

La Génétique au 7^{ème} Congrès Mondial de Cuniculture

Catherine LARZUL

INRA ,Station d'Amélioration Génétique des Animaux, BP 27, 31326 Castanet-Tolosan

Les ressources génétiques

Le papier invité (Bolet et coll.) a fait un premier bilan du programme européen d'évaluation et de conservation des races de lapins. Ce programme se remarque par son ampleur et le nombre de pays impliqués. Il visait à faire un inventaire des races européennes, à construire une banque de données, à en caractériser un certain nombre, et à créer une cryobanque. Les résultats présentés sont encore incomplets mais l'ensemble des actions menées dans ce programme ont été présentées. Des marqueurs génétiques ont été utilisés pour mesurer la diversité génétique des races : mitochondrial, complexe CMH et immunoglobulines, microsattellites, gènes codant pour des protéines. Si l'analyse complète des données reste à faire, il ressort des premiers résultats que les races domestiques ont une faible diversité allélique. L'évaluation zootechnique a été réalisée sur 10 souches pour les caractères de reproduction, de croissance, de carcasse (découpe), de caractéristiques musculaires (fibres et composition), de qualité de viande. Les résultats sont très variables d'une race à l'autre. La cryobanque contient à l'heure actuelle de la semence de 7 races et des embryons (1471) de 8 races. Les perspectives de ce programme sont également évoquées : compléter l'évaluation des races avec de nouveaux caractères, mais aussi de nouveaux marqueurs moléculaires ; approfondir l'étude de la diversité génétique en combinant toutes les informations (génétiques et phénotypiques) disponibles ; proposer des programmes de conservation *in situ*.

En ce qui concerne les races non européennes, les seuls travaux présentés comparent les races locales en croisement avec des types néozélandais pour évaluer leurs performances en milieu tropical. Abdel-Ghany et coll. montrent ainsi l'intérêt d'utiliser le baladi noir et le baladi rouge comme mâle terminal. Khalil et Afifi démontrent la supériorité des femelles croisées Gabali x Néozélandaise pour les caractères de reproduction.

La reproduction

Plusieurs exposés, notamment espagnol, ont été présentés sur la sélection pour des caractères de reproduction. Un certain nombre de résultats ont été obtenus à partir d'une expérience de sélection divergente sur la capacité utérine, mesurée comme la taille de portée de lapines uniovariectomisées. La sélection pour la capacité utérine augmente le taux d'ovulation et la survie embryonnaire, ainsi que la taille de portée (Santacreu et coll.). Il en ressort que ce caractère n'est pas le plus adapté pour augmenter la taille de portée, et que ce sont les mêmes gènes qui contrôlent la taille de portée des femelles qu'elle soit ou non uniovariectomisée (Argente et coll.). Par ailleurs la sélection pour augmenter la capacité utérine est difficile, et dans cette expérience de sélection, c'est plutôt dans la lignée basse que les évolutions ont été les plus importantes (Santacreu et coll.), laissant soupçonner la présence d'un gène majeur, avec un allèle défavorable rare. La mise en évidence de ce gène majeur n'est pas encore convaincante puisqu'il n'agirait que sur le nombre d'embryons implantés, sans agir ni sur le taux d'ovulation ni sur la capacité utérine (Argente et coll.). Il semble clair que la capacité utérine n'est pas une mesure adaptée pour augmenter la taille de portée, et Blasco et coll. suggèrent de sélectionner sur le taux d'ovulation. Dans d'autres espèces, il a été prouvé que la sélection pour une des composantes de la taille de portée (taux d'ovulation, survie embryonnaire) n'était pas plus efficace en raison des liaisons défavorables entre ces différentes composantes. Chez les lapins, cette liaison ne semble pas du même ordre et laisse entrevoir des possibilités intéressantes.

Un des éléments importants qui peut limiter la survie des lapereaux est le nombre de télines, surtout lorsque ce nombre devient limitant, notamment si le nombre de lapereaux dépasse de plus de 3 le nombre de télines (Moce et coll.). Toutefois, lorsque la taille de portée augmente, le nombre de télines augmente également.

Garcia et coll. ont par ailleurs remontré que la sélection pour la taille de portée au sevrage était efficace (+0.09 lapereau par génération), en augmentant respectivement le taux d'ovulation et la taille de portée à la naissance. Le dispositif mis en place n'a cependant pas permis de montrer que les caractéristiques de la survie embryonnaire ou la taille de portée à 63 jours étaient également améliorées.

Dans ces expériences, on peut mentionner que l'utilisation d'embryons congelés, prélevés dans des générations précédentes, a permis de mesurer le progrès génétique sans conservation de lignée témoin. Cet outil est particulièrement précieux, que ce soit dans les expériences de sélection ou dans les populations en sélection pour évaluer le progrès génétique.

Un autre sujet d'étude pour la reproduction est la longévité des lapines. Ce sujet a été abordé par comparaison de souches californienne et néozélandaise et étude du croisement, la seconde apparaissant avec un taux de survie beaucoup plus élevé, en pur ou en croisement (Lukefahr et Hamilton). La longévité a également fait l'objet d'une estimation de paramètres génétiques, en utilisant comme critère de longévité le nombre de portées (Youssef et coll.). Ce caractère est cependant faiblement héritable. L'approche de Lukefahr est plus originale et semble une voie prometteuse pour l'amélioration de la longévité des lapines en étudiant les courbes de survie des lapines.

