

PARAMETRES GENETIQUES DU COMPORTEMENT ALIMENTAIRE MESURE A L'AIDE DE MANGEOIRES AUTOMATISEES SUR DES CANARDS PEKINS DE CHAIR

Chapuis Hervé¹, Blanchet Magali², Guillaume Le Mignon²

¹INRA, UMR 1388 INRA-INPT GenPhySE - 24 Chemin de Borde Rouge - 31326 CASTANET
TOLOSAN

²GRIMAUD FRERES SELECTION - 3 La Corbière, Roussay - 49450 SEVREMOINE
guillaume.lemignon@grimaudfreres.com

RÉSUMÉ

Etant donnée la part de l'aliment dans les coûts de production, l'efficacité alimentaire est logiquement intégrée, tout comme le poids vif, à l'objectif de sélection des canards de chair. Les dispositifs RFID (Identification Electronique) enregistrant la fréquentation des mangeoires et la quantité d'aliment ingérée par des animaux élevés au sol dans des conditions de terrain, permettent de mieux analyser la consommation en s'intéressant aux comportements alimentaires sous-jacents. Nous avons analysé les données de 2 lignées Grimaud Frères Sélection de canard Pékin de chair collectées pendant 28j entre 3 et 7 semaines d'âge. Les animaux des deux sexes ont été mesurés. Le nombre d'observations RFID était de N=5121 dans la lignée A (lignée femelle) et N=4356 dans la lignée B (lignée mâle), le pedigree s'étendant sur une dizaine de générations successives. Les visites élémentaires à la mangeoire ont été regroupées en repas selon les méthodes décrites dans la littérature (1 repas = 1,27 et 1,33 visites dans les lignées A et B respectivement), ce qui a permis de calculer des critères originaux tels que le nombre de repas, la quantité ingérée par repas, la durée des repas, la proportion quotidienne de consommation efficace par repas, la vitesse d'ingestion et la consommation moyenne quotidienne. Malgré un nombre de repas plus élevé dans la lignée A, la consommation par repas et totale était plus importante dans la lignée B. Les caractères de comportement alimentaire présentent tous une héritabilité modérée à forte (de 0,20 pour l'ingéré quotidien à 0,69 pour le nombre de repas quotidien dans la lignée femelle) mais une faible corrélation avec les caractères classiquement sélectionnés, à l'exception de la consommation moyenne quotidienne, fortement liée à l'Indice de Consommation ($\rho \geq 0,84$) dans les deux lignées.

ABSTRACT

Genetic Parameters of Electronically Recorded Feeding Behavior Traits in Meat Pekin Ducks. In meat duck production, feed efficiency is integrated in breeding objectives alongside with growth traits, thus aiming at reducing the high feeding costs without impairing the performances on other economic traits. Electronic measurement of individual feed intake in groups of animals, based on RFID technology, now allows for a better understanding between feeding behavior and food consumption traits. Genetic parameters of electronically recorded feeding behavior traits were estimated in two Grimaud Frères Sélection Pekin lines. Data were collected on both males and females during 28 days, on ducks aged from 3 to 7 weeks. The number of records was 5121 and 4356 for the maternal line A and paternal line B, respectively. Up to 10 successive generations of pedigree information was available. According to literature, visits to feeders were grouped into meals or feeding sessions. A single meal in our data was 1.27 visits in line A and 1.33 visits in line B. New traits, such as number of meals, meal duration, feed intake per meal, feeding rate and time per day spent feeding were computed. Despite a higher number of meals, feed intake was lower in line A. Feeding behavior traits all exhibited a moderate to high heritability (0.2 to 0.69) and a low correlation with the classical economic traits, except Average Daily Feed Intake (ADFI), which was strongly correlated ($\rho \geq 0.84$) with Feed Consumption Ratio (FCR) in both lines.

INTRODUCTION

Le coût de l'aliment représente aujourd'hui environ 70% du coût de production des produits avicoles (Waller, 2007). Pour la filière Pékin de chair, l'efficacité alimentaire est devenue aujourd'hui le critère de sélection prioritaire tout en se souciant de ne pas dégrader le niveau de performance des autres caractères de production (poids vif, rendement en viande, nombre d'œufs...).

