

ÉTUDE DES MESURES DE CONFORMATION DU POULET

IV. — VARIABILITÉ GÉNÉTIQUE DES MENSURATIONS DE CARCASSE ET D'UN ÉCART VIANDE/OS CHEZ DES COQUELETS « BRESSE-PILE » (1)

F.-H. RICARD et R. ROUVIER

Avec la collaboration technique de G. MARCHE, F. LAFONT, Marcelle NEAUD,
et l'aide du personnel de l'Atelier de Calcul de la Station centrale de Génétique animale.

Station expérimentale d'Aviculture du Magneraud, 17 - Saint-Pierre d'Amilly
Station centrale de Génétique animale,
Centre national de Recherches zootechniques, 78 - Jouy-en-Josas

SOMMAIRE

Nous avons étudié 15 mensurations corporelles, prises au niveau du tronc et du membre postérieur, sur 315 coquelets âgés de 11 semaines et appartenant à 32 familles de la souche *Bresse-pile*. Nous avons déterminé le poids vif vide ainsi qu'un critère de qualité, appelé écart viande/os qui est l'écart du poids de viande observé au poids estimé à partir de la droite de régression poids de viande — poids d'os.

Dans notre échantillon, le poids et les mensurations présentent une variabilité génétique élevée. L'héritabilité « mère » de l'écart viande/os est forte mais son héritabilité « père » est nulle.

Nous avons appliqué la méthode des composantes principales à l'analyse des 4 matrices des corrélations entre les 15 mensurations (corrélations totales, intra-familles, génétiques « mère » et génétiques « père »), puis nous avons étudié en détail les 2 premières composantes obtenues. Les 4 analyses concordent. Elle confirment nos résultats précédents et montrent, au moins pour la souche étudiée, que ces 2 composantes ont une réalité biologique : facteur de taille générale pour la première, facteur de compacité du corps pour la seconde. Les 2 composantes sont génétiquement indépendantes et leurs héritabilités sont élevées.

L'écart viande/os est lié positivement, quoique faiblement, aux composantes de taille générale et de compacité. Les corrélations génétiques avec l'angle de poitrine (0,589) et le tour du pilon (0,414) montrent que ces 2 mensurations peuvent être utilisées pour améliorer indirectement l'importance relative de la viande et de l'os sur la carcasse.

INTRODUCTION

L'étude simultanée de différentes mensurations corporelles a permis à quelques chercheurs d'exprimer la variabilité morphologique des animaux. Nous avons mentionné ces travaux dans nos études précédentes sur le poulet (ROUVIER et RICARD,

(1) Une version plus courte de cette étude a été présentée au 13^e Congrès mondial d'Aviculture, Kiev (U. R. S. S.), août 1966.

1965 et 1966). Nous avons montré, par l'analyse en composantes principales des corrélations phénotypiques, que la plus grande partie de la variance analysée pouvait s'expliquer par les deux premières composantes, que nous avons interprétées comme un facteur de « taille générale » et un facteur de « compacité ». La même méthode a été appliquée aux corrélations génétiques entre différentes caractéristiques de carcasses de porcs par SMITH *et al.* (1962, 1965).

Au point de vue pratique, les mensurations corporelles peuvent permettre une estimation de la qualité de la carcasse, en particulier de l'importance relative de la viande et de l'os. BIRD (1943) a utilisé pour cela l'écart du poids vif observé au poids vif estimé à partir de la droite de régression poids vif-longueur du pilon. Nous avons cité précédemment (RICARD et ROUVIER, 1965) de nombreux autres auteurs qui avaient calculé des corrélations entre les mensurations et divers rendements en viande.

Dans le présent travail, nous faisons une étude phénotypique et génétique de 15 mensurations prises au niveau du tronc et du membre postérieur, en utilisant la méthode des composantes principales. Nous recherchons les variances et covariances génétiques des composantes de taille générale et de compacité obtenues à partir de l'analyse des corrélations phénotypiques. Nous étudions les relations entre les mensurations et les 2 composantes d'une part, le poids vif et un index de qualité lié à l'importance relative de la viande et de l'os d'autre part.

MATÉRIEL, EXPÉRIMENTAL,

Trois cent quinze coquelets, obtenus en 10 lots d'éclosion, ont été abattus à l'âge de 11 semaines. Ils appartenaient à 32 familles pédigrées (8 coqs et 4 poules par coq) d'une même souche dite *Bresse-pile*. Les 15 mensurations suivantes ont été prises sur la carcasse plumée : longueur du tronc, longueur du bréchet, longueur des blancs, hauteur de poitrine, profondeur des blancs, largeur du thorax, largeur du bassin, angle de poitrine, tour de poitrine, longueur de la cuisse, longueur du pilon, longueur de la patte, longueur du doigt médian, tour du pilon et diamètre de la patte. Les animaux et les mensurations ont été décrits en détail précédemment (RICARD et ROUVIER, 1965 ; ROUVIER et RICARD, 1966).

Au cours de l'éviscération, les organes digestifs (jabot, ventricule sucenturié, gésier, intestins) ont été vidés de leur contenu, ce qui nous a permis de calculer pour chaque poulet un poids vif « vide ».

