

## PRIMO-LOCALISATION DE QTL D'APTITUDE AU GAVAGE ET DE QUALITE DES PRODUITS DU CANARD

M. Kileh-Wais<sup>1</sup>, J-M. Elsen<sup>1</sup>, K. Feve<sup>2</sup>, F. Vignoles<sup>2</sup>, X. Fernandez<sup>3</sup>, E. Baeza<sup>4</sup>, S. Davail<sup>5</sup>, D. Bastianelli<sup>6</sup>, M-D. Bernadet<sup>7</sup>, F. Dubos<sup>7</sup>, B. Basso<sup>1</sup>, A. Vignal<sup>2</sup>, C. Marie-Etancelin<sup>1</sup>

<sup>1</sup> INRA UR631, *Station d'Amélioration Génétique des Animaux*, 31 326 Castanet Tolosan, France

<sup>2</sup> INRA UR444, *Laboratoire de Génétique Cellulaire*, 31326 Castanet Tolosan, France

<sup>3</sup> INRA, Université de Toulouse, UMR 1289, *Tissus Animaux, Nutrition, Digestion, Ecosystème et Métabolisme*, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France; INPT-ENSAT, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France; ENVT, 31076 Toulouse Cedex 3, France

<sup>4</sup> INRA UR83, *Unité de Recherches Avicoles*, 37 380 Nouzilly, France

<sup>5</sup> CNRS, UMR5254, *Institut Pluridisciplinaire de Recherche sur l'Environnement et les Matériaux - Equipe Environnement et Microbiologie*, IUT des Pays de l'Adour, 40004 Mont de Marsan, France

<sup>6</sup> CIRAD UR18, *Systèmes d'Élevage et Produits Animaux*, 34 398 Montpellier Cedex 5, France

<sup>7</sup> INRA UE89, *Unité Expérimentale des Palmipèdes à Foie Gras*, 40 280 Benquet, France

### Résumé

Le programme « Genecan » de recherche de QTL a été initié en 2004 à l'INRA pour rechercher les zones chromosomiques ayant un effet sur les caractères liés au gavage et la qualité des produits qui en découle, dans une population Back-Cross (BC) de canards communs. L'analyse des données de performances des descendants mulards gavés de ces canes BC a permis, par cartographie d'intervalle à l'aide du logiciel QTLMap, de détecter 73 QTL affectant principalement la croissance des animaux, les taux de glucose, cholestérol et triglycérides sanguins circulant durant le gavage, la couleur du foie, la composition lipidique du foie et des magrets et leurs caractéristiques technologiques (taux de fonte du foie, pH et pertes à la cuisson du magret).

### Introduction

La filière foie gras repose très majoritairement sur le gavage du canard mulard, hybride inter générique entre un canard de Barbarie et une cane commune. La sélection pour des caractères liés au gavage des mulards est effectuée dans les lignées parentales à partir des performances des mulards (Marie-Etancelin et al., 2008c), ce qui impose un testage sur descendance long et coûteux. Disposer de marqueurs, ou plus idéalement de mutations causales dans les lignées parentes du mulard faciliterait grandement la sélection et l'intégration de nouveaux caractères de qualité.

Si de nombreux travaux de recherche de zones chromosomiques à effet quantitatif (QTL) de qualité de la viande et des carcasses ont été mis en œuvre chez le poulet ces 10 dernières années, seule une étude chinoise a été publiée sur le canard (Huang et al., 2007) reposant sur les caractères d'intérêt économique du Pekin à rôti. Nous avons initié en 2004 un programme de détection de QTL chez le canard commun pour des caractères de ses fils mulards gavés. Ce papier présente donc les premiers QTL détectés chez la cane commune, influençant les caractères de croissance, de métabolisme hépatique, d'aptitude au gavage et de qualité du foie gras et des magrets obtenus chez son descendant mulard.

