie Gras, 2013). De plus, le foie gras de canard, historiquement issu du gavage de canards mâles de Barbarie (*Cairina Moschata*), provient aujourd’hui à 95 % du gavage de canards mâles mulards, hybrides intergénériques infertiles produit par croisement d’une cane commune (*Anas Platyrhynchos*) et d’un mâle de Barbarie. La réglementation européenne définit le foie gras de canard comme provenant exclusivement de canards (*Cairina moschata* ou *Cairina moschata* x *Anas platyrhynchos*) spécialement gavés de manière à produire l’hypertrophie cellulaire grasseuse du foie. Le poids du foie gras cru doit être au minimum de 300 g et ne doit pas présenter de cellules maigres.

Tableau 1 : contribution des espèces à la production de foie gras française

	Canard mulard	Canard de Barbarie	Oie grise
Nb animaux abattus (milliers)	33 500	1 800	600
Foie gras produit (tonnes)	17 800	900	500

Le chiffre d’affaire global de la filière « palmipèdes à gaver » était estimé à 2,4 milliards d’euros en 2012 (CIFOG, 2013), l’oie ne représentant plus que 1% de ce montant. L’amont de cette filière se compose de 3 sélectionneurs privés et chaque année. Plus de 42 millions de canetons mâles à gaver sont mis en place par une vingtaine de couvoirs et ces animaux sont élevés par environ 5 000 éleveurs et/ou gaveurs. L’aval de la filière comprend une vingtaine d’abattoirs spécialisés, une cinquantaine d’entreprises de découpe et environ 75 entreprises de transformation. Les principaux professionnels de la transformation sont des coopératives agricoles (Euralis, Maïsador, Lur Berri...) ou des sociétés à capitaux privés (Comtesse du Barry, Feyel...). Depuis 1987, l’ensemble des acteurs professionnels de la filière « Foie Gras » s’est structurée au sein du CIFOG (Comité Interprofessionnel des Palmipèdes à Foie Gras).

Ce comité assure la défense de la filière, la promotion des produits (foie gras, magret, confit) et participe aux financements de programmes collectifs de recherche. Son action a par exemple abouti en 2006 à l'inscription du foie gras « au patrimoine culturel et gastronomique français » (article L. 654-27-1 du code rural défini par la Loi d'Orientation Agricole). Depuis la fin des années 2000, cette filière subit les pressions de groupes d'activistes - dont le plus actif est l'association L214- qui visent à interdire totalement le gavage, considérant « la production de foie gras comme l'une des plus flagrantes cruautés de notre époque ». En parallèle, la communauté européenne, sensibilisée à la pratique du gavage, a fait interdire l'utilisation des cages individuelles de gavages : l'interdiction complète sera applicable au 1^{er} janvier 2016.

1.3- La sélection des palmipèdes

La sélection des palmipèdes à gaver est organisée autour de 3 grands opérateurs privés : les sociétés ORVIA, Grimaud Frères Sélection et Bréhéret. Deux d'entre elles sont aussi impliquées dans la sélection du canard à rotir. Les lignées sélectionnées sont donc soit des canards de Barbarie sélectionnés pour leur propre production de viande, soit des lignées Barbarie et Pekin sélectionnées pour améliorer la capacité de leurs descendants mulards à faire du foie gras.

Afin de bénéficier de l'hétérosis et de la complémentarité entre lignées, les parents des mulards commerciaux sont généralement eux-même des animaux croisés, de sorte que le canard mulard est le produit terminal d'un schéma de croisement à 4 voies. Chaque lignée pure grand-parentale est donc spécialisée, sélectionnée sur un faible nombre de caractères permettant ainsi un gain génétique maximal sur ces caractères. Ensuite, le croisement de ces lignées spécialisées permet d'exploiter la complémentarité entre souches, et ainsi de progresser sur des caractères qui, dans une lignée donnée, sont défavorablement corrélés génétiquement. De plus, comme l'animal commercialisé est un animal croisé, les lignées pures grand-parentales sont protégées.

Le phénotypage a donc lieu soit sur les animaux en lignée pure (par exemple éclosabilité des œufs de la cane commune ; croissance ou efficacité alimentaire du canard de Barbarie) soit sur leurs descendants mulards (caractères d'aptitude au gavage par exemple). Pour la plupart des lignées de canards à gaver, le calcul des valeurs génétiques est réalisé par le SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français) à partir des modèles

d'estimations les plus récents produits par l'INRA. Le secteur étant très concurrentiel, les objectifs de sélection de chacune des 3 entreprises sont conservés au secret.

2- Filières des Brebis Laitières

Les anthropologues datent la domestication des ovins à 8 500 ans avant J.-C., concomitamment à celle des bovins et caprins. Les moutons ont d'abord été domestiqués pour leur viande puis, il y a environ 5 000 ans, les humains ont commencé à exploiter leur laine et leur lait. Une sélection phénotypique a progressivement eu lieu, posant les bases des races modernes peu à peu spécialisées à une production donnée et adaptées à un milieu particulier. Le progrès génétique a débuté il y a 2-3 siècles avec la division des ovins en races, puis il a subi une forte accélération depuis le milieu du XX^{ème} siècle par la mise en œuvre de méthode de génétique quantitative et l'utilisation de l'insémination artificielle. Une étude récente de la variabilité génétique d'environ 3 000 ovins de 74 races différentes à l'aide d'une puce à 50 k SNP (Kijas *et al.*, 2012) met en évidence des traces de sélection très marquées dans certaines zones du génome (par exemple, la sélection pour une absence de cornes), et confirme l'accélération récente du progrès génétique. Les auteurs affirment aussi que les élevages ovins actuels ont maintenu une grande diversité génétique - en comparaison avec d'autres animaux domestiques tels que les chiens ou les bovins - ce qui signifie que les éleveurs d'ovins peuvent encore espérer des améliorations importantes des caractères de production de leurs animaux grâce à la sélection.

2.1- La filière laitière d'aujourd'hui

Avec 1,6 millions de brebis laitières, la France ne représente que 6 % du cheptel ovin laitier européen, loin derrière la Roumanie, la Grèce, l'Italie et l'Espagne qui possèdent respectivement 7,4 millions, 6,3 millions, 5,5 millions et 3,2 millions de têtes (FranceAgriMer, 2010).

Le cheptel français se divise en 5 races localisées dans 3 bassins traditionnels de production : la brebis Lacaune dans le Rayon de Roquefort, la brebis Corse sur l'Île de Beauté et dans les Pyrénées, les brebis Manech Tête Noire et Tête Rousse (versant basque) et les brebis Basco-Béarnaises (versant béarnais). La production française de lait de brebis, localisée

à 85% dans des zones de montagnes, est estimée à 270 millions de litres de lait, et concerne plus de 5 000 éleveurs. Ce lait est valorisé pour l'essentiel sous forme de fromages, à plus de 40% sous des AOP spécifiques de la zone de production : 17 500 tonnes de Roquefort, 3 500 tonnes d'Ossau-Iraty dans les Pyrénées et 350 tonnes de Brocciu en Corse (CNAOL, les chiffres clés 2010). La production de lait de brebis est saisonnée - avec 95% du lait produit entre début décembre et fin juillet - et repose sur des systèmes d'élevages valorisant des prairies et des surfaces pastorales. La traite est très majoritairement mécanisée puisque seuls 16% des exploitations sont en traite manuelle, avec de grandes variations selon les zones de production (de l'ordre de 28% en Corse et dans les Pyrénées, contre 6% dans le Rayon de Roquefort).

2.2- Les schémas de sélection ovin lait

L'amélioration génétique des races ovines laitières est conduite par la sélection des 5 races de brebis au sein de leur aire géographique d'élevage. Avec 870 000 brebis (Tableau 2), le cheptel français en contrôle laitier est le plus important d'Europe. Malgré la contrainte d'utiliser de la semence fraîche, l'insémination artificielle est largement développée avec des très bons taux de réussite (55 à 75 %). Annuellement, plus de 2 500 jeunes béliers issus d'accouplements raisonnés, sont regroupés en centres d'élevage pour être phénotypés sur des caractères autres que laitiers. A l'issue de cette phase, environ 700 béliers sont testés sur descendance : après contrôle de la production de leurs filles, les 250 meilleurs béliers seront retenus pour être diffusés par IA.

Tableau 2 : effectifs d'ovins laitiers en contrôle (Sources : Idele, ANIO, CNBL, SIEOL)

Races	Nb de brebis	Brebis contrôlées	Béliers en C.E.	Béliers testés sur desc.
Lacaune	1 040 000	684 000	1 942	409
Basco-béarnaise	80 000	32 000	77	53
Manech Tête Noire	95 000	21 000	47	31
Manech Tête Rousse	290 000	104 000	225	157
Corse	90 000	30 000	288	26
Total	1 595 000	871 000	2 579	676

Les schémas de sélection laitiers présentent une bonne à très bonne efficacité, avec un gain génétique compris entre 0,10 et 0,23 écart-type génétique, selon la taille et l'ancienneté du schéma. Ainsi en Lacaune, le progrès génétique s'élève en moyenne à 5,3 litres de lait par an, avec une augmentation annuelle des taux butyreux et protéiques de respectivement 0,19 g/l et 0,16 g/l. Plus récemment, les aptitudes fonctionnelles des brebis bénéficient aussi d'un progrès génétique significatif avec prise en compte de la résistance aux mammites depuis 2002 et de la conformation mammaire depuis 2004. Dans les Pyrénées, le progrès génétique s'échelonne de 2,5 litres de lait par an en Manech TN et Basco-béarnaise à plus de 4 litres en Manech TR. La prise en compte du comptage de cellules somatiques pour réduire les infections mammaires dans l'index de sélection est prévue pour 2016, et la conformation mammaire dans 2 à 4 ans. En Corse, les objectifs de sélection se concentrent sur l'augmentation de la production laitière, tout en maintenant la rusticité de la race.

3- Elements d'évolution de la recherche en génétique quantitative animale à l'INRA

Contrairement à bien des structures de recherches étrangères, nous avons encore la chance de disposer à l'INRA d'Unités Expérimentales dans lesquelles conduire notre exploration de la variabilité génétique des caractères, cœur du champ thématique 2 du département de Génétique Animale. L'outil qu'est l'UE nous permet de réaliser des expérimentations de sélection sur des caractères originaux, d'acquérir des phénotypes fins avec de hauts débits et de bénéficier des compétences zootechniques des agents dans la réalisation des protocoles. Les travaux que j'expose ci-après ont majoritairement bénéficié de l'existence de l'Unité Expérimentale de La Fage -UE ovine laitière située sur le Causse du Larzac en Aveyron- et de l'Unité Expérimentale d'Artiguères -UE des palmipèdes à foie gras localisée près de Mont de Marsan dans les Landes-. Une part minoritaire de mes travaux a été effectuée hors UE, soit grâce à des données des populations en sélection (en brebis Lacaune), soit grâce à des données d'un sélectionneur privé (en palmipèdes gras).

L'exploration de la variabilité génétique des caractères suppose une transdisciplinarité pour être capable de comprendre et d'expliquer leur évolution. Que ce soit sur la brebis ou sur le canard, mon réseau de collaborations pluridisciplinaires concernait préférentiellement la physiologie : soit de la nutrition (F. Bocquier, P. Hassoun, G. Caja, X. Such...) ou du fonctionnement de la glande mammaire (P.G. Marnet) chez les ovins, soit du métabolisme hépatique (S. Davail...) ou de la qualité des produits (E. Baéza, C. Molette...) chez le canard.

Mes incursions sur le déterminisme génétique du portage de bactéries ont aussi nécessité des coopérations avec des collègues pathologistes (E. Zundel, P. Velge).

Dans les années 80-90, les approches développées en génétique quantitative reposaient essentiellement sur le principe de la « boîte noire », les phénotypes complexes étudiés étaient considérés comme le résultat d'effets génétiques et d'environnements. Il s'agissait alors d'estimer les parts relatives de la variance totale d'un caractère à la génétique et à l'environnement. Le développement de marqueurs moléculaires polymorphes positionnés sur le génome des animaux a ouvert cette « boîte noire » : l'association entre la variabilité du caractère à la forme du marqueur a permis l'identification de zones particulières du génome. Aujourd'hui, en pleine aire de la génomique, les puces comportant des centaines de milliers de marqueurs sont disponibles chez les principales espèces de rente : elles permettent de réaliser des cartographies fines du génome et révolutionnent la sélection animale. Parallèlement, le séquençage de nos animaux d'intérêt est un outil en train d'être intégré dans nos programmes de recherche. Situés entre le phénotype et la génomique, d'autres niveaux de phénotypages hauts débits ont vu le jour : la transcriptomique (quantification des ARN messagers), la protéomique (quantification des protéines) et plus récemment la métabolomique (quantification des métabolites). Aussi, les travaux que j'ai réalisés en ovin et en palmipèdes ont bénéficié de ces évolutions, la vitesse à laquelle les changements sont apparus dépendant des moyens et de l'importance de l'espèce. Ainsi, j'ai réalisé des estimations de paramètres génétiques et des détections de QTL dans les 2 espèces. Si j'ai utilisé les outils de la transcriptomique en ovin et en palmipèdes, seule la qualité du foie gras a été explorée via la protéomique et la métabolomique. Au final, la plupart des outils statistiques et de phénotypage utilisés pour décrypter la variabilité génétique d'un caractère est transposable d'une espèce à une autre et d'un caractère à un autre. La seule spécificité, mais d'importance, est la population animale cible : la sélection est conduite en race pure pour les ovins laitiers alors qu'elle se fait en croisement pour les palmipèdes à foie gras.

Dans l'exposé ci-dessous des projets conduits depuis mon entrée à l'INRA, une double dichotomie apparaîtra : si la distinction entre espèces m'a semblé difficilement évitable, j'ai souhaité dissocier les projets de recherche résolument appliqués des projets plus amont d'acquisition de connaissances.

DE L'APTITUDE AU GAVAGE ET A LA QUALITE DES PRODUITS D'UN OISEAU SELECTIONNE EN CROISEMENT...

L'amélioration génétique du canard mulard, du fait de la stérilité de ce croisement terminal, doit être faite par sélection des populations parentales (Barbarie et/ou commune) pour des performances mesurées chez leur descendant mulard : de ce fait, il est nécessaire de connaître les paramètres génétiques (héritabilité et corrélation génétique) dans les populations pures parentales pour des performances de l'animal croisé. Il serait en effet incorrect de déduire ces paramètres à partir d'une performance mesurée sur un animal en race pure, puisque la corrélation génétique entre un caractère mesuré en pur et en croisement peut être faible : ainsi, Brun et Larzul (2003) ont montré que la fertilité d'une cane commune pour produire des descendants communs n'était génétiquement corrélée qu'à +0,50 avec la fertilité de cette même cane pour produire des descendants mulards, montrant ainsi que ce sont des gènes en partie différents qui contrôlent les deux caractères. D'autre part, l'aptitude au gavage du mulard est très éloignée de celles des espèces parentales. A l'extrême, le canard commun ne produit qu'exceptionnellement un foie suffisamment stéatosé pour être considéré comme foie gras (Baéza *et al.*, 2005). Il est donc impossible de sélectionner directement la lignée commune, mère du mulard, pour son aptitude au gavage.

La revue bibliographique sur le déterminisme génétique du mulard publiée en 2005 [A21;D31;D32] mettait en évidence le peu de connaissances disponibles alors sur l'estimation des paramètres génétiques de caractères du mulard afin de sélectionner les lignées parentes. En pratique, ces lignées étaient peu sélectionnées pour des caractères mesurés chez le mulard et, lorsqu'elles l'étaient, les valeurs génétiques étaient estimées séparément dans chacune des 2 lignées parentes : la performance du mulard étant considérée comme une donnée répétée de l'un de ses parents, l'autre parent comme un effet d'environnement [A18;C17]. Or la nécessité d'acquérir des connaissances sur le déterminisme génétique était particulièrement marquée pour des caractères pour lesquels le mulard n'est pas l'intermédiaire entre les espèces parentales - ce qui laisse supposer un déterminisme génétique non additif de ces

caractères – comme pour l’aptitude au gavage, la qualité des produits qui en découle et l’ingestion des animaux. Le corollaire était le besoin de développement de modèles statistiques de l’hérédité, prenant en compte simultanément les deux parents du mulard.

Seront exposés dans cette partie du mémoire, les travaux concernant ces caractères aux déterminismes génétiques peu connus : en premier lieu, je me suis intéressée à la qualité des produits en lien avec l’aptitude au gavage des canards et dans un deuxième temps à leurs efficacité et comportement alimentaires. Dans chaque sous-partie, les premiers projets décrits ont une finalité plutôt « appliquée » tandis que les projets suivants ont un objectif plus « cognitif ».

1- Comment sélectionner les mulards sur la qualité de leurs produits ?

1.1- Déterminisme génétique de la qualité des produits du mulard dans les populations parentales

En production animale, la qualité des produits doit satisfaire différents acteurs : des producteurs aux consommateurs en passant par les transformateurs. Les producteurs mettront l’accent sur la qualité des carcasses et des produits d’intérêt qui la composent (foie gras et magret) ; caractères que nous définissons ci-après comme « *caractères d’aptitude au gavage* ». Les industries de la transformation s’attacheront aux aptitudes des produits aux différents processus (notamment au taux de fonte des foies gras – i.e. pourcentage d’exsudat lipidique- lors de la pasteurisation) et à la qualité sanitaire des produits. Enfin les consommateurs privilégieront les aspects organoleptiques et de présentation, considérant implicitement le produit comme sanitaire sûr. Ce que nous définirons ci-après comme « *caractères de qualité des produits* » combine l’aptitude à la transformation et les aspects de présentation du produit.

Les premières investigations du déterminisme génétique des caractères d’aptitude au gavage et de qualité des produits du mulard ont été réalisées dans la voie maternelle du croisement : la performance du mulard était attribué à sa mère commune et considéré comme un caractère répété, le père Barbarie étant considéré comme un effet fixe (Poujardieu *et al.*, 1994 ; Larzul *et al.*, 2002). Ainsi estimée, l’héritabilité du poids de foie gras du mulard dans la lignée commune variait de 0,10 à 0,17. Le poids de foie n’était génétiquement pas corrélé avec le poids vif des animaux (les corrélations génétiques variant de -0,09 à -0,39

selon les auteurs et l'âge des animaux) et peu avec le poids de la carcasse sans foie gras (corrélations génétiques de -0,16 à -0,44). Enfin, la seule estimation publiée de l'héritabilité de la quantité de lipides exsudés par le foie lors de sa stérilisation s'élevait à 0,18 avec une forte corrélation génétique défavorable avec le poids de foie gras (+0,89). Coté Barbarie, si la sélection directe pour le poids du foie, à partir de mesures effectuées sur canards de Barbarie gavés, était efficace – les héritabilités variant entre 0,20 et 0,40 (Babilé, 1989 ; Mignon-Grasteau *et al.*, 1998)-, l'importance de l'amélioration des performances en foie gras induite chez son fils mulard n'a jamais été chiffrée. A l'aide d'un plan de croisement factoriel, Larzul *et al.* (2006) a estimé les paramètres du croisement pour les mesures de qualité de viande du magret : les effets d'hétérosis et les effets maternels étaient peu significatifs sur les caractéristiques physico-chimiques et de texture de la viande. Aucune étude du déterminisme génétique des qualités organoleptiques et de présentation du foie gras n'a été publiée. Cependant, Chartrin *et al.* (2006) ont montré que les qualités organoleptiques du magret de canard Pekin étaient supérieures à celles du canard de Barbarie qui se caractérise par une viande plus dure, fibreuse et moins juteuse. Les magrets des 2 canards hybrides ont des caractéristiques intermédiaires entre celles des parentaux.

En 2006, j'ai conçu un programme de recherche de QTL (Quantitative Trait Loci) chez le canard gavé (Programme « GeneCan »)¹. Pour ce faire, j'ai obtenu les financements nécessaires (330 k euros) auprès de l'ANR, Agenavi et l'Inter-Regions Midi-Pyrénées & Aquitaine et coordonné ce programme de 2006 à 2010. Suite à sa mise en œuvre à l'UEPFG, j'ai pu disposer de performances d'aptitude au gavage et de qualité des produits détaillées pour environ 1600 mulards mâles issus de 380 canes communes croisées et 60 canards de Barbarie. Ainsi, les canards mulards ont fait l'objet d'un grand nombre de mesures relatives à leur croissance (poids à 12, 28, 42 et 70 jours d'âge et GMQ relatifs), au métabolisme hépatique en début, milieu et fin de gavage avec dosage des taux de glucose, de triglycérides et de cholestérol sanguins, à l'ingéré et au poids en fin de gavage, à l'aptitude au gavage (poids de la carcasse ressuée, du foie, de la cuisse, de la peau du magret, du muscle du magret, et du gras abdominal) et à la qualité des produits (taux de fonte, taux de protéines et de collagène pour le foie frais ; pH 20 min *post mortem*, pH ultime, exsudation sous vide et pertes à la cuisson pour le magret ; et pour les 2 produits, paramètres de couleur L*, a*, b* et taux de lipides).

¹ Pour le détail de programme « GeneCan », se référer pages 28-29 du présent document.

Il m'était alors possible d'estimer les paramètres génétiques de ces nouveaux caractères. Cependant, les modèles précédemment utilisés, qui ne corrigeaient pas les performances du mulard pour les effets de la sélection dont est issue l'autre parent, n'étaient pas optimaux. Or, pour prendre en compte simultanément les 2 populations parentes du mulard lors du calcul de paramètres génétiques, il faut pouvoir intégrer des variances différentes pour les populations d'origine Barbarie versus commune. La théorie proposée initialement par Wei et Van der Werf (1994), reprise par Lo *et al.* en 1995 et simplifiée pour un croisement 2 voies (Lo *et al.*, 1997), permet d'estimer les covariances entre animaux croisés. Elle peut combiner des performances d'animaux de races pures et en croisement et prendre en compte les effets additifs et de dominance le cas échéant. J'ai mis en œuvre ce modèle sur notre jeu de données par échantillonnage de Gibbs à l'aide du logiciel Gibbsf90 (Misztal *et al.*, 2002) avec uniquement des performances d'animaux mulards et sans effet de dominance [A16].

Les estimations d'héritabilités obtenues pour les caractères d'aptitude au gavage (Figure 1) sont bien plus élevées dans la population commune, mère du mulard que dans la population Barbarie, père du mulard. Les différences entre les 2 populations parentales sont les plus faibles pour le poids de foie gras (h^2 de 0,15 versus 0,08 dans les lignées commune et Barbarie, respectivement) et pour le poids de la peau des magrets (h^2 de 0,16 versus 0,10, respectivement).

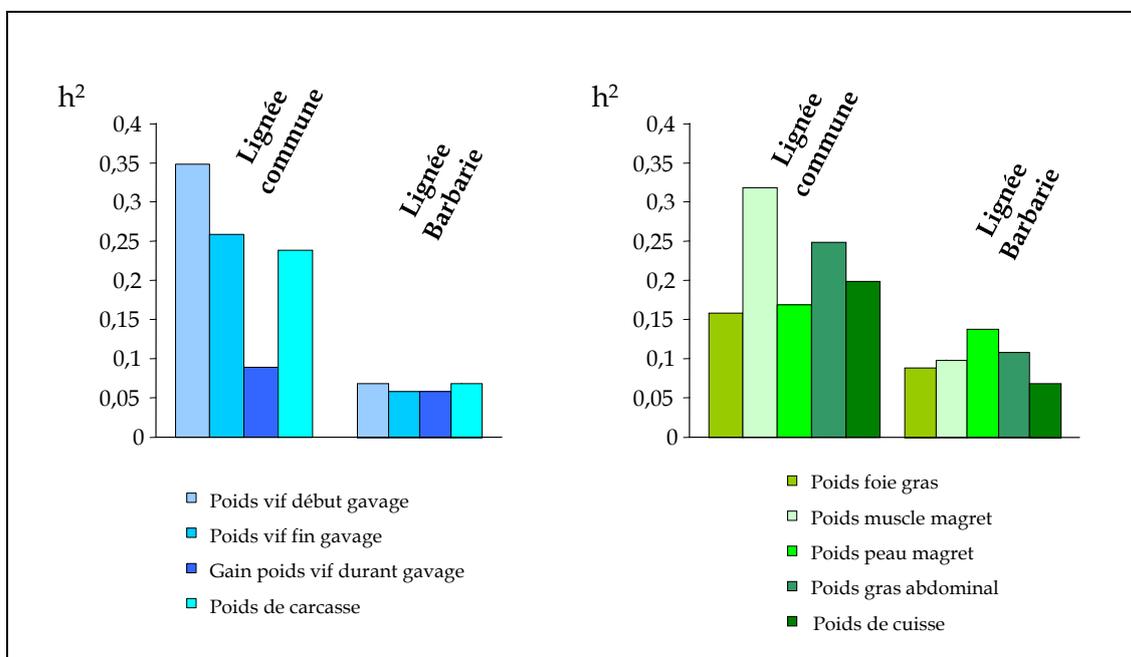


Figure 1 : héritabilités des caractères d'aptitude au gavage dans les 2 populations parentales

Concernant la qualité des produits (Figure 2), les différences d'héritabilités entre lignées parentales sont moindres que celles observées pour l'aptitude au gavage, en lien avec des héritabilités plus modérées dans la lignée maternelle. Le taux de fonte du foie gras apparaît comme le caractère de qualité le plus héritable avec des valeurs très similaires à celle du poids de foie. Le magret se caractérise par des caractères de qualité (pertes à la cuisson, pH et texture) très peu héritables (h^2 inférieures à 0,05). Les indices de couleur, que ce soit du foie gras ou du magret, présentent des héritabilités autour de 0,10 dans les 2 lignées parentales.

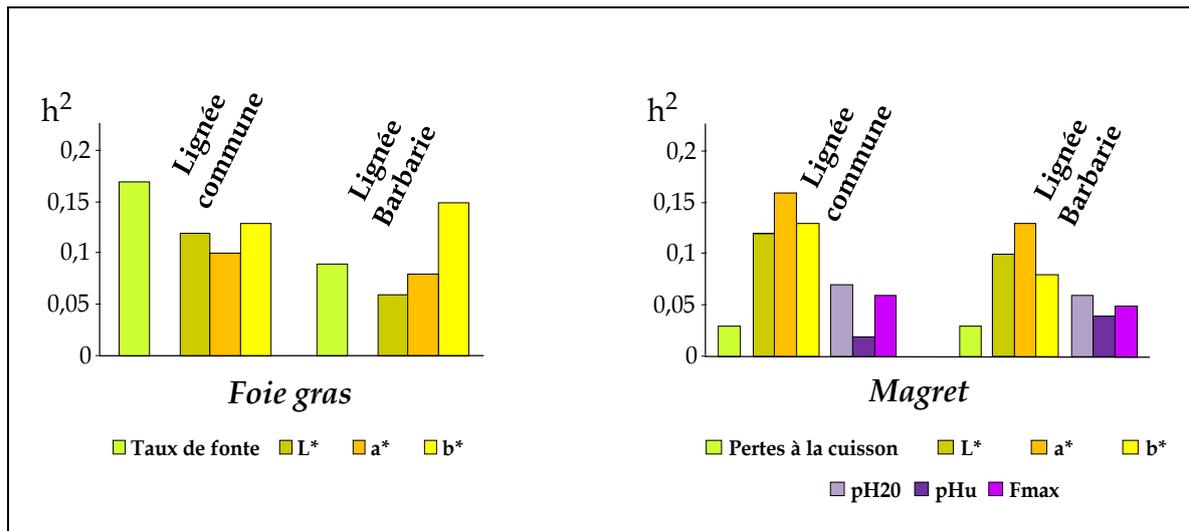


Figure 2 : héritabilités des caractères de qualité des produits dans les 2 populations parentales

Par ailleurs, les corrélations génétiques entre caractères sont parfois très différentes intra-lignées parentales. Ainsi, si l'indépendance génétique entre les poids de carcasse et de foie gras est bien claire dans la lignée commune, il semble qu'un lien favorable (+0,44) existe entre ces caractères dans la lignée Barbarie. A l'inverse, le poids du muscle du magret est très dépendant génétiquement du poids de carcasse dans la lignée commune (+0,82) mais ce lien n'est pas significatif dans la lignée Barbarie. Enfin, les corrélations faibles mais de signes opposées entre les poids de foie gras et de peau des magrets selon la lignée considérée (+0,39 dans la lignée Barbarie et -0,30 dans la lignée commune) pourraient traduire les différences de métabolisme de ces 2 genres de canards : en effet, bien que la synthèse des lipides ait lieu dans le foie, le canard commun tend à exporter ces lipides en périphérie - notamment sous la peau-, tandis que le canard de Barbarie les conserve majoritairement dans le foie. Ainsi, même si en pratique la sélection de l'aptitude au gavage a lieu dans les deux populations parentes du mulard, selon les caractères à sélectionner, l'une ou l'autre des voies sera plus efficace. Concernant la qualité du foie, la forte corrélation défavorable obtenue entre taux de

fonte et poids de foie se retrouve à l'identique dans les 2 lignées parentales (+0,80 et +0,79 respectivement dans les lignées commune et Barbarie). Hormis un avantage dans la lignée commune où l'héritabilité du taux de fonte est plus élevée, il faudra, quelle que soit la lignée sélectionnée, lutter contre cet antagonisme entre « un poids de foie élevé » et « un bon rendement technologique ». La couleur du foie gras appréciée par les paramètres $L^*a^*b^*$ ne peut pas servir de prédicteur du taux de fonte puisque les corrélations génétiques sont faibles entre ces caractères dans les 2 lignées. Ce même constat est fait pour les pertes à la cuisson du muscle du magret et sa couleur. Enfin, une indépendance génétique entre les paramètres sanguins - que sont les taux de glucose, cholestérol et triglycérides circulants à quel que stade de gavage que ce soit - et les caractères de qualité du foie et du magret est observée.