Sur la carcasse éviscérée, nous avons disséqué et pesé directement : les muscles pectoraux ; la viande (peau non comprise) et les os frais des cuisses, des pilons et des 2 premiers segments des ailes. Le reste de la carcasse (sans la peau mais avec les bouts des ailes) a été mis à cuire pendant 75 minutes dans le panier d'un autocuiseur. Les os ont été séparés de la viande puis mis à l'étuve à 100°C pendant 24 heures et pesés secs. Nous avons estimé pour ce « reste de carcasse » :

$$1^{\circ} \text{ poids d'os frais} = 2,7 \times \text{poids d'os secs}$$

$$2^{\circ} \text{ poids de viande} = \text{poids reste carcasse} - \text{poids os frais}$$

Le coefficient 2,7 a été obtenu en pesant frais puis sec l'ensemble des os des cuisses, des pilons et des ailes de 32 poulets du même âge et de la même souche que ceux étudiés ici (RICARD, données non publiées). Finalement, nous avons pu estimer un poids total de viande et un poids total d'os de la carcasse éviscérée.

CALCULS ET RÉSULTATS

Nous avons calculé précédemment les paramètres statistiques des mensurations de carcasses (ROUVIER et RICARD, 1966). Les tests de normalité des distributions ont abouti à des χ^2 non significatifs à l'exception de ceux concernant la longueur du

bréchet, la hauteur et le tour de poitrine. Le lot d'éclosion n'avait pas d'effet sur l'homogénéité des variances, excepté pour la profondeur des blancs et l'angle de poitrine. Au contraire, l'effet sur les moyennes était presque toujours significatif, sauf pour la longueur des blancs, la hauteur et l'angle de poitrine. Nous indiquons dans le tableau 1 les valeurs de la moyenne et de la variance phénotypique de chaque mensuration.

Pour les nouvelles variables, les χ^2 de normalité ne sont pas significatifs :

Poids vif vide	$\chi^2 = 2,6$ pour 7 degrés de liberté
Poids de viande	$\chi^2 = 1,5$ pour 6 degrés de liberté
Poids d'os	$\chi^2 = 4,6$ pour 8 degrés de liberté

Nous avons vérifié que la liaison entre le poids de viande et le poids d'os pouvait être considérée comme linéaire ($F = 1,06$ pour 260 et 53 degrés de liberté). La corrélation entre le poids de viande et le poids d'os est de 0,902. La droite de régression a pour équation :

$$y = 3,40 x + 63,6$$

L'écart-type de la pente de la droite est de 0,092. Dans cette équation, x est le poids d'os et y le poids de viande, tous deux exprimés en grammes. Pour chaque poulet, nous avons calculé l'écart du poids de viande observé au poids estimé par la droite de régression. Les écarts ont été comptés parallèlement à l'axe des ordonnées et exprimés en unité d'écart-type du poids de viande lié par le poids d'os. Les nouvelles variables sont ces écarts multipliés par 10 et auxquels nous avons ajouté une constante égale à 50 pour ne pas avoir de nombres négatifs. Dans la suite du mémoire, nous appellerons cette variable « écart viande/os ».

Nous avons effectué une analyse hiérarchique (père-mère-poulet) des variances et covariances pour les 15 mensurations corporelles, le poids vif vdie et l'écart viande/os. Dans le tableau 1 sont résumés les résultats de l'analyse des variances : carrés moyens intra-famille (c'est-à-dire entre pleins frères-intra-mères), entre mères-intra-pères et entre pères. Les carrés moyens entre mères-intra-pères sont tous significatifs au seuil 1 p. 100 par rapport aux carrés moyens intra-familles. Dans le cas présent, où on peut considérer que les sous-classes ont des effectifs égaux (4 poules par coq, 10 enfants par poule), on peut également tester l'effet « père » en comparant le carré moyen entre pères au carré moyen entre mères-intra-pères. Pour toutes les mensurations et le poids vif vide, on obtient un F significatif au seuil 1 p. 100. L'écart viande/os donne lieu à un carré moyen « père » plus petit que le carré moyen « mère ». Il en résulte une valeur négative, quoique faible, pour l'estimation de la variance génétique due au père ($\hat{\sigma}_p^2 = -0,095$).

Nous donnons dans le tableau 1 les valeurs des composantes mère et père des héritabilités, avec leurs écarts-types. Ces derniers ont été calculés en utilisant les formules de GRAYBILL et ROBERTSON (1957). Nous n'avons pas indiqué la valeur de la composante père pour l'écart viande/os, étant donné la valeur négative de l'estimation de la variance génétique correspondante. Si on suppose que l'écart observé entre les composantes mère et père provient principalement de l'échantillonnage, on peut calculer une héritabilité moyenne de cet écart qui est ici de 0,52.