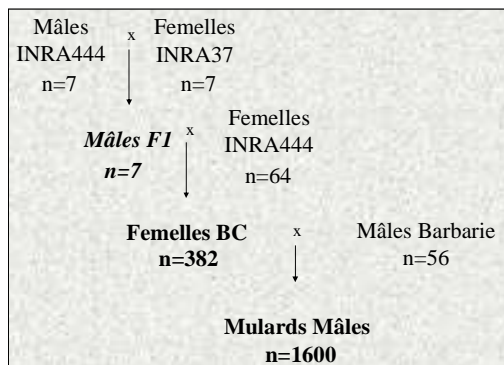
### Matériel et méthode

#### 1-1 Animaux et mesures

Le dispositif expérimental est un croisement retour (BC) réalisé à l'Unité Expérimentale des Palmipèdes à Foie Gras (INRA-UEPFG) par insémination de canes communes (I444) avec de la semence de 7 canards commun F1 (I444 x I37). 382 canes BC ont été produites en 3 éclosions annuelles sur 2 années successives (Marie-Etancelin et al., 2008 a). Afin d'effectuer un testage sur descendance mulard, elles ont été accouplées à 56 mâles de Barbarie et ont donné naissance à 1600 mâles mulards, en 2 lots d'éclosion chaque année (figure 1). Les 400 mulards de chaque lot d'éclosion ont été élevés en groupe puis gavés en logements collectifs en 2 lots de gavage distincts. Le choix des lignées INRA444 (canard commun ayant des origines Tsaiya, de faible gabarit sélectionné sur la durée de période fertile) et INRA37 (souche synthétique de canards Pékin de fort gabarit) était motivé par une origine des gènes différente, et par leur divergence sur un grand nombre de caractères zootechniques (caractères propres et caractères de leurs descendants mulards). Les mulards ont fait l'objet d'un grand nombre de mesures relatives à leur croissance (poids à 12, 28, 42 et 70 jours et GMQ relatifs), au métabolisme hépatique en début (P1), milieu (P2) et fin (P3) de gavage (taux de glucose, de triglycérides et de

cholestérol sanguins), à l'ingéré et au poids durant le 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). Pour la description des performances et l'estimation de leur variabilité génétique se référer aux articles de Marie-Etancelin et al. (2008 a et b).

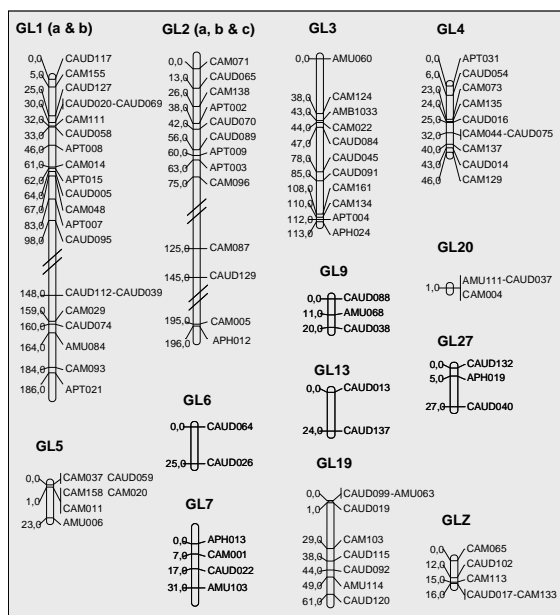
FIGURE 1: Dispositif expérimental animal



### 1-2 Analyses moléculaires

Les canes BC, leurs parents (pères F1 et mères I444) et leurs grands parents paternels ont été génotypés avec 116 marqueurs microsatellites. Une carte génétique composée de 91 marqueurs répartis sur 16 groupes de liaisons (GL) représentant 770 cM a été construite à l'aide du logiciel Crimap (version 2.4). Par positionnement *in silico* sur la séquence de la poule, nous avons pu établir que ces 16 groupes de liaisons correspondent à 13 chromosomes différents (figure 2), certains groupes de liaisons pouvant correspondre à différentes parties du chromosome de la poule.