Comme attendu, les héritabilités des caractères du mulard estimées dans les populations parentes sont faibles, car seule la moitié de la variabilité génétique totale est attribuée à la population analysée. Une « pseudo-héritabilité » chez le mulard pourrait être approchée en multipliant par 4 la moyenne des variances obtenues dans chacune des 2 populations parentales (Lo *et al.*, 1997). Les estimations d'héritabilité quasi-systématiquement plus élevées dans la population commune sont en partie confirmées par Chapuis et Larzul (2006 et 2008) qui ont observé cette même tendance pour les poids des carcasses et des magrets. Je ne retiendrais pas l'hypothèse selon laquelle des effets maternels seraient absorbés dans l'effet génétique additif, et génèrerait une surestimation de l'héritabilité dans la lignée maternelle. En effet, les effets maternels sont de faibles amplitudes sur les caractères d'aptitude au gavage et n'impactent pas les poids vifs durant le gavage (Larzul *et al.*, 2006), caractères pour lesquels nous avons le plus d'écart d'estimation entre nos lignées parentes. Au vu de ces éléments, je validerai donc l'hypothèse d'une différence de variabilité génétique entre les 2 populations parentales.

Non seulement ce modèle permet d'estimer simultanément les paramètres génétiques des caractères du mulard dans les populations de canard commun et de canard de Barbarie simultanément, mais nos résultats montrent que la sélection de caractères d'aptitude au gavage serait plus efficace si elle portait prioritairement sur des lignées à faible antagonisme entre caractères d'intérêt. La sélection du rendement technologique du foie gras - critère primordial pour les industriels de la filière - est envisageable dans les 2 populations parentales, mais la difficulté de réaliser cette sélection sans dégrader le foie gras reste entière puisqu'aucune des variables mesurées ne permet de prédire la fonte du foie. Aujourd'hui,

bien que 90 % du prix du foie gras soit basé sur sa qualité technologique, aucune sélection du taux de fonte n'est réellement mise en œuvre.

Ces résultats ont été présentés en France et à l'étranger [C15;D25] à la fois à destination des sélectionneurs de canards mais aussi de la communauté scientifique. L'intérêt porté à ce travail m'a valu d'être invitée récemment aux USA par le sélectionneur CobbVantress à la « 64^{ème} table ronde des sélectionneurs avicoles américains » [C1]. Au-delà du déterminisme de la qualité du foie gras de canard mulard mâle, j'ai souhaité objectiver la qualité du foie gras de canard mulard femelle, qualité souvent décriée mais jamais décrite.

1.2- Impact du sexe du mulard sur la qualité de son foie gras

Avant 2006, la législation française conditionnait l'appellation « foie gras de canard » au canard de sexe « mâle », la cane étant considérée comme plus difficile à gaver et produisant un foie gras de moindre qualité. Cependant, aucune donnée qualifiant le foie gras de cane n'était disponible. Par ailleurs, la réécriture en 2006 de la réglementation concernant l'appellation foie gras (Loi n°2006-11 du 5 janvier 2006 - art. 74 JORF 6 janvier 2006) ne contraint plus le sexe du canard. Cela ouvrait donc la possibilité de valoriser les canetons femelles pour la production de foie gras, sous réserve de connaître plus précisément la valeur technologique de ces foies, et notamment leur taux de fonte à la cuisson.

Différentes méthodes d'appréciation du rendement technologique (complément à 100 du taux de fonte) ont été proposées et testées, conduisant à la conclusion que la stérilisation d'un minimum de 60g de foie était la technique la plus fiable et la plus proche du rendement technologique en transformation industrielle (Goullieux, 2007). Cependant, ces comparaisons étaient effectuées sur des foies différents. Nous avons donc souhaité comparer phénotypiquement et génétiquement le rendement technologique des foies gras selon 2 méthodologies différentes : 1) pasteurisation de 180g de foie gras dans une verrine, et retrait de la graisse exsudée par grattage manuel 2) stérilisation de 60g de foie gras dans une boîte en fer sertie, et extraction de la graisse par égouttage après fluidification au bain marie. Du fait du mode de cuisson, une différence de 10 points de taux de fonte était attendue entre les 2 méthodes, les valeurs les moins favorables étant obtenues avec la stérilisation (Molette, communication personnelle).

Dans le cadre d'une collaboration avec le sélectionneur Grimaud Frères Sélection, j'ai exploré avec Z. Vitezica la variabilité génétique de la qualité du foie gras de mulards mâles et femelles, issus de mêmes parents [A2]. J'ai utilisé le modèle génétique précédemment

présenté et estimé la variabilité génétique des caractères dans les 2 lignées parentes des mulard(e)s. Ces résultats ont confirmé, données chiffrées à l'appui, que les foies gras issus de femelles étaient beaucoup plus veinés que ceux des mâles : si 99% des foies de mâles étaient classés « non veinés », seuls 47% des foies femelles étaient dans cette catégorie. De plus, les femelles ont produit des foies environ 10% plus légers, et -contrairement à ce qui était attendu puisque « plus un foie est gros, plus il fond »- les foies de femelles ont fondu très significativement plus que les foies des mâles, les taux de fonte étant en moyenne de 46% pour les femelles et 26% pour les mâles. Donc non seulement le foie des mulardes nécessite plus d'action manuelle de déveinage mais le foie obtenu est moins apte à être transformé en produit de première qualité.

A contrario, le sexe de l'animal ne semble pas avoir un impact sur le déterminisme génétique des caractères d'aptitude au gavage ou de qualité du foie : aucune différence d'héritabilité n'est apparue selon le sexe du canard, et les corrélations génétiques n'étaient pas significativement différentes. L'étude des estimations dans les lignées parentes du mulard montrent que la forte corrélation (de l'ordre de +0,80) entre le taux de fonte et le poids de foie généralement observée, ne se retrouvait pas dans la lignée Pekin où elle était de l'ordre de +0,40. Ce résultat nous laisse supposer qu'il est possible de trouver des populations parentes du mulard pour lesquelles le lien entre taux de fonte et poids de foie est plus faible, permettant une sélection conjointe des 2 critères plus efficace.

Le taux de fonte peut être apprécié par pasteurisation de 180 g de foie dans une verrine et récupération de l'exsudat par grattage ou par stérilisation de 60 g de foie puis récupération de l'exsudat par fluidification. Ces deux appréciations correspondent génétiquement au même caractère. En effet, la corrélation génétique entre ces 2 estimations est supérieure à 0,95 et elles présentent les mêmes valeurs d'héritabilité et de corrélations avec le poids du foie. Comme le test sur 60 g de foie est plus rapide, demande moins de main d'œuvre et n'est pas entaché d'un éventuel effet « gratteur », nous avons suggéré que cela puisse devenir un critère de sélection. Il faut cependant garder en mémoire qu'il conduit à une valeur phénotypique moyenne plus défavorable du fait de la stérilisation et ne doit pas servir de test de comparaison à la législation « foie gras entier ».

Cependant, ces tests d'appréciation du taux de fonte ont en commun de détruire à minima une partie du foie gras. Au regard du prix de ce produit, il m'a semblé indispensable de travailler sur des prédicteurs non destructifs de la qualité du foie gras.

1.3- Prédiction du taux de fonte des foies gras par approche non destructive

Le taux de fonte est un caractère qui présente une très forte variabilité même lorsque les conditions de gavage des canards et de transformation du foie sont standardisées. Cette variabilité est un problème majeur pour l'industrie puisque la législation française impose que les produits à dénomination 'foie gras entier' comportent moins de 30% de graisse exsudée après cuisson (Journal Officiel de la République Française, décret n°93-999, 1993). Afin d'orienter les foies gras vers des devenir différents selon leur fonte supposée, les transformateurs procèdent à des classements à l'abattoir, classements à « dire d'experts » basés sur le poids du foie, sa couleur et ses défauts de présentation. Nous avons objectivé que ce classement ne permettait aucunement de prédire le taux de fonte des foies [D2]. D'ailleurs pour une gamme de poids de foie retenue pour la transformation de foies entiers, le poids du foie gras pris isolément n'explique que 14% de la variance phénotypique du taux de fonte (Theron *et al.*, 2012). L'ajout au poids de foie dans l'équation de prédiction du taux de fonte de caractéristiques biochimiques telles que les taux de matière sèche ou de protéines améliore sensiblement la qualité de prédiction ($R^2=0,43$). Cependant, cette prédiction est trop imprécise pour être utilisable, et requiert la destruction du foie pour mesurer sa composition biochimique.

La spectrométrie dans le proche infra-rouge (SPIR ou NIRS en anglais) est une technique analytique basée sur l'absorption de la lumière infra-rouge par la matière organique. Après avoir établi la calibration, cette technique permet de prédire la composition chimique d'un échantillon. Elle est particulièrement utilisée pour estimer la composition de produits animaux d'espèces diverses (Molette *et al.*, 2001 ; Prieto *et al.* 2009 ; Gjerlaug-Enger *et al.*, 2011 ; Riovanto *et al.*, 2012), l'aptitude technologique de ces produits (De Marchi *et al.*, 2013) et leur déterminisme génétique (Fernandez *et al.*, 2003 ; Zomeno *et al.*, 2011 ; Cecchinato *et al.*, 2011). La plupart de ces études, phénotypiques ou génétiques, sont conduites en laboratoire avec un spectromètre analysant des broyats de tissus ; les spectromètres avec acquisition du spectre sur la surface de l'échantillon sont encore rarement utilisés car considérés comme peu précis (Prieto *et al.* 2009 ; Vautier *et al.*, 2014).

En collaboration avec Denis Bastianelli et Laurent Bonnal du CIRAD de Montpellier, j'ai profité du dispositif animal « GeneCan » pour tester la faisabilité de prédire la composition du foie gras et des magrets par la spectrométrie infra-rouge, à la fois en laboratoire avec un appareil fixe analysant des broyats (spectromètre FOSS) et en abattoir avec un appareil portable analysant la surface des produits (spectromètre ASD). La base de données

comportait 1600 canards mulards pour lesquels nous disposions des spectres acquis avec ces 2 spectromètres, sur le muscle du magret et sur le foie gras. Un sous-échantillon de 200 foies gras et 200 magrets, sélectionnés pour représenter la variabilité spectrale de l'ensemble des données, a été mesuré par les méthodes de référence afin de connaître leurs compositions chimiques vraies : les équations de calibration ont été établies pour chaque composant sur cette base de 200 échantillons. Nous avons ainsi pu confirmer que les teneurs en eau et en lipides des magrets sont prédictibles par SPIR. La prédiction est plus précise lorsqu'elle est obtenue en laboratoire sur broyat (R^2 de 0,77 et 0,89 respectivement pour le taux d'humidité et le taux de lipides) qu'à l'abattoir sur la surface du produit (R^2 de 0,73 et 0,81 respectivement pour le taux d'humidité et le taux de lipides) [C13;D14]. Des mises au point méthodologiques ont montré que la différence entre les 2 modalités de mesures spectrométriques était majoritairement due à la présentation de l'échantillon (tranche ou broyat) et qu'en moyennant 4 prises de spectres sur la surface du produit, la prédiction en abattoir était largement améliorée [D22;C14]. Pour la composition du foie gras, la prédiction obtenue en laboratoire est là aussi meilleure mais la différence entre les 2 approches est réduite par rapport à ce qui avait été vu sur le muscle (R^2 pour le taux de matière sèche, les taux de lipides et protéines du foie : 0,94/0,91, 0,93/0,89 et 0,78/0,79 en laboratoire/abattoir). Aussi, nous montrons pour la première fois sur du canard et sans dégradation de la matière étudiée, que la prédiction en abattoir de la composition du foie gras et du magret est envisageable [C13]. L'exploration de la capacité du SPIR à prédire la qualité technologique des produits, c'est à dire le taux de fonte du foie gras et les pertes à la cuisson du magret, a conduit à des résultats différents. Si les spectres n'ont pas permis d'obtenir de prédiction acceptable pour la perte à la cuisson du muscle, les coefficients de détermination pour le taux de fonte étaient élevés quelle que soit l'approche SPIR utilisée (R^2 de 0,87 et 0,85 respectivement pour les approches laboratoire et abattoir) [A6;C10], et meilleurs que ceux obtenus pour la prédiction du taux de protéines. L'appréciation du taux de fonte des foies en abattoir sans détérioration du produit était donc elle aussi possible, et suffisamment précise pour envisager l'étude de la variabilité génétique de cette prédiction en lien avec la mesure vraie du taux de fonte.

L'étude de la variabilité génétique de ces caractères estimés par SPIR a été réalisée avec le modèle génétique précédemment explicité, en dissociant les variables prédites selon le spectromètre utilisé. Les mesures d'aptitude au gavage de ces canards ainsi que l'ensemble des caractéristiques de qualité des produits collectées ont été incluses dans cette estimation de paramètres génétiques. Concernant les taux de fonte estimés par SPIR, les héritabilités

obtenues dans les 2 lignées parentales sont très similaires aux héritabilités du taux de fonte vrai mesuré par la méthode de référence, soit de l'ordre de 0,20 dans la lignée commune et de 0,10 dans la lignée Barbarie (Tableau 3). Le résultat le plus remarquable est la forte corrélation génétique entre le taux de fonte prédit à l'abattoir par un spectre de surface du foie et le taux de fonte vrai : avec des valeurs de +0,93 et +0,97 dans les lignées commune et Barbarie respectivement, nous pouvons conclure que les 2 caractères sont très peu différents et que la sélection sur un index « taux de fonte prédit » sera efficace sur le taux de fonte. La prédiction avec le spectromètre en laboratoire sur du produit broyé ne conduit pas à un lien génétique plus fort que la prédiction avec un spectre de surface [A6].

Tableau 3 : paramètres génétiques des taux de fonte vrai et prédits dans les populations parentes du mulard : héritabilités sur la diagonale et corrélations génétiques dans les populations commune - au-dessus de la diagonale- et Barbarie -en dessous de la diagonale-

	Taux de fonte vrai	Taux de fonte - est. laboratoire	Taux de fonte - est. abattoir
Taux de fonte vrai	0,20 (0,03) 0,10 (0,03)	+0,89 (0,03)	+0,93 (0,03)
Taux de fonte - est. laboratoire	+0,97 (0,02)	0,20 (0,03) 0,12 (0,04)	+0,95 (0,03)
Taux de fonte - est. abattoir	+0,97 (0,04)	+0,97 (0,04)	0,18 (0,03) 0,11 (0,04)

La sélection du taux de fonte des foies gras est dès lors envisageable chez des sélectionneurs privés. Suite à la présentation de ces résultats en 2010 [D14], une collaboration de transfert de technologie a été mise en place avec le sélectionneur Grimaud Frère Sélection, visant à tester la faisabilité, dans une situation d'abattage de terrain et dans des lignées commerciales, d'indexer les parents du mulard pour améliorer le rendement technologique des foies gras produits. Pour l'heure, les tests sont toujours en cours chez ce sélectionneur.

Pour les caractères de composition des produits, les corrélations génétiques entre les 2 prédictions par spectrométrie (en laboratoire versus en abattoir) varient entre +0,90 et +0,97 pour le muscle du magret, quel que soit le caractère (teneur en humidité et taux de lipides)

ou la lignée parente concernés [C13]. Pour le foie gras, les liens génétiques entre les 2 prédictions par SPIR sont légèrement plus faibles (variant entre +0,83 et +0,96), plus particulièrement pour le taux de lipides des foies [A6]. A l'instar du rendement technologique du foie, une sélection sur la composition chimique du produit estimée par un spectre de surface est envisageable pour le magret et le foie, sauf pour le taux de lipides du foie où les reclassements de valeurs génétiques entre individus risquent d'être trop importants.

Peut-on améliorer cette prédiction par des approches indirectes ?

Notre cible de prédilection étant la qualité technologique des produits, nous avons essayé de prédire les pertes à la cuisson du muscle en construisant un index combiné des variables de compositions chimiques et de poids les plus corrélées individuellement avec le caractère d'intérêt. Ainsi pour les pertes à la cuisson pour lesquelles une prédiction directe par SPIR ne fonctionnait pas, nous avons associé aux taux d'humidité et de lipides du muscle prédits par SPIR, le poids du magret pour prédire ces pertes : malheureusement, les corrélations génétiques entre les pertes ainsi estimées et les pertes vraies n'étaient que de 0,81 et 0,46 dans les lignées parentes (commune versus Barbarie) donc ces prédictions n'étaient pas utilisables en sélection [D14].

Dans l'estimation des paramètres génétiques menée ci-dessus, deux étapes se succèdent : tout d'abord une prédiction phénotypique du taux de fonte puis une estimation génétique de cette prédiction. Cependant, est-ce que les zones du spectre génétiquement corrélées avec le taux de fonte sont les mêmes que celles utilisées dans la prédiction phénotypiques ? Nous avons donc estimé les paramètres génétiques le long du spectre SPIR acquis sur la surface du produit : le spectre étant composé de 2100 points (entre 400 et 2500 nm), nous avons retenu un point tous les 5 nm soit un total de 420 points. La corrélation génétique entre le taux de fonte vrai et chacun des points du spectre (Figure 3) met en évidence une forte similarité entre les 2 lignées parentales. Seule une zone autour de 1400 nm (abscisse 200) montre des corrélations génétiques en tendance plus faibles dans la lignée Barbarie que dans la lignée commune. La grande majorité des points du spectre est très liée (positivement ou négativement) au taux de fonte [C7] puisque 84% et 76% pour les lignées « commune » et « Barbarie » respectivement, des corrélations sont supérieures à 0,5 en valeur absolue : ceci ne permet pas de mettre en évidence de zone particulièrement prédictive de la valeur

génétique du taux de fonte. De plus, tous les points très corrélés avec le taux de fonte ($r_g > 0,80$) sont pris en compte dans la prédiction phénotypique.

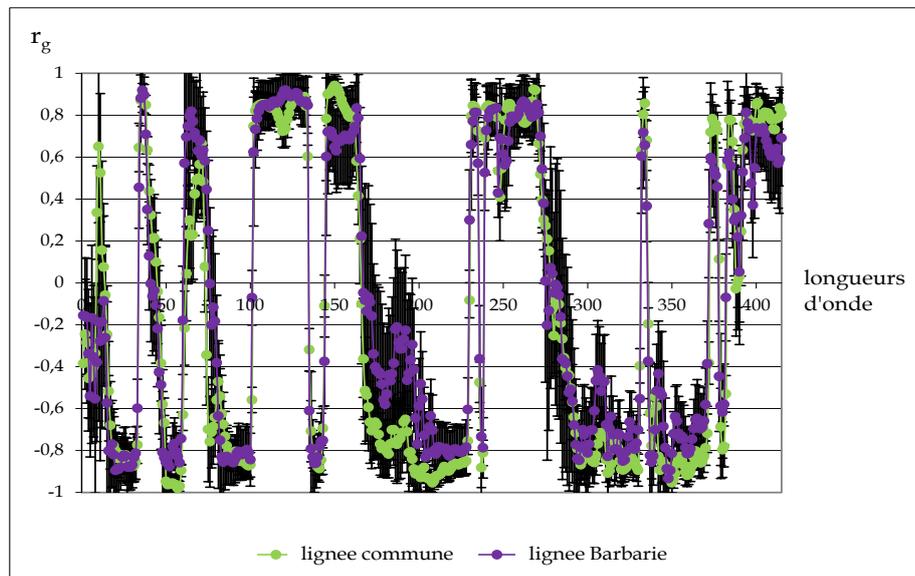


Figure 3 : corrélations génétiques avec le taux de fonte le long du spectre dans les 2 populations parentales

Nos 2 approches complémentaires n'ont pas permis d'améliorer les prédictions génétiques de la qualité des produits avec le SPIR. Concernant le taux de fonte, la prédiction directe était déjà très précise, et les approches via les combinaisons linéaires de la composition ou par exploration de la variabilité génétique le long du spectre, n'ont pas amélioré cette prédiction initiale. Pour le taux de pertes à la cuisson des magrets, il semble que l'information captée par le proche-infrarouge sur le muscle ne corresponde pas aux composants explicatifs de cette exsudation lors du chauffage du muscle.

2- Comment décrypter le métabolisme sous-jacent à la qualité du foie gras ?

Grâce au programme de recherche de QTL cité précédemment, j'ai pu investiguer plus finement le déterminisme génétique de la qualité des produits du mulard. Lors du démarrage de ce projet, les outils moléculaires disponibles chez le canard étaient peu nombreux et se limitaient à des marqueurs microsatellites développés chez le canard commun : nous disposions uniquement d'une banque d'ADN génomique constituée d'un mélange d'ADN de canards de Barbarie et Pékin (Genet *et al.*, 2003) réalisée à l'INRA et d'une première carte génétique composée de 102 marqueurs microsatellites chez le canard

Pekin publiée (Huang *et al.*, 2004). Le dispositif expérimental a été mis en œuvre de 2004 à 2007 à l'Unité Expérimentale INRA des Palmipèdes à Foie Gras située près de Mont-de-Marsan. N'ayant pas les capacités expérimentales pour explorer simultanément les 2 voies parentes du mulard, la recherche de zones génomiques impactant les caractères du mulard a été effectuée dans la lignée commune, mère du mulard. Le dispositif expérimental retenu était un croisement retour (BC pour Back-cross) chez le canard commun. Les lignées expérimentales INRA444 (canard commun ayant des origines Tsaiya, de faible gabarit sélectionné sur la durée de période fertile) et INRA37 (souche synthétique de canards communs de type Pékin de fort gabarit) ont été choisies pour réaliser ce croisement, car l'origine de leurs gènes était très différente et ces lignées divergeaient sur un grand nombre de leurs propres caractères zootechniques (caractères propres) et sur ceux de leurs descendants mulards (Rouvier *et al.*, 1994). Après sélection de 7 pères F1 (I444 x I37), 382 canes BC ont été produites en 3 éclosions annuelles sur 2 années successives. Afin d'effectuer un testage sur descendants mulards, ces canes ont été inséminées en monospermie avec 56 mâles de Barbarie et ont donné naissance à 1600 mâles mulards, en 2 lots d'éclosion chaque année (Figure 4). Les 400 mulards de chaque lot d'éclosion ont été élevés en groupe puis gavés en logements collectifs en 2 lots de gavage distincts.

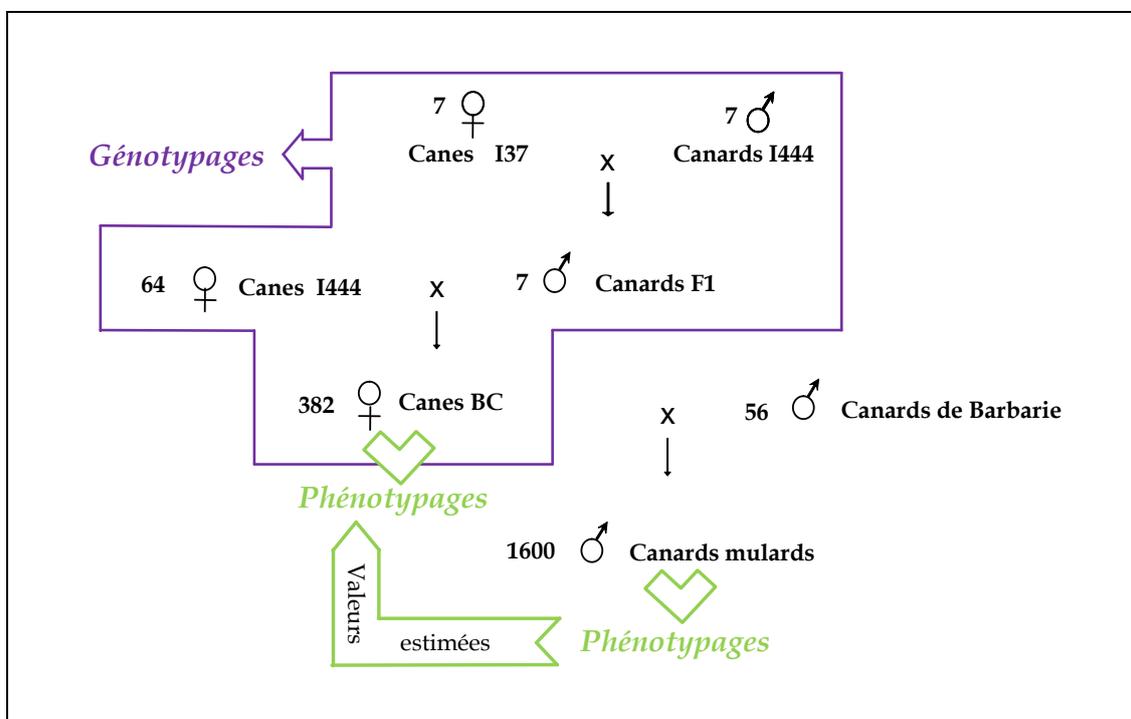


Figure 4 : dispositif de détection de QTL chez le canard commun

2.1- Construction d'une carte génétique

A partir de la banque d'ADN génomique dont nous disposons, K. Feve et moi-même avons identifié 158 marqueurs microsatellites et les avons testés sur un jeu de 16 ADN de canards (8 canards de Barbarie et 8 canards commun) : 112 marqueurs polymorphes ayant en moyenne entre 3 et 4 allèles ont été retenus. Cependant, seuls 68% de ces marqueurs fonctionnaient dans les 2 espèces : 13 étaient spécifiques du canard de Barbarie et 22 spécifiques du canard commun [D30;D24;C18]. Le positionnement de ces marqueurs sur la séquence de la poule par homologie entre les 2 génomes (*Gallus Gallus et Anas Platyrhyncos*) a montré que certains chromosomes d'assez grandes tailles n'étaient pas couverts par ces marqueurs. Nous avons donc choisi de compléter ce panel de marqueurs avec ceux publiés dans les bases internationales (GeneBank/EMBL/DDBJ) : parmi ces marqueurs en grande partie développés par nos collègues chinois (Huang *et al.*, 2006), ont été sélectionnés ceux qui comblaient les zones que nous avons identifiées comme non couvertes [D19]. En suivant ce travail technique réalisé par K. Feve, j'ai ainsi pu m'initier à quelques aspects pratiques de la génétique moléculaire.

Après génotypage des animaux de notre dispositif expérimental (soit 7 familles de pères F1 et 382 canes communes backcross) et correction de ces génotypes en testant la cohérence de transmission Mendélienne, j'ai réalisé les calculs de carte génétique du canard commun à l'aide du logiciel Crimap 2.4 (Green *et al.*, 1990). Ainsi, à partir de 320 marqueurs sélectionnés, 116 ont été retenus car couvrant bien le génome et informatifs dans au moins 3 des 7 familles de pères F1. Une carte génétique composée de 91 marqueurs agrégés en 16 groupes de liaisons correspondant à 13 chromosomes de poule a été produite et utilisée pour notre détection de QTL phénotypiques [A12].