Les coefficients de corrélation obtenus par l'analyse des covariances sont rassemblés dans le tableau 2. Nous n'avons pas calculé les corrélations génétiques père

TABLEAU I
Paramètres statistiques et génétiques des variables

Variables		Paramètres statistiques		Carrés moyens			Héritabilités			
Désignation	unité	moyenne	variance phénotypique	entre frères intra-mères (DL = 283)	entre mères intra-pères (DL = 24)	entre pères (DL = 7)	mère		père	
							h^2	s	h^2	s
1 Longueur du tronc	mm	183,7	62,10	40,94	123,13	708,06	0,52	0,22	0,93	0,46
2 Longueur du bréchet	mm	107,0	28,65	21,48	44,52	263,95	0,32	0,17	0,76	0,40
3 Longueur des blancs	mm	171,1	52,52	36,70	91,87	557,42	0,41	0,19	0,87	0,44
4 Hauteur de poitrine	mm	101,2	31,60	18,57	85,73	372,85	0,83	0,29	0,89	0,49
5 Profondeur des blancs ..	mm	28,2	4,59	3,48	10,43	30,52	0,58	0,24	0,44	0,32
6 Largeur du thorax	mm	49,6	14,96	11,45	26,93	116,10	0,41	0,20	0,59	0,35
7 Largeur du bassin	mm	77,9	19,22	12,83	40,35	204,87	0,56	0,23	0,84	0,45
8 Angle de poitrine	grade	62,2	19,38	14,21	41,29	153,42	0,56	0,23	0,57	0,37
9 Tour de poitrine	mm	261,6	150,96	75,82	492,15	2 018,99	1,08	0,29	0,99	0,54
10 Longueur de la cuisse	mm	105,6	28,63	18,08	80,03	279,15	0,86	0,29	0,69	0,44
11 Longueur du pilon	mm	149,3	59,93	32,26	137,78	642,55	0,77	0,28	0,92	0,49
12 Longueur de la patte	mm	116,3	38,07	24,26	93,89	405,09	0,72	0,26	0,81	0,46
13 Longueur du doigt	mm	79,5	19,93	14,45	42,81	162,99	0,57	0,23	0,60	0,38
14 Tour du pilon	mm	110,5	36,61	24,49	100,17	308,65	0,82	0,28	0,56	0,39
15 Diamètre patte	1/10 mm	97,0	40,97	27,07	86,31	447,36	0,57	0,23	0,87	0,46
16 Poids vif vide	dag	143,2	325,87	183,96	887,02	4 133,70	0,85	0,29	0,98	0,51
17 Écart viande/os	—	50,0	99,96	74,40	334,11	330,80	1,05	0,32	—	—

concernant l'écart viande/os. Pour cette variable, nous avons calculé les corrélations génétiques globales mère + père en divisant la somme des covariances génétiques mère et père par la racine carrée du produit des sommes des variances génétiques mère et père. Comme dans le cas de l'héritabilité moyenne, ce calcul suppose l'égalité statistique des corrélations mère et père, ce que nous n'avons pas pu vérifier. Les estimations de ces corrélations génétiques globales sont indiquées dans la colonne 18 du tableau 2.

Nous avons analysé les 4 matrices de corrélations obtenues (corrélations phénotypiques totales, intra-familles, génétiques mère, et génétiques père) selon la méthode des composantes principales (HOTELLING, 1933). Les 2 premières matrices comprenaient dans leur diagonale des coefficients de fidélité calculés selon la formule :

$$\rho = 1 - \frac{\sigma_e^2}{\sigma_x^2}$$

où σ_e^2 est la variance de l'erreur aléatoire de mesure et σ_x^2 la variance de la mesure. σ_e^2 a été estimé partir à des différences algébriques entre 2 répétitions de la même mesure (RICARD et ROUVIER, 1965). σ_x^2 est la variance phénotypique totale dans le cas de la matrice des corrélations totales et la variance intra-familles de mères dans le cas de la matrice des corrélations intra-famille. Pour les 2 groupes de corrélations génétiques, la matrice comprenait des 1 dans sa diagonale principale.

Le tableau 3 indique les caractéristiques des 2 premières composantes pour chacune des 4 matrices de corrélations étudiées. Les corrélations données comme résultat de l'analyse des matrices génétiques père et mère doivent s'interpréter comme des corrélations entre les valeurs génotypiques des composantes et des mensurations. Les 2 premières composantes expliquent environ 78 p. 100 de la variance analysée pour la matrice des corrélations totales et la matrice des corrélations intra-famille, 87 p. 100 pour la matrice « génétique mère » et 95 p. 100 pour la matrice « génétique père ». Les caractéristiques des autres composantes n'ont pas été indiquées, étant donné leur intérêt moindre (ROUVIER et RICARD, 1966).

Les corrélations observées entre les 2 composantes et les mensurations corporelles sont le plus souvent du même ordre de grandeur dans les 4 analyses faites. Cependant, la 2^e composante présente des corrélations souvent plus fortes en valeur absolue dans l'analyse de la matrice « génétique père », ce qui correspond au fait que sa variance est plus élevée. Autre exception, la longueur du bréchet est en corrélation fortement négative avec la 2^e composante dans le cas de l'analyse « génétique mère », mais la corrélation est légèrement positive dans l'analyse « génétique père ». Cela semble provenir de la différence des corrélations génétiques père et mère entre l'angle de poitrine et la longueur du bréchet : 0,946 pour la corrélation « père » et 0,555 pour la corrélation « mère ». Le faible nombre de coq étudiés (8) peut expliquer un écart d'échantillonnage important pour la corrélation génétique père.

