

LA TAILLE EFFICACE D'UNE POPULATION SOUS SELECTION DEPEND A LA FOIS DU MODE DE GESTION ET DU NOMBRE DE REPRODUCTEURS UTILISES

Alnahhas Nabeel¹, Bailliard Amélie¹, Chapuis Hervé², Boulay Maryse¹, Vanbergue Estelle¹, Guémené Daniel¹

¹SYSAAF - Centre INRA Val de Loire, URA - 37380 Nouzilly,

²INRA - Centre INRA Toulouse, GenPhySE - 31326 Castanet Tolosan

Nabeel.alnahhas@inra.fr

RÉSUMÉ

En France, les lignées génétiques destinées à la production de produits terminaux vendus sous le signe Label Rouge doivent être conformes au référentiel SYSAAF. Ce référentiel exige des seuils minimaux sur le nombre de reproducteurs utilisés et de descendants produits à chaque génération. Depuis 1994, ces seuils sont, pour les lignées Label à diffusion limitée (< 1,000,000 de terminaux/an), de 20 pères, de 100 mères et de 500 descendants. Aujourd'hui, le SYSAAF dispose d'outils de choix de reproducteurs et de réalisation de plans d'accouplement basées sur l'algorithme de recuit simulé. Théoriquement, ces outils permettent, au moyen et long terme, de concilier la réalisation de gain génétique et la conservation de la variabilité génétique. Donc, la question de la pertinence du maintien de ces seuils, dont le respect entraîne souvent des coûts importants au regard du marché concerné, se pose concrètement aujourd'hui. L'objectif de ce travail était d'étudier par simulation l'effet de : 1) l'effectif de reproducteurs retenus et de descendants produits, 2) la méthode de gestion de la variabilité génétique. Pour le premier facteur, 6 scénarios ont été simulés, analysés et comparés. Pour le deuxième, les méthodes de sélection basée sur le recuit simulé ont été comparées à celles basées uniquement sur la conservation des origines familiales. Afin d'analyser l'effet des seuils de reproducteurs, les comparaisons ont été effectuées intra-méthode inter-scénarios alors que pour analyser l'effet de la méthode de gestion, les comparaisons ont été effectuées intra-scénario inter-méthodes. En conclusion, quelle que soit la méthode de gestion de variabilité, une baisse d'effectif de reproducteurs entraîne une baisse du niveau initial de la variabilité génétique. Au moyen et long terme, les méthodes de gestion par recuit simulé permettent une meilleure conservation de la variabilité génétique quel que soit l'effectif des reproducteurs retenus.

ABSTRACT

The effective size of a population under selection jointly depends on selection method and number of breeding animals

In France, genetic lines intended for the production of terminal products marketed as Label Rouge must comply with the guidelines of the SYSAAF. These guidelines require minimum thresholds for the number of breeders and descendants produced per generation. Since 1994, these thresholds have been limited to a minimum of 20 sires, 100 dams and 500 descendants for Label lines diffusing less than one million terminal products/year. Today, the SYSAAF implements selection of breeders based on the simulated annealing algorithm (SA). Theoretically, tools based on SA allow to reconcile the realization of genetic gain and the conservation of the genetic variability. Thus, the relevance of maintaining these thresholds, which often entails significant costs with regard to the concerned market, should be reexamined. The objective of this work was to study by simulation the effect of: 1) the number of selected breeders and produced descendants, and 2) the method of selection. For the first factor, 6 scenarios were simulated, analyzed and compared. For the second, several methods of selection based on SA were compared to those based solely on the conservation of familial origins. In order to analyze the effect of the thresholds, comparisons were performed intra-method inter-scenarios, whereas to analyze the effect of the selection method, comparisons were performed intra-scenario inter-methods. In conclusion, reducing breeders' number leads to a decrease in the initial level of variability. However, in the long-term, methods of management based on SA allow a better conservation of the genetic variability regardless of the number of breeders retained per generation.