FIGURE 2: Carte génétique



Le principe de la détection de QTL est d'observer la co-ségrégation des allèles au marqueur et au QTL, dans la descendance d'animaux supposés doubles hétérozygotes. Si les mâles F1 sont hétérozygotes au QTL, les performances des canes BC doivent être différentes selon l'allèle reçu au QTL. La présence d'un QTL est testée par comparaison des hypothèses H0 « absence de QTL à la position » et H1 « présence d'un QTL à la position ». En chaque position des groupes de liaisons établis, et par cartographie d'intervalle (Lander et Bolstein, 1989), la vraisemblance des données est maximisée sous chaque hypothèse. Le test statistique est le rapport de ces 2 vraisemblances (LRT), qui comparé au seuil de rejet obtenu par un total de 1000 simulations des données sous H0, permet d'identifier les positions et les effets des QTL les plus probables.

Dans notre cas, les performances d'intérêt étant mesurées sur les mulards, nous avons estimé la performance moyenne de chaque cane BC à partir de performances de ses fils corrigées des effets de milieu à l'aide de la procédure GLM de SAS (1999). Pour tous les caractères de croissance, les effets dus à l'« année » et au « lot d'éclosion » étaient considérés. Étaient ajoutés pour les caractères de croissance l'effet « lot d'élevage », et pour les caractères de gavage l'effet « gaveur ». La détection de QTL a donc lieu au niveau de la cane BC, qui a l'on attribue comme performance la valeur moyenne des performances de ces fils mulards, la variance résiduelle étant pondérée par le coefficient de détermination, lui-même fonction du nombre de descendants mulards par cane et de l'héritabilité du caractère. Le logiciel QTLMAP, développé par l'INRA (Elsen et al., 1999) a été implémenté afin de réaliser cette détection à partir d'une valeur moyenne de performance et de la prise en compte de la précision de cette performance.

### Résultats et discussion

Les résultats significatifs au niveau du chromosome (seuil à 5% et 1%) pour les caractères relatifs à la croissance, au métabolisme durant le gavage, à l'aptitude au gavage et à la qualité des produits sont présentés dans les tableaux 1, 2 et 3 respectivement.

Pour les caractères de croissance, 13 QTL de poids et GMQ sont mis en évidence. 2 zones majeures de co-localisation sur les GL 2b et 3 apparaissent. 3 autres QTL plus isolés sont significatifs sur les GL 7, 13 et 27 (Tableau 1). Ces résultats sont en accord avec ceux déjà obtenus chez le poulet : en effet, sur les chromosomes *Gallus gallus* (GGA) 2, 3 et 7, des QTL de poids vifs à 35 jours ont été mis en évidence par Pinto et al. (2006) et Ambo et al. (2009) chez le poulet de chair. Cependant, nous n'avons aucun QTL relatif au poids des mulards significatif sur les GL 1a, 1b et 1c, alors que GGA1

est un chromosome d'intérêt pour ce caractère chez le poulet (Pinto et al., 2006 ; Liu et al., 2007).

TABLEAU 1 : Caractères de croissance

Caractère	S	Marqueurs flanquants	GL	Position (cM)
GMQ 12-70	5%	CAU070-CAU089	2b	48
GMQ 28-70	5%	CAU070-CAU089	2b	50
Poids 70j	5%	CAU070-CAU089	2b	50
GMQ 28-42	5%	CAU070-CAU089	2b	50
GMQ 12-28	5%	CAU070-CAU089	2b	53
Poids 42j	5%	CAU070-CAU089	2b	56
Poids 28j	1%	CAM022-CAU084	3	46
GMQ 12-42	5%	AMU060-CAM124	3	15
Poids 42j	5%	CAM022	3	44
GMQ 12-28	5%	CAU084-CAU045	3	51
GMQ 42-70	5%	APH013-CAM001	7	4
Poids 12j	5%	CAU137	13	24
Poids 70j	5%	APH019	27	5

Les 18 QTL relatifs au métabolisme durant le gavage se répartissent sur 12 GL (Tableau 2), avec des co-localisations (GL 13, 19, 20 et 27) et 5 QTL isolés (GL 2b, 2c, 3, 6 et Z).