Dans le cas de la première analyse (corrélations phénotypiques totales), nous avons calculé les corrélations entre les 2 premières composantes et les 2 critères de qualité : poids vif vide et écart viande/os. Nous avons estimé les héritabilités et les corrélations génétiques de ces 2 composantes selon la méthode établie par ROUVIER (1966). Les valeurs obtenues pour les héritabilités et les corrélations avec les critères de qualité sont indiqués dans le tableau 4.

Par définition, les 2 composantes doivent être indépendantes sur le plan phénotypique. Le calcul de leur corrélation génétique montre qu'il en est de même sur le plan génétique. Nous obtenons en effet :

A gauche de la diagonale se trouvent les corrélations phénotypiques totales (1^{re} ligne) génétiques « mère » (1^{re} ligne) et les corrélations génétiques « père » (2^e ligne). Dans la colonne

	1	2	3	4	5	6	7	8
1		.555	.868	.821	.698	.667	.633	.476
Long. tronc		.946	.981	.860	.577	.624	.958	.253
2	.762		.761	.839	.788	.299	.386	-.227
Long. bréchet	.749		.893	.652	.381	.734	.867	.585
3	.854	.803		.935	.838	.695	.682	.374
Long. blancs	.815	.787		.846	.519	.704	.978	.278
4	.737	.662	.710		.736	.729	.751	.245
Haut. poitrine	.681	.651	.628		.829	.230	.664	-.206
5	.510	.504	.452	.648		.528	.478	.060
Prof. blancs	.469	.491	.382	.604		-.086	.497	-.356
6	.517	.333	.527	.254	.067		.921	.489
Larg. thorax	.473	.258	.467	.163	.018		.829	.813
7	.786	.657	.783	.591	.739	.633		.396
Larg. bassin	.766	.650	.747	.528	.668	.546		.552
8	.237	.050	.225	-.094	-.158	.551	.315	
Angle poitrine	.188	-.018	.190	-.156	-.169	.515	.248	
9	.845	.716	.825	.875	.560	.499	.739	.145
Tour poitrine	.809	.708	.781	.821	.505	.440	.668	.099
10	.862	.702	.818	.759	.493	.480	.727	.202
Long. cuisse	.798	.689	.770	.672	.421	.404	.664	.167
11	.877	.706	.821	.741	.525	.445	.768	.196
Long. pilon	.828	.691	.785	.634	.414	.400	.742	.190
12	.851	.725	.804	.735	.495	.462	.729	.165
Long. patte	.787	.695	.738	.604	.377	.389	.678	.150
13	.682	.598	.671	.613	.651	.358	.640	.000
Long. doigt	.644	.698	.614	.475	.539	.320	.605	.058
14	.623	.514	.661	.538	.313	.515	.677	.319
Tour pilon	.594	.500	.626	.536	.270	.351	.565	.193
15	.602	.500	.563	.399	.218	.491	.619	.268
Diam. patte	.551	.421	.498	.430	.192	.350	.536	.110
16	.858	.704	.851	.694	.437	.635	.848	.376
Poids vif vide	.842	.697	.834	.656	.381	.533	.796	.323
17	.100	.139	.132	.086	.173	.127	.145	.383
Écart viande/os	.081	.140	.101	.073	.132	.063	.082	.317

(¹) Seuils de signification pour les corrélations phénotypiques à 5 p. 100 : 0,111 ; à 1 p. 100 : 0,146.

Corrélation génétique due à la mère = 0,011

Corrélation génétique due au père = 0,005

J 2

ons
 es corrélations intra-familles (2^e ligne). A droite de la diagonale se trouvent les corrélations
 indiquées les corrélations génétiques mère + père entre les mensurations et l'écart viande/os.