INTRODUCTION

La gestion de la variabilité génétique au sein des lignées (ou populations) gérées par les entreprises de sélection est une des préoccupations majeures de ces entreprises ainsi que de leur fédération (SYSAAF). Auparavant, la variabilité génétique était gérée par le maintien des origines familiales avec objectif de conserver le maximum de familles de pères et de familles de mères afin de limiter autant que possible l'évolution de la consanguinité. Depuis 2012, le SYSAAF utilise des méthodes d'optimisation dédiées (Colleau et al., 2004) pour gérer cette variabilité. L'algorithme vise à minimiser autant que possible l'évolution de la parenté moyenne tout en maximisant le gain génétique sur l'objectif de sélection et en stabilisant celui d'autres caractères (Chapuis et al., 2016). Le référentiel de bonnes pratiques de sélection du SYSAAF (Bailliard et Guémené, 2015) exige, depuis 1994, le respect de seuils minimaux de reproducteurs sélectionnés et de descendants produits à chaque génération afin de pérenniser la sélection. Pour les lignées à diffusion limitée (nombre de produits terminaux diffusés/an inférieur à un million), les seuils minimaux sont les suivants : au moins 20 pères et 100 mères mis en place et au moins 500 descendants mesurés. Le maintien de ces seuils impose aux sélectionneurs la mobilisation de moyens techniques et économiques parfois très importants par rapport au marché concerné. Si ces moyens ne sont pas disponibles, l'activité de sélection au sein de ces lignées (ou populations) risque de cesser et le patrimoine génétique de ces populations, notamment les races locales de faible effectif, risque de disparaître. Compte tenu de l'évolution méthodologique dans la gestion de la variabilité et des coûts économiques imposés sur les sélectionneurs de lignées à faible effectif, on peut s'interroger sur la pertinence du maintien des seuils d'effectif définis il y a plus de 20 ans. L'objectif du travail présenté ici était d'analyser l'impact de la variation de ces seuils mais aussi l'effet des nouvelles méthodes de gestion des populations sur les indicateurs de la variabilité génétique ainsi que sur l'espérance du progrès génétique au sein des populations avicoles à faible effectif. Des pistes pour faire évoluer le référentiel du SYSAAF étaient également attendues.

1. MATERIELS ET METHODES

Nous avons procédé par simulation sur ordinateur, ce qui consiste à générer des données (pedigree et performances) mimant de façon réaliste le fonctionnement d'une population réelle. Cette modélisation s'appuie des processus aléatoires (génération puis transmission à la descendance des valeurs génétiques et tirage des effets d'environnement) et doit être répétée un grand nombre de fois pour dégager des tendances

exploitables (moyenne et variance des résultats). Ici, pour chaque modalité étudiée, 300 répétitions indépendantes ont été effectuées.

1.1. Les simulations effectuées

Dans toutes les simulations, le caractère principal dans les objectifs de sélection était le poids vif des animaux à l'âge d'abattage (héritabilité : $h^2 = 0.4$) alors que le taux de ponte ($h^2 = 0.2$) était un caractère secondaire. La corrélation génétique entre les deux caractères était fixée à -0.25 , de même que la corrélation résiduelle (non génétique).

Six scénarios différents ont été simulés en termes d'effectifs (Tableau 1). Pour chaque scénario, 4 méthodes de choix de reproducteurs ont été comparées.

Dans tous les cas, les accouplements étaient optimisés afin de minimiser la consanguinité attendue à la génération suivante.

Méthodes de choix de reproducteurs :

- Conservation des origines familiales (**Conservatoire**). Les fils sont classés intra-famille de père alors que les filles sont classées intra-famille de mère. Le meilleur fils de chaque père et la meilleure fille de chaque mère sont sélectionnés. Les meilleurs s'entendent ici comme les valeurs génétiques les plus élevées pour le poids vif. Une contrainte est appliquée au préalable sur le second caractère afin d'en limiter la dégradation : seuls les animaux avec une valeur génétique estimée pour la ponte supérieure à $-0,5$ écart type génétique sont candidats.
- Minimisation de la parenté moyenne par sans réalisation de progrès génétique (**Minimisation**).
- La même que (b) mais le taux de progrès de l'index principal est fixé à celle de la sélection conservatoire, l'index secondaire est stabilisé, la parenté moyenne est minimisée (**Stabilisation**).
- Choix optimisé. Ici, l'index principal est maximisé, l'index secondaire est stabilisé et l'accroissement de parenté moyenne est fixée à la moitié de la pente de consanguinité quand on n'a aucune contrainte (**Progrès**).

