

Analyse de la longévité des lapines d'une lignée commerciale

G. LENOIR¹, M. MAUPIN¹, C. LELOIRE¹, H. GARREAU²

¹ SARL HYCOLE, Route de Villers-Plouich, 59159 Marcoing, France.

² INRA, SAGA Chemin de Borde Rouge, BP 52627, 31326 Castanet Tolosan, France.

Résumé. Cette étude s'attache à déterminer l'existence d'un déterminisme génétique de la longévité chez les lapines de la lignée D Hycole. La longévité reproductive des femelles, mesurée par le nombre d'inséminations artificielles, est évaluée par la méthode de l'analyse de survie. L'étude porte sur l'analyse de la longévité de 20 410 femelles, entrées en production entre janvier 2005 et décembre 2012. L'héritabilité estimée pour la longévité est de 0,12. Les corrélations d'indices génétiques de la longévité avec les critères sélectionnés dans la lignée D sont favorables et ont permis une amélioration de ce critère entre 2005 et 2012. L'existence d'un déterminisme génétique de la longévité laisse entrevoir la possibilité d'une sélection sur ce critère.

Abstract. Survival analysis of longevity in breeding does. This study aims to estimate the genetic variability of longevity in Hycole does from the line D. Reproductive longevity, measured by the number of artificial inseminations, is treated by survival analysis. The results of 20 410 rabbit does in the data set, inseminated from January 2005 to December 2012 are analyzed. Heritability for longevity is 0.12. Genetic index correlations between longevity and selected trait on the D line are favorable. As a consequence, the genetic value of longevity has been improved between 2005 and 2012. The genetic variability of longevity allows its use in a breeding program.

Introduction

Dans un contexte de réduction de l'utilisation des médicaments en élevage cunicole, les schémas de sélection doivent continuer à améliorer la productivité de leurs lapines en intégrant cette nouvelle contrainte. Le schéma de sélection Hycole a mis en place un projet sur 5 ans afin de confronter des méthodes de sélection de la longévité des lapines dans des conditions d'alimentation non-médicamenteuses. La première partie de ce projet, présentée dans cette publication, concerne l'analyse de la durée de vie productive des femelles par la méthode dite de l'analyse de survie.

La notion de longévité fait référence, en élevage, à la longévité fonctionnelle de l'animal, à savoir la durée de carrière reproductive allant de la mise à la reproduction jusqu'à la réforme ou la mort de l'animal (Garreau et al., 2008). Il est donc question d'améliorer la capacité des animaux à ne pas succomber à la maladie ou à des problèmes de reproduction, tout en maintenant des performances reproductives (Theilgaard et al., 2009). L'héritabilité de la longévité fonctionnelle chez la lapine est faible à moyenne selon la méthode et le caractère étudié, de 0,05 à 0,24 (Garreau et al., 2001 ; Sánchez et al., 2006 ; Piles et al., 2006).

En France, une expérience de sélection divergente sur la longévité en utilisant l'analyse de survie a été mise en place en 2004 (Garreau et al., 2008). Cette expérience de sélection a permis d'obtenir une longévité supérieure de 0,92 insémination artificielle (IA) en faveur de la lignée à forte longévité (Garreau et al., 2008). Il n'a pas été montré de différences significatives sur les critères de reproduction. Une étude espagnole réalisée sur la lignée Prat (LP), sélectionnée sur la longévité, a mis en avant des

conclusions proches de l'expérience française (Sanchez et al., 2008).

L'objectif de cette étude est de valider la méthode de l'analyse de survie dans des conditions non expérimentales et avec l'objectif d'améliorer la lignée commerciale D Hycole.

1. Matériel et méthodes

1.1. Données

Les données étudiées correspondent aux carrières des femelles de la lignée maternelle D élevées dans la station de Ribecourt-la-Tour (59). Cette lignée est sélectionnée sur les critères : poids du lapereau le plus léger à la naissance, nombre de nés vivants, poids de la portée à 28 jours, nombre de mamelles et poids adulte de la femelle. Cette lignée est conduite selon un cycle de reproduction de 42 jours d'intervalle entre chaque IA. Une bande de mise-bas (MB) a lieu chaque semaine. Les performances issues de chaque IA et MB sont enregistrées ainsi que la cause et la date de sortie (mort ou réforme) de chaque femelle.