TABLEAU 2 : Caractères métaboliques et pondéraux durant le gavage

Caractère	S	Marqueurs flanquants	GL	Position (cM)
Qté Conso	5%	CAUD039-CAM029	1a	8
Glucose (P1)	5%	CAM071	2b	0
Choles. (P1)	5%	CAM005	2c	1
Choles. (P2)	5%	CAUD084-CAUD045	3	71
Glucose (P1)	5%	CAUD064-CAUD026	6	1
Poids début	5%	APH013	7	0
Gain poids	5%	CAUD038	9	20
Choles. (P2)	5%	CAUD013-CAUD137	13	7
Trigly. (P1)	5%	CAUD013-CAUD137	13	7
Choles. (P2)	5%	CAUD099	19	0
Poids début	5%	CAUD099	19	0
Poids fin	5%	CAUD120	19	62
Poids fin	5%	CAM004	20	0
Choles. (P2)	5%	CAUD037	20	2
Trigly. (P2)	5%	CAUD037	20	2
Poids début	5%	APH019-CAUD040	27	14
Glucose (P3)	5%	APH019-CAUD040	27	26
Trigly. (P3)	1%	CAM065-CAUD102	Z	1

Le QTL sur le GL 27 est cohérent avec les résultats de Park et al. (2006), qui, dans un croisement de poulets sélectionnés sur la croissance, ont montré l'existence d'un QTL très significatif (5% au niveau du génome) à 21 cM sur GGA 27 pour le niveau de glucose sanguin. Ce QTL apparaît avoir un effet sur le poids vif des mulards à 70 et à 83 jours d'âge, effet recherché mais non trouvé sur les poulets pesés à des âges plus précoces (Park et al., 2006). Toujours sur GGA 27, Campos et al., (2009) observent l'existence d'un QTL lié à la concentration de triglycérides sanguins. Par ailleurs, nos résultats sont cohérents avec la bibliographie chez le poulet. Ainsi, Park et al. (2006) ont trouvé un QTL sur GGA 20 pour les taux de glucose et cholestérol, sur GGA 3 et 9 pour le taux de cholestérol sanguin et sur GGA 2 pour le taux de triglycérides. Nadaf et al. (2009) rapportent des QTL relatifs au taux de glucose sanguin très significatifs sur GGA 6, mais aussi sur GGA 3 et 13. Par contre, le QTL pour le taux de triglycérides sanguins en fin de gavage, que nous avons détecté significatif à 1% au niveau du chromosome sur GL Z, ne semble pas être connu chez le poulet (Abasht et al., 2006). Concernant les quantités ingérées

durant le gavage, seul un QTL apparaît sur le GL1a, sans correspondance claire avec le QTL d'ingestion sur GGA1 (Abasht et al., 2006).

34 QTL spécifiques des caractères d'aptitude au gavage et de qualité des produits ont pu être mis en évidence (Tableau 3) dans notre dispositif. Parmi ceux-ci, seuls 8 sont liés aux poids de la carcasse et à ses différents morceaux, dont 3 QTL pour le poids du foie gras significatifs à 1% sur GL 2c, 9 et 20. Du fait de la spécificité du gavage, ces QTL de poids de foie sont difficilement comparables à ceux obtenus sur animaux non gavés que ce soit sur poulet (Abasht et al., 2006 sur GGA 1, 4, 6, 7, 9, 10, 15, 24, 26 et Z) ou sur canard (Huang et al., 2007 sur les groupes de liaisons chinois (CAU) 4, 6, 7). Pour le muscle du magret, nous trouvons 2 QTL sur GL2b et GL19 : chez le canard Pekin, Huang et al. (2007) met aussi en évidence un QTL sur CAU 2 tandis que chez le poulet, Abasht et al. (2006) et Nadaf et al. (2009) rapportent des QTL très significatifs sur GGA 1, 2, 3, 4, 5 et 8.

Le gras abdominal est un caractère pour lequel de nombreux QTL sont rapportés chez le poulet (Lagarigue et al., 2006 ; Le Mignon et al., 2007 ; Campos et al., 2009 ; Nadaf et al., 2009). Dans notre dispositif, nous ne mettons en évidence aucun QTL pour le poids du gras abdominal et de la peau du magret, qui sont pourtant des caractères très héréditaires (Marie-Etancelin et al., 2008 b).