Cependant, cette carte ne représentait qu'une couverture partielle du génome puisque sa longueur était d'environ 780 cM, alors que d'après les connaissances chez le poulet, une carte de 3000 cM était attendue. Une densification de cette première carte génétique avec des marqueurs SNP a été entreprise. Pour ce faire, A. Vignal a identifié de nouveaux marqueurs à partir du séquençage des 7 pères F1 du dispositif QTL : ainsi ont pu être sélectionnés des SNP bien répartis sur le génome et informatifs dans au moins 6 des 7 familles QTL [D10]. Un panel de 384 marqueurs SNP a été constitué, et le re-génotypage des animaux du dispositif QTL à l'aide de la technologie Illumina® Veracode a été effectué [C6]. En collaboration avec Alain Vignal, j'ai construit de nouveaux groupes de liaisons à partir de ces 384 SNP et des 116 marqueurs microsatellites précédemment retenus. Ces groupes de liaisons ont été

assignés à des chromosomes canard (APL) par comparaison des génomes poulet et canard. Nous avons obtenu une nouvelle carte génétique composée de 334 marqueurs (278 SNP et 56 microsatellites) agrégés en 28 chromosomes (Figure 5). Cette dernière carte a été utilisée dans la détection de QTL de protéomes.

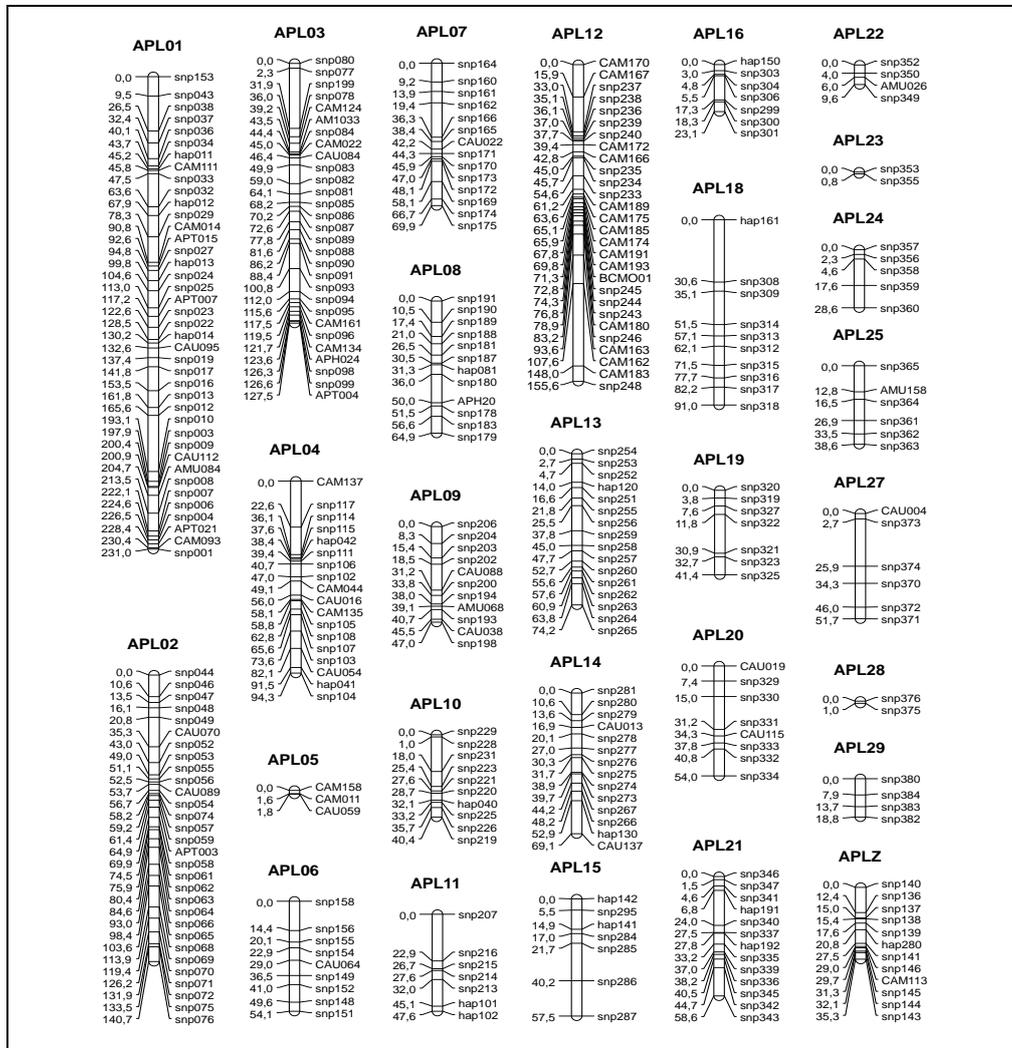


Figure 5 : Carte génétique moyenne en centiMorgan

2.2- Détection de QTL de caractères zootechniques du canard mulard

La recherche des QTL de caractères du canard mulard dans la population maternelle commune, a fait l'objet de la thèse de Mohamed Kileh-Wais, thèse que j'ai co-encadrée avec JM Elsen. L'analyse de liaisons a été réalisée à l'aide du logiciel QTLMap pour lequel une version adaptée a été développée (Filangi *et al.*, 2010) afin de prendre en compte l'hétérogénéité de variance phénotypique. En effet, notre dispositif familial est de type

« petits-fils » mulards, avec des performances de gavage enregistrées sur cette 3^{ème} génération et une cartographie génétique effectuée sur les mères de ces animaux (2^{ème} génération) [D26]. Aussi la variance des phénotypes de gavage attribués à la mère commune, fonction du nombre de mulards par mère et de l'héritabilité du caractère, doit être prise en compte dans la détection de QTL uni-caractère, de même que les rapports de covariances génétiques et phénotypiques en multi-caractères (Kileh-Wais et Elsen, 2012).

La détection de QTL a été mise en œuvre sur les caractères d'aptitude au gavage et de qualité des produits -phénotypes décrits dans l'article [D26]- avec la carte génétique composée de 91 marqueurs microsatellites, conjointement par M. Kileh-Wais et moi-même [A12, D13]. Elle a permis d'identifier en première intention 22 QTL uni-caractère à 1% au niveau du chromosome (et 52 QTL potentiels), dont 12 QTL concernent des caractères de qualité (Tableau 4).

Tableau 4 : QTL de qualité des produits (foie gras et magret)

	APL ¹⁾	Caractères ²⁾	Marqueurs flanquants	Position (cM)	LRT _x ³⁾	Seuils ⁴⁾	Int. de confiance (cM)
Uni-caractère	2a	MLipC	CAUD065-CAM138	18	27,40	●●	3 - 26
	2a	Fmax	CAM138-APT002	28	25,37	●	22 - 33
	2a	MCookL	CAUD070-CAUD089	48	30,43	●●●	34 - 55
	2c	FLW	APH012	0	19,10	●	0 - 1
	2c	LLipC	APH012	0	20,10	●	0 - 1
	2c	LProtC	APH012	0	21,26	●●	0 - 1
	4	MpH20	APT031	0	30,27	●●●	0 - 5
	6	MCookL	CAUD026	25	21,39	●●	7 - 25
	9	La*	CAUD088	0	25,75	●●	0 - 10
	9	LProtC	CAUD038	20	23,28	●	0 - 20
	9	FLW	CAUD038	20	21,64	●	5 - 20
	21	FLW	CAUD037	2	23,25	●●	0 - 2
Multi-caractères	2c	MR LProtC	APH012	0	35,34	●●●	0 - 1
	2c	MR LColC	APH012	0	27,33	●●	0 - 1
	9	LProtC LLipC	CAUD038	20	34,94	●●	0 - 20

¹⁾ Chromosome Anas Platyrhynchos; ²⁾ CW: Poids carcasse plumée; FLW: poids de foie gras; Fmax: Force de cisaillement maximale; La*: indice de rouge du foie; LColC : taux de collagène du foie ; LLipC: taux de lipide du foie; LProtC: taux de protéines du foie; MCookL: pertes à la cuisson du magret; MLipC: taux de lipides du magret; MpH20: pH 20 minutes post mortem du magret; MR : taux de fonte. ³⁾ Rapport de vraisemblance maximal au locus x. ⁴⁾ Niveau de signification de la P-value à l'échelle du chromosome : ● 0.01>P>0.005 - ●● 0.005>P>0.001 - ●●● 0.001>P.

Le détail des résultats montre que les 7 QTL relatifs à la qualité du foie gras sont principalement positionnés sur les chromosomes 2c (taux de protéines, taux de lipides et poids de foie gras) et 9 (indice de rouge du foie, taux de protéines et poids du foie), tandis

que les 5 QTL de qualité du magret ségrègent sur les chromosomes 2a (pertes à la cuisson du muscle, taux de lipides du muscle et force de cisaillement), 4 (pH 20 minutes post-mortem) et 6 (pertes à la cuisson du muscle). Pour la qualité du muscle, la comparaison de ces QTL avec ceux précédemment publiés en poulet est sujette à caution car les intervalles de localisation de nos QTL sont très larges (pouvant atteindre 20 cM) et les canards et poulets ont des viandes de type différent (viande blanche pour le poulet et rouge pour le canard). Néanmoins, sur le chromosome APL 6, Huang *et al.* (2007) avaient aussi identifié un QTL de perte à la cuisson du filet de canard, alors que les animaux n'étaient pas gavés. Et sur le chromosome GGA4, Wright *et al.* (2006) et Nadaf *et al.* (2007) ont détecté un QTL pour le pH ultime du filet de poulet respectivement à 200 et 230 cM.

L'analyse bi-caractères a de plus révélé 18 QTL dont 7 nouveaux QTL positionnés sur des zones chromosomiques non identifiées précédemment. Parmi les QTL déjà identifiés lors de l'approche caractère par caractère, l'utilisation conjointe de 2 caractères distincts et corrélés a permis d'augmenter la précision de la localisation de certains QTL : c'est particulièrement le cas pour les caractères de qualité du foie gras sur chromosomes APL2c et APL9 (Tableau 3), pour lesquels l'existence de QTL pleïotropiques peut être supposée (Gilbert et Leroy, 2003). Aucun QTL pertinent concernant les dosages sanguins de cholestérol, glucose et triglycérides réalisés à 3 stades du gavage n'a pu être identifié en association avec des caractères d'aptitude au gavage ou de qualité des produits.

De cette primo-détection de QTL ont été mis en exergue 2 zones chromosomiques (sur APL2c et APL9) ayant un intérêt majeur pour la qualité du foie gras car impactant la variabilité du poids de foie gras, sa composition en protéines et lipides ainsi que son taux de fonte à la cuisson. Afin de poursuivre des études plus mécanistiques de ces zones QTL par des approches de transcriptomiques, protéomiques et métabolomiques, nous nous sommes focalisés sur les 3 familles dans lesquelles les QTL ségrègent, en retenant les canes BC informatives et 3 fils mulards phénotypés par mère BC. La démarche, détaillée dans la communication [D7], a permis de conserver la puissance de détection des QTL de qualité du foie observés sur APL2c et APL9, tout en réduisant la population à étudier à 98 canes BC et leurs 294 fils mulards. L'analyse de différents niveaux « omics » et de leur intégration (à la fois en termes d'inter-relations et de co-localisation de QTLs) a fait l'objet d'un projet ANR nommé « Biomiqs » porté par C. Molette. Ce projet, malheureusement non financé par l'ANR, a donc été redimensionné (exclusion du méthylome) et réalisé sur nos propres forces

au fil de l'acquisition de financements (bourse de thèse UPPA, chaire d'excellence de C. Molette...).

2.3- Protéome du foie gras et détection de QTL protéomiques

L'objet de la thèse de Yoannah François, co-encadrée par C. Molette, A. Vignal et moi-même concernait l'analyse du protéome du foie gras de canard mulard. Il comprenait 2 volets [C8]: i) l'identification de mécanismes physiologiques impliqués dans la variabilité des caractères de qualité du foie gras; ii) la recherche de QTL protéomiques fonctionnant en pleïotropie avec des QTL de qualité du foie gras.

- i) Le phénotypage protéique des foies gras des 294 mulards a été effectué à l'aide d'électrophorèse bi-dimensionnelle (gradient de point isoélectrique et gradient de poids moléculaire) comme décrit par Theron *et al.* (2011) : une carte composée d'environ 330 spots de protéines solubles a été produite pour chaque animal (Figure 6). Ces spots ont ensuite été quantifiés à l'aide du logiciel Samespot (TotalLab Ltd., Newcastle-upon-Tyne, UK), et extraits pour être identifiés par spectrométrie de masse à la plateforme protéomique (PFEM) de Clermont-Ferrand.

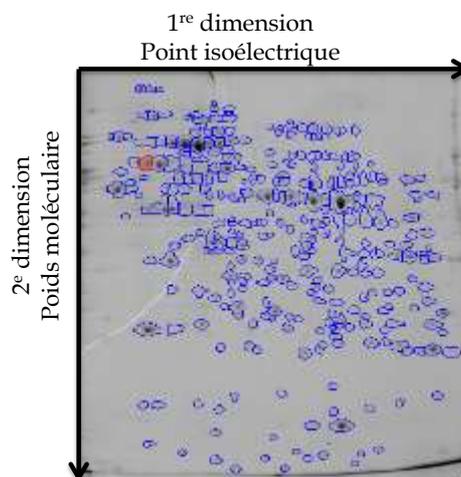


Figure 6 : Gel d'électrophorèse 2D de foie de canard

J'ai épaulé l'étudiante en thèse pour l'analyse statistique des données protéomiques. Après une normalisation des intensités des spots (prise en compte d'effets zootechniques et d'effets liés à la technique électrophorétique), celles-ci ont été mises en relation avec les principales caractéristiques de qualité du foie gras (le poids du foie, le taux de fonte et le taux

protéique) soit via une analyse de variance où les phénotypes de qualité ont été traités indépendamment en 4 classes de niveau [A5], soit via une régression linéaire [C2]. Les analyses de variances mettent en évidence un total de 35 spots protéiques différentiellement exprimés (dont 25 protéines identifiées) pour l'ensemble des 3 phénotypes de qualité. Les voies métaboliques dans lesquelles sont impliquées ces protéines relèvent de la glycolyse, du métabolisme lipidique, du stress oxydatif et des processus d'anabolisme et de catabolisme. Cependant, lorsque l'on se concentre sur les 8 protéines différentielles pour au moins 2 des 3 phénotypes, on identifie 2 groupes de protéines (Figure 7) : les foies légers avec des taux de fonte faibles et des taux de protéines élevés seraient en état d'anabolisme caractérisé par la surexpression de protéines de transport (ALB, APOA1), d'oxydation (HADHA), de régulation de la transcription (PHB) et de processus métaboliques (DLAT, FASN, glutamine synthase, ME1) tandis que les foies lourds fondant beaucoup présenteraient un fort niveau d'expression de protéines de réponse au stress (HYOU, HSPA5, HSPD1, PRDX6), de glycolyse (ENO1), de transport (FABP1) et de processus catabolique (S-formylglutathione hydrolase).

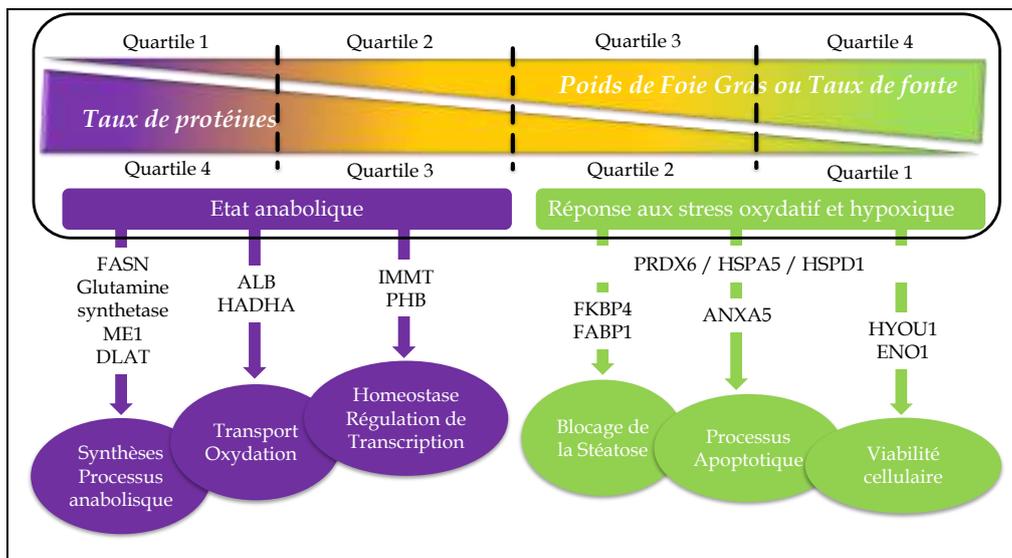


Figure 7 : Diagramme des différents profils métaboliques des foies selon leur phénotype

L'approche par régression linéaire est plus puissante puisqu'elle permet d'identifier 45 spots protéiques différentiellement exprimés, correspondant à 30 protéines distinctes dont 20 étaient déjà repérées par l'analyse de variance. La comparaison des 2 méthodes d'analyses permet d'une part de repérer 3 protéines de choc thermique (HSP - heat Shock Protein) détectées par analyse de variance et pas par régression : la relation non linéaire entre ces

protéines et le taux de fonte met en évidence un fonctionnement avec un effet seuil plutôt qu'avec un effet graduel. D'autre part, 4 protéines (PARK7, ANXA2, PFN2 et TCP1) ne sont détectées que par la régression et confirment la mise en œuvre de mécanismes de cytoprotection notamment.

Le niveau élevé de protéines de réponse aux stress des foies ayant des taux de fonte supérieurs à 40 % confirme les résultats obtenus par Theron *et al.* (2011) qui, en comparant des foies gras de même poids et taux de lipides mais avec des taux de fontes différents, a montré que les foies fondant peu avaient mis en place des mécanismes de protection cellulaires tandis que les foies fondant beaucoup étaient plutôt dans un processus anabolique. Ce changement de métabolisme a aussi été mis en évidence par Bax *et al.* (2012) selon l'avancement du gavage : durant la première phase de gavage, les foies gras présentaient un profil anabolique (avec notamment une surexpression de FASN) et des mécanismes de protection cellulaire apparaissaient dans la seconde phase de gavage. Dans notre essai, le seuil de changement de statut métabolique se situerait autour de 600 g de poids de foie gras : pour les foies en deçà de ce seuil, on peut supposer que les animaux ont mieux contrôlé leur stéatose hépatique ou que celle-ci a été différée ; au-delà de ce seuil, on peut supposer que les foies, mettant en place des mécanismes de protection, ont dépassé l'état physiologique de stéatose.

- ii) La détection de QTL a été ensuite effectuée avec la carte génétique microsatellites pour les 326 quantifications protéiques normalisées obtenues. Comme décrit précédemment, le dispositif animal comprenait 294 mulards issus de 98 mères communes provenant de 3 familles de pères F1 dans lesquels les QTL de qualité du foie ségrégeaient. Les détections unicaractère sur le protéome et les 8 caractères de qualité du foie ont été réalisées par Y. François, tandis que j'ai étendu l'étude à tous les caractères enregistrés sur les mulards, puis mis en œuvre les approches bi-caractères avec test de la pléiotropie.

Pour les 2 chromosomes ciblés (APL2c et APL9), 8 QTL protéomiques ont été détectés : au seuil de 0.5% au niveau du chromosome 2c pour la protéine TPI (Triosephosphate Isomerase) et au seuil de 5% pour les protéines DSTN (dextrine), PRDX6 (peroxyredoxin 6) et ENO1 (alpha-enolase 1) sur le chromosome 2c et les protéines NDUFS3 (NADH deshydrogenase), PSMA1 (proteasome subunit alpha) et ENO1 (2 spots d'alpha-énolase) sur le chromosome 9 [C4]. Certaines associations bi-caractères entre un phénotype de qualité et une quantification protéique pour lesquels des QTL étaient co-localisés ont conduit à une forte augmentation du signal QTL : ainsi, les seuils de signification des QTL bi caractères

« taux de fonte - ENO1 » sur APL9 et « taux de fonte ou taux de protéines - DSTN ou ENO1 » sur APL2c suggèrent que les gènes impliqués dans la régulation de la glycolyse (ENO1 particulièrement) et de la structure de l'hépatocyte (la DSTN jouant un rôle dans la dépolymérisation de l'actine) modulaient significativement le taux de protéines du foie et son taux de fonte lors de la cuisson.

Les détections de QTL ont ensuite été reprises avec la carte génétique la plus dense (composée de 334 marqueurs SNP et microsatellites) pour les 326 quantifications protéiques normalisées obtenues. En parallèle, les 49 phénotypes enregistrés sur les mulards et étudiés ont été réanalysés avec cette nouvelle carte [A12]. Ces détections ont permis de réaffirmer l'importance du chromosome APL2 comme support de gènes impliqués dans la qualité du foie gras, puisque 2 QTL distincts pour le taux de fonte (Figure 8) ont pu être détectés [C5].

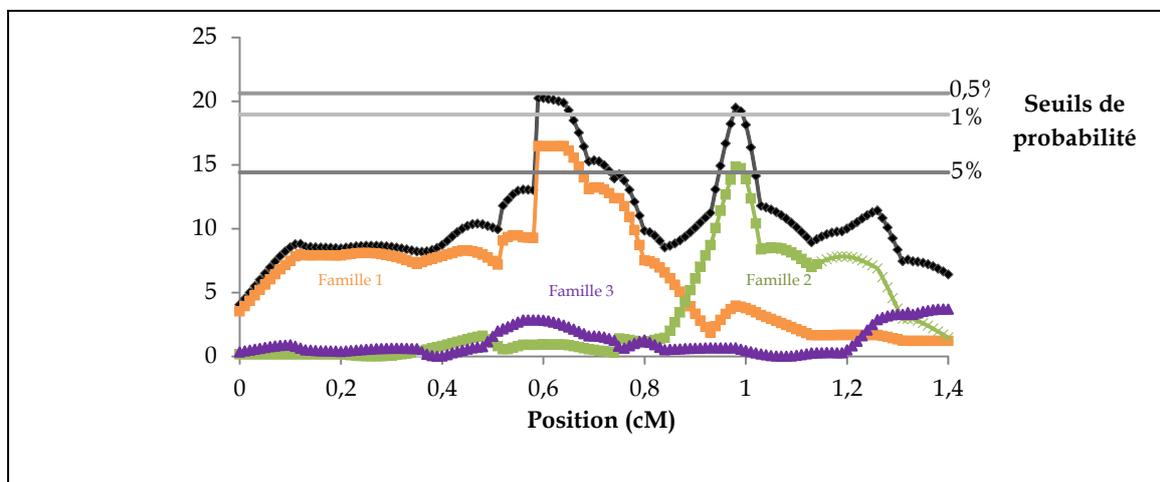


Figure 8 : Courbe de rapport de vraisemblance du taux de fonte du foie sur APL2

Au global, 178 QTL protéomiques (pQTL) et 80 QTL phénotypiques ont été détectés avec respectivement 43 et 21 (dont 10 relatifs à la qualité du foie gras) significatifs au seuil de 1 % au niveau du chromosome [D1]. Ces QTL ont des intervalles de confiance en moyenne de 15 cM (entre 1 et 35 cM). Le chromosome APL18 est remarquable car il présente à lui seul 7 pQTL dont 2 d'entre eux (pour les protéines ENO1 -alpha-enolase- et GS -glutamine synthetase-) ont un effet de substitution allélique, estimé en écart-type phénotypique du caractère, dépassant l'unité. Le pQTL le plus significatif (seuil inférieur à 0,5% au niveau du génome) se situe sur le chromosome APL24 pour la protéine FASN (fatty acid synthase) ; l'autre pQTL dépassant le seuil de 1% au niveau du génome correspond à l'ENO1 sur APL18 [A1- en cours de publication]. 4 chromosomes (APL15, APL18, APL23 et APL25) contiennent à la fois des QTL protéomiques et phénotypiques de qualité du foie, avec une co-localisation possible des 2 types de QTL pour APL15 (taux de fonte, protéines CCT7 -TCP1 containing

protein 7- et ENO1) et APL23 (taux de lipides et protéines du foie, protéines PDIA3 -Protein disulfide isomerase A3- et FABP7 -Fatty acid binding protein 7-). Il semble cependant que les régulations mises en évidence par ces 4 protéines (CCT7 et ENO1 pour APL15 ; FABP7 et PDIA7 pour APL23) sont de types « trans », puisque les gènes codant pour celles-ci, si on admet la conservation entre les caryotypes de la poule et du canard, ne sont pas positionnés sur les chromosomes où nous avons identifié les pQTL. Même s'il faut rester prudent car des réarrangements chromosomiques ont déjà été mis en évidence entre les espèces *Gallus Gallus* et *Anas Platyrhynchos* (Rao *et al.*, 2012), on notera que le QTL sur APL15 se situe en proximité du marqueur SNP286, lui-même positionné, sur la séquence de la poule, dans un gène codant pour une protéine chaperonne du réticulum endoplasmique et impliquée dans la maturation de la lipoprotéine lipase (LMF1). Or, la LMF1 jouerait un rôle dans l'activation des lipases et dans la régulation du métabolisme des lipides (Peterfy, 2012).

Les approches de détection de QTL bi-caractères entre un phénotype et une protéine ont été effectuées pour tout QTL à 5% dès qu'il y avait une superposition des intervalles de confiance, soit un total de 290 analyses bi-caractères parmi lesquels 66 analyses ont atteint un seuil de signification supérieur au seuil le plus élevé des détections unicaractère. Ainsi sur APL15, l'association du taux de fonte avec ENO1 ou avec CCT7 a permis de dépasser largement le seuil de détection de 0,1% alors que caractère par caractère le seuil atteint était de 1% (Figure 9).

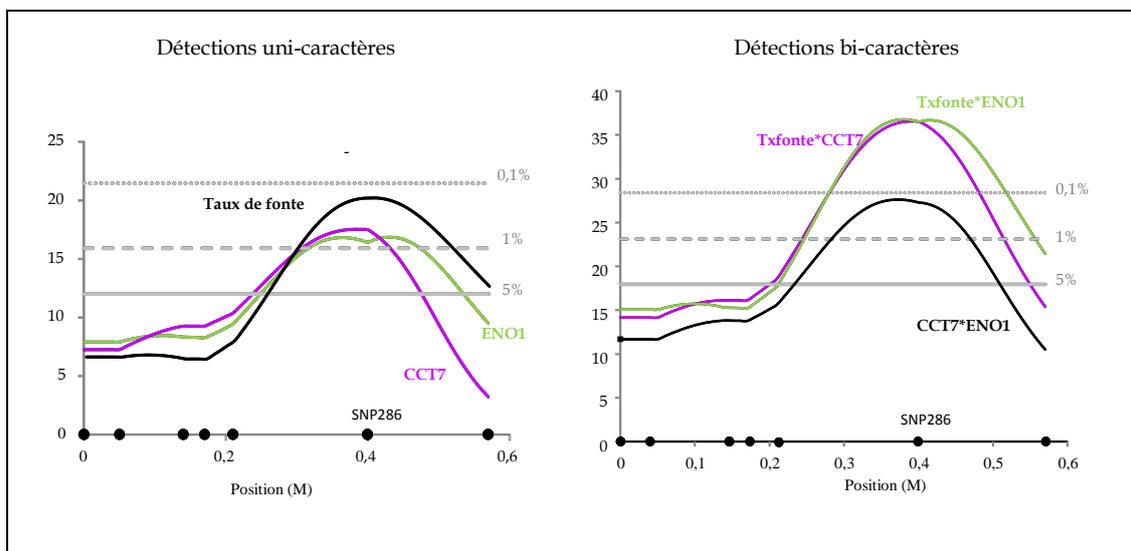


Figure 9 : Comparaison des QTL uni- et bi-caractères identifiés sur le chromosome APL15

Afin de distinguer entre un QTL pléiotropique et 2 QTL proches liés, nous avons mis en œuvre le CLIP test (Close Linkage versus Pleiotropy test) proposé par David *et al.* (2013). Ce

test compare les profils des effets des marqueurs pour les 2 caractères considérés et rejette l'hypothèse de pléiotropie si les profils sont jugés différents. Sur notre jeu de données, dans 16 analyses bi-caractères sur 66, l'hypothèse de pléiotropie n'a pas été rejetée [A1-résultats en cours de publication]. Ainsi, je soulignerai des associations qui font sens, par exemple sur APL7 le poids de cuisse et l'apolipoprotéine A1 (APOA1) qui assure le transport des triglycérides, sur APL15 le taux de fonte et 2 spots distincts d'énolase (ENO1) qui joue un rôle dans la dégradation du glucose en pyruvate, sur APL22 l'indice de jaune du foie et la peroxiredoxine 4 (PRDX4) et enfin sur le chromosome Z le taux de glucose sanguin en début de gavage et la glutamate deshydrogenase (GLUD1).

