

Gestion et sélection de la souche INRA 1777 : Résultats de trois générations de sélection

H. GARREAU¹, R. DUZERT¹, F. TUDELA², C. BAILLOT², J. RUESCHE²,
G. GRAUBY², C. LILLE-LARROUCAU², H. DE ROCHAMBEAU¹

¹INRA, Station d'Amélioration Génétique des Animaux, BP 52627, 31326 Castanet-Tolosan Cedex, France

²INRA Station Expérimentale Lapins, BP 52627, 31326 Castanet Tolosan Cedex, France

Résumé. La souche 1777 a été sélectionnée pendant 3 générations sur la taille de portée et les effets directs et maternels du poids au sevrage en appliquant une méthode d'optimisation du progrès génétique sous contrainte d'augmentation maximale de consanguinité fixée à 1 %. Un algorithme visant à limiter les coefficients de parenté entre les reproducteurs sélectionnés a été utilisé pour réaliser les plans d'accouplements. Le progrès génétique par génération, estimé par la méthode du BLUP modèle animal, a été de 0,13 nés vivants par portée, de 7,5 grammes et de 7,2 grammes pour les effets directs et maternels du poids individuel au sevrage, respectivement. L'évolution de la consanguinité a été pratiquement nulle sur les 3 générations. L'algorithme utilisé pour les plans d'accouplement a ainsi permis de réduire l'évolution de consanguinité au-delà de celle autorisée par la méthode d'optimisation du progrès génétique.

Abstract. Management and selection of the INRA 1777 line: Results of three generations of selection. The 1777 line has been selected during 3 generations on litter size and on direct and maternal effects of weaning weight by maximising genetic progress while constraining the rate of inbreeding to a predefined value equal to 1 %. An algorithm aiming at minimizing the coefficients of relationship between the selected reproducers was used to carry out the mating plans. The genetic progress per generation, estimated by the method of the BLUP animal model, was 0.13 born alive per litter, 7.5 grams and 7.2 grams for the direct and maternal effects of weaning weight, respectively. The evolution of consanguinity was almost null on the 3 generations. The algorithm used for the mating plans allowed reducing the evolution of inbreeding beyond that authorized by the method of optimization of genetic progress.

Introduction

La sélection et la diffusion de la souche 1077 ont débuté en 1975. Longtemps sélectionnée sur la taille de portée, l'objectif de sélection de la souche inclut le poids à 63 jours en 1995. Par la suite les éleveurs et les sélectionneurs ont souhaité modifier l'objectif de sélection de cette souche pour mieux prendre en compte les aptitudes maternelles et améliorer le poids du lapereau au sevrage. Une réflexion combinant le bilan génétique de la souche 1077, l'estimation des paramètres génétiques de nouveaux caractères (Garreau *et al.*, 2003) et la prédiction du progrès génétique pour plusieurs stratégies de sélection, conduit à l'élaboration d'un nouvel objectif de sélection en 2002. Il est alors décidé de créer un nouveau noyau de sélection, appelé 1777, issu de la souche 1077 et sélectionné pour ce nouvel objectif. Parallèlement, une nouvelle méthode de gestion visant à optimiser le progrès génétique sous contrainte d'évolution de la consanguinité est mise en place.

1. Matériel et méthode

1.1. Animaux

La souche est élevée à la station expérimentale lapins de Langlade. La population est conduite en générations séparées avec changement de maternité à chaque génération. Chaque génération est formée de 2 cohortes issues des 4^e et 5^e inséminations de la génération précédente et totalise 121 femelles et 33 mâles. L'intervalle entre générations est de 39 semaines.

Les femelles sont inséminées à intervalle de 6 semaines avec une première IA à l'âge de 16 semaines. La génération est réformée après 9 IA. Un équilibrage des portées est réalisé par retrait/adoption en recherchant l'homogénéité des poids de lapereaux, appréciée visuellement, pour chacune des portées. Le nombre de lapereaux laissé par mère est calculé en fonction de la taille de portée moyenne à chaque cycle. A 21 jours les femelles et les lapereaux reçoivent une alimentation différenciée.

Les caractères de prolificité sont enregistrés pour l'ensemble des mises bas. Les lapereaux issus des IA 3, 4 et 5 sont identifiés et pesés individuellement à la naissance, au sevrage et à 63 jours. Un comptage de tétines est également réalisé sur ces lapereaux (mâles et femelles).