Les femelles sont réformées en priorité pour raison sanitaire puis pour raison technique. Les principales causes de réforme technique sont : un mauvais état général, la fertilité (2 IA négatives), la prolificité (< 6 nés totaux), une valeur d'index inférieure à 100... Dans cette population, la femelle a effectué une carrière complète à partir de la 11^e IA (réforme pour fin de carrière), certaines femelles allant au-delà selon la situation. Pour l'étude, les femelles ayant réalisées plus de 11 IA ont été censurées.

Les femelles conservées pour l'analyse sont celles entrées en production entre janvier 2005 et décembre 2012, à savoir 20 410 femelles. Les animaux sont évalués à partir de leur 1^{ère} IA fécondante. Le taux de censure du fichier de données est de 26%, se

décomposant en 14 % de femelles ayant réalisées plus de 11 IA et 12% de femelles dont la cause de réforme n'a pu être déterminée de manière précise. Ces femelles sont issues de 913 pères et 850 grands-pères maternels. Le fichier des généalogies comporte 60835 individus mâles et femelles, avec parents connus, nés entre 2000 et 2012.

1.2. Méthodes

Les données de longévité sont étudiées par analyse de survie, à l'aide du "kit de survie" (Ducrocq et al., 2010). Cette méthode permet le traitement de modèles paramétriques ou semi-paramétriques, pour des données continues ou discrètes, avec des facteurs dépendants du temps.

La fonction de risque d'un individu i ($i = 1 \dots n$) au temps t , c'est-à-dire la probabilité de mourir ou d'être réformé au temps t , est modélisée par :

$$\lambda_i = \lambda_0(t) \cdot \exp [x'_i(t) \cdot \beta + \alpha_i]$$

où $\lambda_0(t)$ est la fonction de risque de base au temps t , $x'_i(t) \cdot \beta$ représente les effets fixes et α_i les effets aléatoires (Piles et al., 2006).

La variable temps retenue est le nombre d'IA à partir de la 1^{ère} IA fécondante. Cette variable discrète a été préférée au nombre de jours de carrière car elle autorise un meilleur ajustement du modèle (Piles et al., 2006).

Trois analyses successives sont réalisées. Une première permet de déterminer les effets fixes significatifs ($p < 0,001$). Cette analyse permet aussi d'estimer le risque attribué à chaque niveau des effets. La seconde analyse consiste en l'estimation des paramètres génétiques du caractère en utilisant le modèle père/grand-père maternel. La troisième analyse est effectuée avec un modèle animal afin d'estimer la valeur génétique (VG) de chaque individu, les paramètres de variance étant fixés.

Le modèle d'analyse retenu prend en compte comme effets fixes significatifs dépendant du temps : l'effet de l'année et la saison de l'IA, l'effet du rang de portée (1, 2, 3 et plus), l'effet du stade physiologique de la femelle pendant la gestation (allaitante ou non), l'effet de la taille de portée à la naissance (NT). Le modèle prend aussi en compte une covariable indépendante du temps à savoir l'âge à la première MB, exprimé en jours. Des effets aléatoires sont aussi inclus dans le modèle dans le cas du modèle père/grand-père maternel : l'effet génétique du père et l'effet génétique du grand-père maternel et dans le cas du modèle animal : l'effet génétique de l'individu.

L'héritabilité est obtenue en tenant compte de la proportion d'enregistrements non censurés p et de la variance père σ_S^2 :

$$h^2_{\text{equi}} = \frac{4 \sigma_S^2}{\sigma_S^2 + \frac{1}{p}} \quad (\text{Yazdi et al., 2002}).$$

Pour l'interprétation des résultats, chaque niveau des effets ainsi que les VG des animaux sont exprimés en

valeur de risque, risque pour un individu de mourir ou d'être réformé.

L'analyse de survie ne permettant pas d'analyse multicritères, les coefficients de corrélations d'indices génétiques entre les VG du caractère longévité et les VG des caractères actuellement sélectionnés ont été calculés avec le logiciel ASReml (Gilmour et al., 2009). Les VG des autres critères sélectionnés : nombre de nés vivants (NV), poids de la portée à 28 jours (SEV), nombre de mamelles (N), poids de la femelle adulte (P) et poids du lapereau le plus léger à la naissance (MIN) sont estimées par la méthode BLUP modèle animal avec ASReml.

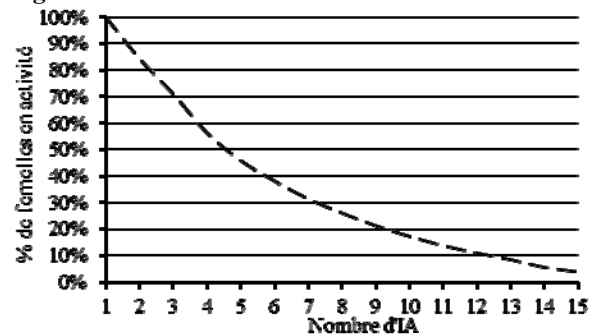
Le progrès génétique annuel est estimé en calculant la moyenne des valeurs génétiques des femelles reproductrices par année de naissance et en calculant la régression de ces valeurs génétiques moyennes sur l'année de naissance.