9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
.861	1,009	.983	.967	.621	.863	.876	.916	.032	.157
.998	.989	.961	.984	.907	.538	.585	.885	—	
.750	.697	.743	.850	.629	.532	.844	.617	-.067	.149
.873	.844	.801	.811	.552	.622	.622	.872	—	
.913	.879	.908	.992	.717	.821	.891	.889	.118	.220
.988	1,009	.909	.928	.907	.716	.588	.931	—	
.987	.857	.857	.958	.802	.746	.765	.899	.076	.119
.901	.951	.937	.929	1,004	.293	-.007	.594	—	
.747	.739	.787	.906	.706	.627	.880	.729	.273	.303
.677	.583	.805	.652	.796	.123	-.314	.403	—	
.811	.814	.760	.785	.618	.912	.789	.875	.151	.338
.630	.550	.408	.539	.341	1,018	.912	.907	—	
.810	.789	.748	.757	.642	.987	.699	.857	.107	.313
.931	.925	.878	.888	.802	.843	.841	1,020	—	
.248	.406	.325	.279	-.137	.557	.281	.457	.524	.589
.218	.131	.105	.119	-.134	.708	.957	.524	—	
	.917	.916	.976	.817	.794	.845	.937	.036	.176
	1,009	.972	1,004	.955	.640	.432	.889	—	
.847		.983	.982	.732	.938	.967	.983	-.006	.109
.777		.958	.994	1,007	.472	.411	.819	—	
.831	.902		.983	.678	.867	.841	.949	.022	.171
.749	.862		.970	.975	.411	.380	.776	—	
.845	.868	.910		.677	.853	.920	.963	.036	.137
.751	.802	.870		.983	.484	.380	.825	—	
.651	.716	.738	.767		.756	.719	.749	-.101	.020
.539	.655	.704	.743		.413	.179	.827	—	
.708	.682	.615	.629	.473		.857	.946	.212	.114
.712	.647	.594	.560	.417		.720	.877	—	
.566	.578	.521	.572	.435	.616		.846	-.090	.185
.535	.522	.485	.544	.440	.535		.794	—	
.884	.852	.838	.831	.640	.836	.680		.155	.311
.863	.821	.824	.794	.600	.799	.600		—	
.180	.146	.176	.157	-.004	.333	.059	.310		
.198	.168	.188	.172	-.010	.308	.014	.324		

TABLEAU 3

Caractéristiques des 2 premières composantes principales obtenues par analyse des corrélations entre les 15 mensurations de carcasse :

Caractéristiques	1 ^{re} composante				2 ^e composante			
	(1)	(2)	(3)	(4)	(1)	(2)	(3)	(4)
I — Valeurs propres								
Valeur absolue	9,448	8,722	44,501	10,751	4,708	4,620	4,755	3,538
P. 100 variance analysée.....	66,35	63,06	76,67	71,67	42,03	41,71	41,70	23,59
II — Corrélations avec les mensurations								
Longueur du tronc	0,934	0,919	0,919	0,992	— 0,002	0,020	0,133	— 0,057
Longueur du bréchet	0,807	0,816	0,752	0,889	— 0,178	— 0,224	— 0,609	0,219
Longueur des blancs	0,912	0,890	0,948	0,994	0,021	0,053	— 0,058	0,013
Hauteur de poitrine	0,809	0,759	0,933	0,843	— 0,383	— 0,409	— 0,438	— 0,536
Profondeur des blancs	0,552	0,497	0,822	0,584	— 0,485	— 0,481	— 0,354	— 0,687
Largeur du thorax	0,570	0,491	0,828	0,696	0,592	0,610	0,396	0,699
Largeur du bassin	0,855	0,824	0,820	0,984	0,214	0,194	0,339	0,224
Angle de poitrine	0,232	0,177	0,336	0,332	0,838	0,851	0,852	0,910
Tour de poitrine	0,927	0,895	0,962	0,999	— 0,096	— 0,112	— 0,069	— 0,124
Longueur de la cuisse	0,922	0,890	0,982	0,979	— 0,037	— 0,005	— 0,090	— 0,190
Longueur du pilon	0,924	0,904	0,960	0,946	— 0,077	0,025	0,003	— 0,283
Longueur de la patte	0,921	0,886	1,001	0,964	— 0,076	— 0,012	— 0,094	— 0,213
Longueur du doigt	0,765	0,731	0,786	0,900	— 0,166	— 0,013	— 0,296	— 0,436
Tour du pilon	0,750	0,723	0,925	0,680	0,250	0,093	0,324	0,572
Diamètre de la patte	0,663	0,625	0,942	0,566	0,289	0,112	— 0,086	0,811

(1) phénotypiques totales, (2) intra-familles, (3) génétiques « mère » et (4) génétiques « père »

DISCUSSION

1. *Variabilité de chaque caractère*

Le carré moyen « mère » est significativement supérieur au carré moyen entre frères pour l'ensemble des variables étudiées et le carré moyen « père » est significativement supérieur au carré moyen mère, à l'exception de celui concernant l'écart viande/os. Il existe donc des différences génétiques entre familles, ce qui donne la possibilité d'améliorer ces caractères par la sélection.

Les valeurs que nous obtenons pour l'héritabilité sont dans l'ensemble nettement supérieures à celles citées pour les poulets (LERNER *et al.*, 1947 ; COLLINS *et al.*, 1950 ; KISH, 1953 ; BRUNSON *et al.*, 1956 ; SIEGEL et ESSARY, 1959 ; MERRITT et GOWE, 1962). Mais chaque calcul d'héritabilité est un cas particulier, qui dépend de la souche et du milieu. Or, dans nos conditions d'élevage la souche étudiée a toujours montré une très forte variabilité génétique (données non publiées). D'autre part, les écarts-types sont élevés, principalement en ce qui concerne l'héritabilité père, ce qui souligne l'importance de l'erreur d'échantillonnage dans nos calculs.