L'interprétation de ces résultats se poursuit et se précise à la lumière des résultats en cours d'obtention au niveau du transcriptome du foie gras.

2.4- Transcriptome du foie gras

L'approche de quantification des ARN des foies des canards mulards a elle aussi été effectuée sur les 3 familles cibles du dispositif QTL, par RT-PCR à l'aide de la machine Fluidigm de la plateforme PlaGe. L'expression de 95 gènes préalablement choisis pour leurs rôles fonctionnels et dont les amorces ont été dessinées par C. Molette, a été obtenue pour les 294 foies de canards. L'acquisition des données et leurs corrections (prise en compte des effets fixes techniques, normalisation par l'expression de gènes de référence, imputation des données manquantes...) a fait l'objet du stage de Master 1 de V. Choisi, co-encadrée par M. San Cristobal, A. Bonnet et moi-même. La mise en relation des quantifications d'ARN avec les phénotypes de qualité du foie gras via une approche PLS (Partial Least Square) canonique permet d'obtenir un cercle de corrélations où sont positionnés les phénotypes et transcrits en maximisant les covariances entre combinaisons linéaires des variables des 2 jeux de données. Le seuillage des corrélations à 0,76 permet l'obtention de réseau de gènes-phénotypes ci-dessous (Figure 10). Ainsi, sont confirmées les corrélations élevées entre le poids de foie, le taux de fonte, les taux de lipides et protéines du foie gras, tandis que la luminance du foie ou l'indice de jaune apparaissent plus indépendants. Si l'indice de jaune est assez fortement lié à un grand nombre de transcrits, la luminance est particulièrement corrélée à l'expression du cytochrome CYP2E1 (cytochrome P450 2E1). La connexion entre poids de foie, taux de fonte, taux de lipides et protéines est réalisée par l'adenosyl homocystéinase (AHCY), qui joue un rôle important dans la régulation de l'ajout de groupes méthyles. Le gène de l'apolipoprotéine B, qui code pour une lipoprotéine jouant un rôle dans le transport des

matières grasses et du cholestérol dans le sang, est surtout corrélé positivement avec le taux de protéines et négativement avec le poids de foie. Enfin, le gène de la bêta carotène mono oxygénase (BCMO1 - quantifié par 2 jeux d'amorces) et le gène CD36, impliqué dans la voie métabolique de BCMO1, apparaissent comme très fortement corrélés au poids de foie gras, sans connexion (au seuil de 0,76) avec le taux de fonte.

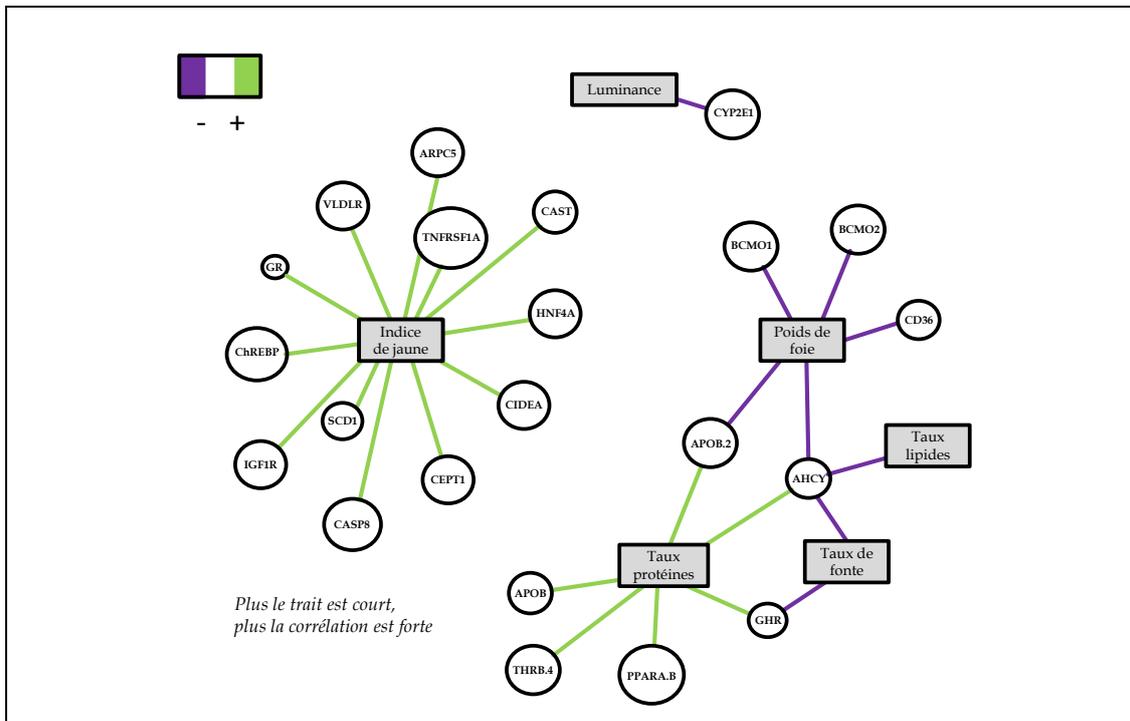


Figure 10 : Réseau représentant les gènes (entourés de cercles) dont l'expression est corrélée à la qualité du foie (phénotypes entourés d'un rectangle)

Le lien entre BCMO1 et le poids de foie gras qui apparaît dans ce réseau, fait écho à la recherche de gènes candidats fonctionnels que nous avons initiée dans le projet « FonduGene », financé à hauteur de 80 keuros et dont j'étais la coordonnatrice. L'objectif de ce projet était de confirmer l'impact du gène BCMO1 sur la qualité du foie gras et du magret du canard mulard. En effet, les résultats de Le Bihan-Duval *et al.* (2011) montraient l'existence d'une double mutation dans la zone promotrice du gène qui impactait la couleur du filet de poulet. Par ailleurs, l'invalidation de ce gène chez la souris conduisait à une stéatose hépatique (Hessel *et al.*, 2007). Nous avons pu montrer que dans la partie promotrice du gène chez le canard, il existait une insertion/délétion de 10 bases (Indel) et 5 mutations de type SNP. Ces modifications de séquence fonctionnaient de façon haplotypique et n'étaient retrouvées que dans la population commune de notre dispositif et non dans la population Barbarie. L'analyse de variance conduite sur les phénotypes des mulards a mis en évidence

un effet significatif de cet Indel sur le taux de fonte des foies gras, leurs poids, mais aussi leurs taux de protéines et de lipides, ce qui modifie leurs colorations en termes de luminance et d'indice de jaune. Malgré une densification du chromosome APL12 qui porte le gène BCMO1, la détection de QTL n'a pas permis de mettre en évidence un QTL significatif pour le taux de fonte au niveau des marqueurs de BCMO1, même si un pic dans le profil de vraisemblance apparaît clairement (Figure 11).

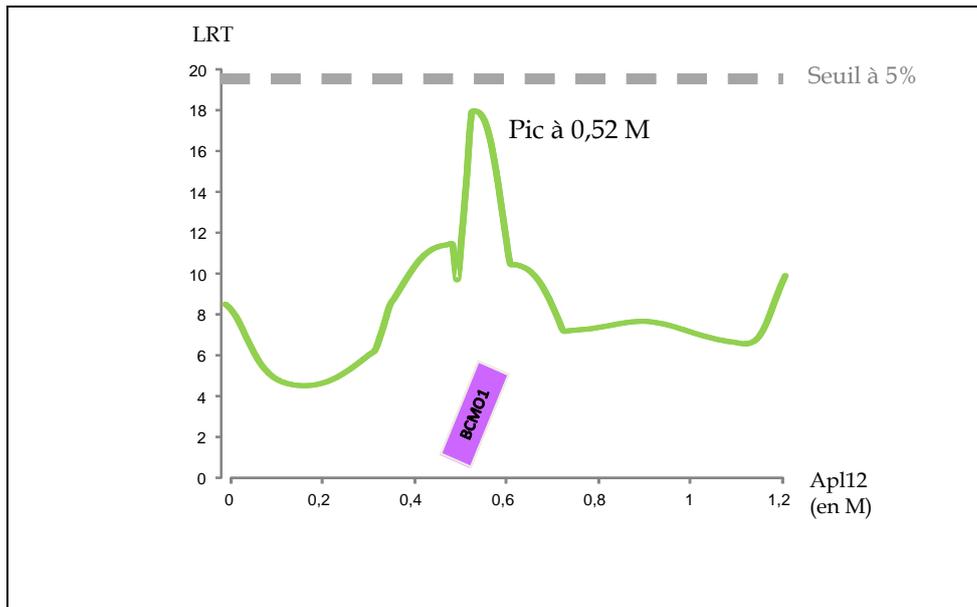


Figure 11 : profil de vraisemblance du « presque QTL » de taux de fonte sur APL12

De ces résultats nous supposons que BCMO1 est bien un candidat fonctionnel d'intérêt pour expliquer des variations de poids de foie gras et, dans une moindre mesure, de taux de fonte. Néanmoins, notre dispositif QTL n'est probablement pas assez puissant pour le mettre statistiquement en évidence.

3- Sélectionner les mulards sur leur efficacité alimentaire : comment et quel impact ?

L'aptitude au gavage et la qualité des produits qui en découlent résultent eux-mêmes de la capacité de l'animal à transformer ce qu'il ingère. Or, l'efficacité alimentaire d'un animal en production est un élément économique crucial de l'élevage, l'alimentation représentant dans les espèces avicoles plus de 60% du coût de production. Afin de quantifier cette efficacité de transformation de l'aliment, l'indice de consommation - rapport entre les quantités ingérées et produites - est généralement utilisé : chez le canard comme chez le

poulet, ce critère d'efficacité alimentaire est héritable et peut être sujet à une sélection directe (Pym, 1990 ; Clayton *et al.*, 1979 ; Guy *et al.*, 2002 ; N'Dri *et al.*, 2007). Cependant, une sélection de ce rapport ne permet pas de maîtriser la pression de sélection exercée sur chacune des composantes du ratio : des changements indésirables peuvent être induits, comme des modifications de poids vifs ou de production d'œufs (Bordas *et al.*, 1992). L'utilisation du concept de Consommation Résiduelle (ou Residual Feed Intake soit RFI), écart entre l'ingestion mesurée et l'ingestion théorique fonction des besoins d'entretien et de production, est proposé dès 1941 par Byerly. La RFI permet d'avoir une estimation de l'efficacité alimentaire phénotypiquement indépendante des besoins alimentaires liés à la production et à la maintenance. Ce critère nous est apparu comme indispensable pour investiguer l'efficacité alimentaire chez le canard.

En premier lieu avec B. Basso, nous avons eu l'opportunité d'étudier l'efficacité alimentaire de canes communes en ponte via la RFI en nous appuyant sur les mères des mulards du dispositif « GeneCan ». Après mise au point du phénotypage des animaux placés en cages individuelles [D28], nous avons montré que la consommation résiduelle – régression linéaire de l'ingestion sur le poids métabolique et la masse d'œufs pondus – était modérément héritable ($h^2 = 0,24 \pm 0,11$) comparativement à l'ingestion brute ($h^2 = 0,36 \pm 0,06$). Ces 2 variables étaient très fortement corrélées ($+0,89 \pm 0,07$) [A14], bien plus que le lien de $+0,40$ usuellement rencontré en poules pondeuse (Luiting and Urff, 1991 ; Tixier-Boichard *et al.*, 1995). A l'instar des autres espèces, la cane la plus efficace, c'est-à-dire présentant la consommation résiduelle la plus faible, est aussi un animal qui mange peu. De plus, nos estimations laissent supposer qu'une sélection sur la consommation résiduelle d'une part ne modifierait pas le poids vif ou la masse d'œufs pondus [A14] et d'autre part permettrait d'améliorer l'indice de consommation ($r_g = 0,50 \pm 0,25$) sans dégrader les caractères de reproduction [D21;C12]. L'analyse de ces données a été conduite jusqu'à la détection de QTL, ne permettant de mettre en évidence qu'un unique QTL de consommation résiduelle sur APL1 au seuil de 1% au niveau du chromosome, en proximité d'un QTL d'ingestion [C3]. Cette thématique m'a aussi permis de collaborer avec des chercheurs Taiwanais de l'Université de Taichung pour analyser des données de consommation résiduelle de canes Brown Tsaiya en ponte, estimant des héritabilités de RFI entre 0,30 et 0,43 selon le stade de ponte de la cane [A13,C11].

Cependant pour la filière Palmipèdes française, l'animal cible pour l'étude de l'efficacité alimentaire reste le canard mulard en phase de croissance et non la cane pondeuse. Jusqu'alors les mesures de consommation individuelle effectuées ont impliqué de placer

l'animal en cage pour individualiser sa prise alimentaire : si la cane reproductrice est effectivement élevée en cage, le mulard en croissance est élevé en grand lot avec accès à des parcours extérieurs. Ces conditions de phénotypages en cage sont donc très éloignées des conditions de production du mulard. Or N'Dri *et al.* (2007) ont montré que les caractères mesurés en cage pour évaluer l'indice de consommation de poulets « Label » n'étaient pas pertinents pour l'élevage au sol et *a fortiori* en plein air : en effet, la corrélation de rang entre les performances des candidats à la sélection dans ces deux milieux varierait entre -0,05 et +0,23 selon la période considérée (N'Dri, 2004). Nous avons donc choisi de développer des recherches sur l'efficacité alimentaire du canard mulard via des mesures d'ingestion lorsque l'animal est au sol élevé en lot.

3.1- Amélioration de l'efficacité alimentaire du mulard via la voie paternelle

Si on se réfère à sa durée d'élevage, le canard mulard présente un bien piètre indice de consommation (IC=3,3), bien supérieur à celui du canard de Barbarie (IC=2,8) (Tableau 5). Le canard Pekin qui est élevé en Asie (et non en France) pour sa viande, est généralement abattu vers 50 jours avec un IC de l'ordre de 2,5 (Retailleau, 1999). Ce mauvais rendement de transformation de l'aliment ingéré par le mulard conduit à une ingestion élevée d'aliments mais aussi à des rejets azotés et phosphatés importants (CORPEN, normes volailles 2013), particulièrement compliqués à gérer lorsque les animaux ont accès libre à des parcours. De plus, que ce soit durant le gavage ou durant la même période mais en ingestion *ad libitum*, les canards hybrides ont des niveaux d'ingestion bien supérieurs à ceux de leurs parents Pekin et surtout Barbarie. Cette grande capacité d'ingestion, qui explique en partie le mauvais IC des canards hybrides, laisse aussi supposer l'existence d'un effet d'hétérosis -non formellement démontré- sur la capacité d'ingestion. Or, cet hétérosis supposé est à mettre en regard de l'effet d'hétérosis démontré favorable sur le poids de foie gras (+150 g, Larzul *et al.*, 2006) du canard mulard. Toute la problématique est donc d'améliorer l'efficacité alimentaire du canard en croissance, sans dégrader sa capacité d'ingestion qui semble un facteur clé de son aptitude au gavage. Une précédente étude de Larzul *et al.* (2004) avait montré qu'il était possible, en sélectionnant sur un critère d'efficacité alimentaire chez le canard commun, de diminuer l'indice de consommation dans la descendance mulard : ainsi, une différence de 2,1 points d'indice de consommation chez les canes Pékin, mesuré entre 4 et 7 semaines d'âge, se traduisait par une différence de 0,7 point dans leur descendance femelle mularde. Nous

avons fait le choix, du fait du contexte français de production du foie gras à partir des canards de Barbarie et mulards, d'initier des recherches sur la génétique de l'efficacité alimentaire du canard mulard, via le critère de consommation résiduelle dans la population Barbarie, père du mulard.

Tableau 5 : Effet du génotype sur l'indice de consommation et la consommation (Chartrin *et al.*, 2003)

		Barbarie	hinny	mulard	Pekin
IC en élevage	0 à 84 j	2,8	3,2	3,3	3,6
Ingestion en gavage (kg)	85 à 98 j	8,22	10,34	10,55	9,67
Ingestion ad libitum (kg)	85 à 98 j	3,11	4,03	4,29	3,92

En 2009, j'ai donc initié un programme de sélection divergente de canards de Barbarie à partir de la consommation résiduelle de leurs fils mulards. Les objectifs étaient multiples puisqu'il s'agissait de démontrer la faisabilité d'une sélection sur la consommation résiduelle à partir de testage sur descendance, de vérifier l'impact de cette sélection de la RFI en croissance d'une part sur l'aptitude de ces mêmes animaux à être gavés, et d'autre part sur l'efficacité alimentaire en croissance de leurs sœurs mulardes. Ce projet génétique s'inscrivait aussi dans un programme pluri-espèces plus large visant à étudier l'amélioration de la durabilité du système d'élevage lorsque des innovations, telles qu'une sélection sur la RFI, étaient mises en œuvre. Dans notre innovation, nous supposons que les piliers « économique » - via la réduction des quantités ingérées éventuellement contrebalancée par une moindre production de foies gras-, « environnemental » - via la réduction possible des rejets sur les parcours- mais aussi « sociétal » - par une moindre euthanasie de canettes mulards si leur efficacité alimentaire améliorée permettait d'envisager une nouvelle production à rôtir- pouvaient être tout 3 impactés. Ce programme a pu être réalisé grâce à des soutiens professionnels (CiFOG - 37 k euros et CASDAR-CuniPalm -40 k euros).

La sélection a été conduite sur 3 générations, avec en génération initiale (G0) 80 mâles de Barbarie testés sur environ 700 fils mulards [D6]. A chaque génération et pour chaque lignée (lignée peu efficace « RFI+ » versus lignée efficace « RFI- »), environ 48 mâles Barbarie sont accouplés à 192 femelles Pekin pour produire des mulards, élevés en loge par fratries de 9 demi-frères de père Barbarie. La consommation résiduelle est estimée sur les fils mulards, entre 4 et 7 semaines d'âge, comme le résidu de la régression linéaire multiple de la consommation moyenne journalière (estimation identique pour tous les fils d'un même

Barbarie) avec le poids vif à 7 semaines, le gain moyen quotidien entre 4 et 7 semaines et l'état d'engraissement corporel à 7 semaines estimé par TOBEC (TOtal Body Electrical Conductivity) à l'aide d'une équation préalablement établie [D5]. Les mâles et femelles Barbarie ont pu être indexés à partir de cette performance de RFI chez le mulard : 8 mâles et 36 femelles Barbarie sont alors sélectionnés par lignée sur index RFI comme base de procréation de la génération suivante.

L'analyse génétique menée avec L. Drouilhet [A4;A3] révèle des estimations élevées d'héritabilité de la consommation résiduelle ($0,83 \pm 0,42$) et du poids vif ($0,63 \pm 0,27$), cependant associées à de fortes erreurs standards. En effet, l'héritabilité de la RFI chez des poulets de chair en croissance varie dans une gamme de valeurs plus faibles, entre 0,33 à 0,45 (Aggrey *et al.*, 2010). Pour le poids vif à 7 semaines, les héritabilités publiées en lignées pures sont du même ordre de grandeur : 0,53 en canard Pekin (Xu *et al.*, 2011) et 0,40 en canard de Barbarie (Mignon-Grasteau *et al.*, 1998). Nos estimations pour l'IC, le GMQ et la quantité de lipides corporels sont plus modérées (respectivement $0,41 \pm 0,18$; $0,39 \pm 0,22$ et $0,44 \pm 0,25$). On notera la très forte corrélation génétique entre RFI et IC ($0,99 \pm 0,18$) qui laisse supposer que ces 2 caractères sont très similaires. Cependant, leurs relations aux autres composantes de l'efficacité alimentaire sont différentes : ainsi, si la RFI semble génétiquement indépendante du poids à 7 semaines, du GMQ et de la quantité de lipides corporels estimés par TOBEC, l'IC apparaît comme génétiquement lié au GMQ ($-0,60 \pm 0,29$). Comme attendu, des sélections sur la RFI ou sur l'IC ne vont pas conduire à la même réponse sur la croissance des animaux. Par ailleurs, la comparaison des animaux de nos 2 lignées divergentes en G2, confirme que la sélection sur la RFI a été efficace puisque l'on obtient des différentiels entre lignées très significatifs de l'ordre de -9,1 g/j pour la RFI, de -10 g/j pour consommation moyenne journalière et de -0,08 point d'IC en faveur des lignées RFI-. Aucune différence pour les poids à 4 et 7 semaines, le GMQ ou la quantité de lipides corporels n'est significative entre les 2 lignées. Après gavage et abattage, les caractères de carcasses des 2 lignées ont eux aussi été comparés : la sélection semble avoir modifié le dépôt de muscle puisque la lignée efficace « RFI- » a des cuisses et, dans une moindre mesure, des muscles du magret plus développés (respectivement de 13 et 6 g) sans modification globale de la carcasse. Ce même résultat de réponse corrélée à la sélection sur RFI a été montré en porc (Gilbert *et al.*, 2012). Par ailleurs, les canettes mulardes issues de canes Pekin sélectionnées de façon divergente sur l'IC présentaient aussi une différence de 36g de poids de cuisse (Larzul *et al.*, 2004). Le résultat majeur de ce travail est le non impact de la sélection de la RFI sur l'engraissement des animaux à l'issue du gavage : en effet, le poids de foie gras et la quantité de gras

abdominal restent inchangés entre les lignées. De plus, la qualité du foie, appréciée par le taux de fonte, n'est pas non plus altérée. Cependant, avant tout transfert de ces résultats de sélection en élevages privés, il est nécessaire de les confirmer par des études complémentaires. En effet, chez le porc, l'hypothèse retenue pour expliquer la différence des caractères de carcasses selon la RFI serait que les animaux efficaces « RFI- » présentent un métabolisme énergétique du muscle et du foie altéré, avec une augmentation des taux de glycogène et une réduction de la voie d'oxydation des acides gras (Lefaucheur *et al.*, 2011). La vérification de cette hypothèse chez le canard gras est donc indispensable, d'autant que le produit cible est le foie gras.

Faute de disposer d'un dispositif permettant un réel enregistrement de données individuelles de consommation alimentaire des animaux élevés en lot au sol, notre sélection sur la RFI a perdu en puissance, la consommation des mulards ne pouvant qu'être approximée par la moyenne du groupe. Par ailleurs, un dispositif d'enregistrement individuel de l'ingestion permettant d'objectiver le comportement alimentaire de nos canards serait d'autant plus intéressant que selon Gabarrou *et al.* (1998), les poules pondeuses sélectionnées sur la RFI ont des mêmes temps d'ingestion alors qu'elles ingèrent 50% d'aliment en plus, suggérant des modalités de prises alimentaires différentes.

3.2- La diversité du comportement dans la prise alimentaire

Le programme SEACAP (Système d'Enregistrement Automatique de la Consommation Alimentaire de Palmipèdes) porté par B. Basso et adossé à l'équipe Informatique et Automatisation de la SAGA, a donc été initié pour répondre à ce besoin de phénotypage individuel de l'ingestion. Une phase de mise au point, longue et complexe, a permis de corriger tous les biais de mesures tels que les visites non attribuées à un animal ou les visites doubles, et de faire disparaître le gaspillage en modifiant les modalités d'accès à la mangeoire [D12]. Nous disposons alors d'une unité SEACAP (brevet n°1260972) permettant d'enregistrer les visites (nombre, durée et quantité ingérée) par animal et d'en déduire les vitesses d'ingestion. Ces variables peuvent être ensuite intégrées à diverses échelles de temps (à l'échelle du repas ou de la journée).

L'évaluation du comportement alimentaire de canards mulards mâles et femelles a confirmé que la consommation alimentaire augmentait avec l'âge des animaux, passant de 130 g/j à 3 semaines d'âge à 248 g/j à 8 semaines d'âge (Figure 12) [D8 ; A7]. De façon très

comparable, Bley et Bessei (2008) rapportent chez des canards Pekin des consommations moyennes journalières augmentant de 150 à 250 g/j entre 2 et 7 semaines d'âge.

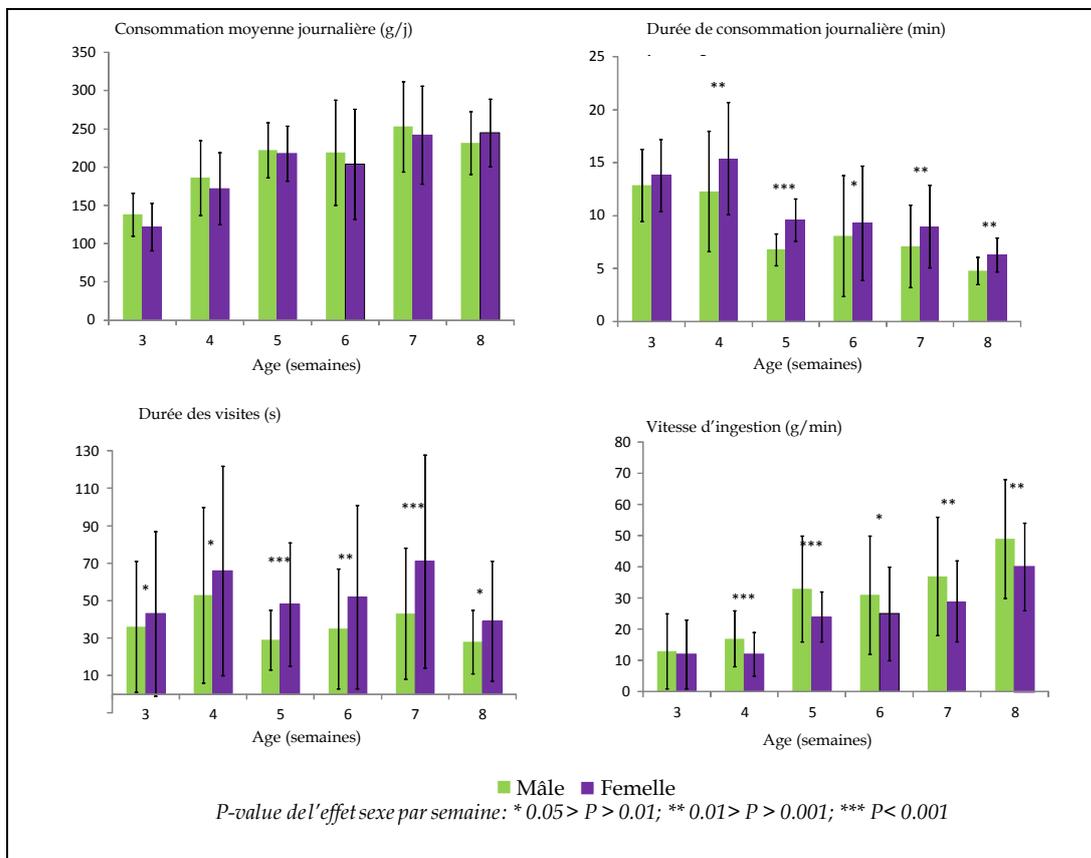


Figure 12 : Consommation moyenne journalière, durée de consommation (par jour ou par visite), et vitesse d'ingestion selon le sexe du canard mulard

A l'inverse de la quantité consommée, le temps passé à consommer décroît avec l'âge des animaux, passant sur la même période de 14 min/j à 5,5 min/j (Figure 12). Cette évolution résulte à la fois d'une diminution du nombre de visites journalières, visites dont la durée élémentaire reste stable (en moyenne 45 s) mais pour lesquelles la quantité ingérée et la vitesse d'ingestion s'accroissent fortement avec l'âge des animaux. Les quantités ingérées ne sont pas différentes selon le sexe du mulard, mais le temps d'ingestion est nettement plus élevé pour les femelles que pour les mâles (à la journée 10,8 min/j et 8,9 min/j respectivement ; à la visite 52s et 38s respectivement), d'où des vitesses d'ingestion très significativement plus élevées pour les mâles (23 g/min) que pour les femelles (18 g/min).

Si Bley et Bessei (2008) ont aussi montré cet accroissement de la vitesse d'ingestion chez des canards Pekin avec l'âge, le maximum atteint était très inférieur aux vitesses obtenues sur canards mulards. Cette caractéristique des canards mulards – particulièrement des mâles

avec une vitesse d'ingestion 25% supérieure à celle des femelles - à avoir une forte vitesse d'ingestion pourrait-elle être confrontée à leur aptitude à stocker des lipides dans le foie ? On peut le supposer puisque Baéza *et al.* (2005) montrent que c'est la capacité d'ingestion en un temps court qui explique une large part des différences d'aptitude à faire du foie gras entre génotypes de canards.