1.2. Indicateurs de variabilité génétique :

Nous avons étudié l'impact des 4 méthodes de gestion sur la taille efficace de la population (N_e), estimée selon diverses méthodes. N_e est l'équivalent d'un nombre de reproducteurs, les deux sexes confondus, et représente la taille d'une population dite « idéale » qui présenterait la même évolution de variabilité que la population étudiée. Cet indicateur permet les comparaisons entre situations très diverses. Son calcul peut être plus ou moins complexe selon l'information considérée. Le N_e démographique (N_{eD} , Falconer et Mackay, 1994) ne considère que le nombre de

reproducteurs utilisés. Dans notre cas il reste constant au cours des générations. D'autres indicateurs plus élaborés utilisent toute l'information généalogique disponible. Gutierrez *et al* (2009) utilisent l'évolution de la consanguinité (Ne_G), tandis que Cervantes *et al* (2011) s'appuient sur l'évolution de la parenté moyenne entre individus (Ne_C). Pour une comparaison à grande échelle de ces méthodes d'estimation, voir Leroy *et al.* (2013).

1.3. Analyse statistique

Dans un premier temps, les valeurs des indicateurs enregistrés ont été moyennées sur les 300 répétitions simulées. Ensuite, les moyennes générationnelles ont été régressées, intra-scénario et intra-méthode de gestion, sur le numéro de génération. Afin de s'affranchir des fluctuations inhérentes à une profondeur de pedigree insuffisante, seules les générations de 11 à 30 ont été analysées. Enfin, les pentes de régression, qui représentent le taux d'évolution des indicateurs analysés, et leurs intervalles de confiance (IC) à 95% ont été estimés à travers un modèle de régression linéaire. Grâce aux IC, les comparaisons des pentes intra-scénario inter-méthodes de gestion, pour quantifier l'effet de la méthode de gestion, et inter-scénarios intra-méthode de gestion, pour quantifier l'impact de l'effectif sur l'évolution des indicateurs de la variabilité génétique, ont été effectuées. L'analyse statistique a été réalisée dans l'environnement de programmation et d'analyse statistique **R** (R Core Team, 2016).

2. RESULTATS ET DISCUSSION

L'objectif de ce travail était d'étudier, par simulation, les conséquences d'une évolution des seuils d'effectif du référentiel SYSAAF sur la variabilité génétique au sein des populations simulées.

Le tableau 1 montre l'impact des scénarios sur Ne_D , (Ne démographique). Sur la base de ce seul constat, on pourrait penser qu'il est prudent de ne surtout pas relâcher ces seuils. Un examen plus approfondi nuance toutefois cet avis.

La comparaison des pentes de régression inter-scénario intra-méthode de gestion (Tableau 2) montre que les seuils alternatifs proposés n'entraînent qu'une évolution de parenté et de consanguinité légèrement plus rapide que le scénario actuel (20 pères 100 mères 500 descendants) avec la méthode conservatoire, qui prévalait en 1994, lors de la fixation des seuils. Avec les stratégies de minimisation ou de stabilisation, on obtient même une pente inférieure à la référence, alors que l'on a réduit sensiblement le nombre de mères (scénarios 2 et 3). Quand on diminue aussi le nombre de pères (scénarios 3 à 5), les pentes de consanguinité et de parenté dépassent la référence, mais l'écart est moindre que pour Ne_D .

La Figure 1 montre qu'en utilisant la méthode de référence des choix « conservatoire », la taille efficace calculée en utilisant toute l'information généalogique disponible est fortement liée aux effectifs de

reproducteurs. On observe alors une relative stabilité de la taille efficace dans le temps. Avec des méthodes de choix alternatives, on observe soit une augmentation du Ne au cours du temps (choix « minimisation » et « stabilisation ») soit un bouleversement de la hiérarchie des scénarios (choix « progrès »). Dans le cas du choix « progrès », le scénario 1 n'est pas celui avec la plus forte valeur de Ne . A cela au moins deux raisons : d'une part, on a choisi d'écarter les générations 1 à 10, pour lesquelles l'information généalogique n'est pas suffisante et, d'autre part, dans un scénario de « progrès » la pression de sélection intervient également. Les scénarios 2 et 3 ont certes des effectifs de reproducteurs inférieurs mais aussi une pression de sélection plus faible (qui se traduit par un gain de poids vif moins élevé). C'est la raison pour laquelle, ils conduisent à une estimation de Ne supérieure à celle du scénario 1.