2. Résultats et discussion

2.1. Courbe de survie

La courbe de survie des femelles est présentée dans la figure 1. Une forte proportion des femelles disparaît au cours des premières IA, 45% des femelles sont toujours présentes à la 5^e IA. Après la 7^e IA, les femelles disparaissent moins rapidement.

Figure 1. Courbe de survie des femelles



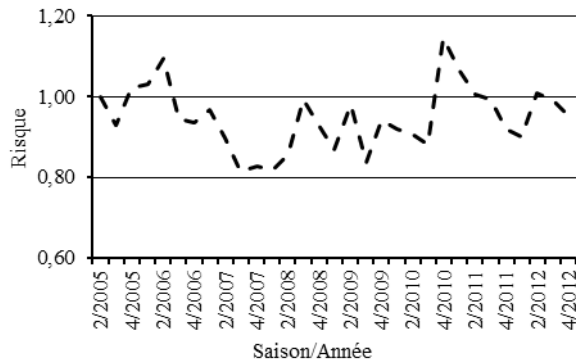
La durée moyenne des carrières est de 5,7 IA. Cette valeur, plus faible que celle observée par Garreau et al. en 2001 (7,5 IA), s'explique par le taux de renouvellement important appliqué à la population en sélection (120-140% par an) et par une réforme plus rapide pour infertilité (2 IA négatives contre 3) et performances techniques. La disparition des femelles est causée dans 80,2% des cas par la réforme et dans 19,8% par la mortalité.

2.2. Représentation des risques des effets fixes dépendants du temps

La figure 2 représente l'évolution du risque pour une femelle de mourir ou d'être réformée en fonction du facteur Saison/Année d'IA. Le risque de mortalité ou de réforme tend à diminuer entre 2005 et fin 2008 (baisse du risque de 20%). Ce risque tend à légèrement augmenter en 2009 avec des variations saisonnières plus fortes et un pic début 2011. Cette augmentation s'explique par une réduction progressive et continue de la médication dans l'élevage, accompagnée d'une politique de réforme

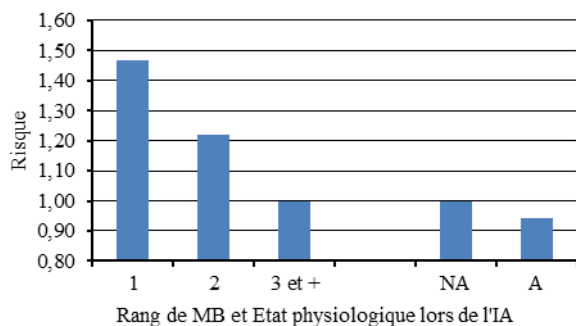
sanitaire plus stricte, 80% des animaux sortis sont réformés.

Figure 2.1 Effet de la saison et de l'année d'IA sur le risque de mourir ou d'être réformée (1=1^{er} trimestre, 2=2^e trim. 3=3^e trim. 4=4^e trim.)



Concernant l'effet du rang de MB, le risque est 1,47 fois plus important pour une femelle de mourir ou d'être réformée lors de la première MB qu'en troisième MB ou au-delà (figure 3). Cette tendance est cohérente avec la courbe de survie (figure 1) et les résultats de Piles et al. (2006).

Figure 3.2 Effet du rang de MB (1, 2, 3 et +) et de l'état physiologique lors de l'IA (NA : non allaitante, A : allaitante) sur le risque de mourir ou d'être réformée

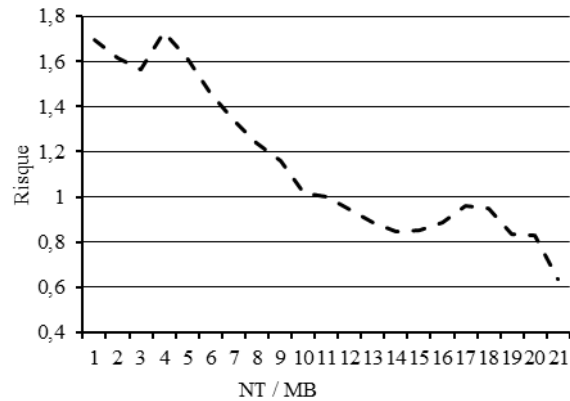


La probabilité de survie est plus faible pour une femelle non allaitante au moment de l'IA, c'est à dire une femelle non gestante à la suite de l'IA précédente ou sans lapereau vivant à la MB. Ce phénomène s'explique par le choix de réformer les femelles pour des raisons d'infertilité (16,7% des femelles réformées), critère qui peut être un indicateur de l'état corporel et sanitaire de la femelle.