Dans notre échantillon, le père ne semble pas avoir d'influence sur l'importance relative de la viande et de l'os chez ses enfants. La grande différence observée entre les estimations des composantes mère et père de l'héritabilité peut provenir en grande partie de fluctuations d'échantillonnage. Mais elle peut traduire également un effet différé de l'œuf maternel ainsi que l'action de gènes dominants ou liés au sexe. Nos données ne permettent pas de conclure car nous n'avons étudié que des coquelets.

2. *Variabilité morphologique globale*

Nous l'avons précisée à partir des résultats des analyses en composantes principales (tabl. 3). Nos résultats confirment ceux rapportés précédemment (ROUVIER et RICARD, 1965 et 1966) et les généralisent au cas de l'étude des corrélations génétiques. La première composante traduit une augmentation simultanée des valeurs phénotypiques et génotypiques des 15 mensurations. C'est un facteur de « taille générale ». La deuxième composante est un facteur de « compacité ». Elle traduit une opposition entre le groupe des larges, d'une part, certaines longueurs, la hauteur de poitrine et la profondeur des blancs, d'autre part. La variabilité génétique importante que nous trouvons pour ces 2 composantes confirme les hypothèses émises sur leur signification biologique.

Dans le cas de la matrice des corrélations phénotypiques, le facteur de taille générale est fortement lié au poids (tabl. 4). Nous avons observé un résultat semblable sur le poulet vivant (ROUVIER et RICARD, 1965). L'héritabilité de cette composante est élevée. WEBER (1957) avait obtenu un résultat analogue à partir de mensurations corporelles de vaches. WRIGHT (1932) avait émis l'hypothèse de gènes agissant sur la taille générale à la suite d'une analyse factorielle de mensurations d'os de lapins et de poules.

Les 4 analyses faites montrent que la longueur du tronc est une bonne mesure de la taille générale et que l'angle de poitrine lui est peu lié. Cela confirme nos résultats précédents : on peut utiliser la longueur du tronc comme mesure intrinsèque de la taille. Mais l'analyse des corrélations génétiques montre que d'autres variables ont fortement liées à la taille, en particulier la longueur de la patte.

La composante de compacité est importante puisqu'elle explique environ 24 p. 100 de la variance analysée pour la matrice « génétique père » et 12 p. 100 dans les 3 autres cas. De plus, les valeurs observées pour l'héritabilité sont fortes (tabl. 4). Il semble donc possible de faire une sélection massale efficace sur un index de compacité. Celui-ci peut se définir à partir d'un petit nombre de mensurations, par exemple en utilisant les équations établies dans notre travail précédent (ROUVIER et RICARD, 1966).

La deuxième composante explique une part plus importante de la variance dans l'analyse « génétique père » et l'estimation de l'héritabilité due au père est très élevée (1,090). On peut penser que les coqs ont une grande influence sur la forme de leurs descendants, ce qui rejoint les observations de MAW et MAW (1938).

Il est intéressant de noter que d'après les corrélations observées entre les première et deuxième composantes, on peut conclure à l'indépendance de la taille générale et de la forme (compacité), à la fois sur le plan phénotypique et sur le plan génétique. Cela est une conséquence de la méthode d'expression de la taille et de la forme : les 2 composantes principales sont phénotypiquement indépendantes du fait même de la méthode de calcul ; d'après la relation entre les corrélations phénotypiques, génétiques et dues au milieu (cf. FALCONER, 1961, p. 315), on peut penser qu'elles sont également indépendantes sur le plan génétique. Quoiqu'il en soit, cette méthode d'expression de la taille et de la forme donne la possibilité de sélectionner indépendamment sur chacun de ces deux caractères.

3. Relations entre l'écart viande/os et la conformation

L'importance relative de la viande et de l'os a été souvent exprimée par le rapport viande/os (STOTTS et DARROW, 1953 ; VOLKOV, 1958 ; KONDRA et al., 1962 ; POTEMKOWSKA et SZYMKIEWICZ, 1962 ; HOWES et al., 1962 ; BALJOSOV, 1963). Mais si le poids de viande et le poids d'os sont distribués normalement, ce qui est le cas pour nos données, leur rapport ne suit pas une loi normale. Au contraire, les écarts à la droite de régression sont théoriquement des variables normales sur lesquelles on peut appliquer les calculs statistiques. Il est donc préférable de les utiliser.

Une estimation indirecte de l'écart viande/os a été faite par BIRD (1943) qui a calculé l'écart du poids vif observé au poids estimé à partir de la droite de régression poids vif — longueur du pilon. Il s'agit d'un critère facile à déterminer sur le poulet vivant, mais qui n'est peut-être pas suffisamment précis. En effet, nous observons sur nos données les corrélations suivantes :

	<i>Poids de viande</i>	<i>Poids d'os</i>
Corrélation totale avec		
1° le poids vif	0,976	0,938
2° la longueur du pilon	0,835	0,840
Corrélation partielle avec la longueur du pilon, à poids vif constant	0,143	0,286
Corrélation partielle avec le poids vif à longueur de pilon constante.....	0,920	0,791

Ces résultats montrent que, pour notre échantillon, la longueur du pilon n'est pas une mesure spécifique du poids d'os.