Quand l'objectif de sélection est strictement de stabiliser le niveau génétique des animaux tout en conservant la variabilité génétique, comme c'est souvent le cas des populations à faible effectif, les méthodes cherchant à minimiser la parenté moyenne des reproducteurs sont plus efficaces que la simple conservation d'origines familiales pour maîtriser l'évolution de la parenté (Ne_G) à moyen et long termes (Choix « minimisation » vs. Choix « Conservatoire », Tableau 2 et Figure 2). A noter aussi que les méthodes optimisées permettent de réaliser le même progrès génétique que la conservation tout en étant plus performantes en termes de parenté et de consanguinité (Choix « Stabilisation » vs. Choix « Conservatoire », Tableau 2). Même quand l'objectif est de maximiser le progrès génétique de l'index principal (choix « Progrès »), la vitesse de diminution de la taille efficace n'est que légèrement plus élevée que celle de la conservation d'origines (*i.e.* pentes de régression négatives des tailles efficaces, Figure 2). De plus, les méthodes alternatives permettent un meilleur gain génétique sur le caractère principal (*i.e.* pentes positives du poids vif) ainsi qu'une meilleure stabilisation de l'index secondaire (*i.e.* pentes nulles de la ponte) (Tableau 2). Cela représente un compromis réaliste entre gain et variabilité génétique pour les populations à faible effectif.

CONCLUSION

Les méthodes de gestion de lignées et/ou populations fondées sur l'optimisation conjointe des valeurs génétiques et des parentés permettent une meilleure conservation de la variabilité génétique que celles simplement fondées sur le décompte des origines familiales conservées. Cette meilleure gestion se traduit par une évolution moins importante en termes de parenté et de consanguinité moyennes ainsi que par une perte d'effectif efficace moins importante. La mise en application de ces méthodes devrait donc

permettre un allègement des seuils d'effectif imposés actuellement par le référentiel de bonnes pratiques de

sélection, hérités d'une époque antérieure à la mise en place des nouveaux outils de choix des reproducteurs.

REFERENCES

BIBLIOGRAPHIQUES

- Bailliard, A., Guémené, D., 2015. RefAvi-SYSAAF V14.1 : Mode de Sélection des Lignées et de Production de Reproducteurs Parentaux Avicole. Disponible sur : <https://www.sysaaf.fr/>
- Cervantes I., Goyache F., Molina A., Valera M., Gutierrez J.P., 2011, J. Anim. Breed. Genet., (128), 56-63.
- Chapuis et al., 2016. J. Anim. Breed. Genet., (133), 3-12.
- Colleau et al., 2004. Genet. Sel. Evol., (36), 373-394.
- Falconer and Mackay, 1996. In: Introduction to Quantitative Genetics (Longman edit.) Pearson Prentice Hall, pp 65.

- Gutiérrez J.P., Cervantes I., Goyache F., 2009, J. Anim. Breed. Genet., (126), 327-332.
- Leroy G., Mary-Huard T., Verrier E., Danvy S., Charvolin E., Danchin-Burge C. (2013) Estimating the effective population size using pedigree data: what method in practice? Examples in Dog, Sheep, Cattle and Horses. Genetics Selection Evolution 45, 1.
- R Core Team, 2016. Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

Tableau 1. Scénarios de seuils d'effectif simulés.

Scénario	Pères	Mères	Descendants	N_{ED}	Diff
1	20	100	500	66.6	-
2	20	60	240	60.0	-11%
3	20	40	160	53,3	-20%
4	15	60	360	48.0	-28%
5	15	60	240	48.0	-28%
6	15	45	270	45.0	-32%

N_{ED} = N_e démographique calculé selon Falconer et Mackay (1994). Diff = écart (%) entre le N_{ED} du scénario et le N_{ED} du scénario de référence (scénario 1).

Tableau 2. Pentés de régression sur le temps des indicateurs enregistrés au cours des simulations, avec leur intervalle de confiance entre parenthèses*.