Pour répondre à cette attente, Grimaud Frères Sélection a développé son système de mangeoires automatiques équipées en RFID (Radio Frequency IDentification) permettant de contrôler avec une grande fiabilité les niveaux d'ingestion de ses principales lignées Pékin de chair. Les avantages d'un tel outil par rapport à une sélection en cage individuelle sont nombreux : possibilité de passer plus d'animaux sur une plus longue période de test amplifiant *in fine* le progrès génétique annuel, prise en compte des interactions sociales entre les animaux élevés en groupe (plus proche des conditions terrains), amélioration des conditions de bien-être animal...

Un autre atout non négligeable de cette technologie est qu'elle permet d'accéder à de nombreux critères témoignant du comportement alimentaire des sujets (nombre de visites, débit alimentaire, intervalle de temps entre les visites ou encore temps passé par jour aux mangeoires...). L'objectif de cette étude consiste à estimer les paramètres génétiques de ces nouveaux critères (héritabilités et liaisons génétiques entre eux et avec les caractères classiques d'intérêt agronomique) afin de valider l'intérêt de les incorporer dans les programmes de sélection.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Populations et caractères étudiés

Nous avons analysé les données de 2 lignées Grimaud Frères Sélection de canard Pékin de chair collectées pendant 28 jours entre 3 et 7 semaines d'âge. Les animaux des deux sexes ont été mesurés. Le nombre de sujets était de N=5121 dans la lignée A (lignée femelle) et N=8940 dans la lignée B (lignée mâle), même si dans cette dernière lignée, seuls 4356 animaux ont des mesures RFID.

Les canetons âgés de 1 jour ont été placés dans des parcs équipés de mangeoires automatisées afin de se familiariser au matériel, puis élevés *ad libitum* jusqu'à 49 jours. Les individus, équipés d'une puce électronique à l'aile, sont ainsi détectés par une antenne lors de chaque visite à la mangeoire. La centralisation des données permet ensuite d'accéder à un unique fichier compilant l'ensemble des visites détectées dans le bâtiment sous le format suivant : numéro de l'animal, numéro du transpondeur, horodatage de la visite, temps de la visite, poids d'entrée de la balance

aliment, poids de sortie de la balance aliment et différence de poids de la balance.

Ces données brutes sont ensuite successivement traitées par différents algorithmes afin :

1. De repérer puis filtrer les visites aberrantes selon différentes méthodes décrites par Casey *et al.* (2005).
2. De déterminer l'unité de temps appropriée ou « critère repas » plus pertinente pour analyser la structure temporelle du comportement alimentaire (concept décrit par Howie *et al.* (2009)).
3. De calculer les variables du comportement alimentaire sur la base de ce critère repas (1 repas = 1,27 et 1,33 visites dans les lignées A et B respectivement).

Les 8 variables de comportement alimentaire utilisées dans cette étude sont obtenues en moyennant l'ensemble des données cumulées entre 3 et 7 semaines d'âge :

- NM : nombre total de repas sur l'essai,
- MD : durée des repas,
- FIM : quantité d'aliment par repas,
- FRV : débit alimentaire,
- ADFI : quantité d'aliment consommé par jour,
- VM : nombre de visites par repas,
- TDSF : temps passé à consommer total par jour,
- PFTM : Rapport entre le temps de consommation « efficace » et le temps global de chaque repas.

Les 3 critères de performances mesurés sont les suivants :

- BW7 : Poids des sujets à 49 jours
- FI : Aliment total consommé entre 3 et 7 semaines
- FCR : Indice de consommation entre 3 et 7 semaines

La description phénotypique des caractères analysés est donnée dans le tableau 1.

1.2. Analyses statistiques

Les 11 caractères ont été analysés simultanément avec le modèle mixte suivant :

$$y_{ijkl} = \text{sexe}_{il} + \text{lot}_{jl} + \text{animal}_{kl} + \epsilon_{ijkl},$$

où i désigne le sexe, j le lot, k l'animal, l le caractère et ϵ_{ijkl} le résidu. Nous avons utilisé le logiciel gibbs2f90 issu du paquet blupf90 (Misztal *et al.* 2002). La méthodologie du Gibbs Sampling permet d'accéder à la distribution *a posteriori* des paramètres, que nous résumerons par leur moyenne et l'intervalle de confiance à 95% de la valeur la plus probable. L'analyse des chaînes issues de gibbs2f90 a été

réalisée avec le module CODA du logiciel R (R Development Core Team, 2008).