L'étude de la distribution des temps de pause entre les visites au SEACAP permet de définir la notion biologique de repas à partir des visites telle que proposée par Howie *et al.* (2009a ; 2009b ; 2010) : on dissocie ainsi les pauses dues à la satiété de l'animal des pauses dues à un besoin de détente ou d'abreuvement considérées comme des événements du repas. Nous avons ainsi pu montrer que le profil de distribution évoluait fortement avec l'âge du canard (Figure 13) : le nombre de petites pauses intra-repas tendant à disparaître quand l'animal est âgé [A7]. La comparaison du comportement alimentaire des mulards selon leur sexe diffère quelque peu selon l'échelle de temps considérée (repas versus visite) : en effet, les différences entre sexe dans les durées de repas et les vitesses d'ingestion à l'échelle du repas ne sont plus significatives, même si les tendances sont conformes à ce qui a été observé à l'échelle de la visite.

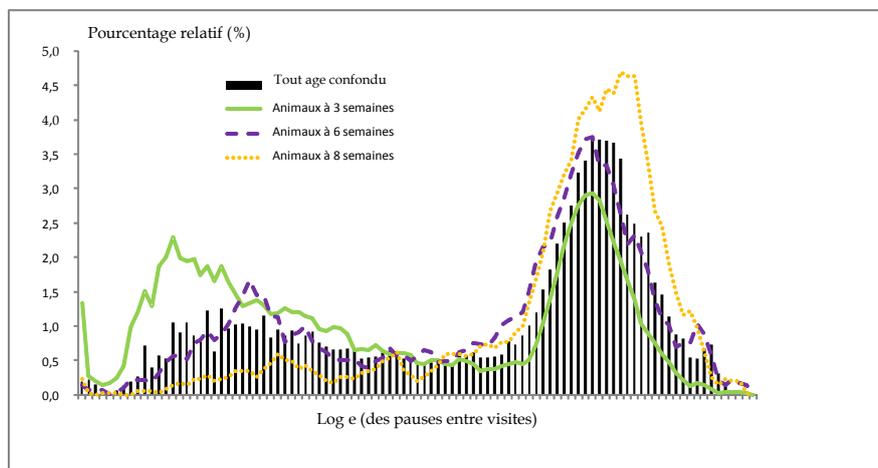


Figure 13 : Distribution des temps de pauses entre visite au SEACAP, tous âges confondus (histogramme) ou par âge (courbes)

La comparaison de canards mâles de Barbarie (n=44) et de canards mâles mulards (n=80) demi-frères de pères, révèle des différences de comportement alimentaire encore plus marquées qu'entre mâles et femelles mulards [D3]. Pour des consommations journalières comparables et des nombres de visites au SEACAP peu différentes (5 visites par jour pour les Barbaries contre 6 pour les mulards), les canards de Barbarie ont des durées de visites 4 à 5 fois supérieures à celles des mulards (440 s et 94 s respectivement), objectivant le caractère

placide du Barbarie. Les durées des pauses entre visites sont aussi nettement plus longues pour le Barbarie que pour le mulard. Traduit en termes de vitesse d'ingestion à la visite, on retrouve une vitesse d'ingestion moyenne à la visite de 24,5 g/min pour les mulards et seulement de 6,5 g/min pour les Barbaries. Ces résultats confirment le caractère « glouton » du mulard, caractéristique que l'on cherche à accroître lors de la préparation au gavage afin de développer le pseudo-jabot de l'animal, ce qui est déterminant pour l'aptitude ultérieure du canard au gavage.

Ces études sur les modalités de prises alimentaires chez le canard n'ont pas encore intégré la dimension génétique, mais elles ont d'ores et déjà apporté un faisceau de résultats montrant la particularité du comportement alimentaire du mâle mulard, notamment sa grande vitesse d'ingestion. L'étape de recherche suivante serait l'étude du déterminisme génétique de la vitesse d'ingestion en lien avec tous les caractères d'efficacité alimentaire mais aussi d'aptitude au gavage. Si comme nous le supposons, la vitesse d'ingestion est déterminante pour l'aptitude au gavage et si, comme le rapporte Howie *et al.* (2010) sur poulet de chair, la vitesse d'ingestion est très héritable ($h^2 \sim 0,50$) et indépendante de la consommation moyenne journalière ($r_g = 0,09 \pm 0,08$), une nouvelle voie de sélection du mulard pourrait se dessiner : accroître la vitesse d'ingestion de l'animal pour favoriser son aptitude au gavage tout en réduisant les quantités d'aliments ingérés ce qui améliorerait son efficacité alimentaire.

4- Conclusion

J'ai centré cette décennie de recherches sur le canard à gaver sur 2 aspects majeurs qui me semblaient déterminants pour la filière : la qualité du foie d'une part et l'efficacité alimentaire d'autre part. Ces différents projets pluridisciplinaires que j'ai portés, ont eu un rôle fédérateur vis-à-vis des recherches sur la physiologie, la génomique et la génétique des palmipèdes sur le Sud-Ouest. Ainsi, le « Groupe Palmipède toulousain » est une émanation directe du programme « GeneCan ». Par ailleurs, au-delà des publications formelles, une grande part des résultats que j'ai obtenus a été récemment vulgarisée dans le hors-série « Productions Animales » de 2013 avec une contribution active dans 4 articles [A8-A9-A10-A11].

Au sein de ces 2 thématiques de recherche, j'ai mené à la fois des projets très finalisés - par exemple la sélection du taux de fonte par le NIRS qui aura une retombée réelle sur le terrain puisqu'un sélectionneur est en train de mettre en application ce nouveau critère de

sélection - mais aussi des projets plus amont d'acquisition de nouvelles connaissances - par exemple l'intégration phénotypique et génétique des données « omic » visant à comprendre les mécanismes sous-jacents à la qualité du foie gras ou le comportement alimentaire du mulard. Je perçois un déclin progressif de la thématique « qualité du foie », l'intérêt de développer de nouvelles approches génétiques de la qualité étant moindre puisque des réponses opérationnelles ont été apportées aux sélectionneurs et un décryptage assez fin des mécanismes sera connu à l'issue de l'analyse de mon ultime projet sur les palmipèdes à gaver. A contrario, la thématique « efficacité et comportement alimentaire » devrait prendre son essor dans les années à venir car encore peu investiguée d'un point de vue génétique et porteuse d'innovation en termes d'objectif de sélection. Enfin la question de la qualité sanitaire des produits issus du canard est un sujet latent, puisque le canard est connu pour être fréquemment porteur sain de bactéries ou virus. Hormis une petite incursion sur le déterminisme génétique de portage de salmonelles effectué sur les sœurs des mulards du dispositif « GeneCan » [C16;D27], la variabilité génétique de la résistance et du portage de maladies chez les palmipèdes est un grand pan de recherches qui reste à explorer.

... AUX CARACTERES DE LACTATION D'UN MAMMIFERE SELECTIONNE EN RACE PURE

Durant les années 90, la sélection des brebis laitières se concentrait sur les caractères de production laitière (quantité de lait, taux butyreux et protéique) sans prise en compte d'autres caractères fonctionnels ou de santé, jugés alors mineurs. Néanmoins durant cette période, l'impact de la sélection laitière sur ces caractères dits secondaires a été étudié à l'INRA. Ainsi, Barillet *et al.* (2001) ont pu montrer que les mammites subcliniques, prédites à partir des comptages de cellules somatiques (CCS), augmentaient génétiquement avec le niveau laitier des animaux. La corrélation génétique entre ces 2 caractères étant assez faible ($r_g = +0,15$), la sélection conjointe pour réduire ces mammites subcliniques tout en augmentant la production était possible : l'intégration des CCS dans l'Index de Sélection Ovin Laitier (ISOL) a été effective dès 2002 dans le schéma de sélection Lacaune. Le principal autre caractère fonctionnel qui interrogeait les éleveurs, concernait la facilité de traite des brebis. En effet, la traite bi-quotidienne d'un troupeau composé en moyenne de 500 brebis représente une charge de travail importante pour l'éleveur.

J'ai donc pris en charge l'étude du déterminisme génétique de la facilité de traite des brebis. Cette aptitude de la femelle à donner son lait à une machine est multifactorielle : la brebis « cible » est un animal docile, dont la morphologie mammaire est adaptée à la pose du faisceau trayeur mais aussi à une bonne vidange de la mamelle, et dont l'éjection du lait est rapide. Je me suis donc concentrée sur 2 principaux volets : i) la morphologie mammaire appréciée par pointages et par morphométries à partir de photographies, ii) les cinétiques d'émission du lait durant la traite collectées par un automate de contrôle laitier.

1- La forme des mamelles : un sujet d'intérêt ?

1.1- La sélection laitière et la morphologie mammaire

Dès les années 70, de nombreuses études de physiologie sur différentes races de brebis laitières mettant en relation les caractéristiques de la mamelle avec la performance laitière en traite mécanisée (Partearroyo and Flamant, 1978 ; Labussière, 1983), ont suggéré que l'objectif de sélection devait être spécifique de chacune des races. Cependant, ces mesures très précises de l'extérieur de la mamelle, étaient impossibles à mettre en œuvre sur un grand nombre d'animaux, donc inutilisables pour des estimations de variabilité génétique. Des approches par classifications typologiques des mamelles étaient également proposées (Sagi and Morag, 1974 ; Casu *et al.*, 1983). Celles-ci s'appuyaient sur des formes globales de mamelles et par construction confondaient les caractéristiques élémentaires de celle-ci : elles n'étaient donc pas adaptées à nos analyses statistiques basées sur des modèles linéaires. Des tables de pointage constituées de caractéristiques élémentaires de la mamelle appréciées sur des échelles linéaires aussi étendues que possible ont alors été conçues (Gootwine *et al.*, 1980 ; De la fuente *et al.*, 1996). Pour la brebis Lacaune, j'ai proposé une table d'appréciation de la forme des mamelles en 3 postes (angle du trayon, importance du sillon médian, hauteur du plancher - Figure 14) associée à une note sanitaire de déséquilibre de la mamelle [C27;D36].

Dans le cadre du programme CEE FAIR coordonné par F. Barillet, j'ai montré, grâce à la sélection divergente sur la quantité de lait produite réalisée à l'UE La Fage sur brebis Lacaune, que la sélection laitière générait une évolution défavorable de la forme de la mamelle [F11]. Pour un écart de production laitière de 30% entre lignées (équivalent à 10 ans de sélection Lacaune), les angles des trayons sont plus grands (+9%, $P < 0,001$) d'où un volume de lait résiduel plus important dans la mamelle, le sillon est significativement moins marqué (-5%, $P < 0,01$) d'où une mamelle moins bien soutenue, et la mamelle est plus basse (-2%, $P < 0,05$) d'où des risques de décrochement de la mamelle avec l'avancée en âge de l'animal.

Après avoir formé et qualifié des techniciens des UPRA et centres d'IA Lacaune aux pointages, j'ai disposé des données de morphologie mammaire de plus de 82 000 brebis primipares issues du noyau de sélection Lacaune. Les estimations d'héritabilité obtenues

[A22;D33] sont globalement moyennes, variant de $0,19 \pm 0,01$ pour le plancher à $0,33 \pm 0,01$ pour l'angle des trayons, le sillon présentant une valeur intermédiaire de $0,26 \pm 0,02$. Les corrélations génétiques entre postes de pointage sont toutes favorables entre elles vis-à-vis de la facilité de traite. Nos héritabilités sont dans la plage de variation de celles estimées dans d'autres races européennes de brebis (Fernandez *et al.*, 1997 ; Ugarte *et al.*, 2001 ; Casu *et al.*, 2002 ; Serrano *et al.*, 2002), et quelle que soit l'étude, l'angle des trayons est le caractère qui présente la plus forte variabilité génétique. L'analyse des valeurs génétiques estimées (en utilisant un BLUP multi-caractères) par cohorte de béliers confirme la dégradation des 3 postes de morphologie mammaire avec la sélection classique : en 10 ans, l'index « plancher » se dégrade de 0,5 écart-type génétique tandis que cette diminution est de l'ordre de -0,15 pour le sillon et l'angle des trayons.

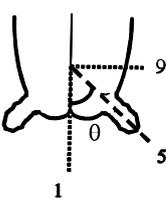
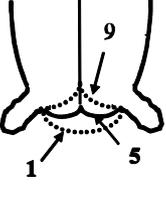
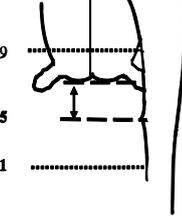
Angle du trayon	Sillon	Profondeur
		
1 = vertical	1 = absent	1 = très profond
9 = horizontal	9 = très marqué	9 = peu profond

Figure 14: Table de pointage composé de 3 caractères mammaires

Par ailleurs, les corrélations entre les index de morphologie mammaire et les index laitiers (Lait, TB, TP et CCS) des béliers testés sur descendance sont toutes assez faibles, inférieures à 0,30 en valeur absolue (Tableau 6). Les index de taux protéiques et butyreux ne sont pas corrélés avec ceux de la morphologie mammaire, sauf le taux butyreux qui tendrait à être réduit lorsque le sillon est bien marqué. L'index de quantité de lait est quant à lui défavorablement relié à la profondeur de la mamelle (-0,21) et dans une moindre mesure à l'angle des trayons (+0,09). Si l'on considère l'ISOL (index combiné lait et taux), le lien défavorable est encore renforcé. Dans des populations Churra et Sarde, Fernandez *et al.* (1997) et Carta *et al.* (2001) ont eux aussi observé ces corrélations faibles mais défavorables

entre conformation de la mamelle et niveau laitier. Enfin, nous avons pu estimer des liens favorables bien que faibles entre l'index CCS et les 3 postes de morphologie mammaires (entre 0,10 et 0,21 en valeur absolue), et étions ainsi les premiers à montrer qu'en brebis laitière, une sélection pour une forme de mamelle plus adaptée à la traite réduirait indirectement l'occurrence des mammites sub-cliniques.

Tableau 6 : Corrélations entre index des 3 postes de morphologie mammaire et index de production laitière et de comptage de cellules somatiques

		Qté de lait	TB	Index TP	ISOL (*)	CCS
	Angle trayons	+0.09	0.05 (ns)	-0.03 (ns)	+0.11	+0.10
Index	Sillon	+0.08	-0.14	-0.04 (ns)	-0.02 (ns)	-0.21
	Profondeur	-0.21	-0.01 (ns)	-0.02 (ns)	-0.29	-0.21

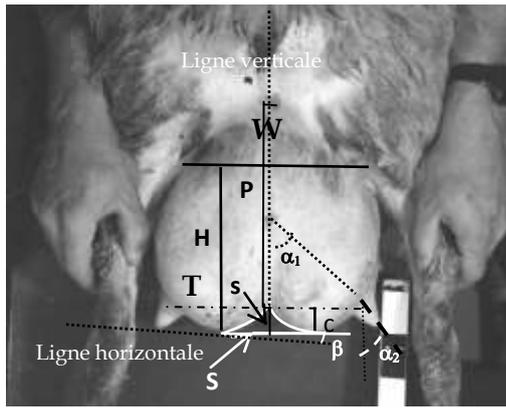
* ISOL = 1/2 (Qté matières grasses + 1.85 Qté protéines) + 1/5 TP

Suite à ces résultats et à la volonté des professionnels d'améliorer la conformation des mamelles des brebis Lacaune, J.M. Astruc de l'Idèle a intégré ces 3 postes de pointage dans l'Index ISOL et depuis 2006, la morphologie mammaire est indexée en routine dans le Rayon de Roquefort.

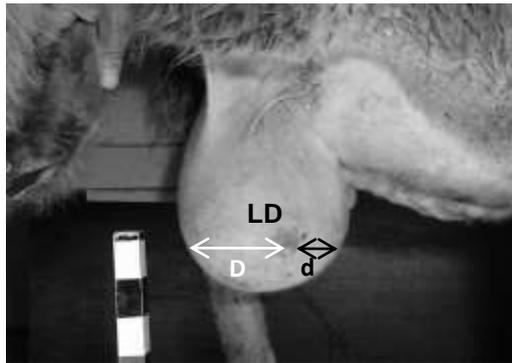
1.2- Un phénotypage fin de la morphologie mammaire par analyse d'images

Pour confirmer les évolutions observées par pointage mais aussi dépister d'autres modifications potentielles de la mamelle, j'ai conçu, pour un usage exclusivement expérimental, un phénotypage fin à partir de 3 angles de prise de vue de la mamelle. Afin d'en extraire semi-automatiquement les mesures d'intérêt, j'ai développé un programme sous Optimas (Figure 15).

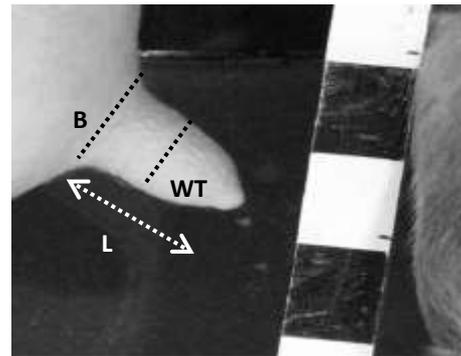
Dans le cadre du stage d'IUT de S. Bord, ce phénotypage a été réalisé sur l'ensemble des brebis du troupeau de la Fage appartenant pour moitié aux 2 lignées divergentes laitières. La comparaison avec les pointages réalisés sur ces mêmes animaux a révélé que i) l'angle des trayons pointés est bien corrélé avec l'angle des trayons « α_1 » mesurés (r_p entre 0,80 et 0,84) et légèrement moins avec la direction du rayon « α_2 » (r_p entre 0,64 et 0,71) ; ii) le sillon pointé n'est que très modérément lié à la hauteur « s » sous le sillon (r_p entre 0,46 et 0,69).



W : largeur de l'attache
 H : hauteur de l'attache
 c : hauteur citerne droite
 S : surface sous sillon
 s : hauteur du sillon
 T : distance entre trayons
 β : angle des mamelles
 P : distance queue plancher
 α_1 : angle du trayon
 α_2 : direction du trayon



D : distance trayon - devant de la mamelle
 d : distance trayon - arrière de la mamelle
 LD : profondeur latérale au niveau du trayon



B : largeur du trayon à sa base
 L : longueur du trayon
 WT : largeur du trayon en son milieu

Figure 15: Morphométrie de la mamelle et du trayon

L'analyse de la variance de l'effet lignée montre que non seulement l'angle des trayons augmente avec la sélection, mais le trayon se positionne plus sur l'avant de la mamelle ce qui rend plus difficile la pose du faisceau trayeur. De plus, la forme du trayon tend à évoluer, en devenant plus court et conique. Ces résultats originaux n'étaient pas suffisamment conséquents pour être publiés. Néanmoins, le déplacement antéro-postérieur défavorable du trayon étant confirmé, un nouveau poste de pointage devrait être prochainement intégré dans l'ISOL pour contrecarrer cette tendance. Plus récemment, cette approche morphométrique a permis de montrer qu'une sélection exclusivement sur les CCS à même production laitière conduisait à des brebis dont les mamelles étaient plus décrochées, suggérant à l'instar des bovins, une relation directe entre relâchement tissulaire et infections intra-mammaires [D11].

L'un des principaux objets du programme CEE GeneSheepSafety concernait la détection de QTL dans un croisement de brebis laitières Sarde et Lacaune, les caractères d'intérêt étant la production et la qualité du lait, les aspects fonctionnels de la production laitière ainsi que la résistance au parasitisme. Ayant en charge la coordination de la tâche « Mammites, facilité

de traite et morphologie mammaire » de ce programme européen, j'ai participé à la détection de QTL ainsi qu'à l'encadrement de l'étudiante en thèse sur ce sujet, S. Casu. Le croisement back-cross Sarde x Lacaune était particulièrement pertinent pour la recherche de QTL de morphologie mammaire, les différences entre ces 2 races étant très marquées (Partearroyo and Flamant, 1978) probablement la conséquence de milieux de sélection très différents (traite manuelle pour la brebis Sarde versus traite mécanique pour la brebis Lacaune). A partir d'un panel de 130 marqueurs microsatellites et d'une population expérimentale d'environ 1 000 brebis back-cross, issues de 10 familles de pères F1, dont les mamelles ont été phénotypées (par pointages mensuels et morphométrie via l'approche photographique décrite ci-dessus), nous avons réalisé une primo-détection de QTL à l'aide du logiciel QTLmap (Elsen *et al.*, 1999). Douze QTL au seuil de 1 % au niveau du chromosome ont été identifiés, dont 10 provenant d'analyses d'image et 2 de pointages. On observe des co-localisations de QTL sur les 3 chromosomes OAR9, OAR12 et OAR20 (Tableau 7) [C21].

Sur OAR12, on note l'existence de 2 QTL proches pour le même caractère « largeur de l'attache » phénotypé par pointage et par mesures sur images. Sur ce même chromosome, le 3^{ème} QTL relatif au ratio hauteur/largeur de la mamelle apparaît en proximité, confortant l'hypothèse qu'un QTL modifiant la qualité de suspension de la mamelle ségrège dans cette zone chromosomique. Sur OAR9, un QTL très significatif est observé pour l'angle des trayons apprécié par pointage. En proximité, la longueur antéro-postérieure de la mamelle semble aussi être impactée, ce qui est assez logique car il y a une forte corrélation entre cette longueur de la mamelle et l'angle du trayon observé de l'arrière. Enfin, un QTL impactant la largeur du trayon semble apparaître autour de 48 cM sur OAR20.

Tableau 7 : QTL de morphologie mammaire

Chr		Caractères	Position (cM)	P value
3	Phot.	Largeur mamelle	207	0.0006
5	Phot.	Distance trayon - aisne	26	0.0087
9	Pointage	Angle trayon	26	0.0002
9	Phot.	Longueur antero-posterieure mamelle	24	0.0047
9	Phot.	Hauteur citerne (vue latérale)	26	0.0057
12	Pointage	Largeur attache	70	0.0036
12	Phot.	Largeur attache	54	0.0006
12	Phot.	Ratio hauteur/largeur mamelle	52	0.0001
16	Phot.	Longueur du trayon	46	0.0021
20	Phot.	Largeur attache	42	0.0057
20	Phot.	Largeur trayon	48	0.0053
20	Phot.	Largeur maximale mamelle	46	0.0086

Au-delà de la forme globale de la mamelle, la forme externe du trayon est donc elle-aussi génétiquement variable. Ces résultats originaux nous ont amené à explorer la morphologie interne du trayon mais aussi ce qui en résulte, c'est-à-dire les modalités d'émission du lait.

2- Les cinétiques d'émission du lait : quel déterminisme génétique ?

Ainsi, en parallèle des aspects mécanistiques de la facilité de traite dus à la morphologie de la mamelle, nous nous sommes intéressés aux cinétiques d'émission du lait, cherchant à explorer des aspects plus proches de la physiologie de la brebis. Les premières approches mises en œuvre quantifiaient les fractions de lait produites : fraction extraite par la machine seule, fraction égouttage machine puis fraction égouttage manuelle (Ricordeau *et al.*, 1963 ; Casu *et al.*, 1967). En 1969, Labussière *et al.* ont proposé de distinguer les profils d'émission du lait en 1 pic versus 2 pics ; les brebis ayant 2 pics d'émission étant celles qui avaient un réflexe d'éjection du lait lié à une décharge d'ocytocine.

2.1- La sélection laitière et les cinétiques d'émission du lait

Grâce à la mise au point, par les électroniciens de la SAGA, d'une éprouvette mesurant le lait produit au fur et à mesure de la traite (brevet N°94 916284.6) [C28], nous avons pu disposer de cinétiques précises à partir desquelles des critères caractérisant ces courbes ont pu être extraits (Figure 16). Les cinétiques d'émission du lait ont été enregistrées pour toutes les brebis Lacaune du Domaine INRA de La Fage durant 4 campagnes laitières et à chacun des contrôles laitiers. Plus de 34 000 cinétiques ont été collectées pour 1 200 brebis appartenant à l'une ou l'autre des 2 lignées divergentes sur la production laitière de l'UE.

Phénotypiquement, nous avons pu montrer que le temps de latence, en moyenne de 29 s pour une production à la traite de 830 ml, et le temps pour atteindre le pic d'émission étaient les caractères les plus variables (CV de l'ordre de 80%) [A20]. Le débit maximum (ou pic d'émission) s'élève en moyenne à 13 ml/s tandis que le débit moyen (rapport entre la quantité de lait produite et le temps de traite) est de l'ordre de 5,5 ml/s. L'analyse de variance révèle que l'effet lignée « haute laitière » versus « basse laitière » est significatif sur la majorité des critères de cinétiques. Pour une production de 25% supérieure, les brebis de la lignée « haute » ont un temps de latence plus faible (-10%), un débit maximal plus élevé

(+17%) avec une durée du plateau autour du pic plus importante (+13%). A partir des cinétiques des 750 brebis primipares de ce jeu de données, j'ai pu estimer les paramètres génétiques des critères caractérisant l'émission du lait. Logiquement, on observe un lien très fort entre la quantité de lait d'une part et le débit maximum ou la plage de durée de ces débits élevés d'autre part (r_g de +0,46 et +0,87, respectivement). Le lien négatif entre la quantité de lait et le temps de latence est plus faible qu'attendu ($r_g = -0,22$). Le temps de latence est très corrélé au débit maximum (-0,92), bien plus qu'au débit moyen (-0,25). On notera aussi que le débit maximum est négativement lié génétiquement avec les phases d'augmentation et de décroissance des débits. Ainsi, une sélection sur la production laitière va façonner des animaux avec un pic d'émission du lait très élevé, un plateau autour de ce pic assez long et à contrario des phases courtes d'augmentation et de diminution des débits et, dans une moindre mesure, un temps de latence raccourci. Ces résultats, obtenus sur des brebis primipares sont extrapolables sur brebis adultes puisque les estimations de corrélations génétiques entre 1^{ère} et seconde lactation sont très élevées : +0,90 pour le temps de latence à +0,98 pour le débit maximum et le moment d'apparition du débit maximum [C25]. Si en brebis laitière il n'y a pas de publication comparable, ces résultats sont conformes à ceux publiés en bovin par Miller *et al.* (1976) et Duda (1996) qui montraient que les liens génétiques entre quantité de lait et caractères d'émission du lait étaient favorables (entre +0,38 et +0,69).

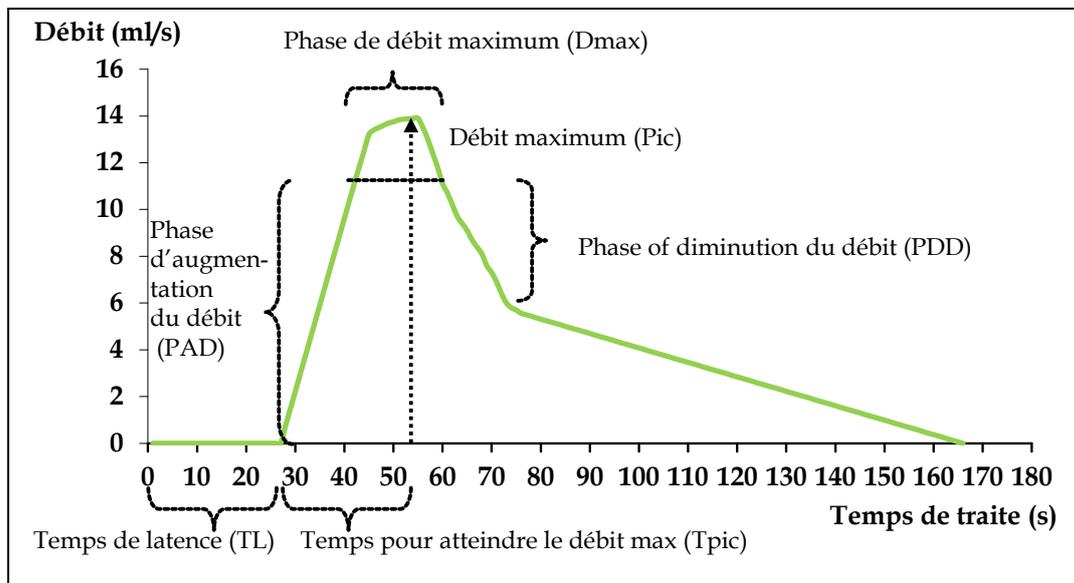


Figure 16: Cinétiques d'émission du lait et critères extraits

Grâce à cet automate, j'ai aussi pu réaliser quelques incursions sur des brebis laitières d'autres races que la Lacaune. Ainsi, la comparaison des cinétiques d'émission du lait de

brebis pyrénéennes (Manech Tête Rousse, Manech Tête Noire et Basco-Béarnaise) avec les brebis Lacaune révèle qu'à même niveau de production laitière, les temps de latence et les débits maximum observés ne sont pas significativement différents selon les races [D34]. Par ailleurs, l'analyse des cinétiques des brebis croisées Sarde x Lacaune a permis de montrer que l'avancée du stade de lactation dégradait les temps de latence et le débit maximum des multipares, les caractéristiques des primipares restant stables. Néanmoins, les répétabilités intra et entre lactations de ces critères de cinétiques sont très élevées et tous ceux-ci sont favorablement reliés avec le temps de traite total [A19].