Pour l'effet de la taille de portée, le risque de réforme ou de mortalité diminue avec l'augmentation de la taille de portée (figure 4). Une femelle avec au moins 13 lapereaux a 2 fois plus de chance d'être conservée qu'une femelle avec moins de 5 lapereaux. L'augmentation de la taille de portée n'a donc pas d'effet négatif sur la longévité, probablement du fait de la réforme des femelles moins prolifiques (12,5% des femelles réformées). Le risque semble se stabiliser à partir de 12 lapereaux. Au-delà de 17 lapereaux, l'évolution du risque est difficilement interprétable du

fait du faible nombre de femelles présentes. Une faible taille de portée et l'infertilité augmentent le risque de mort ou de réforme et semblent résulter de problèmes pathologiques (Piles et al., 2006).

Figure 4.3 Effet de la taille de portée (NT/MB) sur le risque d'être réformée ou de mourir.



Le coefficient de régression pour l'effet de l'âge à la 1^{ère} MB (jours) est de 0,0053, signifiant que plus le début de la carrière de la femelle a lieu tardivement, plus la probabilité de survie diminue. Un décalage de la 1^{ère} MB de 2 semaines augmente le risque de réforme de 7,4%.

2.3. Paramètres génétiques

L'estimation de la variance père, selon le modèle père / grand-père maternel, retenue est de 0,04056 soit une héritabilité de 0,116 pour le caractère longévité. Ces valeurs de paramètres sont un peu inférieures à celles estimées dans la lignée INRA1077, dans des conditions assez proches, par Piles et al. (2006, $h^2=0,172$ et $0,187$) mais du même ordre de grandeur que celles estimées dans d'autres populations (de 0,05 à 0,24, Garreau et al., 2001). Etant donné, la part importante de femelles réformées pour non adaptation aux objectifs de sélection dans ces données (infertilité, prolificité et mauvais état général principalement), le caractère étudié est probablement un peu différent de celui évalué sur la lignée 1077 car englobant une notion de productivité plus importante. Cette valeur d'héritabilité permet tout de même d'envisager une sélection efficace pour la longévité.

2.4. Corrélations d'indices génétiques

L'ensemble des indices génétiques des critères sélectionnés dans cette lignée sont corrélés favorablement avec l'indice génétique de la longévité (baisse du risque de mort/réforme, tableau 1).

Tableau 1. Corrélations d'indices génétiques entre la longévité et les critères sélectionnés dans la lignée.

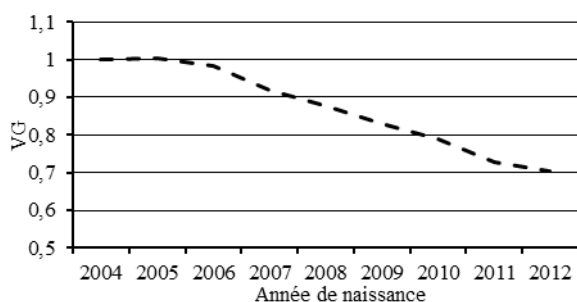
	Longévité
Nés vivants	-0,72
Poids de la portée au sevrage	-0,70
Nombre de tétines	-0,39
Poids adulte	-0,20

Les corrélations sont fortes et favorables avec les critères nés vivants et poids de la portée au sevrage. Cette tendance semble indiquer que l'aptitude à la longévité d'une femelle est liée à l'amélioration de ses capacités reproductives et allaitantes. Les publications de Tudela *et al.* (2003) et de Sánchez *et al.* (2004) vont dans le sens d'une indépendance entre la longévité et les critères de productivité. Selon Garreau *et al.* (2001), les femelles avec une taille de portée plus importante ont tendance à réaliser un nombre d'IA supérieur. En effet, un niveau de performance plus faible peut être l'indicateur d'un mauvais statut sanitaire ou d'un état corporel insatisfaisant. Ces corrélations favorables peuvent aussi s'interpréter par le fait que les femelles les moins adaptées aux objectifs de sélection sont réformées plus rapidement. La sélection de ces caractères tendrait donc à améliorer la longévité des femelles.