TABLEAU 3: Caractères de qualité des produits

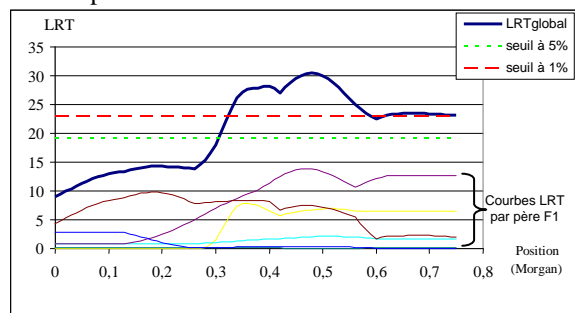
Caractère	S	Marqueurs flanquants	GL	Position (cM)
Tx Lipide M	5%	CAUD095	1b	98
Indice a* F	5%	APT008-CAUD058	1b	44
Tx Lipide M	5%	CAM087-CAUD129	2a	12
Indice a* F	5%	CAM071-CAUD065	2b	2
Indice b* M	5%	CAM071-CAUD065	2b	6
Tx Lipide M	1%	CAUD065-CAM138	2b	18
Poids magret	5%	APT002-CAUD070	2b	40
Perte cui. M	1%	CAUD070-CAUD089	2b	48
Tx Lipide F	1%	APH012	2c	0
Poids Foie	1%	APH012	2c	0
Tx Prot F	1%	APH012	2c	0
Taux Fonte	5%	APH012	2c	0
Tx Collag F	5%	APH012	2c	0
Indice b* F	5%	CAM005	2c	1
pHultime M	5%	CAM005	2c	1
Indice b* F	5%	AMU060-CAM124	3	2
pH20m M	1%	APT031	4	0
pH20m M	5%	CAUD064-CAUD026	6	15
Perte cui. M	1%	CAUD026	6	25
pH20m M	5%	APH013	7	0
Indice a* M	5%	AMU103	7	31
Indice a* F	1%	CAUD088	9	0
Tx Lipide F	5%	CAUD088	9	0
Taux Fonte	5%	CAUD088-AMU068	9	5
Poids Foie	1%	CAUD038	9	20
Tx Prot F	1%	CAUD038	9	20
Indice L* F	5%	CAUD013	13	0
Poids magret	5%	CAUD099	19	0
Poids cuisse	5%	CAUD019	19	2
Poids carc.	5%	CAUD019	19	2
Poids carc.	1%	AMU111	20	1
Tx Collag F	5%	AMU111	20	1
Poids Foie	1%	CAUD037	20	2
pHultime M	5%	CAM113	Z	15

Sur les caractères de qualité des produits, 14 QTL sont associés à la qualité des foies gras et 12 QTL à la qualité des magrets.

Pour les magrets, les 4 QTL significatifs à 1% au niveau du chromosome correspondent au taux de

lipides intramusculaires (GL 2b), aux pertes à la cuisson (GL 2b -figure 3- et GL 6) et au pH 20 min *post mortem* (GL 4). Huang et al. (2007) sur du muscle de canard Pekin non gavé retrouvent un QTL de perte à la cuisson sur CAU 6, mais indique 2 QTL d'exsudation de la viande que nous ne détectons pas. Avec une significativité plus faible, nous observons 4 QTL ayant un effet sur le pH de la viande : sur GL 6 et 7 pour le pH 20 min *post mortem* et sur GL 2c et Z pour le pH ultime. Ces résultats sont originaux car chez le poulet, les QTL liés au pH 15 min se positionnent sur GGA1 et GGA2 (Nadaf et al., 2007). Enfin, pour les aspects de couleur du muscle, l'indice de rouge (a\*) semble être modulé par une zone de GL 7 tandis que l'indice de jaune (b\*) est lié à une zone de GL 2b. N'ayant pas de marqueur positionné sur GL 11, nous ne sommes pas en mesure de tester le QTL majeur de la couleur de la viande trouvé chez le poulet (Nadaf et al., 2007).

FIGURE 3: profil de vraisemblance du QTL de taux de perte à la cuisson sur le GL 2b.