Ces premiers résultats montrant qu'une sélection sur la production laitière conduisait indirectement à une amélioration des cinétiques d'émission du lait, les Professionnels de la filière ovine laitière n'ont pas ressenti le besoin de sélectionner plus avant la vitesse de traite des animaux. Plus récemment, il a été montré qu'une sélection pour réduire de taux de CCS du lait à même production laitière tendait à dégrader les caractéristiques d'émission du lait en augmentant le temps de latence et réduisant le débit maximum [D11] : le lien entre l'index de sélection laitier actuel, qui combine production laitière et CCS, et les cinétiques d'émission du lait serait intéressant à étudier.

2.2- Quelques éléments d'explication

Même si aucune sélection n'était envisagée, d'un point de vue cognitif nous avons besoin de vérifier en quoi la sélection laitière avait modifié la structure interne de la mamelle et conduit à cette réduction du temps de latence et augmentation du débit maximum. Sachant que les brebis Lacaune divergentes pour la production laitière se différenciaient aussi par la force du vide à réaliser sous le trayon pour obtenir la première goutte de lait (Marnet *et al.*, 2001), nous nous sommes tout d'abord intéressés à la morphologie interne du trayon. Des mesures d'épaisseur de tissus et de diamètre du canal du trayon ont permis de montrer qu'au niveau de l'apex, le diamètre du canal du trayon des brebis de la lignée « Haute » était de 30 à 40% supérieur à celui des brebis de la lignée « Basse » (données non publiées). Bien que prometteuse, l'exploration de la morphologie interne de la mamelle a été brutalement stoppée par le décès de mon collègue M. Manesse.

Avec S. Pollet, nous avons alors poursuivi le sujet par une approche de génomique fonctionnelle de trayon de brebis génétiquement extrêmes pour les cinétiques d'émission du lait [A15]. A partir des index « temps de latence » et « débit maximum » de 845 brebis, nous avons choisi 8 animaux extrêmes (4 brebis à « débit élevé » et 4 brebis à « débit faible ») dont

les extrémités de trayons ont subi une analyse transcriptomique avec des puces à ADNc bovine : d'une part une puce en nylon avec 2000 ADNc dont 380 spécifiques de glande mammaire et d'autre part une puce en verre comportant plus de 13 000 produits PCR provenant de mélanges de tissus. L'analyse différentielle « débit élevé » versus « débit faible » a permis d'identifier 73 gènes : 26 à partir de la puce de nylon et 47 avec celle en verre. Ces gènes différentiels sont impliqués dans des voies biologiques de développement et de fonctionnement squelettique et musculaire : ainsi les gènes « desmin », « endothelin receptor type A » et « Tropomyosins I » sont sur-exprimés chez les brebis à faible débit, ce qui suggère que ces animaux ont une faible capacité de relaxation du sphincter du trayon. A l'inverse, les gènes codant pour le collagène sont sur-exprimés chez les brebis à fort débit suggérant une plus grande élasticité du tissu.

Ainsi, les différences de cinétiques d'émission du lait s'expliqueraient, au moins en partie, par un trayon dont le tissu présente des capacités de relaxation et d'élasticité variables et dont le canal interne possède un diamètre lui aussi variable. Connaître le lien entre ces caractéristiques dynamiques et statiques du trayon et la régulation du débit de traite permet de poser une hypothèse expliquant le lien entre débit et susceptibilité aux mammites : les trayons des brebis à fort débit s'ouvrant plus aisément, leurs mamelles pourraient être plus facilement colonisées par des germes de l'environnement.

3- Conclusion

Centrée sur l'étude de la « facilité de traite », ma principale activité de recherche en génétique de la brebis laitière a relevé de 2 démarches scientifiques différentes selon le volet étudié. D'une part, l'étude de la morphologie mammaire a émané d'une demande de la Profession qui, depuis plusieurs années, nous interpellait sur la dégradation de la mamelle des brebis en lactation avec apparition de mamelles « en forme de poche ». Nous avons démontré la réalité de cette dégradation avec le critère de sélection utilisé alors et qualifié précisément le type de déformation engendrée. Puis nous avons mis pratiquement en place des outils de sélection pour contrecarrer cette évolution non souhaitée. Ce projet, très finalisé, a donc eu des retombées concrètes chez les éleveurs puisque depuis quelques années, une augmentation du progrès génétique pour les 3 postes de pointage de la mamelle est observée (JM Astruc, communication personnelle). D'autre part, l'étude des cinétiques d'émission du lait a été motivée, non pas par un questionnement de la Profession, mais par l'existence d'un gène majeur en caprin laitier et la possibilité de réaliser des mesures

automatiques : il s'agissait ici d'une démarche d'acquisition de connaissances sur un caractère nouveau. Si nous n'avons pas démontré l'existence d'un gène majeur sur le débit de traite en ovin, nous avons objectivé la relation génétique favorable entre cinétique laitière et sélection, tout en apportant des éléments d'explications physiologiques et de morphologies internes du trayon. Ces connaissances acquises sur la « facilité de traite » ont fait l'objet de communications de synthèse dans des symposiums internationaux en 2001 et 2003 [C23;C26].

L'incitation à publier étant encore assez peu marquée dans les années 90, une part non négligeable de mon activité concernant l'efficacité alimentaire des brebis laitière et la fromageabilité de leur lait n'apparaît pas dans ma bibliographie. Néanmoins, ces connaissances acquises restent une base solide sur lesquelles construire de nouveaux projets de recherches en génétique ovine.

PERSPECTIVES

La rédaction de cette Habilitation à Diriger des Recherches arrive à un moment particulier de mon cursus professionnel puisque, face à l'absence de scientifiques avec lesquels je peux interagir, je stoppe mes recherches en génétique des palmipèdes et redéploie mon activité en génétique de la brebis laitière. Mes perspectives de recherches à moyen termes sont motivées par 2 souhaits : i) conduire jusqu'à son terme l'intégration des données « omics » afin de proposer des mécanismes physiologiques et génétiques à l'élaboration de la qualité du foie gras du canard ; ii) développer un nouveau projet en brebis laitière, en lien avec les préoccupations du terrain, mais en rupture avec les thématiques précédemment explorées.

1- L'intégration des données « omics » de la qualité du foie gras : des révélations ?

Afin de valoriser l'intégralité du programme « GeneCan », j'ai le projet de conduire à son terme l'intégration des différentes strates « omics » collectées. Cette thématique de recherche, cœur de l'équipe GenoRobust, n'est pas dans le champ d'activités de l'équipe GesPR à laquelle je suis maintenant rattachée. Aussi, je suis en train de constituer un groupe de travail autour de cette intégration des « omes » de la qualité du foie gras afin que les collègues de GenoRobust puissent se saisir de ce projet, puis créer d'éventuelles suites. En ce qui me concerne, les compétences que je vais acquérir pour intégrer ces jeux de données -que j'ai par ailleurs déjà bien explorés- me seront utiles en ovin. En effet, ces approches d'intégration de différents niveaux de phénotypages d'un caractère vont probablement se développer quelle que soit l'espèce animale.

Pour l'heure, je dispose du phénotype (59 caractères), du transcriptome (95 quantifications de transcrits), du protéome (326 quantifications protéiques) et du métabolome (777 quantifications de « bucket » de métabolites) d'une population de 300 canards mulards structurée en 3 familles appartenant au dispositif de recherches de QTL. L'intégration statistique des données débutera par une étude 2 à 2 des ensembles « omiques ». A l'instar de ce qui a été fait entre données transcriptomiques et phénotype, nous utiliserons (pour les 5 autres combinaisons 2 à 2 des jeux de données) des modèles

multivariés tels que la régression des moindres carrés partiels (PLS), ou sa version parcimonieuse (sPLS) afin de sélectionner des principaux biomarqueurs. L'intégration des 3 « omics » et du phéno sera réalisée préférentiellement par des représentations graphiques à l'aide du package R « MixOmics » pour visualiser la structure de corrélations entre les différentes entités mesurées.

Après avoir réalisé les détections de QTL en unicaractère pour les données « métabolomiques » -les détections pour les autres « omiques » étant faites-, il va s'agir de réaliser des approches bicaractères lorsqu'une co-localisation de QTL de 2 jeux de données différents est observée. Si le seuil atteint par le rapport de vraisemblance de l'analyse bicaractères est supérieur au meilleur des 2 seuils des QTL unicaractères, nous testerons l'hypothèse de pléiotropie avec le CLIPtest.

La difficulté pour moi sera alors l'interprétation biologique de ces résultats, d'autant que le groupe de travail initialement constitué pour réaliser ces approches dans le projet « BiOmics » porté par C. Molette, a implosé consécutivement à la création de GenPhySE : les scientifiques sont soit partis, soit en partance. Au sein de l'équipe GenoRobust, j'ai donc initié des discussions avec L. Liaubet et A. Bonnet dont les compétences d'analyses fonctionnelles de transcrits chez le porc pourraient être transposées sur ces données canard, afin de construire des réseaux de co-expressions. Je vais aussi m'appuyer sur les compétences du groupe « Biopuce » animé par N. Villa-Vialaneix, afin de mener à son terme l'intégration des données « omiques » et construire une vision globale des processus biologiques et moléculaires sous-jacents aux phénotypes complexes de qualité du foie principalement.

2- Le microbiote ruminal : un réel front de science ?

La filière « brebis laitière » est aujourd'hui à la recherche d'un animal non seulement productif mais avant tout robuste. Dans le contexte de production ovin laitier, le concept de robustesse peut se traduire par une plasticité de l'animal qui doit pouvoir maintenir sa production laitière, quantitativement et qualitativement, tout en ingérant des fourrages de qualités variables. Or le microbiote ruminal des herbivores joue un rôle central dans la nutrition de son hôte, et influence directement sa santé et sa capacité à produire, aussi bien des produits d'intérêt pour l'alimentation humaine que des sous-produits non désirés comme le méthane. Les études physiologiques sur le microbiote ruminal bovin soulignent un effet important du facteur « individu », mais aucune publication n'a pour l'heure rapporté de

résultat concernant le déterminisme génétique du microbiote ruminal. Beecher *et al.* (2014) ont cependant montré des différences d'abondance de *R. flavofaciens* (bactérie cellulolytique) entre des vaches de race Jersiaise, Holstein-Frisonne et leurs croisées. Le projet européen « RuminOmics » coordonné par J. Wallace, vise à associer le génome bovin avec ses microbiotes intestinaux et ruminiaux afin d'améliorer l'efficacité digestive et réduire l'impact environnemental des ruminants. Les principales retombées seront une connaissance de la variabilité génétique des microbiotes, l'impact du changement alimentaire sur la composition et le fonctionnement du microbiote ruminal, mais aussi la production d'une base de données métagénomiques publiques et d'outils d'analyse rapide du microbiote. A contrario chez les monogastriques, plusieurs études ont démontré que la flore microbienne intestinale était sous dépendance des gènes de l'hôte. Estellé *et al.* (2015) ont estimé l'héritabilité des abondances relatives de 63 genres bactériens du microbiote intestinal de porcs Large White : la moitié des genres bactériens ont des héritabilités supérieures à 0,1 (et supérieures à 0,4 pour 13% d'entre eux). De plus, des liens génétiques ont été établis entre certains de ces genres bactériens et des caractères d'immunité d'une part, et les caractères de croissance d'autre part. Chez des poulets sélectionnés de façon divergente sur la croissance (Meng *et al.*, 2014), les héritabilités de 10 des 50 familles de bactéries sont supérieures à 0,19 et 5 d'entre elles sont corrélées génétiquement avec le poids à 56 jours d'âge (r_g entre -0,63 et +0,51). L'étude au sein de ces lignées divergentes de poulets montre aussi que le background génétique de l'hôte a une influence considérable sur les interactions entre bactéries intestinales.

Partant de ces connaissances, j'ai co-construit avec A. Meynadier (GenPhySE-équipe NED) le projet « MicroGenOL » pour analyser la variabilité génétique du microbiote ruminal de brebis laitière en lien avec la qualité de son lait et la santé de la mamelle. Pour ce faire, nous avons obtenu des financements nécessaires auprès des appels d'offre des départements PHASE et Génétique Animale. Nous nous appuyerons sur les 400 brebis adultes du troupeau de Lacaune laitier de l'UE La Fage. Ces animaux appartiennent à 4 lignées divergentes : 2 lignées divergentes sur les comptages de cellules somatiques (CCS+ versus CCS-) créées il y a 15 ans et dont l'écart est estimé à 3 écart-types génétiques, et 2 lignées divergentes sur la persistance laitière (PERS+ versus PERS-) créées plus récemment et dont l'écart est de l'ordre d'un écart-type génétique. Toutes les brebis subiront un prélèvement ruminal à l'aide d'une sonde gastrique et d'une pompe à vide, et le contenu bactérien des prélèvements ruminiaux sera phénotypé par séquençage de l'ADN 16S. Nous obtiendrons des quantifications relatives de genres/d'espèces bactérien(ne)s, mais aussi des informations de diversité du

microbiote. Pour un sous échantillon de 30 brebis par lignée (soit 120 animaux) en seconde lactation et le plus homogène d'un point de vue zootechnique, un second prélèvement ruminal sera effectué à une semaine d'intervalle, l'alimentation restant la même. Pour tous les animaux et moments de prélèvements, les acides gras longs et les acides gras volatils du rumen seront dosés. La composition du lait sera mesurée (TB et TP), les acides gras du lait seront d'une part estimés par spectrométrie dans le Moyen Infra Rouge et d'autre part dosés. La santé de la mamelle sera appréciée par dénombrement des cellules somatiques du lait (CCS). Les brebis phénotypées seront aussi génotypées avec la puce ovine 15 k SNP. Les 120 pères de ces brebis, appartenant au noyau de sélection Lacaune, ont tous été génotypés avec la puce 54 k SNP. Actuellement, la mise au point de l'imputation à 54 k SNP à partir du génotypage 12 k SNP chez l'ovin est en cours dans l'équipe GesPR dans le cadre d'un CDD co-encadré par H. Larroque et C. Robert-Granié. Je bénéficierai de ces travaux pour imputer les génotypes des brebis sur la puce 54 k SNP.

Le déterminisme génétique du microbiote ruminal de la brebis sera alors étudié selon 3 approches. Tout d'abord en confrontant les résultats des lignées divergentes, nous testerons l'impact d'une sélection sur la sensibilité aux mammites subcliniques d'une part et la persistance laitière d'autre part, sur le microbiote ruminal en termes de quantifications relatives et de diversité de bactéries. En parallèle, la précision du phénotype bactérien ruminal sera appréciée par l'estimation de la répétabilité de ces mesures 2 semaines consécutives. La généalogie des ovins de La Fage étant connue, nous réaliserons une première estimation de la variabilité génétique des composants du microbiote ruminal et des liens génétiques avec la qualité du lait. La précision de nos estimations sera relativement faible, néanmoins ces héritabilités et corrélations génétiques seront originales puisque jusqu'alors aucune publication n'étudie le déterminisme génétique des bactéries du rumen. Enfin, nous effectuerons une étude d'association entre le génotype de l'hôte et le microbiote ruminal, afin de repérer des zones du génome de la brebis influençant la variabilité du microbiote. Les premières estimations devraient être produites durant l'été 2016.

Ces premiers résultats nous serviront d'assise pour un projet plus ambitieux centré sur le microbiote. Sachant que la diversité du microbiote est variable d'un animal à l'autre et sous réserve que cette variabilité ait une part génétique non négligeable, j'envisage de réaliser une sélection divergente sur la diversité bactérienne ruminale c'est-à-dire de créer une lignée « grande diversité microbienne » et une lignée « faible diversité microbienne ». L'hypothèse sous-jacente serait que la diversité microbienne ruminale donnerait à l'animal un avantage adaptatif aux changements alimentaires. Ainsi, nous pourrions vérifier si les

brebis génétiquement sélectionnées pour une grande diversité du microbiote sont plus aptes à valoriser des aliments de compositions et de qualités variées. Le cas échéant, nous disposerions d'animaux plus plastiques et donc plus robustes dans des contextes d'élevage changeants. Au-delà du phénotypage de la qualité -et éventuellement de la fromageabilité- du lait, ce projet impose aussi de caractériser nos brebis en termes d'efficacité alimentaire, et donc de développer des collaborations adaptées (Equipe Selmet de Montpellier par exemple). Grâce à différents outils de phénotypages (DAC, DAF, abreuvoirs et portillons électroniques), nous sommes capables d'appréhender l'ingestion individuelle (voire le comportement alimentaire) de nos brebis élevées en lot. Pour prédire la consommation résiduelle -critère d'intérêt pour apprécier l'efficacité alimentaire-, les animaux en lactation devront être pesés et leurs réserves corporelles estimées. Pour caractériser *in vivo* les réserves de l'animal, nous espérons profiter des développements prévus dans le projet ANR « Ingéflex ». Ce projet a pour objectif la mise au point et le déploiement du « phénotypage de l'efficacité d'utilisation des ressources alimentaires des petits ruminants » et envisage d'apprécier les réserves corporelles soit par échographie sur des ovins allaitants, soit par scanner 3D sur les caprins laitiers.

3- Conclusion

Mes perspectives de recherches sont donc centrées à moyen terme sur ces 2 principaux projets : l'un pour mettre un point final à mes activités sur les palmipèdes, l'autre pour initier un sujet encore peu exploré en brebis laitière. D'autres projets en génétique ovine ne manqueront pas d'émerger rapidement, cependant aujourd'hui ma réflexion n'a pas encore abouti : le changement d'espèce fait que je ne suis plus dans un continuum de thématiques de recherches, ce qui requiert un temps de réflexion plus long.

Les 2 projets présentés ci-dessus se situent plutôt dans une démarche d'acquisition de nouvelles connaissances. Or je retire aussi satisfaction d'avoir mis en œuvre des programmes avec des retombées appliquées concrètes. Je réfléchis donc à un projet qui vise à modifier l'index de sélection Lacaune actuel. En effet, la sélection actuelle se traduit, comme attendu, par une augmentation du taux protéique du lait. Cependant cette augmentation est liée à celle de la fraction soluble des protéines et non de la fraction caséique : pour un TP donné, la fromageabilité du lait se trouve réduite. J'envisage donc de tester la faisabilité d'une sélection sur le taux de caséines au lieu du TP, mais la réflexion n'est pas assez avancée pour que je la décrive plus avant.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Aggrey S.E., Karnuah A.B., Sebastian B., Anthony N.B., 2010. Genetic properties of feed efficiency parameters in meat-type chickens. *Genet. Sel. Evol.*, 2010. 42: p. 25.

Babilé R., 1989. La production de foie gras de canards de Barbarie (*Cairina moschata*) : aspects génétiques, nutritionnels et technologiques, Thèse de Doctorat, Institut Polytechnique de Toulouse, 315pp.

Baéza E., Rideau N., Chartrin P., Davail S., Hoo-Paris R., Mourot J., Guy G., Bernadet M.D., Hermier D., 2005. Canards de Barbarie, Pékin et leurs croisements : aptitude à l'engraissement. *INRA Prod. Anim.*, 18 (2), 131-141.

Baéza E., Marie-Etancelin C., Davail S., Diot C., 2013. La stéatose hépatique chez les palmipèdes. *Productions Animales*, 26 (5), 403-414.

Barillet F., Rupp R., Mignon-Grasteau S., Astruc J.M., Jacquin M., 2001. Genetic analysis for mastitis resistance and milk somatic cell score in French Lacaune dairy sheep. *Genet. Sel. Evol.* 33 (4) 397-415.

Bax M.L., Chambon C., Marty-Gasset N., Remignon H., Fernandez X., Molette C., 2012. Proteomic profile evolution during steatosis development in ducks. *Poult. Sci.* 91, 112-120.

Beecher M., Buckley F., Waters S.M., Boland T.M., Enriquez-Hidalgo D., Deighton M.H., O'Donovan M., Lewis E., 2014. Gastrointestinal tract size, total-tract digestibility and rumen microflora in different dairy cow genotypes. *J. Dairy Sci.* 97(6): 3906-3917.

Bley T. A., Bessei W., 2008. Recording of individual feed intake and feeding behavior of pekin ducks kept in groups. *Poult. Sci.* 87: 215-221.

Bordas A., Tixier-Boichard M., Mérat P., 1992. Direct and correlated responses to divergent selection for residual food intake in Rhode Island Red laying hens. *Br. Poult. Sci.* 33:741-754.

Brun J.M., Larzul C., 2003. Inheritance of reproductive traits of female common ducks (*Anas platyrhynchos*) in pure breeding and in inter-generic crossbreeding with Muscovy ducks (*Cairina moschata*). *Brit. Poult. Sci.*, 44, 1-6.

Byerly T.C., 1941. Feed and other costs of producing market eggs Univ. Maryland Agric. Exp. Sta., Bull. N°A1.

Carta A., Casu S., Sanna S.R., 2001. Genetic aspects of udder morphology in the Sarda breed: relationships with milk yield. In : Proc. of the 14th A.S.P.A. Congress, Firenze 2001,7-9.

Casu Sara, Fresi P., Carta A., 2002. Estimation of the genetic parameters of udder traits in Sarda sheep using a sire model with random contemporary groups. In: Proceedings of the 7th World Cong. Genet. Appl. to Livest. Prod. 19-23 August 2002, Montpellier, Com N° 09-04.

Casu S., 1967. La pecora Sarda e la mungitura meccanica. In Rivista di Zootechnica, 40, 32-37.

Casu S., Carta R., Ruda G., 1983. Morphologie de la mamelle et aptitude à la traite mécanique de la brebis sarde. Proc. 3th Int. Symp. Machine Milking Small Ruminants, Valladolid, Spain. 592-602.

Cecchinato A., De Marchi M., Penasa M., Albera A., Bittante G., 2011. Near-infrared reflectance spectroscopy predictions as indicator traits in breeding programs for enhanced beef quality. J Anim Sci 89:2687-2695.

Chartrin P., Mourot J., Bernadet M.D., Guy G., Duclos M.J., Baéza E., 2003. Effect of genotype and force feeding on the intramuscular fat deposition in duck. XVIth European Symposium on the Quality of Poultry Meat, Saint Briec, France, 23-26 sept. 2003, 224-230.

Chartrin P., Meteau K., Juin H., Bernadet M.D., Guy G., Larzul C., Rémignon H., Mourot J., Duclos M., Baéza E., 2006. Effects of intramuscular fat levels on sensory characteristics of duck breast meat. Poult. Sci., 85: 914-922.

Chapuis H., Larzul C., 2006. How to estimate simultaneously genetic parameters in parental Pekin and Muscovy duck lines using overfed mule ducks performances? 8th World Congress Genetics Applied Livestock Production, Belo Horizonte, Brésil, Com. 07-08.

Chapuis H., Larzul C., 2008. Comment estimer simultanément les paramètres génétiques des caractères de gavage dans les 2 lignées parentales du mulard en vue d'une sélection plus efficace ? 8èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras, Arcachon (France), 30-31 octobre, 21-24.

Clayton G.A., Powell J.C., 1979. Growth, food conversion, carcass yields and their heritabilities in ducks (*Anas platyrhynchos*). Brit. Poult. Sci., 20, 121-127.

Comité Interprofessionnel du Foie Gras (CIFOG). 2013. Assemblée Générale du 21 juin 2013. Rapport économique de l'année 2012. 82p.

Davail S., Rideau N., Guy G., André J.M., Hermier D., Hoo-Paris R., 2003. Hormonal and metabolic responses to overfeeding in three genotypes of ducks. Comp. Biochem. Physiol. Part A, 134 (4), 707-715.

David I., Elsen J.M., Concordet D., 2013. CLIP Test: a new fast, simple and powerful method to distinguish between linked or pleiotropic quantitative trait loci in linkage disequilibria analysis. Heredity, 110, 232-238.

De La Fuente L.F., Fernandez G., San Primitivo F., 1996. A linear evaluation system for udder traits in dairy ewes. Lives. Prod. Sci., 45, 171-178.

De Marchi M., Penasa M., Cecchinato A., Bittante G., 2013. The relevance of different near infrared technologies and sample treatments for predicting meat quality traits in commercial beef cuts. *Meat Sci* 93:329–335.

Denjean B., Ducos A., Darre A., Pinton A., Seguela A., Berland H., Blanc M. F., Fillon V., Darré R., 1997. Caryotypes des canards communs (*Anas platyrhynchos*), Barbarie (*Cairina moschata*) et de leur hybride. *Revue de Médecine Vétérinaire*, 148, 695-704.

Duda J., 1996. New prospects in sire evaluation for milkability. Proc. Int. Workshop Genet. Improvement of Functional Traits in Cattle, Bull. N°12 Int. Committee Anim. Recording; Uppsala, Sweden.

Duhart F., 2004. Pour une ethnozoologie historique des palmipèdes en Europe : la naissance du foie gras moderne (XVIe- XIXe S.). 6e Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras, Arcachon, France, 7-8 octobre 2004, 9-12.

Elsen J.M., Mangin B., Goffinet B., Boichard D., Le Roy P., 1999. Alternative models for QTL detection in livestock. I. General introduction. *Genet. Sel. Evol.* 31 : 213-224.

Estellé J., Mach N., Larzul C., Berri M., Ramayo-Caldas Y., Billon Y., Doré J., Lepage P., Rogel-Gaillard C., 2015. Gut microbiota in swine: composition, genetic parameters, and links with immunity and production traits. 23th Plant and Animal Genome, San Diego (USA), 10-14 january.

Fernandez A., De Pedro E., Nunez N., Silio L., Garcia-Casco J., Rodriguez C., 2003. Genetic parameters for meat and fat quality and carcass composition traits in Iberian pigs. *Meat Sci* 64:405–410.

Fernandez G., Baro J.A., de la Fuente L.F., San Primitivo F., 1997. Genetic parameters for linear udder traits of dairy ewes. *J. Dairy Sci.* 80, 601-605.

Filangi O., Moreno C., Gilbert H., Legarra A., Le Roy P., Elsen J.M., 2010. QTLMap, a Software for QTL Detection in Outbred Populations. Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany. Com. 0787.

Gabarrou J.F., Geraert P.A., François N., Guillaumin S., Picard M., Bordas A., 1998. Energy balance of laying hens selected on residual food consumption. *Br. Poult. Sci.*, 39, 79-89.

Genet C., Vignal A., Larzul C., 2003. Isolation and characterisation of microsatellite genetic markers from Pekin and Muscovy ducks. *British Poultry Science*, 44 (5).

Gilbert H. and Le Roy P., 2003. Comparison of three multi-trait methods for QTL detection. *Genet. Sel. Evol.* 35:281–304.

Gilbert H., Bidanel J.P., Billon Y., Meteau K., Guillouet P., Noblet J., Sellier P., Gatellier P., Sayd T., Faure J. and Lebret B., 2012. Responses to divergent selection for residual feed intake in growing pigs, consequences on pork. EAAP 63rd annual meeting, Bratislava.

Gjerlaug-Enger E., Kongsro J., Aass L., Odegard J., Vangen O., 2011. Prediction of fat quality in pig carcasses by near-infrared spectroscopy. *Animal* 5:1829-1841.

Gootwine E., Alef B., Gadeesh S., 1980. Udder conformation and its heritability in the Assaf (Awassi x East Friesian) cross of dairy sheep in Israel. *Ann. Genet. Sel. Anim.*, 12(1), 9-13.

Goullieux I., 2007. Qualité du foie gras : recensement et évaluation des méthodes de mesure du taux de fonte et du rendement. *Viandes et Produits Carnés* 26(5): 147-151.

Green P., Falls K., Crooks S., 1990. Documentation for CRIMAP. *In Washington University, St Louis, WA: Washington University.*

Guy G., Rousselot-Pailley D., Gourichon D., 1995. Comparaison des performances de l'oie, du canard mulard et du canard de Barbarie soumis au gavage. *Ann. Zootech.*, 44, 297-305.