Le pedigree s'étendait sur une dizaine de générations successives et contenait 7414 individus dans la lignée A et 9103 dans la lignée B.

Afin de tenir compte du format de l'animal, les 8 caractères de comportement alimentaire ont été pré-correctés par BW7. Autrement dit, les données pour ces 8 caractères ont d'abord été régressées sur le poids vif à 49 jours avec un modèle linéaire en utilisant le logiciel R, puis les résidus ont été considérés comme les performances de base, en entrée de gibbs2f90. Comme souligné par Howie *et al* (2011), ce processus en deux étapes est requis pour éviter les problèmes théoriques connus quand un caractère est à la fois utilisé comme une variable d'intérêt et comme une covariable dans une matrice de variances et covariances.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1 Comparaison entre lignées (données brutes).

La lecture du tableau 1 fait apparaître des différences de comportement alimentaire entre les deux lignées, outre leur différence de format : dans la lignée A, le nombre de repas (NM) est plus important, mais leur durée (MD) et la quantité ingérée par repas (FIM) est plus faible que dans la lignée B. Par conséquent le temps effectif passé à se nourrir (TDSF), et la quantité ingérée totale sur la durée de l'essai (FI) sont plus importants dans la lignée mâle.

2.1 Caractères de comportement alimentaire

Après correction pour le poids vif des animaux à 7 semaines, les 8 caractères de comportement alimentaires sont modérément à fortement héritables (tableau 2) : de 0,32 pour la proportion du temps de consommation efficace par repas (PFTM) en lignée mâle à 0,69 pour le nombre de repas en lignée femelle (NM). La consommation quotidienne (ADFI) est moins héritable ($h^2 = 0,20$ en lignée femelle et $h^2=0,30$ en lignée mâle) et il s'agit du caractère le plus affecté par la précorrection. Si l'on analyse les 10 caractères sans introduire le poids vif à 7 semaines en covariable (ADFI et FI ne peuvent être analysés simultanément car ils sont proportionnels) on obtient des héritabilités très semblables, mais avec une valeur pour ADFI qui est de 0,45 en lignée A et 0,49 en lignée B. La précorrection préconisée par Howie *et al.* (2011) montre que si la consommation est logiquement liée à la croissance, il existe une variabilité résiduelle de la consommation, exploitable en sélection.

La comparaison des héritabilités entre lignées (tableau 2) laisse apparaître de grandes similitudes pour la variabilité génétique des caractères de comportement

alimentaire, à l'exception du débit alimentaire FRV, qui est nettement plus héritable dans la lignée femelle. Les intervalles de confiance à 95% pour ce paramètre ne se chevauchent pas.

Parmi les corrélations génétiques (tableau 3) « fortes » ($|\rho_G| > 0,5$), certaines sont attendues par la construction des variables : positive et élevée entre la durée des repas MD et le temps quotidien consacré aux repas TDSF dans les deux lignées (+0,89 et +0,83), négative entre le débit alimentaire FRV et MD (-0,76 et -0,70) ou entre FRV et TDSF (-0,87 et -0,89 dans les lignées A et B respectivement). On note une corrélation de +0,69 entre la durée des repas et le nombre de visites par repas dans la lignée B, et plus faible ($\rho_G = 0,39$) dans la lignée A. D'autres corrélations sont moins intuitives : $\rho_G = -0,97$ dans les deux lignées entre le nombre de repas NM et la quantité ingérée par repas FIM et $\rho_G = -0,62$ entre NM et la proportion du temps passé à la mangeoire effectivement consacré à s'alimenter PFTM.

La plupart des autres corrélations entre les caractères de comportement alimentaires sont modérées, ce qui laisse supposer que l'on peut agir sur l'un sans fortement modifier les autres.

2.3 Liaison avec les caractères classiques d'intérêt agronomiques

Les héritabilités de BW7 et FI sont similaires dans les deux lignées. Celle de l'indice de consommation FCR est plus élevée dans la lignée mâle, mais les intervalles de confiance se recoupent.

Après correction de ADFI pour le poids vif, ce caractère présente une forte liaison avec l'indice de consommation FCR ($\rho_G = 0,84$ en lignée A et $\rho_G = 0,86$ en lignée B).