Nos données permettent de voir dans quelle mesure on peut estimer l'écart viande/os indirectement à partir des mensurations de carcasse (tabl. 2 et 4). Les corrélations phénotypiques sont peu élevées. Les plus fortes concernent l'angle de poitrine (0,383), le tour du pilon (0,333) et le poids vif vide (0,310). De même, la corrélation phénotypique est faible entre l'écart viande/os et la composante de taille générale (0,178) ou la composante de compacité (0,200). Sur le plan phénotypique, la conformation n'a donc pas une grande influence sur l'importance relative de la viande et de l'os.

TABLEAU 4

Relation avec les critères de qualité et héritabilité des composantes obtenues à partir de la matrice des corrélations phénotypiques totales

Caractéristiques	1 ^{re} composante principale	2 ^e composante principale
<i>Corrélations phénotypiques</i>		
Avec le poids vif vide	0,938	0,200
Avec l'écart viande/os	0,178	0,200
<i>Corrélations génétiques mère + père</i>		
Avec le poids vif vide	0,955	0,244
Avec l'écart viande/os	0,223	0,336
<i>Héritabilités</i>		
h^2 mère	0,805	0,430
h^2 père	0,926	1,090

Sur le plan génétique, nous obtenons une corrélation globale mère + père un peu plus forte entre l'écart viande/os et la composante de compacité (0,336). Les poulets les plus compacts ont donc tendance à avoir une meilleure répartition de la viande et de l'os sur la carcasse. Pour les mensurations prises individuellement, la plus forte valeur de la corrélation génétique « mère » s'obtient avec l'angle de poitrine (0,524). C'est aussi la seule qui soit supérieure à 2 fois son écart-type, lequel est égal à 0,17. Les corrélations génétiques globales mère + père font apparaître 2 mensurations intéressantes : l'angle de poitrine ($r = 0,589$) et le tour du pilon ($r = 0,414$). On peut remarquer qu'il s'agit des mensurations qui représentent le mieux l'état musculaire du poulet. Ce sont *a priori* celles qu'il faudrait utiliser dans un index de sélection indirecte pour améliorer l'importance relative de la viande par rapport à l'os dans notre souche de poulet.

CONCLUSION

Dans nos travaux précédents, nous avons montré comment les mesures de conformation pouvaient être utilisées pour exprimer la taille et la forme du poulet. La présente étude nous a permis de préciser la variabilité génétique des expressions

mathématiques de la composante de taille générale et de la composante de forme liée à la compacité de la carcasse. Ces 2 composantes ont, dans notre souche, une réalité biologique.

Nous avons également précisé les relations existant entre un critère de qualité de carcasse, l'importance relative de la viande et de l'os, et la conformation du poulet. Nous avons obtenu une corrélation positive, quoique faible, avec le facteur de compacité qui correspond par ailleurs à une meilleure présentation de la carcasse. Il semble, d'autre part, possible d'améliorer indirectement ce critère en sélectionnant sur l'angle de poitrine et le tour du pilon.

Jusqu'à maintenant, notre matériel expérimental était composé principalement de coquelets de la souche *Bresse-pile*. Il serait souhaitable de voir si les résultats obtenus sur ces animaux peuvent se généraliser. Nous envisageons pour cela d'analyser des données analogues recueillies sur des souches de type différent et sur des animaux abattus à divers stades de croissance.

Reçu pour publication en mars 1966.

SUMMARY

STUDY OF CONFORMATION MEASUREMENTS IN THE CHICKEN

IV. GENETIC VARIABILITY OF CARCASS MEASUREMENTS AND MEAT/BONE DEVIATION IN « BRASSE-PILE » COCKERELS

Fifteen trunk and leg measurements of 315 11 weeks old cockerels were studied. The birds belonged to 32 families (8 sires and 4 dams per sire) from the *Bresse-Pile* strain. The empty body weight of each chicken and a quality criterion called meat/bone deviation were established. This quality criterion is the difference between the weight of meat determined and that estimated from the regression line meat/bone weights.

Table 1 gives the mean and phenotypic variance of each variable studied, the family mean squares and the heritability values. In our strain, body measurements and weight show a high genetic variability. The value of dam-heritability in the case of meat/bone deviation is high but its sire-heritability is near zero.

Table 2 indicates the phenotypic correlations between all variables taken by pairs, dams, intra-family correlations, dams and sires' genetic correlations. The 4 correlation matrices were analyzed by the principal components-method. The results concerning the two first-components obtained are indicated in table 3. Here the previously obtained results as regards to phenotypic correlations are extended to the case of genetic correlations. They show that in the strain considered the two first components correspond to biological realities : one to a factor of general body size, the other to a factor of shape linked with body « compactness ».

Table 4 gives the heritability values of size and compactness components, obtained from the phenotypic matrix, and the correlations between these components and the quality criterion. The two components are genetically independent and have high heritabilities.

The meat-bone deviation shows a low though positive correlation with the size and compactness components. The correlation value is higher with breast angle and tibia circumference. These two characteristics could thus be used as an indirect measurement of the meat/bone deviation in the selection of chickens.