Scénario	Choix	Parenté	Consanguinité	N_{ec}	N_{eG}	PV	Ponte
20_100_500	C	0.50 (0.49, 0.50)	0.51 (0.50, 0.51)	0.12 (0.11, 0.14)	-1.64 (-1.93, -1.35)	0.49 (0.48, 0.49)	-0.11 (-0.11, -0.11)
20_100_500	M	0.40 (0.40, 0.40)	0.41 (0.40, 0.41)	0.26 (0.23, 0.30)	-2.43 (-2.88, -1.98)	0.00 (0.00, 0.00)	0.00 (0.00, 0.00)
20_100_500	S	0.44 (0.44, 0.45)	0.45 (0.45, 0.45)	0.08 (0.05, 0.10)	-2.36 (-2.77, -1.95)	0.49 (0.49, 0.49)	0.00 (0.00, 0.00)
20_100_500	P	0.65 (0.65, 0.65)	0.66 (0.66, 0.66)	-0.47 (-0.50, -0.44)	-2.46 (-2.90, -2.02)	0.61 (0.61, 0.61)	0.00 (0.00, 0.00)
20_60_240	C	0.53 (0.53, 0.54)	0.55 (0.54, 0.55)	0.11 (0.10, 0.13)	-1.52 (-1.79, -1.25)	0.38 (0.38, 0.38)	-0.09 (-0.09, -0.09)
20_60_240	M	0.41 (0.41, 0.42)	0.42 (0.42, 0.43)	0.28 (0.24, 0.31)	-2.33 (-2.76, -1.89)	0.00 (0.00, 0.00)	0.00 (0.00, 0.00)
20_60_240	S	0.49 (0.48, 0.49)	0.49 (0.49, 0.50)	0.05 (0.02, 0.08)	-2.15 (-2.52, -1.78)	0.38 (0.38, 0.38)	0.00 (0.00, 0.00)
20_60_240	P	0.60 (0.60, 0.60)	0.61 (0.61, 0.61)	-0.48 (-0.51, -0.45)	-2.94 (-3.49, -2.38)	0.46 (0.46, 0.46)	0.00 (0.00, 0.00)
20_40_160	C	0.57 (0.56, 0.57)	0.58 (0.58, 0.59)	0.12 (0.10, 0.13)	-1.40 (-1.65, -1.15)	0.31 (0.31, 0.32)	-0.07 (-0.07, -0.07)
20_40_160	M	0.45 (0.45, 0.45)	0.46 (0.46, 0.46)	0.26 (0.23, 0.30)	-2.11 (-2.51, -1.72)	0.00 (0.00, 0.00)	0.00 (0.00, 0.00)
20_40_160	S	0.51 (0.51, 0.51)	0.52 (0.52, 0.52)	0.09 (0.06, 0.12)	-1.96 (-2.31, -1.62)	0.31 (0.31, 0.31)	0.00 (0.00, 0.00)
20_40_160	P	0.62 (0.62, 0.62)	0.63 (0.63, 0.63)	-0.47 (-0.49, -0.44)	-2.93 (-3.48, -2.38)	0.39 (0.39, 0.39)	0.00 (0.00, 0.00)
15_60_360	C	0.65 (0.64, 0.65)	0.67 (0.66, 0.67)	0.09 (0.08, 0.10)	-1.08 (-1.27, -0.89)	0.49 (0.48, 0.49)	-0.11 (-0.11, -0.11)
15_60_360	M	0.52 (0.52, 0.53)	0.54 (0.53, 0.54)	0.20 (0.17, 0.22)	-1.56 (-1.84, -1.28)	0.00 (0.00, 0.00)	0.00 (0.00, 0.00)
15_60_360	S	0.60 (0.59, 0.60)	0.61 (0.61, 0.61)	0.01 (-0.01, 0.04)	-1.57 (-1.82, -1.31)	0.49 (0.49, 0.49)	0.00 (0.00, 0.00)
15_60_360	P	0.80 (0.80, 0.80)	0.82 (0.82, 0.82)	-0.43 (-0.46, -0.41)	-1.98 (-2.32, -1.63)	0.59 (0.59, 0.59)	0.00 (0.00, 0.00)
15_60_240	C	0.66 (0.65, 0.66)	0.68 (0.67, 0.68)	0.09 (0.08, 0.10)	-1.03 (-1.21, -0.85)	0.52 (0.51, 0.52)	-0.11 (-0.11, -0.11)
15_60_240	M	0.53 (0.52, 0.53)	0.54 (0.54, 0.54)	0.19 (0.17, 0.22)	-1.55 (-1.83, -1.27)	0.00 (0.00, 0.00)	0.00 (0.00, 0.00)
15_60_240	S	0.61 (0.61, 0.62)	0.63 (0.63, 0.63)	0.00 (-0.03, 0.02)	-1.52 (-1.76, -1.27)	0.41 (0.41, 0.41)	0.00 (0.00, 0.00)
15_60_240	P	0.70 (0.70, 0.71)	0.71 (0.71, 0.72)	-0.44 (-0.46, -0.42)	-2.25 (-2.59, -1.92)	0.47 (0.47, 0.47)	0.00 (0.00, 0.00)
15_45_270	C	0.66 (0.65, 0.66)	0.68 (0.67, 0.69)	0.10 (0.08, 0.11)	-1.07 (-1.26, -0.88)	0.45 (0.44, 0.45)	-0.10 (-0.10, -0.10)
15_45_270	M	0.53 (0.53, 0.54)	0.55 (0.55, 0.55)	0.20 (0.18, 0.23)	-1.52 (-1.79, -1.24)	0.00 (0.00, 0.00)	0.00 (0.00, 0.00)
15_45_270	S	0.61 (0.60, 0.61)	0.62 (0.62, 0.62)	0.04 (0.01, 0.06)	-1.51 (-1.76, -1.26)	0.44 (0.44, 0.44)	0.00 (0.00, 0.00)
15_45_270	P	0.82 (0.82, 0.82)	0.84 (0.84, 0.84)	-0.43 (-0.45, -0.40)	-1.96 (-2.29, -1.62)	0.55 (0.55, 0.55)	0.00 (0.00, 0.00)