A l'exception de l'ADFI, FCR présente des liaisons faibles à modérées avec les caractères de comportement alimentaire dans la lignée A et légèrement plus importantes dans la lignée B. L'impact de la prise en compte de ces caractères sur la précision des valeurs génétiques des critères habituellement sélectionnés doit faire l'objet d'une analyse dédiée. Compte tenu de la faible amplitude de ces corrélations, le gain attendu sera vraisemblablement modéré, mais peut être non négligeable, du fait de la relative indépendance entre les caractères de comportement alimentaire, qui permet de cumuler l'information apportée par chacun d'entre eux.

CONCLUSION

Cette analyse constitue la première analyse de ce type publiée chez le Pékin de chair. Les paramètres obtenus sont du même ordre de grandeur que ceux estimés par Howie *et al* (2011), chez le poulet de chair. Les caractères de comportement alimentaires apparaissent modérément à fortement héritables et donc aisément

sélectionnables, étant données les faibles corrélations avec les caractères d'intérêt agronomique classiques. Comme eux, nous obtenons des différences seulement marginales entre les lignées.

La filière canard est très segmentée et l'exploitation des données RFID pour le Pékin de chair laisse entrevoir

un grand intérêt à explorer également les comportements alimentaires du canard gras (l'hybride mulard entre une cane Pékin et un mâle de Barbarie) en liaison avec son aptitude au gavage et avec le comportement alimentaire de ses parents.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Casey D.S., Stern H. S., Dekkers J.S.M. (2005) Journal of Animal Science, 83: 969-982.
Howie J. A., Tolkamp B. J., Avendano S., Kyriazakis I. (2009) Poultry Science, 88:1143-1150.
Howie J. A., Avendano S., Tolkamp B. J., Kyriazakis I. (2011) Poultry Science, 90:1197-1205.
Misztal I., Tsuruta S., Strabel T., Auvray B., Druet T., Lee D.H. (2002), 7th WCGALP, Montpellier, France
R Development Core Team (2008) ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>
Waller A (2007). Poultry International, 46:12-15.

Tableau 1. Statistiques élémentaires des performances analysées.

	Lignée A (lignée ♀)			Lignée B (lignée ♂)			lignée
	n	moyenne	écart type	n	moyenne	écart type	
NM	5121	256,8	72,2	4356	231,9	61,5	**
MD (min/repas)	4436	2,37	1,6	4356	2,49	1,2	**
FIM (g/repas)	4436	24,4	7,0	4356	30,9	8,9	**
FRV (g/min)	4436	25,2	6,7	4356	27,2	7,1	*
ADFI (g/jour)	4436	212,6	26,2	4356	246,1	32,0	**
VM	5121	1,272	0,18	4356	1,33	0,21	**
TDSF (min/jour)	4436	11,9	5,4	4356	12,71	4,6	*
PFTM	4434	0,64	0,2	4356	0,67	0,2	**
BW7 (g)	5121	3465	315	8940	3835	390,0	**
FI (g)	4893	5706	998	4356	6722	1184	*
FCR	4291	2,47	0,25	4356	2,54	0,27	-

NM= nombre total de repas, MD= durée des repas, FIM= quantité d'aliment par repas, FRV= débit alimentaire, ADFI= quantité totale d'aliment consommé par jour, VM= nombre de visites par repas, TDSF = temps à consommer total par jour, PFTM=rapport entre le temps à consommer par jour et le temps de présence cumulée à la mangeoire. BW7 = Poids vif 49j, FI = consommation totale, FCR = Indice de consommation

Niveau de signification de l'effet lignée en tenant compte de l'hétérogénéité introduite par les lots et le sexe: ‘-’ = P<0.1, ‘*’ = P<0.05 ; ‘***’ = P<0.01 ; ‘****’ P<0.001

Tableau 2 : Héritabilités (et Intervalle de Confiance à 95%) des 11 caractères analysés (après correction des caractères de comportement par BW7).

caractère	Lignée A (lignée ♀)		Lignée B (lignée ♂)	
	h ²	IC _{95%} (min ; max)	h ²	IC _{95%} (min ; max)
NM	0,69	0,62 ; 0,75	0,67	0,59 ; 0,74
MD (min/repas)	0,44	0,36 ; 0,51	0,44	0,36 ; 0,51
FIM (g/repas)	0,67	0,60 ; 0,73	0,66	0,59 ; 0,72
FRV (g/min)	0,60	0,53 ; 0,68	0,45	0,39 ; 0,52
ADFI (g/jour)	0,20	0,15 ; 0,26	0,30	0,24 ; 0,37
VM	0,37	0,30 ; 0,44	0,42	0,36 ; 0,50
TDSF (min/jour)	0,55	0,47 ; 0,63	0,46	0,38 ; 0,54
PFTM	0,40	0,33 ; 0,47	0,32	0,26 ; 0,38
BW7 (g)	0,68	0,62 ; 0,75	0,68	0,63 ; 0,73
FI (g)	0,47	0,41 ; 0,54	0,50	0,44 ; 0,57
FCR	0,24	0,18 ; 0,30	0,31	0,25 ; 0,38