REMERCIEMENTS

Nous tenons à remercier particulièrement M^{lle} R. BOURDIOL qui a assuré la bonne marche des opérations d'élevage de nos animaux, ainsi que MM. J. POLY, L. OLLIVIER et J.-P. BOYER qui ont bien voulu lire et critiquer notre manuscrit.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BALJOSOV D., 1963. Gebrauchskreuzung von *New Hampshire*-, *Rhodeländer*- und *Sussexhühnern* mit *Leghornähnen*. *Arch. Geflügelz. Kleintierk.*, **12**, 69-81.
- BIRD S., 1943. Determination of fleshing characteristics in market poultry. I. Chickens. *Sci. Agric.*, **24**, 135-144.
- BRUNSON C. C., GODFREY G. F., GOODMAN B. L., 1956. Types of gene action in the inheritance of 10-week body weight and breast-angle in broilers. *Poult. Sci.*, **35**, 524-532.
- COLLINS W. M., BLISS C. I., SCOTT H. M., 1950. Genetic selection for breast width in a strain of *Rhode-Island Red*. *Poult. Sci.*, **29**, 881-887.
- FALCONER D. S., 1961. *Introduction to Quantitative Genetics*. IX + 365 pp., Oliver and Boyd, Edinburgh.
- GRAYBILL F. A., ROBERTSON W. H., 1957. Calculating confidence intervals for genetic heritability. *Poult. Sci.*, **36**, 261-265.
- HOTELLING H., 1933. Analysis of a complex of statistical variables into principal components. *J. Educ. Psych.*, **24**, 417-441 et 498-520.
- HOWES J. R., GRUB W., ROLLO C. A., 1962. The effect of constant high temperature regimes upon broiler growth, feed efficiency, body composition and carcass quality. *Poult. Sci.*, **41**, 1652.
- KISH A. F., 1953. The inheritance of breast width in a strain of *New Hampshire*. *Poult. Sci.*, **32**, 197-202.
- KONDRA P. A., RICHARDS J. F., HODGSON G. C., 1962. The effect of strain, sex and ration on meat yield in chicken broilers and its determination. *Poult. Sci.*, **41**, 922-927.
- LERNER I. M., ASMUNDSON V. S., CRUDEN D. M., 1947. The improvement of *New Hampshire* fryers. *Poult. Sci.*, **26**, 515-524.
- MAW W. A., MAW A. J. G., 1938. The influence of type of sire on the body size of the progeny. *U. S. Egg and Poult. Mag.*, **44** (2), 78-84.
- MERRITT E. S., GOWE R. S., 1962. Development and genetic properties of a control strain of meat-type fowl. *Proc. XIIIth World's Poult. Cong.*, Sydney, 66-70.
- POTEMKOWSKA E., SZYMKIEWICZ M., 1962. Study on several traits required for meat production in crossbred chickens. *Roczn. Nauk rol.*, **B**, **81**, 53-74.
- RICARD F. H., ROUVIER R., 1965. Étude des mesures de conformation du poulet. I. Analyse statistique préliminaire concernant le poids et 13 mensurations corporelles du poulet vivant. *Ann. Zootech.*, **14**, 191-212.
- ROUVIER R., 1966. L'analyse en composantes principales : son utilisation en génétique et ses rapports avec l'analyse discriminatoire. *Biometrics*, **22**, 343-357.
- ROUVIER R., RICARD F. H., 1965. Étude des mesures de conformation du poulet. II. Recherche des composantes de la variabilité morphologique du poulet vivant. *Ann. Zootech.*, **14**, 213-227.
- ROUVIER R., RICARD F. H., 1966. Étude des mesures de conformation du poulet. III. Analyse de la variabilité phénotypique des mensurations de carcasse de coquelets *Bresse-pile*. *Ann. Zootech.*, **15**, 67-84.
- SIEGEL P. B., ESSARY E. O., 1959. Heritabilities and relationships of live measurements and eviscerated weight in broilers. *Poult. Sci.*, **38**, 530-532.
- SMITH C., KING J. W. B., GILBERT N., 1962. Genetic parameters of *British Large White* bacon pigs. *Anim. Prod.*, **4**, 128-143.
- SMITH C., ROSS G. J. S., 1965. Genetic parameters of *British Landrace* bacon pigs. *Anim. Prod.*, **7**, 291-301.
- STOFFS C. E., DARROW M. I., 1953. Yields of edible meat from *Cornish* crossbreds, non-*Cornish* crossbreds and purebred broilers. *Poult. Sci.*, **32**, 145-150.
- VOLKOV D. I., 1958. Étude comparative sur la croissance, le développement et les qualités de rendement chez les poules *Katchinski Jubilé* et *New Hampshire* (russe). *Trav. Inst. Nat. Rech. Sci. Avic.*, **26**, 92-121.
- WEBER F., 1957. Die statistischen und genetischen Grundlagen von Körpermessungen am Rind. *Z. Zucht. Biol.*, **69**, 225-260.
- WRIGHT S., 1932. General, group and special size factors. *Genetics*, **17**, 603-619.