La croissance

Ces estimations ont été menées soit en population en sélection (Garreau et coll.) ou en expérience de sélection. Le point le plus remarquable concerne l'étude de la relation entre la taille de portée et la croissance post-sevrage. Il est difficile d'étudier cette relation sous l'angle de la génétique, sachant qu'il y a un fort effet phénotypique. Cette démonstration est illustrée par le travail de Garcia et coll. : la sélection sur la taille de portée au sevrage a un effet sur le poids à 9 semaines, mais si on se ramène à taille de portée égale (par régression), il n'y a plus d'effet ni sur la croissance, ni sur l'indice de consommation. Cela signifie que les animaux ne sont pas génétiquement différents dans les petites et les grandes portées mais qu'ils sont défavorisés par les conditions en pré-sevrage. Les conclusions de Garreau et coll. sont identiques : génétiquement, la croissance n'est pas affectée par l'augmentation de la taille de portée. Enfin, les résultats sur une expérience de sélection pour le poids de la portée à 60 jours montrent également une augmentation de la croissance sans augmentation de la taille de portée (Gomez et coll.).

Les conséquences de la sélection sur la croissance ont également été évaluées sur d'autres caractères : sur la carcasse et la qualité de la viande (Larzul et coll.) mais aussi sur la forme des courbes de croissance (Piles et coll.). Il est ainsi montré que la sélection sur un poids ou sur la vitesse de croissance augmente tous les poids mais ne modifie pas la courbe de croissance, et de ce fait, à âge constant, modifie peu les caractéristiques des carcasses (rendement). L'étude en croisement pour comparer des mâles de lignées terminales à des mâles non sélectionnés sur le poids aboutit à la même conclusion (Lobera et coll.), quoique dans ce cas soit observé un effet sur l'efficacité alimentaire.

La sélection pour la vitesse de croissance est bien balisée. Les effets sur les autres caractères, hormis les caractères de fécondité, sont encore trop peu connus : les présentations concernant les réponses corrélées sur l'efficacité alimentaire sont rares. Quant à l'estimation de la variabilité génétique de la qualité de la carcasse et de la viande, elle est quasiment inexistante. Ces études sont pour l'instant menées dans le cadre de comparaison de souches et non pas pour évaluer leur variabilité intra souches.

Les méthodes

Les méthodes REML (pour l'analyse des composantes de la variance) et BLUP (pour l'estimation des valeurs génétiques) sont maintenant largement utilisées. Toutefois, de nouvelles méthodologies apparaissent pour analyser les expériences de sélection, notamment le « gibbs sampling ». Leur avantage, dans l'analyse des expériences de sélection, est de pouvoir obtenir une estimation des progrès génétiques sans connaître les paramètres génétiques de la population, paramètres difficiles à estimer avec précision dans les populations où peu d'individus sont mesurés. Ces méthodologies sont cependant en cours de développement, car elles ne permettent pas d'étudier tous les cas de figure notamment lorsque plusieurs caractères sont sélectionnés. Ces méthodes sont pour l'instant uniquement utilisées par l'équipe de Valence (Blasco et coll., Pires et coll.), mais devrait se développer dans les années à venir.

En ce qui concerne les modèles d'analyses, une seule présentation a été faite sur l'estimation de la dominance et des effets maternels sur la croissance (Lukefahr et coll.). Il faudrait sans doute approfondir les modèles d'analyse de la variabilité génétique en tenant compte d'effets non pris en compte systématiquement dans les modèles d'analyse : la dominance, mais aussi les effets maternels directs (effets dus à la mère mais qui sont transmissibles d'une génération à l'autre). Cependant, ces modèles ne peuvent être explorés que dans des populations où la structure des familles le permet. Faut-il développer ce genre d'études ?

Enfin, l'amélioration des schémas n'a été abordée qu'au travers du travail de Rochambeau pour montrer la transmission du progrès génétique à partir du noyau de sélection en utilisant ou l'insémination artificielle. Le thème de l'insémination artificielle comme moyen d'améliorer la transmission du progrès génétique a d'ailleurs fait l'objet d'une table ronde. Le bilan de l'utilisation de l'IA dans différents pays européens a montré que cette pratique s'est fortement répandue dans les dernières années mais qu'il reste des obstacles pour s'en servir comme un véritable outil pour accroître les gains génétiques.

La génétique moléculaire

Les cartes génétiques du lapin ont déjà été mentionnées dans de précédents congrès mais pour l'instant, le nombre de marqueurs développés et utilisés a toujours été réduit. Lors de ce congrès, la première carte génétique du lapin, élaborée de manière systématique avec recherche de marqueurs sur l'ensemble du génome a été présentée (Korstanje et coll.). Cette carte a été construite avec des marqueurs microsatellites (44) et AFLP (280). Ce dernier type de marqueurs, moins coûteux à obtenir que les marqueurs microsatellites, est très intéressant pour rechercher des QTL dans des populations ayant peu de moyens pour développer des cartes aussi élaborées que celles des porcs ou des bovins.

Le développement de cette carte s'est fait dans un cadre où le lapin est un modèle biomédical, sur des lignées de lapins consanguines. La première recherche de QTL réalisée par cette équipe a été faite pour l'artériosclérose. Mais cette première carte peut servir de base à des programmes de recherche de QTL à des fins zootechniques. Il reste cependant à élaborer ces programmes, et à définir les caractères pour lesquels il faudrait rechercher ces QTL.