NM= nombre total de repas, MD= durée des repas, FIM= quantité d'aliment par repas, FRV= débit alimentaire, ADFI= quantité totale d'aliment consommé par jour, VM= nombre de visites par repas, TDSF = temps à consommer total par jour, PFTM=rapport entre le temps à consommer par jour et le temps de présence cumulée à la mangeoire. BW7 = Poids vif 49j, FI = consommation totale, FCR = Indice de consommation

Tableau 3 : corrélations génétiques entre caractères et intervalle de confiance à 95% (lignée A au-dessus de la diagonale et lignée B en dessous de la diagonale).

	NM	MD	FIM	FRV	ADFI	VM	TDSF	PFTM	BW7	FI	FCR
NM		-0.13	-0.97	-0.02	0.09	-0.30	0.05	-0.62	-0.16	-0.08	-0.05
		-0.24	0.00	-0.12	-0.05	-0.41	-0.06	-0.70	-0.25	-0.18	-0.19
MD	-0.38		0.15	-0.76	-0.00	0.39	0.89	-0.30	-0.09	-0.07	0.07
	-0.49	-0.25	0.02	-0.82	-0.19	0.25	0.85	-0.43	-0.21	0.03	-0.09
FIM	-0.97	0.41		0.01	0.07	0.36	-0.05	0.59	0.19	0.17	0.18
	-0.98	-0.96		-0.10	-0.09	0.24	-0.17	0.50	0.09	0.28	0.04
FRV	0.06	-0.70	-0.06		0.06	-0.25	-0.87	0.05	0.14	0.14	-0.00
	-0.06	0.19	-0.18	0.07	-0.10	-0.39	-0.91	-0.09	0.04	0.25	-0.15
ADFI	-0.02	0.18	0.20	-0.01		0.08	0.10	0.06	0.18	0.62	0.84
	-0.17	0.12	0.02	0.33	0.06	-0.10	-0.08	-0.12	0.03	0.32	0.77
VM	-0.44	0.69	0.46	-0.36	0.13		0.20	-0.23	0.02	0.05	0.13
	-0.54	-0.31	0.59	0.77	0.35	0.57	0.06	-0.36	-0.11	0.14	-0.05
TDSF	-0.01	0.83	0.06	-0.89	0.26	0.41		-0.13	-0.13	-0.05	0.15
	-0.15	0.13	0.76	0.88	-0.08	0.19		-0.27	-0.24	-0.02	-0.01
PFTM	-0.61	-0.05	0.63	-0.21	0.07	-0.08	0.00		0.24	0.21	0.08
	-0.70	-0.50	-0.20	0.11	0.54	0.72	-0.15	0.34	0.13	0.35	-0.09
BW7	-0.02	-0.05	0.06	-0.09	0.16	-0.05	0.14			0.88	0.02
	-0.13	0.10	-0.18	0.08	-0.05	0.17	0.00	0.22		0.84	-0.11
FI	-0.03	0.07	0.16	-0.08	0.69	0.05	0.26	0.28	0.82		0.42
	-0.15	0.10	-0.07	0.21	0.04	0.28	0.12	0.14	0.77	0.86	0.30
FCR	-0.16	0.27	0.33	0.05	0.86	0.22	0.19	0.00	-0.05	0.46	0.53
	-0.30	-0.01	0.12	0.41	0.19	0.45	0.03	-0.16	-0.18	0.09	0.33

NM= nombre total de repas, MD= durée des repas, FIM= quantité d'aliment par repas, FRV= débit alimentaire, ADFI= quantité totale d'aliment consommé par jour, VM= nombre de visites par repas, TDSF = temps à consommer total par jour, PFTM=rappor entre le temps à consommer par jour et le temps de présence cumulée à la mangeoire. BW7 = Poids vif 49j, FI = consommation totale, FCR = Indice de consommation