Scénario : Les alternatifs aux seuils d'effectif actuels, Choix : Méthode de gestion ; C = Conservatoire, M = Minimisation, S = Stabilisation, P = Progrès. Parenté : Pente de régression de la parenté moyenne, Consanguinité : Pente de régression de la consanguinité moyenne, N_{ec} : Pente de régression de la taille efficace de Cervantes et al. (2011), N_{eG} : Pente de régression de la taille efficace de Gutiérrez et al. (2009), PV : Pente de régression des valeurs génétiques du poids vif, Ponte : Pente de régression des valeurs génétiques de la ponte.

*Les pentes de régression pour lesquelles les intervalles de confiance ne se chevauchent pas sont significativement différentes ($p < 0.05$).

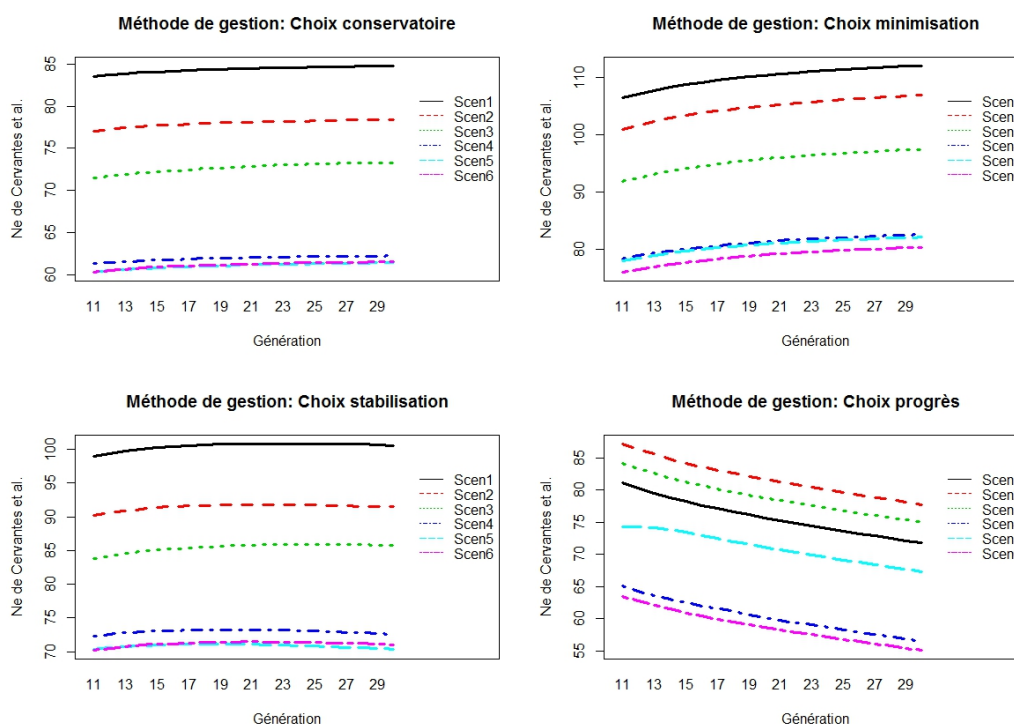


Figure 1 : Taille efficace de Cervantes et al. (2011) : Comparaisons de scénarios intra-méthode de gestion.