Pour le foie gras, se dégagent 2 groupes de co-localisation de QTL, qui pour certains dépassent le seuil de 1% de signification au niveau du chromosome. D'une part, 5 QTL associés aux taux de lipides, de protéines et de collagène des foies, à leur indice de jaune et leurs taux de fonte se situent sur GL 2c. D'autre part, 4 QTL apparaissent sur GL 9 pour l'indice de rouge, les taux de lipides, de protéines et de fonte. 4 des 5 QTL isolés restent concernant la couleur du foie (GL 1b, 2b, 3 et 13), le 5<sup>ème</sup> concernant le taux de collagène dans les foies.

## Conclusion

Notre dispositif expérimental, basé sur un croisement de 2 lignées de canards commun avec testage sur descendance mularde, a permis de détecter plus de 70 QTL dont une grande part relatifs à des caractères originaux tels que le métabolisme hépatique, l'aptitude au gavage et la qualité des produits. Cette première analyse, effectuée caractère par caractère, suggère

l'influence de zones du génome sur plusieurs caractères corrélés ou non. Afin d'accroître la puissance de détection, l'analyse statistique va maintenant être conduite en multi caractères, permettant ainsi d'identifier les QTL liés et les QTL pléiotropiques influençant plusieurs caractères. D'autre part, cette primo-analyse met en évidence des zones du génome potentiellement intéressantes (au vu des résultats chez le poulet), mais mal couvertes par notre carte génétique (morcellement de GL1, mauvaise couverture de GL 4, 5 et 11...) et qui devront l'être par l'ajout de SNP informatifs.

## Remerciements

Nous tenons à remercier tous les techniciens de l'UEPFG et des Unités de Recherches partenaires pour l'élevage des animaux et la réalisation des mesures, ainsi que les financeurs du programme « GENEKAN » (ANR Genanimal, AGENAVI, CIFOG et Régions Midi-Pyrénées et Aquitaine).

## Références

- Abasht B., Dekkers J.C.M., Lamont S.J., 2006, *Poult. Sci.* 85, 2079-2096.
- Ambo M., Moura A.S., Ledur M.C., et al. 2009, *Anim. Genet.* 40, 200.
- Campos R.L., Nones K., Ledur M.C., et al. 2009, *Anim. Genet.* 40, 729.
- Elsen J.M., Mangin B., Goffinet B., et al. 1999, *Genet. Sel. Evol.*, 31, 213-224.
- Fève, K., Bounet, M., Vignoles, F., et al. 2009, 8<sup>èmes</sup> JRA, Saint-Malo, 25-26 mars 2009, 4p.
- Huang Y., Haley C.S., Wu F., et al. 2007, *Animal Genetics*, 38, 114-119.
- Lander E.S., Botstein D., 1989. *Genetics*, 121, 185-199.
- Lagarrigue S., Pitel F., Carré W., et al. 2006, *Genet. Sel. Evol.*, 38, 85-97.
- Le Mignon G., Pitel F., Demeure O., et al. 2007. 7<sup>èmes</sup> JRA, Tours, 28-29 mars 2007, 4p.
- Liu X., Li H., Wang S., Hu X., et al. 2007, *Poult. Sci.*, 86, 1084-1089.
- Marie-Etancelin, C., André, J.M., Baéza, et al. 2008 (a&b) 8<sup>èmes</sup> JRPFG, Arcachon, 30-31 octobre 2008, 4p.
- Marie-Etancelin C., Chapuis H., Brun J.M., et al. 2008c, *World Poult. Sc. J.*, 64, 187-207.
- Nadaf J., Gilbert H., Pitel F., et al. 2007. 7<sup>èmes</sup> JRA, Tours, 28-29 mars 2007, 4p.
- Nadaf J., Pitel F., Gilbert H., et al. 2009. *Physiol. Genomics*, 38, 241-249.
- Park H.B., Jacobsson L., Wahlberg P., et al. 2006. *Physiol. Genomics*, 25, 216-223.
- Pinto L.F.B., Packer I.U., Ledur M.C., et al. 2006, 8th WCGALP, 13-18 august, Brazil.
- SAS Institute Inc., 1999. *Sas/Stat user's guide*, V8.