2.5. Evolution génétique de la longévité.

L'évolution de la valeur génétique pour le critère longévité montre une évolution favorable du critère (figure 5). Le risque de réforme/mort des femelles a diminué de 30% entre 2005 et 2012 (risque de 1 à 0,7). Cette évolution est cohérente avec les corrélations d'indices génétiques calculées entre la longévité et les caractères sélectionnés.

Figure 5. Evolution de la valeur génétique (VG) moyenne pour le critère longévité par année de naissance.



L'amélioration du niveau génétique est une réponse indirecte à la sélection pour les critères de productivité, liée aux corrélations favorables qui existent entre ces critères et la longévité. Cette tendance illustre une amélioration de l'adaptation des femelles de la lignée aux objectifs de production dans des conditions de réduction de l'utilisation des médicaments.

Conclusion

Cette étude met en avant la possibilité d'une sélection directe de la longévité par la méthode de l'analyse de survie chez la lapine de lignée D et ce malgré une forte pression de réforme dans la population. L'héritabilité obtenue pour ce critère est proche de celles de la littérature. Les taux de réformes appliqués

et la confusion entre réforme volontaire et involontaire peuvent expliquer une héritabilité (0,116) plus faible que celle obtenue dans la lignée INRA 1777 (0,172 et 0,187) dans des conditions proches. Un meilleur système de notation des causes de sortie au sein de la station de sélection pourrait certainement améliorer les paramètres génétiques. Les corrélations d'indices génétiques estimées entre la longévité et les critères sélectionnés actuellement sont favorables.

L'évolution génétique de la longévité montre une meilleure adaptation des femelles aux objectifs et conditions de production. Ces résultats montrent qu'il est possible d'utiliser la méthode de l'analyse de survie dans une population sélectionnée où une forte pression de réforme volontaire est appliquée afin d'améliorer la durée de vie reproductive. L'introduction du critère longévité dans l'objectif de sélection pourrait accélérer la baisse du risque de sortie des animaux ainsi que leur capacité d'adaptation aux conditions d'élevage.

Références

- DUCROCQ V., SOLKNER J., MESZAROS G. 2010. Survival Kit v6 - a software package for survival analysis. 9th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany.
- GARREAU H., LARZUL C., DUCROCQ V. 2001. Analyse de la longévité de la souche de lapins INRA 1077. 9^{èmes} Journées de la Recherche Cunicole, 217-220.
- GARREAU H., DUCROCQ V., TUDELA F., SALEIL G., JUIN H., LARZUL C. 2008. Divergent selection for longevity in breeding does. 9th World Rabbit Congress, 97-101.
- GILMOUR A.R., GOGEL B.J., CULLIS B.R., THOMPSON R., 2009. ASReml User Guide Release 3.0. VSN International Ltd. Hemel Hempstead. HP1 1ES. UK.
- PILES M., GARREAU H., RAFEL O., LARZUL C., RAMON J., DUCROCQ V. 2006. Survival analysis in two lines of rabbits selected for reproductive traits. *J. Anim. Sci.* 84, 1658-1665.
- SANCHEZ J.P., PEIRO R., SILVESTRE M.A., BASELGA M. 2004. Analysis of factors influencing longevity of rabbit does. *Livest. Prod. Sci.* 90, 227-234.
- SANCHEZ, J.P., KORSGAARD I.R., DAMGAARD L.H., BASELGA M. 2006. Analysis of rabbit does longevity using a semiparametric log-normal animal frailty model with time-dependent covariates. *Genet. Sel. Evol.* 38, 281-295.
- SANCHEZ J.P., THEILGAARD P., MINGUEZ C., BASELGA M. 2008. Constitution and evaluation of a long-lived productive rabbit line. *J. Anim. Sci.* 86, 515-525.
- THEILGAARD P., BASELGA M., BLAS E., FRIGGENS N.C., CERVERA C., PASCUAL J.J. 2009. Differences in productive robustness in rabbits selected for reproductive longevity or litter size. *Animal* 3(5), 637-46.
- TUDELA F., HURTAUD J., GARREAU H., DE ROCHAMBEAU H. 2003. Comparaison des performances zootechniques de femelles parentales issues d'une souche témoin et d'une souche sélectionnée sur la productivité numérique. 10^e Journées de la Recherche Cunicole, 53- 56.
- YAZDI M.H., VISSCHER P.M., DUCROCQ V., THOMPSON R. 2002. Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. *J. Dairy Sci.* 85, 1563-77.