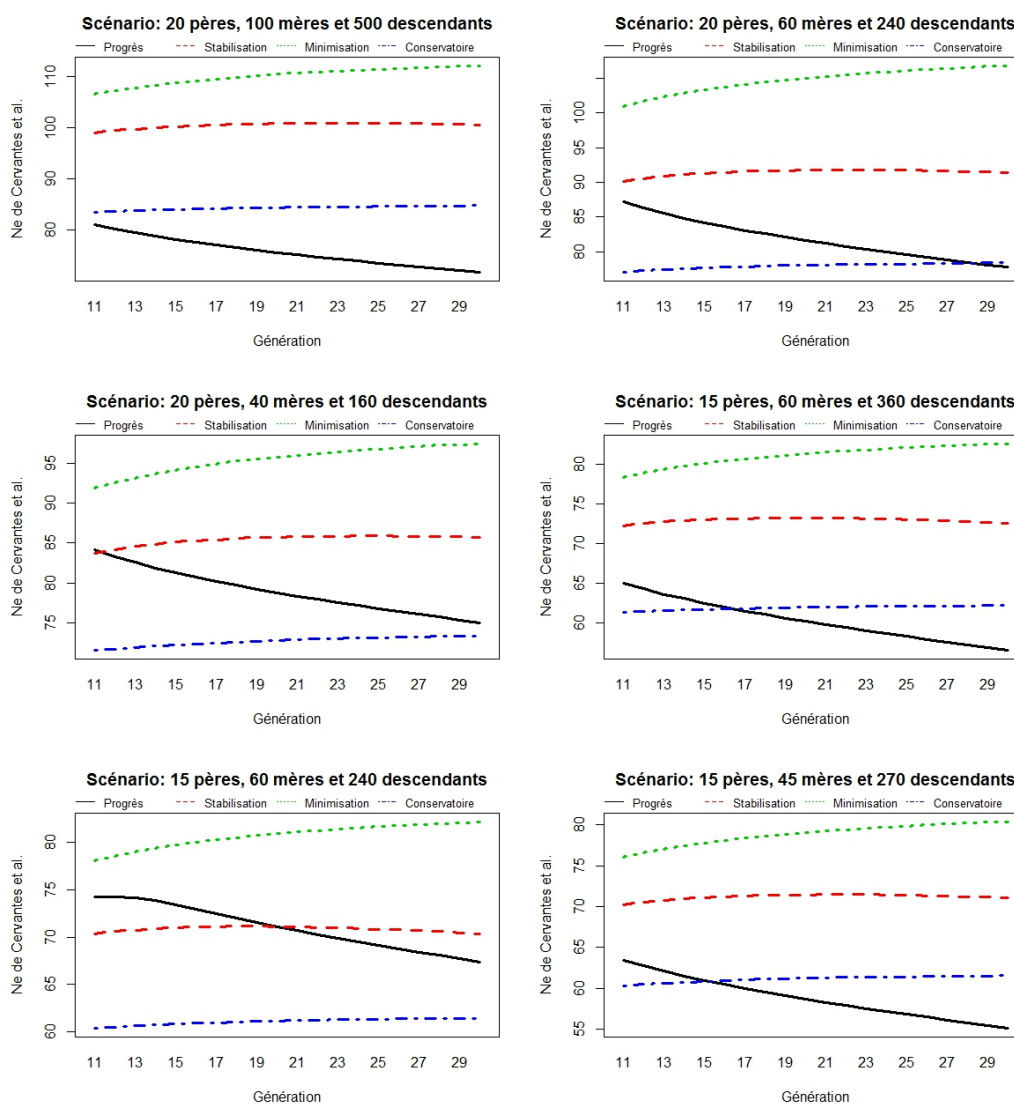


Figure 2 : Evolution de la taille efficace de Cervantes et al. (2011) : Comparaisons de méthodes de gestion intra-scénario.