

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.

(GENECAN)

Responsable Scientifique du Projet : Mme MARIE-ETANCELIN Christel
Christel.Marie-Etancelin@toulouse.inra.fr

UR 631 Station d'Amélioration Génétique des Animaux
(SAGA)
INRA-Chemin de Borde Rouge
BP 52 627
31326 CASTANET TOLOSAN Cedex

Mots clés : canard, qtl, qualité des produits, salmonelle, comportement

Résumé

La filière "foie gras" française assure plus de 80 % de la production mondiale, en valorisant majoritairement le canard mulard, hybride issu du croisement de la cane commune et du canard de Barbarie. Cette filière, aujourd'hui confrontée à des contraintes réglementaires européennes de bien-être animal, est soucieuse d'adapter les souches d'animaux à ces nouveaux systèmes d'élevage (en améliorant le comportement des animaux en logements collectifs), mais aussi de garantir la sécurité sanitaire des produits, notamment l'absence de Salmonelles. De plus, l'effort permanent de la filière reste l'amélioration de la qualité des produits. La contribution de la génétique, qui jusqu'alors avait surtout été centrée sur les caractères de production, s'adapte à ces évolutions du contexte, en développant de nouveaux objectifs de sélection. En parallèle, la disponibilité récente de marqueurs microsatellites chez le canard permet la mise en œuvre d'une génétique plus proche du gène, en recherchant des régions chromosomiques (QTL) ayant une influence sur ces caractères d'intérêt.

L'objectif du présent projet est de progresser sur la connaissance du déterminisme génétique de caractères très originaux – comportement, métabolisme lipidique, sécurité sanitaire- chez un animal modèle -le canard engraisé- en utilisant des outils et concepts de génomique. D'une part, cette primo-détection de QTL d'intérêt économique va nous permettre de connaître les zones du génome qui contrôlent ces caractères ainsi que les mécanismes métaboliques sous-jacents qui modifient le phénotype. Dans un second temps, le génotypage sélectif de descendants ainsi que l'utilisation de puces à ADN spécifiques du métabolisme hépatique dans les familles où des QTL ségrégent, vont nous permettre d'avancer plus vite vers le ou les gènes impliqués.

Les travaux, étalés sur 3 ans et coordonnés par la SAGA (INRA Toulouse), sont répartis en 4 volets:

1) La production des familles informatives (8 pères F1, 400 filles back-cross et 1600 mulards mâles) est réalisée à l'Unité Expérimentale de INRA à Artiguères. Pour maximiser l'hétérozygotie des pères, nous avons opté pour un croisement entre 2 souches expérimentales d'origines et d'aptitudes différentes.

2) La mesure des phénotypes sur les descendants mulards mobilise l'UE d'Artiguères et 5 équipes de chercheurs de 3 structures différentes : INRA-SRA, INP-ENSAT et Université de Pau et des Pays de l'Adour. La phase de mise au point des techniques de mesure a eu lieu en 2005, pour une mise en œuvre entre 2005 et 2007.

3) Le génotypage des animaux (les femelles back-cross, leurs parents et grand-parents soit un total de 550 canards), aura lieu sur la plateforme de la Génopole toulousaine, sous la responsabilité de l'équipe aviaire du LGC. Cette équipe complète actuellement le panel de marqueurs pour disposer de 150 marqueurs informatifs répartis sur les chromosomes du canard.

4) L'analyse statistique pour la détection de QTL sera réalisée par l'équipe 'Palmipèdes' de la SAGA en collaboration avec les partenaires.



INRA

Programme dont la gestion et l'animation sont confiées à l'INRA

Pour la première fois, au plan international, des QTL impliqués dans les caractères de gavage seront recherchés. Les résultats originaux attendus sur la synthèse lipidique hépatique chez le canard serviront aux études des autres espèces avicoles. A la fin du projet les zones chromosomiques influençant les caractères de qualité du foie gras et du magret, le comportement des animaux ainsi que leur résistance au portage de salmonelles seront identifiées. Par ailleurs, la carte génétique du canard commun basée sur des marqueurs microsatellites sera disponible.

Ce projet, fortement co-financé et soutenu par le CIFOG est en adéquation avec les priorités affichées par la filière et les préoccupations du SYSAAF (Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français). C'est un projet d'avenir pour les 3 sélectionneurs palmipèdes à gaver, et un passage obligé pour accéder à des approches génomiques innovantes.

Partenaires du projet

Equipe 1 (Equipe du Responsable Scientifique du projet) :

UR 631 Station d'Amélioration Génétique des Animaux (SAGA), INRA, CASTANET TOLOSAN

Responsable scientifique : Mme MARIE-ETANCELIN Christel

Equipe 2 :

UR 444 Laboratoire de Génétique Cellulaire (LGC), INRA, CASTANET TOLOSAN

Responsable scientifique : Mr VIGNAL Alain

Equipe 3 :

Institut National Polytechnique de Toulouse, Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Toulouse (INP-ENSAT), CASTANET TOLOSAN

Responsable scientifique : Mr FERNANDEZ Xavier

Equipe 4 :

Laboratoire de Nutrition et Biologie Appliquée, IUT des Pays de l'Adour Mont de Marsan (LNBA-IUT des Pays de l'Adour Mont de Marsan), MONT DE MARSAN

Responsable scientifique : Mr DAVAIL Stéphane

Equipe 5 :

UR 83 Station de Recherche Avicole (SRA), INRA, NOUZILLY

Responsable scientifique : Mme BAEZA Elisabeth

Equipe 6 :

UR 1282 Infectiologie Animale et Santé Publique (IASP), INRA, NOUZILLY

Responsable scientifique : Mr VELGE Philippe

Equipe 7 :

UE 89 Unité Expérimentale des Palmipèdes à Foie Gras d'Artiguères (UEPFG), INRA, BENQUET

Responsable scientifique : Mr GUY Gérard

Equipe 8 :

Comité Interprofessionnel des Palmipèdes à Foie Gras-CIFOG, PARIS

Responsable scientifique : Mr SCHWEBEL Jean