Guy G., Larzul C., Bernadet M.D., 2002. Efficacité alimentaire chez le canard mulard, 5^{èmes} Journées de la Recherche des Palmipèdes à Foie Gras, Pau, 9-10 octobre 2002.

Guy G., Fortun-Lamothe L., 2013. Dossier Palmipèdes à foies gras : Avant-propos. *INRA Prod. Anim.*, 26(5), 387-390.

Hermier D., Salichon M.R., Guy G., Peresson R., Mourot J., Lagarrigue S., 1999. La stéatose hépatique des palmipèdes gavés : bases métaboliques et sensibilité génétique. *INRA Prod. Anim.*, 12 (4), 265-271.

Hessel S., Eicheinger A., Isken A., Amengual J., Hunzelmann S., Hoeller U., Elster V., Hunziker W., Goralczyk R., Oberhauser V., Von Lintig J., Wyss A., 2007. CMO1 deficiency abolishes vitamin A production from B-carotene and alters lipid metabolism in mice. *Journal of Biological Chemistry* 282(45): 33553-33561.

Howie J.A., Tolkamp B.J., Avendano S., Kyriazakis I., 2009a. A novel flexible method to split feeding behaviour into bouts. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 116: 101-109.

Howie J.A., Tolkamp B.J., Avendano S., Kyriazakis I., 2009b. The structure of feeding behavior in commercial broiler lines selected for different growth rates. *Poult. Sci.* 88: 1143-1150.

Howie J.A., Tolkamp B.J., Bley T., Kyriazakis I., 2010. Short-term feeding behaviour has a similar structure in broilers, turkeys and ducks. *Br. Poult. Sci.* 51: 714-724.

Huang Y., Li N., Hu S., Hao J., Tu J., Zhao L., Hu X., Liu Z., Feng J., 2004. Characterization of 138 novel microsatellite DNA markers and a preliminary linkage map for duck (*Anas platyrhynchos*). 22nd World Poultry Congress, Istanbul, Turquie, 8-13 June 2004.

Huang Y., Zhao Y., Haley C.S., Hu S., Hao J., Wu C., Li N., 2006. A genetic and cytogenetic map for the duck (*Anas platyrhynchos*). *Genetics* 173(1): 287-296.

Huang Y., Haley C.S., Wu F., Hu S., Hao J., Wu C., Li N., 2007. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting carcass and meat quality traits in Beijing ducks (*Anas platyrhynchos*). *Anim. Genet.* 38:114-119.

Kijas J.W., Lenstra J.A., Hayes B., Boitard S., Porto Neto L.R., San Cristobal M., Servin B., McCulloch R., Whan V., Gietzen K., Paiva S., Barendse W., Ciani ., Raadsma H., McEwan J., Dalrymple B. *et al.*, 2012. Genome-Wide Analysis of the World's Sheep Breeds Reveals High Levels of Historic Mixture and Strong Recent Selection. *PLoS Biol* 10(2): e1001258.

Kileh-Wais M. and Elsen J. M., 2012. QTL detection from regression analysis of “generalized de-regressed proof” information. *J Anim Breed Genet* 129(4): 336-342.

Labussière J., Martinet J., Denamur R., 1969. The influence of the milk ejection reflex on the flow rate during the milk of ewes. *J. Dairy Res.* 36, 191-201.

Labussière J., 1983. Etude des aptitudes laitières et de la facilité de traite de quelques races de brebis du bassin méditerranéen. In: *Proc. 3th Int. Symp. Machine Milking Small Ruminants, Valladolid (España)*, 730-803.

Larzul C., 2002. Genetic parameters for overfed mule duck traits. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France, August 19-23, 2002, Communication 04-08.

Larzul C., Guy G., Bernadet M.D., 2004. Feed efficiency, growth and carcass traits in female mule ducks. *Arch. Gefügelk.*, 6, 265-268.

Larzul C., Imbert B., Bernadet M.D., Guy G., Remignon H., 2006. Meat quality in an intergeneric factorial crossbreeding between Muscovy (*Cairina moschata*) and Pekin (*Anas platyrhynchos*) ducks. *Animal Research*, 55: 1-11.

Lefaucheur L., Lebret B., Ecolan P., Louveau I., Damon M., Prunier A., Billon Y., Sellier P.,d Gilbert H., 2011. Muscle characteristics and meat quality traits are affected by divergent selection on residual feed intake in pigs. *J. Anim. Sci.* 89(4): 996-1010.

Le Bihan-Duval E., Nadaf J., Berri C., Pitel F., Graulet B., , 2011. Detection of a cis eQTL controlling BMCO1 gene expression leads to the Identification of a QTG for chicken breast meat color. *PLoS ONE* 6(9): e10.1371.

Lo L.L., Fernando R.L., Cantet R.J.C., Grossman R., 1995. Theory of modelling means and covariances in a two-breed population with dominance inheritance. *Theor. Appl. Genet.* 90: 49-62.

Lo L.L., Fernando R. L., Grossman R., 1997. Genetic evaluation by BLUP in two-breed terminal crossbreeding systems under dominance. *J. Anim. Sci.* 75: 2877-2884.

Luiting, P., and E.M. Urff., 1991. Residual feed consumption in laying hens. 2.Genetic Variation and Correlations. *Poult. Sci.* 70:1663-1672.

Marnet P.G., Billon P., Da Ponte P., Martin J., Manfredi E., 2001. Aptitude à la traite mécanique chez la chèvre : variabilité génétique et bases physiologiques du débit de lait. 8^{ème} Rencontres Recherches Ruminants, 321-327.

Meng H., Zhang Y., Zhao L., Zhao W., He C., Honaker C.F., Zhai Z., Sun Z., Siegel P.B., 2014. Body weight selection affects quantitative genetic correlated responses in gut microbiota. PLoS One 9(3): e89862.

Mignon-Grasteau S., Beaumont C., Poivey J.P., Rochambeau H. de., 1998. Estimation of the genetic parameters of sexual dimorphism of body weight in "label" chickens and Muscovy ducks. Genet. Sel. Evol., 30, 481-491.

Miller R.H., Pearson R.E., Weinland B.T., Fulton L.A., 1976. Genetic parameters of several measures of milk flow rate and milking time, J. Dairy Sci. 59, 957-964.

Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H., 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France. N°28-07.

Molette C., Berzaghi P., Zotte A.D., Remignon H., Babile R., 2001. The use of near-infrared reflectance spectroscopy in the prediction of the chemical composition of goose fatty liver. Poultry Sci 80:1625-1629.

Nadaf J., Gilbert H., Pitel F., Berri C., Feve K., Beaumont C., Duclos M., Vignal A., Porter T.E., Simon J., Aggrey S.E., Cogburn L.A., Le Bihan-Duval E., 2007. Identification of QTL controlling meat quality traits in an F2 cross between two chicken lines selected for either low or high growth rate. BMC Genomics 8:155-162.

N'Dri, A.L., 2004. Etude des interactions entre génotype et environnement chez le poulet de chair et la poule pondeuse. Thèse de doctorat, Institut National Agronomique Paris-Grignon, 249 pp.

N'Dri A.L., Sellier N., Tixier-Boichard M., Beaumont C., Mignon-Grasteau S., 2007. Genotype by environment interactions in relation to growth traits in slow growing chickens Genetics Selection Evolution, 39, 513-528.

Partearroyo A.M., Flamant J.C., 1978. Caractéristiques moyennes de traite et de mamelle de 3 génotypes de brebis laitières (Lacaune, Sarde, F.S.L.). In : Proc. 2th Int. Symp. Machine Milking Small Ruminants, Alghero (Italy), 80-92.

Peterfy M., 2012. Lipase maturation factor 1: a lipase chaperone involved in lipid metabolism. Biochim Biophys Acta, 1821, 790-794.

Poujardieu B., Guichard F., Laventure P., 1994. Paramètres génétiques de croissance et de gavage de la cane commune. Genet. Sel. Evol., 26, 463-472.

Prieto N., Ross D.W., Navajas E.A., Nute G.R., Richardson R.I., Hyslop J.J., Simm G., Roehe R., 2009. On-line application of visible and near infrared reflectance spectroscopy to predict chemical-physical and sensory characteristics of beef quality. Meat Sci 83:96-103.

Pym R.A.E., 1990. Nutritional genetics. "Poultry Breeding and Genetics", R.D. Crawford. (Ed.), Elsevier, Amsterdam, The Netherlands, 847-876.

Rao M., Morisson M., Faraut T., Bardes S., Fève K., Labarthe E., Fillon V., Huang Y., Li N., Vignal A., 2012. A duck RH panel and its potential for assisting NGS genome assembly. BMC Genomics, 13, 513.

Retailleau B., 1999. Comparison of the growth and body composition of 3 types of ducks : Pekin, Muscovy and mule. 1st World Waterfowl Conference, Taichung, Taiwan, 1-4 dec. 1999, 597-602.

Ricordeau G., Martinet J., Denamur R., 1963. Traite à la machine des brebis Préalpes du Sud. Importance des différentes opérations de la traite. Ann. Zootech., 12(3) 203-225.

Riovanto R., De Marchi M., Cassandro M., Penasa M., 2012. Use of near infrared transmittance spectroscopy to predict fatty acid composition of chicken meat. Food Chem 134:2459-2464.

Rouvier R., 1992. L'amélioration génétique en France : le contexte et les acteurs - Les Palmipèdes. INRA Prod. Anim., 39-43.

Rouvier R., Guy G., Rousselot-Paillet D., Poujardieu B., 1994. Genetic parameters from factorial cross breeding in two duck strains (*Anas platyrhynchos*) Brown Tsaiya and Pekin, for growth and fatty liver traits. Br. Poult. Sci. 35:509-517.

Sagi R., Morag M., 1974. Udder conformation, milk yield and milk fractionation in the dairy ewes. Ann. Zootech., 23, 185-192.

Sauveur B., 1990. Origine et performances comparées du canard de Barbarie et du canard commun de race Pekin. In : Sauveur B. et de Carville H. (Eds), Le canard de Barbarie, INRA, Paris, p 3-6.

Serrano M., Péres-Guzman M.P., Montoro V., Jurado J.J., 2002. Genetic analysis of udder traits in Manchega ewes. Livest. Prod. Sci. 77, 355-361.

Theron L., Fernandez X., Marty-Gasset N., Pichereaux C., Rossignol M., Chambon C., Viala D., Astruc T., Molette C., 2011. Identification by proteomic analysis of early post-mortem markers involved in the variability in fat loss during cooking of mule duck "foie gras". J. Agric. Food Chem. 59, 12617-12628.

Theron L., Cullere M., Bouillier-Oudot M., Manse H., Dalle Zotte A., Molette C., Fernandez X., Vitezica Z.G., 2012. Modeling the relationships between quality and biochemical composition of fatty liver in mule ducks. J Anim Sci 90:3312-3317.

Tixier-Boichard, M., D. Boichard, E. Groeneveld, Bordas., 1995. Restricted maximum likelihood estimates of genetic parameters of adult male and female Rhode Island Red chickens divergently selected for residual feed consumption. Poult. Sci. 74:1245-1252.

Ugarte E., Legarra A., Beltran de Herediaq I., Arranz J., 2001. Udder morphology: a new trait to introduce in the Latxa breeding program. Proc. Int. Workshop Genet. Improvement of Functional Traits in Cattle. Bull. Int. Committee Anim. Recording, Wageningen.

Vautier A., Gault E., Lhommeau T., Bozec A., 2014. Meat quality mapping of the loin: pH vs NIR spectroscopy to predict the cooking yield. 60th Int. Congr. Meat Sci. Techn., 17-22rd August, Punta del Este, Uruguay.

Wei M., van der Werf J.H.J., 1994. Combined crossbred and purebred selection to maximize genetic response in crossbreds. Anim. Prod. 59:401-413.

Wright D., Kerje S., Lundström K., Babol J., Schütz K., Jensen P., Andersson L., 2006. Quantitative trait loci analysis of egg and meat production traits in a red junglefowl x white leghorn cross. Anim. Genet. 37:529-534.

Xu T.S., Liu X.L., Huang W. and Hou S.S. 2011. Estimates of genetic parameters for body weight and carcass composition in Pekin Ducks. J Anim. Vet. Adv. 10(1): 23-28.

Zomeno C., Hernandez P., Blasco A., 2011. Use of near infrared spectroscopy for intramuscular fat selection in rabbits. World Rabbit Sci 19:203-208.

LISTE DES TRAVAUX

Articles publiés dans des revues scientifiques à comité de lecture

- A1. François Y., Molette C., Vignal A., **Marie-Etancelin C.** (2015). A proteomic QTL analysis to dissect the mechanisms of metabolism, meat and liver quality traits of the overfed mule duck, *GSE, soumis*.
- A2. **Marie-Etancelin C.**, Retailleau B., Alinier A., Vitezica Z.-G. (2015). Sex impact on the quality of fatty liver and its genetic determinism in mule ducks, *Journal of Animal Science*, 93, 4252-4257.
- A3. Drouilhet L., Basso B., Bernadet M.-D., Cornuez A., Bodin L., David I., Gilbert H., **Marie-Etancelin C.** (2015). Amélioration de la consommation résiduelle des canards mulards, fils de canards de Barbarie : paramètres génétiques et réponses à la sélection. *Viandes et Produits carnés*, 31, 3, 3.
- A4. Drouilhet L., Basso B., Bernadet M.-D., Cornuez A., Bodin L., David I., Gilbert H., **Marie-Etancelin C.** (2014). Improving residual feed intake of mule progeny of Muscovy duck: genetic parameters and responses to selection with emphasis on carcass composition and fatty liver quality. *Journal of Animal Science*, 92, 4287-4296.
- A5. François Y., **Marie-Etancelin C.**, Vignal A., Viala D., Davail S., Molette C. (2014). Mule duck "foie gras" show different metabolic states according to their quality phenotypes by using a proteomic approach. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 62 (29), 7140-7150.
- A6. **Marie-Etancelin C.**, Vitezica Z.-G., Fernandez X., Bonnal L., Bastianelli D. (2014). Selecting the quality of mule duck fatty liver based on near-infrared spectroscopy. *Genetics Selection Evolution*, 46 (38).
- A7. Basso B., Lague M., Guy G., Ricard E., **Marie-Etancelin C.** (2014). Detailed analysis of the individual feeding behavior of male and female mule ducks. *Journal of Animal Science*, 92, 1639-1646.
- A8. Vignal A., Diot C., Molette C., Faraut T., Rao M., Pitel F., Fillon V., **Marie-Etancelin C.** (2013). Génomique des canards. *Productions Animales*, 26 (5), 391-402.
- A9. Baéza E., **Marie-Etancelin C.**, Davail S., Diot C. (2013). La stéatose hépatique chez les palmipèdes. *Productions Animales*, 26 (5), 403-414.
- A10. Theron L., Bouillier-Oudot M., **Marie-Etancelin C.**, Bonnefont C., Fernandez X., Molette C. (2013). La fonte lipidique du foie gras à la cuisson. *Productions Animales*, 26 (5), 415-424.
- A11. Baéza E., Fernandez X., **Marie-Etancelin C.** (2013). Qualité des carcasses et de la viande des palmipèdes gavés. *Productions Animales*, 26 (5), 425-434.

- A12. Kileh Wais M., Elsen J. M., Vignal A., Feves K., Vignoles F., Fernandez X., Manse H., Davail S., André J.-M., Bastianelli D., Bonnal L., Filangi O., Baéza E., Guemene D., Genet C., Bernadet M.-D., Dubos F., **Marie-Etancelin C.** (2013). Detection of QTL controlling metabolism, meat quality, and liver quality traits of the overfed interspecific hybrid mule duck. *Journal of Animal Science*, 91 (2), 588-604.
- A13. Liu H.C., Tu T.C., **Marie-Etancelin C.**, Lee Y.P., Huang J.F., Chen C.F., 2013. Genetic studies of residual feed consumption in the brown Tsaiya duck. *Chinese Journal of Taiwan Livestock Research*, 45(2) 131-139.
- A14. Basso B., Bordas A., Dubos F., Morganx P., **Marie-Etancelin C.** (2012). Feed efficiency in the laying duck: Appropriate measurements and genetic parameters. *Poultry Science*, 91 (5), 1065-1073.
- A15. Dhorne-Pollet S., Robert-Granié C., Aurel M.-R., **Marie-Etancelin C.** (2012). A functional genomic approach to the study of the milking ability in dairy sheep. *Animal Genetics*, 43 (2), 199-209.
- A16. **Marie-Etancelin C.**, Basso B., Davail S., Gontier K., Fernandez X., Vitezica Z.-G., Bastianelli D., Baéza E., Bernadet M.-D., Guy G., Brun J.-M., Legarra A. (2011). Genetic parameters of product's quality and hepatic metabolism in fattened mule ducks. *Journal of Animal Science*, 89 (3), 669-679.
- A17. Vitezica Z., **Marie-Etancelin C.**, Bernadet M.-D., Fernandez X., Robert-Granié C. (2010). Comparison of nonlinear and spline regression models for describing mule duck growth curves. *Poultry Science*, 89 (8), 1778-1784.
- A18. **Marie-Etancelin C.**, Chapuis H., Brun J.- M., Larzul C., Richard M. M., Rouvier R. (2008). Genetics and selection of mule ducks in France: A review. *World's Poultry Science Journal*, 64 (2), 187-207.
- A19. Casu S., **Marie-Etancelin C.**, Robert-Granié C., Barillet F., Carta A. (2008). Evolution during the productive life and individual variability of milk emission at machine milking in Sardinian x Lacaune back-cross ewes. *Small Ruminant Research*, 75 (1), 7-16.
- A20. **Marie-Etancelin C.**, Manfredi E., Aurel M.-R., Paillet F., Arhainx J.-M., Ricard E., Lagriffoul G., Guillouet P., Bibé B., Barillet F. (2006). Genetic analysis of milking ability in Lacaune dairy ewes. *Genetics Selection Evolution*, 38 (2), 183-200.
- A21. Brun J.- M., Richard M. M., **Marie-Etancelin C.**, Rouvier R., Larzul C. (2005). Le canard mulard : déterminisme génétique d'un hybride intergénérique. *Productions Animales*, 18 (5), 295-308.
- A22. **Marie-Etancelin C.**, Astruc J.M., Porte D., Larroque H., Robert-Granié C. (2005). Multiple-trait genetic parameters and genetic evaluation of udder-type traits in Lacaune dairy ewes. *Livestock Production Science*, 97, 211-218.
- A23. Barillet F., Bodin L., Chemineau P., Chilliard Y., Cribiu E., Elsen J.M., Gruner L., Leoux C., Malpaux B., **Marie-Etancelin C.**, Martin P., Pollet S., Rupp R., Schibler L., Jacquiet P., Prevot F., Bishop S., Walling G., Arranz J.J., Bayon Y., de la Fuente L.F., Gonzalo C., Mainar-Jaime R., Meana A., San Primitivo F., Rojo-Vasquez F.A., Carta A., Casu S., Casu Sara, Fraghi A., Ligios S., Mura L., Piredda ., Sanna S., Scala A., Stear M., Kerr A., Mitchell S.

(2003). QTL detection and candidate gene study for traits related to food quality and safety in sheep (meat and dairy) production within the framework of a European research contract called « genesheepsafety ». *Options Méditerranéennes. Série A : Séminaires Méditerranéens, n°55.*

A24. **Marie-Etancelin C.**, Such X., Barillet F., Bocquier F., Caja G. (2002). Efficacité alimentaire selon le potentiel laitier des brebis. *Options Méditerranéennes. Série B : Etudes et Recherches, 57-71.*

A25. Barillet F., **Marie C.**, Jacquin M., Lagriffoul G., Astruc J. M. (2001). The French Lacaune dairy sheep breed: use in France and abroad in the last 40 years. *Livestock Production Science, 71, 17-29.*

A26. Astruc J.M., **Marie C.**, Barillet F. (1997). Selection for super traits or sub indices: A practical approach for dairy sheep. *Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens 33, 121-129.*

A27. Caja G., Barillet F., Nehring R., **Marie C.**, Conill C., Ricard E., Ribo O., Lagriffoul G., Peris S., Aurel M.R., Solanes D., Jacquin M. (1997). State of the art on electronic identification of sheep and goat using passive transponders. *Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens 33, 43-57.*

A28. **Marie C.**, Delacroix-Buchet A. (1994). Comparaison des variants A et C de la caséine Béta des laits de vaches Tarentaises en modèle fromager de type Beaufort. II. Protéolyse et qualité des fromages. *Lait, 74, 443-459.*

A29. Delacroix-Buchet A., **Marie C.** (1994). Comparaison des variants A et C de la caséine Béta des laits de vaches Tarentaises en modèle fromager de type Beaufort. I. Aptitudes fromagères et rendements en frais. *Lait, 74, 343-360.*

Mémoire d'obtention de diplômes

B1. **Marie C.** (1991). Influence du variant C de la caséine Béta sur la physico-chimie des laits de vaches de race Tarine et sur leur aptitude à la transformation en fromage à pâte pressée cuite type Beaufort. Mémoire de Diplôme d'Agronomie Approfondie de l'ENSAR - Spécialité Zootechnie « Productions et produits animaux », 62p + annexes.

Communications à des congrès

Congrès Internationaux

C1. Marie-Etancelin C. (2015). Genetic of an intergeneric hybrid: the mule duck for fatty liver production. Invited paper In: proc. 64th Annual National Breeders Roundtable, St Louis, USA - 7-8 may 2015.

C2. François Y., **Marie-Etancelin C.**, Vignal A., Viala D., Davail S., Molette C. (2014). Mule duck "foie gras" show different metabolic states according to their quality phenotypes

by using a proteomic approach. Comparison of 2 statistical methods. *Proc. 5th management committee meeting and 4th meeting of working groups 1, 2 & 3 of COST action FA 1002*. Milano Italy - 17-18 november.

C3. **Marie-Etancelin C.**, Basso B., Feve K., Vignoles F., Morganx P. , Vignal A. (2014). Mapping of Quantitative Trait Loci Affecting Feed Efficiency in Laying Common Ducks. *10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*, Vancouver (Canada), 17-22 august, Com n° 563.

C4. François Y., Molette C., Vignal A., Davail S., **Marie-Etancelin C.** (2014). Detection of pleiotropic QTL related to protein expression and foie gras quality traits. *10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*, Vancouver (Canada), 17-22 august, Com n° 331.

C5. Vignal A., François Y., Molette C., **Marie-Etancelin C.** (2014). New duck genetic maps and QTL detection. *34th International Society for Animal Genetics Conference*, Xi'an (China), 28 july – 1st August, Poster.

C6. Vignal A., Rué O., Klopp C., Faraut T., Li N., Huang Y., **Marie-Etancelin C.** (2013) SNP detection for QTL mapping in ducks. *21^{rst} Plant and Animal Genome*, San Diego (USA), 12-16 january, Poster 0661.

C7. **Marie-Etancelin C.**, Vitezica Z.G., Bonnal L., Bastianelli D. (2013). Genetic parameters along the near infrared spectra to predict melting rate of the duck fatty liver. *8th European Symposium on Poultry Genetic*, Venise (Italy), 25-27 september, Poster 2-32.

C8. François Y., Molette C., **Marie-Etancelin C.**, Vignal A., Davail S. (2013). Identification of QTL of transcripts (eQTL) and of proteins (pQTL) on foie gras of mule ducks. *8th European Symposium on Poultry Genetic*, Venise (Italy), 25-27 september, Poster 2-30

C9. Bastianelli D., Fernandez X., Bernadet M.-D., Manse H., Bonnal L., **Marie-Etancelin C.** (2011). Comparison of two spectra acquisition conditions for the evaluation of genetic parameters of duck fatty liver quality. *15th International Conference on Near Infrared Spectroscopy*, Le Cap (Sud Africa), 13-20 may.

C10. Bastianelli D., Fernandez X., Davrieux F., Vitezica Z.-G., Robert-Granié C., **Marie-Etancelin C.** (2011). Use of NIRS for the genetic study of duck fatty liver quality. *15th International Conference on Near Infrared Spectroscopy*, Le Cap (Sud Africa), 13-20 may.

C11. Tu T.C., Chen C.F., **Marie-Etancelin C.**, Lee Y.P., Cheng Y.S., Huang J.F. and Liu H.C., 2011. Genetic studies of residual feed consumption in the brown Tsaiya duck. *9th Asia Pacific Poultry Conference*, Taipei (Taiwan), 20-23 March.

C12. Basso B., Dubos F., Morganx P., Bordas A., **Marie-Etancelin C.** (2010). Feed efficiency in laying duck: measurement, genetic variability and correlations with other traits. *13th European Poultry Conference*, Tours (France), 23-27 august.

C13. **Marie-Etancelin C.**, Fernandez X., Baéza E., Bonnal L., Bernadet M.-D., Manse H., Chartrin P., Bastianelli D. (2010). Genetic Parameters of fatty liver and breast muscle composition predicted by near-infrared spectroscopy. *9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Leipzig (Deutschland), 1-6 august, Com n° 0779.

- C14. Bastianelli D., Bonnal L., Chartrin P., Bernadet M.-D., **Marie-Etancelin C.**, Baéza E. (2009). Near-infrared reflectance spectroscopy for predicting lipid content in duck breast meat. *19th European Symposium on the Quality of Poultry Meat. 13th European Symposium on the Quality of Eggs and Eggs Products*. Turku (Finland), 21-25 june.
- C15. **Marie-Etancelin C.**, Fernandez X., Davail S., J.M., Bastianelli D., Vitezica Z.-G., Baéza E., Bernadet M.-D., Basso B., Guy G., Legarra A., Brun J.- M. (2009). Genetic parameters of mule ducks' meat and fatty liver performances simultaneously estimated in both parental lines. *19th European Symposium on the Quality of Poultry Meat. 13th European Symposium on the Quality of Eggs and Eggs Products*. Turku (Finland), 21-25 june.
- C16. Beaumont C., Sellier N., Velge P., Menanteau P., Dubos F., Chapuis H., **Marie-Etancelin C.** (2009). Resistance of mule ducks to salmonella carrier-state. *6th European Poultry Genetic Symposium*, Poznan (Poland), 29-30 september.
- C17. **Marie-Etancelin C.**, Chapuis H., Brun J.- M., Larzul C., Richard M. M., Rouvier R. (2007). Genetics and selection of ducks in France. *International Seminar on Improved Duck Production of Small-Scale Farmers in the ASPAC Region*, Hanoi (Vietnam), 17-21 september, 6-25.
- C18. **Marie-Etancelin C.**, Feve K., Genet C., Cardinet G., Vignoles F., Pitel F., Vignal A. (2006). Microsatellite DNA markers for duck (*Anas platyrhynchos* and *Cairina moschata*). *Symposium COA/INRA Scientific Cooperation in Agriculture*, Tainan (Taiwan), 7-10 november, 165-168.
- C19. Richard M. M., **Marie-Etancelin C.**, Dubos F., Bernadet M.-D., Guy G., Brun J.- M. (2006). Genetic parameters of reproduction and force-feeding traits in geese under artificial lighting conditions. *8th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte (Brazil), 13-18 august, Com n°07-25.
- C20. Barillet F., Astruc J.M., Clément V., Lagriffoul G., **Marie-Etancelin C.**, Piacère A., Rupp R., Manfredi E. (2004). Improving milk yield and quality in dairy sheep and goats through genetics. *International Symposium « Future of Sheep and Goats Dairy Sector »*, Zaragoza (Spain), 28-30 october.
- C21. Casu S., **Marie-Etancelin C.**, Schibler L., Cribru E.P., Mura L., Sechi T., Fraghi A., Carta A., Barillet F. (2003). A genome scan to identify quantitative trait loci affecting udder morphology traits in dairy sheep. *International Workshop on Major Genes and QTL in Sheep and Goat*, Toulouse (France), 8-11 december, Com n° 2-19.
- C22. Barillet F., Bodin L., Chemineau P., Chilliard Y., Cribru E., Elsen J.M., Gruner L., Leroux C., Malpaux B., **Marie-Etancelin C.**, Martin P., Pollet S., Rupp R., Schibler L., Jacquet P., Prevot F., Bishop S., Walling G., Arranz J.J., Bayon Y., de la Fuente L.F., Gonzalo C., Mainar-Jaime R., Meana A., San Primitivo F. (2003). Qtl detection and candidate gene study for traits related to food quality and safety in sheep (meat and dairy) production within the framework of a European research contract called "genesheepsafety". Meeting of the FAO/CIHEAM Subnetwork on Sheep and Goat Genetic Resources, Sassari, Italy, 9-11 May 2002.
- C23. **Marie-Etancelin C.**, Casu S., Aurel M.R., Barillet F., Carta A., Deiana S., Jacquin M., Paillet F., Porte D., Tolu S. (2003). New tools to appraise udder morphology and

milkability in dairy sheep. Meeting of the FAO/CIHEAM Subnetwork on Sheep and Goat Genetic Resources, Sassari, Italy, 9-11 May 2002.

