

Analyse génétique de la survie et de la santé des jeunes veaux Charolais

Genetic analysis of survival and disease resistance in Charolais beef cattle

VINET A. (1), LECLERC H. (2), MARQUIS F. (3), PHOCAS F. (1)

(1) UMR1313 GABI, INRA, AgroParisTech, Univ. Paris-Saclay, 78 350 Jouy-en-Josas, France

(2) Institut de l'Élevage, INRA UMR1313 GABI, 78 350 Jouy-en-Josas, France

(3) GIE Charolais France, Agropôle du Marault, 58 470 Magny-Cours, France

INTRODUCTION

Les maladies des veaux ont un impact économique majeur pour les élevages de bovins allaitants mais les études génétiques consacrées à ce sujet sont rares. Les performances de survie et santé des veaux de la naissance à l'âge d'un mois ont été enregistrées dans 16 élevages de bovins Charolais afin d'estimer les paramètres génétiques des caractères de santé du jeune veau. Le but de l'étude était d'apprécier les possibilités de sélection directe de la santé des veaux ainsi que de sélection indirecte au travers de performances zootechniques simples à collecter, telles que la vigueur à la naissance ou la survie à un mois.

1. MATERIEL ET METHODES

Les données analysées proviennent de 16 élevages Charolais génétiquement bien connectés dans lesquels les événements de santé de la naissance à l'âge d'un mois ont été enregistrés entre août 2013 et juillet 2015 pour 2740 veaux Charolais issus de 2044 mères et 252 pères. Les données de survie ont été extraites de la base de données nationale utilisée pour l'évaluation génétique en ferme (Leclerc et al., 2016). Les caractères analysés sont la survie à 30 jours (**surv**, notée 0 = veau mort à 30 jours ou 1 = veau vivant à 30 jours), la vigueur du veau à la naissance (**vig**, notée de 1 = veau assisté pour se lever et atteindre la mamelle à 4 = veau très vigoureux), la résistance aux infections ombilicales et aux diarrhées pour deux tranches d'âge : 0-5 jours et 6-20 jours (respectivement, **omb1**, **diar1**, **omb2**, **diar2**, notées 0 pour les veaux atteints et 1 pour les veaux non atteints par la pathologie concernée). Les variances génétiques directes et maternelles ont été estimées sous un BLUP modèle animal avec effets maternels génétique et d'environnement commun (Vinet et al., 2018). Les effets de milieu identifiés pour tous les caractères sont le groupe de contemporains, défini par la combinaison troupeau x année x saison de naissance, et l'âge de la mère au vêlage. Le sexe des veaux a un effet sur **surv**, **vig**, **omb1** et **omb2**, alors que la gémellité n'a d'effet que sur **vig**.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les héritabilités directes et maternelles varient selon les caractères de 0 à 8,2 % (tab. 1). Les effets génétiques maternels sont plus importants que les effets génétiques directs pour expliquer la variabilité phénotypique des caractères **surv**, **omb2** et **diar1**. Les effets génétiques impliqués dans la résistance aux diarrhées semblent dépendre de l'âge du veau, l'influence de l'effet maternel diminuant avec l'âge au profit de l'effet génétique direct. A l'opposé, pour les infections ombilicales c'est l'impact de la génétique directe du veau qui diminue avec l'âge au profit de l'effet génétique maternel. L'environnement maternel commun explique entre 0 et 16,8 % de la variabilité totale des caractères (tab. 1). Cet effet est supérieur à la somme des effets génétiques pour **vig** et **diar2**. Peu de corrélations génétiques sont significativement différentes de zéro. La corrélation génétique estimée entre les effets directs de **surv** et **vig** (tab. 2) indique que plus le veau est vigoureux à la naissance plus sa probabilité de survie à un mois est élevée. En conséquence, une diminution de la mortalité pourrait résulter de l'amélioration génétique de **vig** dont l'héritabilité directe est très supérieure à celle de **surv** (tab. 1). Les effets génétiques directs de **surv** et **vig** sont

favorablement corrélés à la résistance génétique directe de **diar2** et **omb1** (tab. 2). A l'inverse, les associations entre les effets génétiques maternels de **surv** et tous les effets génétiques maternels de résistance aux maladies sont défavorables. De même la plupart des corrélations génétiques maternelles sont très défavorables entre les caractères de résistance aux maladies (tab. 2), ce qui suggère que la sélection pour améliorer la résistance génétique maternelle à un type d'infection du veau pourrait affecter fortement la résistance aux autres infections.

Tableau 1 Moyenne, héritabilités directes (h^2d) et maternelles (h^2m) et part de la variance phénotypique due à l'environnement maternel commun (c^2) (erreurs standard entre parenthèses)

	surv	vig	omb1	omb2	diar1	diar2
moy	93.3%	3.55	97.1%	96.5%	94.7%	88.3%
h^2d	0,023 (0,03)	0,073 (0,04)	0,071 (0,04)	0 (ne)	0 (ne)	0,016 (0,02)
h^2m	0,070 (0,04)	0 (ne)	0,017 (0,03)	0,082 (0,03)	0,044 (0,03)	0,012 (0,02)
c^2	0,088 (0,06)	0,168 (0,05)	-	-	0,046 (0,05)	0,10 (0,05)

ne = non estimable

Tableau 2 Corrélations génétiques directes (triangle supérieur) et maternelles (triangle inférieur) (erreurs standard entre parenthèses)

	surv	vig	omb1	omb2	diar1	diar2
surv		0,53 (0,56)	0,32 (0,52)	-	-	0,71 (1,01)
vig	-		0,27 (0,33)	-	-	0,999 (ne)
omb1	-0,52 (0,50)	-		-	-	-0,07 (0,61)
omb2	-0,34 (0,27)	-	-0,68 (0,87)		-	-
diar1	-0,48 (0,39)	-	0,49 (0,78)	-0,68 (0,32)		-
diar2	-0,59 (0,53)	-	-0,999 (ne)	-0,85 (0,49)	0,33 (0,52)	

ne = non estimable

CONCLUSION

Cette étude indique l'existence d'une variabilité génétique pour la vigueur, la survie, les diarrhées et les infections ombilicales des veaux Charolais. Ces premiers résultats devront être renforcés par des études à grande échelle avec plusieurs dizaines de milliers de veaux phénotypés. Ils permettent d'envisager la possibilité d'une sélection génomique de la résistance aux maladies du veau à condition de constituer la population de référence adéquate et de l'entretenir au fil du temps. Ces premiers résultats suggèrent que la sélection simultanée de tous les caractères de santé ne sera pas facile en raison des antagonismes génétiques estimés.

Les auteurs remercient les financeurs des projets DEGERAM (Fonds Européen de Développement Régional, Régions Bourgogne et Limousin) et MORPHE (France Génétique Elevage) et les 14 éleveurs et 2 unités expérimentales INRA (Bourges et Le Pin-au-Haras) ayant collecté les données.

Leclerc H. et al., 2016. 23èmes Journées 3R (p. 149-152).

Vinet A et al., 2018. J. Anim. Sci. 96(4):1246-1258.