C24. Carta A., Barillet F., Allain D., Amigues Y., Bibé B., Bodin L., Casu S., Cribiu E., Elsen J.M., Fraghi A., Gruner L., Jacquiet P., Ligios S., **Marie-Etancelin C.**, Mura L., Pirreda G., Rupp R., Sanna S.R., Scala A., Schibler L., Casu S. (2002). QTL detection with genetic markers in a dairy sheep backcross Sarda x Lacaune resource population. *7th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier (France), 19-23 august, Com n°01-40.

C25. **Marie-Etancelin C.**, Arhainx J., Aurel M.-R., Autran P., Bibé B., Jacquin M., Lagriffoul G., Pailler F., Porte D., Ricard E., Barillet F. (2002). Estimates of genetic parameters for milk flow kinetics during machine milking in French Lacaune dairy sheep. *7th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier (France), 19-23 august, Com n°01-51.

C26. **Marie-Etancelin C.**, Casu S., Rupp R., Carta A., Barillet F. (2001). New objectives of selection related to udder health, morphology and milkability in dairy sheep. *52th Annual meeting of the EAAP*, Budapest (Hungary), 25-29 august.

C27. **Marie C.**, Jacquin M., Aurel M. R., Pailler F., Porte D., Autran P., Barillet F. (1998). Déterminisme génétique de la cinétique d'émission du lait selon le potentiel laitier en race ovine de Lacaune et relations phénotypiques avec la morphologie de la mamelle. *International Symposium on the Milking of Small Ruminants*, Athens (Greece), 26 Sept-1 Oct.

C28. Ricard E., Arhainx J., Guillouet P., Aurel M.R., Bouvier F., Lagriffoul G., Astruc J.M., **Marie C.**, Manfredi E., Barillet F. (1998) Système de contrôle laitier automatisé des petits ruminants. *International Symposium on the Milking of Small Ruminants*, Athens (Greece), 26 Sept-1 Oct, *Poster*.

C29. Bocquier F., Aurel M.R., Barillet F., Jacquin M., Lagriffoul G., Marie C. (1998). Effects of partial milking during suckling period on milk production of Lacaune dairy ewes. *International Symposium on the Milking of Small Ruminants*, Athens (Greece), 26 Sept-1 Oct.

C30. Barillet F., Astruc J.M., Bocquier F., Jacquin M., Fraysse J., Lagriffoul G., **Marie C.**, Pellegrini O., Remeuf F. (1996). Influence des facteurs de production sur la composition chimique du lait valorisé en fromage : le cas du lait de brebis. *Symposium international FEZ-CIHEAM-FAO*, Badajoz (Spain), 29 sept. 1996.

C31. Caja G., Barillet F., Nehring R., **Marie C.**, Ribo O. Ricard E., Lagriffoul G., Conill C., Aurel M.R., Jacquin M. (1996). Comparison of different devices for electronic identification in dairy sheep. in: J. Renaud, J. van Gelder (Eds.) *Performance Recording of Animals: State of the Art, 1996*. EAAP Publication No. 87. Wageningen Pers, Wageningen, the Netherlands; 1996: 349-353.

C32. **Marie C.**, Such X., Bocquier F., Caja G., Barillet F. (1995). Efficacité alimentaire de brebis laitières à potentiels différents. *Séminaire International Elevage des brebis laitières*, Saint-Affrique, France, 5-7 nov, Diaporama.

C33. **Marie C.**, Caja G., Barillet F., Ribo O., Nehring R., Ricard E. (1994). Electronic identification in sheep: initial results and considerations for application and testing of transponders. *29th Biennial session of ICAR*, Ottawa (Canada), july 31 - august 6.

C34. Pellegrini O., Aurel M.R., Lagriffoul G., **Marie C.**, Remeuf F., Rivemale M., Barillet F. (1994). Relations entre les comptages de cellules somatiques, les caractéristiques physico-chimiques et l'aptitude à la coagulation par la présure de laits individuels de brebis de race Lacaune. International symposium on somatics cells and milk of small ruminants, Bella (Italy), 25th-27th September.

Congrès Nationaux

D1. François Y., Molette C., Vignal A., Davail S., **Marie-Etancelin C.** (2015). Les QTL protéiques : un outil de compréhension de la qualité du foie gras ? *11èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, Tours (France), 25-26 mars.

D2. **Marie-Etancelin C.**, Retailleau B., Alinier A., Bernadet M.D., Molette C., Vitezica Z. (2015). Mesures de la fonte du foie gras et sa prédiction via le classement commercial. *11èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, Tours (France), 25-26 mars.

D3. Cobo E., Gilbert H., Lagüe M., Laverze J.B., Ricard E., Cornuez A., Martin X., Drouilhet L., **Marie-Etancelin C.** (2015). Comparaison du comportement alimentaire de canards de Barbarie et mulards. *11èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, Tours (France), 25-26 mars.

D4. Diot C., Houée-Bigo, M., Demeur, O., Baez, E., Vigna, A., Pitel F., **Marie-Etancelin C.**, Robert-Granié C., Molette C., Bouchez O., Esquerre D., Marsaud N., Klopp C., Peterlongo P., Lemaitre C. (2013). Analyse de transcriptomes de foies de canards par séquençage d'ARN (RNA-Seq). *10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, La Rochelle (France), 26-28 mars, 562-565.

D5. Cornuez A., Bannelier C., Gouraud P., Lamothe L., Manse H., Basso B., **Marie-Etancelin C.** (2013). Développement de la méthode TOBEC pour prédire l'état d'engraissement du canard mulard In Vivo. *10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, La Rochelle (France), 26-28 mars, 577-580.

D6. Drouilhet L., Basso B., Bernadet M.-D., Cornuez A., Gilbert H., **Marie-Etancelin C.** (2013). Sélection divergente de pères barbaries sur la consommation résiduelle de leurs fils mulards. *10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, La Rochelle (France), 26-28 mars, 535-539.

D7. François Y., **Marie-Etancelin C.**, Molette C., Vignal A., Davail S. (2013). Optimisation d'une population expérimentale de canes communes (*Anas platyrhynchos*) et de leurs descendants mulards : utilisation de données de QTL. *10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, La Rochelle (France), 26-28 mars, 586-590.

D8. **Marie-Etancelin C.**, Lague M., Ricard E., Drouilhet L., Basso B. (2013). Les mulards mâles et femelles ont-ils des comportements alimentaires différents ? *10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, La Rochelle (France), 26-28 mars, 635-639.

D9. Vignal A., Diot C., Molette C., **Marie-Etancelin C.** (2013). Avancées récentes en génomique des canards. *10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, La Rochelle (France), 26-28 mars, 507-512.

- D10. Vignal A., Rué O., **Marie-Etancelin C.**, Klopp C. (2013). Développement de marqueurs SNP chez le canard commun pour la recherche de QTL. *10èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, La Rochelle (France), 26-28 mars, 507-512.
- D11. Allain C., Aurel M.-R., Pailler F., Portes D., Menras J. M., Carriere F., Cluzel F., Duvalon O., Pena-Arnaud B., Caillat H., **Marie-Etancelin C.**, Arhainx J.-M., Dion S., Bergonier D., Foucras G., Rupp R. (2010). La cinétique d'émission du lait et l'anatomie de la mamelle sont associées à la résistance aux mammites : Résultats d'une sélection divergente de brebis sur les comptages de cellules somatiques. *17èmes Rencontres Recherches Ruminants*, Paris (France), 8-9 décembre, 447-450.
- D12. Basso B., Ricard E., Lague M., Guy G., **Marie-Etancelin C.** (2010). Mise au point d'un système de mesure individuelle du comportement alimentaire de canards élevés en lot. *9èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, Bordeaux (France), 7-8 octobre, 179-182.
- D13. Kileh Wais M., Elsen J. M., Feve K., Vignoles F., Fernandez X., Baéza E., Davail S., Bastianelli D., Bernadet M.-D., Dubos F., Basso B., Vignal A., **Marie-Etancelin C.** (2010). Primo-localisation de QTL d'aptitude au gavage et de qualité des produits du canard. *9èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, Bordeaux (France), 7-8 octobre, 13-16.
- D14. **Marie-Etancelin C.**, Fernandez X., Baéza E., Bonnal L., Manse H., Chartrin P., Bernadet M.-D., Bastianelli D. (2010). Déterminisme génétique de la composition du foie gras et des magrets obtenue par spectrophotométrie dans le proche infrarouge. *9èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, Bordeaux (France), 7-8 octobre, 105-108.
- D15. Pitel F., Leroux S., Feve K., Vignoles F., Duby C., Bernadet M.-D., **Marie-Etancelin C.**, Basso B., Klopp C., Vignal A., Diot C. (2010). Pyroséquençage pour le développement d'EST et de SNP (PYRESAVI) chez le canard. *9èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, Bordeaux (France), 7-8 octobre, 9-11.
- D16. Rouvier R., Cheng Y.S., Basso B., Liu H.L., **Marie-Etancelin C.**, Richard M. M., Sellier N., Tai C., Poivey J. P., Brun J.- M. (2010). Génétique et sélection de la durée de la fertilité de la cane commune mère du mulard : Synthèse de résultats expérimentaux. *9èmes Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras*, Bordeaux (France), 7-8 octobre, 25-28.
- D17. **Marie-Etancelin C.**, Vignal A., Fernandez X., Davail S., Baéza E., Velge P., Guy G., Le Loup P., Schwebel J. (2010). Recherche de QTL chez le canard commun. Recherche de QTL impliqués dans le comportement, la résistance au portage de Salmonelles et la qualité des produits - foie gras et magret - du canard mulard. *8ème colloque AGENAE-GENANIMAL*, Bordeaux (France), 8-10 novembre.
- D18. Batut M.-C., Heirman T., Bernadet M.-D., Besnard J., Chabault M., Dubos F., Duzert R., Gourichon D., **Marie-Etancelin C.**, Millet N., Richard M. M., Ruinaut M., Sellier N., Vieaud A., Basso B. (2009). Système d'information sur les volailles. *8èmes Journées de la Recherche Avicole*, Saint-Malo (France), 25-26 mars, 589-593.
- D19. Feve K., Bounet M., Vignoles F., Leroux S., Bardes S., Vignal A., **Marie-Etancelin C.** (2009). Elaboration de la carte génétique du canard commun dans le cadre du programme de recherche GENECAN. *8èmes Journées de la Recherche Avicole*, Saint-Malo (France), 25-26 mars, 599-603.

- D20. Pitel F., Vignal A., Leroux S., Feve K., Vignoles F., Tircazes A., Morisson M., Marty A., Donnadiou C., Milan D., Gourichon D., Minvielle F., Leterrier C., Arnould C., Bernadet M.-D., **Marie-Etancelin C.**, Basso B., Herault F., Lecerf F., Besnard J., Calenge F., Beaumont C., Klopp C., Diot C. (2009). Pyroséquençage pour le développement d'EST et de SNP aviaires. *8èmes Journées de la Recherche Avicole*, Saint-Malo (France), 25-26 mars, 594-598.
- D21. Basso B., Dubos F., Bordas A., **Marie-Etancelin C.** (2008). Paramètres génétiques de l'efficacité alimentaire des canes Pékin du programme GENECAN en période de ponte. *8èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 30-31 octobre, 21-24.
- D22. Bastianelli D., Bonnal L., Chartrin P., Bernadet M.-D., **Marie-Etancelin C.**, Baéza E. (2008). Prédiction de la teneur en lipides des magrets de canard par spectrométrie dans le proche infrarouge (SPIR). *8èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 30-31 octobre, 161-164.
- D23. Brun J.- M., Basso B., Dubos F., Bernadet M.-D., Guy G., Richard M. M., **Marie-Etancelin C.** (2008). Réponses à une sélection expérimentale sur le nombre d'oisons chez l'oie Landaise Grise en conditions lumineuses contrôlées. *8èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 30-31 octobre, 45-48.
- D24. Feve K., Bounet M., Leroux S., Bardes S., Vignal A., **Marie-Etancelin C.** (2008). Elaboration de la carte génétique du canard commun. Dans le cadre du programme de recherche "GENECAN". *8èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 30-31 octobre, 25-28.
- D25. **Marie-Etancelin C.**, André J.-M., Baéza E., Basso B., Bastianelli D., Bernadet M.-D., Brun J.- M., Davail S., Dubos F., Fernandez X., Guemene D., Gontier K., Guy G., Legarra A. (2008). Paramètres génétiques d'indicateurs du métabolisme hépatique durant le gavage, de la qualité des produits et du taux de corticostérone chez le canard, estimés dans le cadre du programme "Genecan". *8èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 30-31 octobre, 33-36.
- D26. **Marie-Etancelin C.**, André J.M., Baéza E., Basso B., Bastianelli D., Bernadet M.-D., Brun J.- M., Davail S., Dubos F., Fernandez X., Gontier K., Guemene D., Guy G., Manse H., Mialon M. M., Larzul C. (2008). Dispositif de détection de QTL chez le canard commun. *8èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 30-31 octobre, 17-20.
- D27. Sellier N., Velge P., Beaumont C., Menanteau P., Dubos F., **Marie-Etancelin C.** (2008). Sensibilité au portage asymptomatique de *Salmonella enteritidis* chez le canard mulard : modèle d'infection expérimentale et paramètres génétiques (estimés dans le cadre du programme ANR Genanimal "GENECAN"). *8èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 30-31 octobre, 49-52.
- D28. Basso B., Dubos F., Bordas A., **Marie-Etancelin C.** (2007). Etude des relations phénotypiques entre les composantes de l'ingestion alimentaire des canes communes. *7èmes Journées de la Recherche Avicole*, Tours (France), 28-29 mars, 431-435.
- D29. Mialon-Richard M.M., Dubos F., Bernadet M.-D., **Marie-Etancelin C.**, Guy G., Brun J.- M. (2006). Relation génétique entre caractères de reproduction et caractères de

gavage chez l'oie Landaise grise en conditions lumineuses contrôlées. *7èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 18-19 octobre, 21-24.

D30. Feve K., Genet C., Cardinet G., Vignoles F., Vignal A., **Marie-Etancelin C.** (2006). Les marqueurs microsatellites du canard. *7èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 18-19 octobre, 13-16.

D31. Brun J.- M., Larzul C., **Marie-Etancelin C.**, Richard M. M. (2006). Génétique du canard mulard : Synthèse bibliographique - 1. Effet de l'hybridation entre le canard commun et le canard de Barbarie. *7èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 18-19 octobre, 1-8.

D32. **Marie-Etancelin C.**, Larzul C., Mialon-Richard M.M., Brun J.- M. (2006). Génétique du canard mulard : Synthèse bibliographique 2. Paramètres génétiques dans les populations parentales. *7èmes Journées de la Recherche sur les Palmipèdes à Foie Gras*, Arcachon (France), 18-19 octobre, 9-11.

D33. **Marie-Etancelin C.**, Astruc J.M., Pailler F., Porte D., Larroque H., Robert-Granié C. (2005). Première évaluation génétique de la morphologie mammaire des brebis laitières Lacaune. *12èmes Rencontres Recherches Ruminants*, Paris (France), 7-8 décembre, 289-292.

D34. **Marie-Etancelin C.**, Billon P., Lagriffoul G., André R., Aurel M.R., Pailler F. (2004). Comparaison des cinétiques d'émission du lait de brebis des races Pyrénéenne et Lacaune. *11èmes Rencontres Recherches Ruminants*, Paris (France), 8-9 décembre, 407.

D35. Barillet F., Carta A., Allain D., Amigues Y., Bodin L., Casu S., Cribiu E., Bed'Hom B., Boichard D., Boscher M. Y., Elsen J. M., Fraghi A., Gruner L., Jacquiet P., Ligios S., **Marie-Etancelin C.**, Mura L., Piredda G., Roig A., Rupp R., Sanna S.R., Scala A., Schibler L., Sechi T., Casu S. (2003). Détection de QTL influençant des caractères d'importance économique présente ou à venir en ovins laitiers en France et en Italie. *10èmes Rencontres Recherches Ruminants*, Paris (France), 3-4 décembre.

D36. **Marie C.**, Arhainx J., Ricard E., Jacquin M., Aurel M.R., Pailler F., Porte D., Barillet F. (1998). Aptitude à la traite mécanique des brebis Lacaune mesurée avec un automate de contrôle laitier : relations avec le potentiel laitier et une table de pointage de la mamelle. *5èmes Rencontres Recherches Ruminants*, Paris (France), 2-3 décembre.

D37. François D., **Marie C.**, Bibé B., Barillet F., Weisbecker J.L., Guillouet P., Brunel J.C., Aurel M.R., Ricard E., Bouix J., Jacquin M., Perret G., Poivey J.P. (1997). Mesure de l'ingestion chez des jeunes béliers en croissance et chez des brebis laitières en lactation: perspectives d'utilisation en sélection ovine. *4èmes Rencontres Recherches Ruminants*, Paris (France), 4-5 décembre.

D38. **Marie C.**, Bocquier F., Barillet F. (1996). Influence du potentiel laitier sur les composantes de l'efficacité alimentaire de brebis Lacaune. *3èmes Rencontres Recherches Ruminants*, Paris (France), 4-5 décembre.

D39. Barillet F., Ricard E., **Marie C.**, Lagriffoul G., Bibé B. (1996). Identification électronique des ovins : résultats d'essais et perspectives d'utilisation. *3èmes Rencontres Recherches Ruminants*, Paris (France), 4-5 décembre.

Chapitre d'ouvrages

E1. Boichard D., **Marie-Etancelin C.**, Brochard M., Guillaume F., Mattalia S., Fritz S., Tissier, M. 2011. La révolution génomique animale : la sélection chez les animaux d'élevage - Partie 1. Du phénotype au polymorphisme. In : *Félicie Faucon-Lahalle (Coordinateur), Dominique Montagu (Coordinateur)*, Paris (France), France Agricole 3-73.

Principaux dossiers de financement et rapports scientifiques de programmes de recherche

F1. **Marie-Etancelin C.**, 2012. Rapport final programme AVAMIP FONDUGENE, 10p.

F2. Molette C., ..., **Marie-Etancelin C.**, *et al.* 2011 et 2012. Intégration de données Omiques et de QTL chez un oiseau hybride interspécifique - Projet BIOMIQS. Dossier de financement ANR Jeunes Chercheur puis Blanc, *non accepté*.

F3. Vignal A., ..., **Marie-Etancelin C.**, *et al.* 2009 et 2010. La génomique chez le canard : *Anas platyrhynchos*, *Cairina moschata* et leurs hybrides interspécifiques, en relation avec les caractères agronomiques - Projet GENODUCK. Dossier de financement ANR GENEANIMAL, *non accepté*.

F4. **Marie-Etancelin C.**, 2010. Rapport final programme ANR GENECAN (ANR-06-GANI-002), 17p.

F5. **Marie-Etancelin C.** *et al.* 2010. Validation et utilisation d'un gène améliorant la qualité du foie gras de canard - Programme FONDUGENE. Coordination. *Financement AVAMIP 2010-2011 (82 kEuros)*.

F6. Robert-Granié C., Elsen J.M., Garreau H., Laperruque F., **Marie-Etancelin C.**, Rupp R. 2010. Rapport d'évaluation AERES de la Station d'Amélioration Génétique des Animaux, Bilan (2005-2009) et Projet (2011-2014).

F7. Jentzer A., ..., **Marie-Etancelin C.**, *et al.* 2009. Evaluation de la durabilité et innovations pour des ateliers CUNicoles et PALMipèdes gras plus durables- Programme CUNIPALM. Coordination du WP2.4 (265 kEuros dont 75 pour le WP2.4).

F8. **Marie-Etancelin C.** and Cheng Y. S. 2009. Cooperation for genetic selection on feed efficiency of ducks between LRI and INRA. Dossier de candidature PHC ORCHID 2010-2011. *Non accepté*.

F9. Manfredi E., Barillet F., Bouix J., Garreau H., **Marie-Etancelin C.**, Robert-Granié C. 2007. Rapport d'évaluation de la Station d'Amélioration Génétique des Animaux, Bilan (2003-2007) et Projet (2008-2010).

F10. **Marie-Etancelin C.** *et al.* 2006. Programme de « Recherche de QTL impliqués dans la qualité des produits - foie gras et du magret-, la résistance au portage de Salmonelles et le

comportement en gavage, chez le canard commun *Anas Platyrhyncos* » - Programme GENECAN. Coordination. Co-financement ANR-GENANIMAL 2006-2008 (98kEuros), CIFOG-AGENAVI 2006-2008 (120 kEuros) et Inter-régions Aquitaine & Midi-Pyrénées 2007/2008 (110 kEuros).

F11. Rupp R. and **Marie-Etancelin C.** 2003. Rapport scientifique final du Contrat CEE FAIR 95 0881. « Chapitre 8 : Amélioration génétique de la résistance aux mammites des ovins laitiers », 23p.

F12. Barillet F., ..., **Marie-Etancelin C. et al.** 2001. Programme « Using genetics to improve the quality and safety of sheep products » - Programme GENESHEEPSAFETY CEE QLK5-2000-00656 (1,320 kEuros). Coordination WP 3.2 « divergent lines for milk yield in Lacaune breed - Mastitis resistance, milkability and udder score”.

Encadrements et Formations

Doctorats

Kileh-Wais M., 2012. Méthodes statistiques pour la détection de QTL : nouveaux développements et application chez le canard mulard, Doctorat, AgroParisTech, 155 p.

François Y., 2014. Identification de eQTL et pQTL sur le foie gras de canard, Doctorat, UPPA, 295 p.

Comités de thèses

Alnahhas N., 2013-2015. Possibilités d'amélioration de la qualité de viande chez le poulet par sélection génétique et interactions avec le mode d'élevage.

Casu S., 2007-2009. Recherche de QTL contrôlant la cinétique de l'émission du lait et la morphologie de la mamelle chez les brebis laitières.

Stages

Chastin S., 1994. Etude épidémiologique rétrospective du suivi des producteurs de lait dans le rayon de Roquefort vis-à-vis de *Listeria monocytogenes*. Mémoire DAA ENSA, 75 p. (co-encadrement avec F. Barillet).

Bec R., 1998. Alimentation en bergerie du troupeau de brebis laitières du domaine de La Fage : étude rétrospective sur 5 ans. Mémoire ESAP, 78p + annexes. (co-encadrement avec G. Lagriffoul).

Bord S., 2001. Morphologie mammaire des brebis du domaine INRA de La Fage. Mémoire DUT UPPA-STID, 72p + annexes.

Hameg M., 2002. Modélisation de la cinétique d'émission du lait de brebis. Mémoire de DESS « Modèles Mathématiques et Méthodes Informatiques » M3I 2001/2002, Université Paul Sabatier, 120p. (co-encadrement avec C. Robert-Granié)

- Pailler F., 2003. Appréciation de la morphologie mammaire des brebis laitières de race Lacaune. Mémoire BTSA-PA, 38 p + annexes.
- Laur C., 2004. Bilan de la sélection pseudo-divergente en brebis Lacaune : étude des performances laitières des adultes et de la croissance des jeunes. Mémoire ESAP, 75p + annexes.
- Amonrat M., 2005. QTL detection in dairy cattle, Ph.D student, Khon Kaen university, Thailand (*co-encadrement C. Moreno et R. Rupp*)
- Marie-Louise S., 2015. Le programme MetEpic : étude d'une programmation nutritionnelle chez le canard mulard. (*co-encadrement avec M. Morrison et C. Bonnefont*), Master 1 « Ingénierie Mathématiques à Toulouse » Université Paul Sabatier.
- Choisi V., 2015. Analyse de données transcriptomiques de foie gras de canards mulards (*co-encadrement avec M. San Cristobal et A. Bonnet*), Master 1 « Ingénierie Mathématiques à Toulouse » Université Paul Sabatier.

Cours

- Cours du CIHEAM, 2003. « Efficacité alimentaire des brebis laitières Lacaune en France » (2h)
- Cours à Taiwan (au Livestock Research Institute (LRI), National Chung-Hsing University (NCHU) & National Pingtung University of Science and Technology (NPUST) 2010. "Current state of French ducks research" (2h)
- Cours annuels « Sélection des palmipèdes à foie gras », 2007-2014. Bordeaux Sciences Agro (3h).

CURRICULUM VITAE

Etat civil

Christel Marie-Etancelin

Née le 27 mai 1967 à Vernon (27)

Nationalité française

Mariée, 2 enfants

Adresse personnelle : 4 rue anais Nin, 31320 Castanet-Tolosan

Adresse professionnelle: UMR 1289 GenPhySE INRA- Chemin de Borde Rouge,
BP 32607, 31326 Castanet Tolosan Cedex

Téléphone : 05 61 28 51 93 Mail : cmarie@toulouse.inra.fr

Formation

1989-1991 Ingénieur Agronome ENSAR
Spécialisation « Zootechnie - Productions et produits Animaux »

Formations complémentaires

1994-1995 Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques

1999 Modules « Génétique quantitative et analyse du génome » du DEA « Biologie des populations, Génétique et Eco-éthologie »

2012 Manipulation et contention des animaux de laboratoire, Niveau 1, ENV Toulouse (autorisation à expérimenter n°311111304)

Activités professionnelles

1991 Projet d'Ingénieur : « Influence du variant C de la caséine Béta sur la physico-chimie des laits de vaches de race Tarine et sur leur aptitude à la transformation en fromage à pate pressée cuite type Beaufort » avec A. Delacroix-Buchet (IR) & L. Vassal (DR) INRA, Station de Recherches Laitières, Jouy-en-Josas.

1992 Ingénieur R&D Institut de l'Élevage Equipe Alimentation des ruminants (Nancy)

1993-2003 Ingénieur de Recherche 2^{ème} classe INRA-SAGA Equipe « Petits Ruminants Laitiers » (Toulouse)

2004-2013 Ingénieur de Recherche 2^{ème} classe puis 1^{ère} classe INRA-SAGA Equipe « Génétique et Génomique des Palmipèdes Gras » (Toulouse)

- 2014- 2015** Ingénieur de Recherche 1^{ère} classe INRA-GenPhySE Equipe « GénoRobust »
(Toulouse)
- Sept. 2015** Ingénieur de Recherche 1^{ère} classe INRA-GenPhySE Equipe « GesPR »
(Toulouse)

Productions scientifiques

Publications dans des revues scientifiques à comités de lecture	29
Communications dans des congrès ou symposiums internationaux	34
Communications dans des congrès ou symposiums nationaux	39

Activités d'encadrements

Co-encadrante de thèse	2
Membre de comité de thèse	2
Encadrante de stagiaires (BTS-PA à Ingénieur)	7

Activités collectives

Au sein du laboratoire

- Jan 2006 - Mars 2013** Animatrice de l'équipe « Génétique et Génomique des Palmipèdes Gras » de la SAGA.
- 2009 - Mars 2013** Co-animatrice du Groupe Palmipèdes Toulousain.

Au sein du département de Génétique Animale

- Depuis 2006** Membre élue du Conseil Scientifique du Département GA (suppléante de 2006 à 2011 et Titulaire de 2011 à 2016).
- Depuis 2004** Membre du Conseil Scientifique des Utilisateurs de l'UEPFG.
Membre du Réseau de Génétique Avicole du Département GA.

Au sein de l'INRA

- Membre de 5 jurys de concours INRA externes entre 2007 et 2014 pour des postes :
- Assistant Ingénieur : concours AI interface UEPFG - SAGA Equipe Palmipèdes Gras en 2007 puis 2013,
 - Ingénieur d'Etude : concours IE en technique d'élevage et production animale, Directeur du l'UEPFG & IE statisticien - LGC Equipe Porcine.

- Ingénieur de Recherche : concours IR spécialiste des Palmipèdes - GenPhySE Equipe SYSED.

Expertises scientifiques

Referee pour les revues *Genetic Selection Evolution, Livestock Production Animale, Journal of Dairy Science, Journal Scientia Agricola, Journal of Animal Science, World Rabbit Science* et *Revue d'élevage et de médecine vétérinaire des pays tropicaux*

Expertises de dossiers dans le cadre de programmes CASDAR financés par France AgriMer, et de programmes financés par le CIFOG