1.2. Calcul des valeurs génétiques et de la consanguinité

Les animaux sont sélectionnés selon un indice global I_g qui combine la valeur génétique du nombre de lapereaux vivants à la naissance (VG_{nv}), la valeur génétique directe du poids au sevrage (VG_{psd}) et la valeur génétique maternelle du poids au sevrage (VG_{psm}). Les valeurs génétiques VG_{nv} , VG_{psd} et VG_{psm} sont standardisées par rapport aux valeurs génétiques des candidats de chaque génération. Les pondérations affectées à chacune de ces composantes sont données par la formule suivante :

$$I_g = 0,25 VG_{nv} + 0,25 VG_{psd} + 0,50 VG_{psm}.$$

Ces pondérations ont été choisies pour privilégier l'amélioration génétique des effets maternels, avec un progrès génétique modéré du nombre de nés vivants et des effets directs du poids au sevrage (Garreau, non publié).

Les valeurs génétiques des trois composantes de l'indice sont calculées selon la méthodologie du BLUP appliquée à un modèle animal à l'aide du logiciel ASREML (Gilmour *et al.*, 2002). Deux évaluations sont réalisées indépendamment : L'une estime la valeur génétique du nombre de nés vivants par portée. L'autre estime les valeurs génétiques directes et maternelles du poids au sevrage, à partir de la mesure du poids du lapereau au sevrage, grâce à un modèle à effets génétiques maternels (Garreau *et al.*, 2003). Les paramètres génétiques de ces critères sont estimés à chaque évaluation en même temps que le calcul des valeurs génétiques. Le modèle d'analyse du nombre de nés vivants par portée inclut comme effets fixes l'année-mois de mise bas, l'effet combiné du rang de portée et de l'état physiologique (femelle allaitante ou non allaitante), la covariable coefficient de consanguinité de la femelle et comme effets aléatoires, l'environnement permanent et la valeur génétique additive. Le modèle d'analyse du poids au sevrage inclut comme effets fixes l'année-mois de naissance, le rang de portée, la taille de portée de naissance, la taille de portée au sevrage de la mère adoptive, la covariable consanguinité du lapereau et de sa mère et comme effets aléatoires, l'environnement commun aux lapereaux d'une même portée, l'environnement maternel et les effets génétiques additifs maternels et directs.

Les évolutions génétiques ont été estimées en calculant la moyenne des valeurs génétiques des femelles reproductrices par génération et en calculant la régression de ces valeurs génétiques moyennes sur le numéro de génération.

Les coefficients de consanguinité des reproducteurs ont été calculé par le logiciel MEUW (Boichard *et al.*, 1997) qui utilise la méthode de Meuwissen et Luo (1992). Cette méthode est fondée sur la construction du facteur de Cholesky de la matrice de parenté. 12 générations d'ancêtres ont été considérées dans ce calcul.

1.3. 3. Optimisation du progrès génétique sous une contrainte d'augmentation maximale de consanguinité fixée.

Le logiciel GENCONT (Meuwissen, 1997) est utilisé pour choisir les reproducteurs à chaque génération. Ce logiciel optimise le nombre de reproducteurs mâles et femelles, ainsi que leurs contributions respectives à la création de la nouvelle génération, en fixant un niveau maximum d'évolution de la consanguinité d'une génération à l'autre. Le logiciel utilise un algorithme qui maximise une fonction introduisant les index BLUP et les coefficients de consanguinité de l'ensemble des candidats d'une génération. Le niveau de contrainte d'augmentation de la consanguinité à chaque génération a été fixé à 1%.

1.4 Création des plans d'accouplement

Les coefficients de parenté entre mâles et femelles sélectionnés sont calculés par le programme PARENTE (Boichard *et al.*, 1997) qui crée une matrice de parenté par la méthode tabulaire. Les plans d'accouplement sont réalisés à l'aide de la sous-routine H03ABF de la bibliothèque NAG. Cet algorithme permet de minimiser les coefficients de parenté entre un groupe de mâles et un groupe de femelle sélectionnés. En utilisant la méthode du « stepping stone » (test/erreurs), il recherche les solutions optimales en évitant les maximum locaux. Il en résulte un plan d'accouplement qui réduit au maximum la parenté des couples parmi l'ensemble des possibilités d'appariement des reproducteurs choisis par le programme GENCONT dans l'étape précédemment décrite.

1.5. Etapes de sélection.

La première étape de sélection intervient après le sevrage des animaux de la deuxième cohorte de renouvellement. Les indices de l'objectif global sont calculés pour l'ensemble des candidats après avoir intégré les poids au sevrage des lapereaux des deux cohortes de renouvellement et les performances de taille de portée de leurs mères. 100 mâles et 240 femelles sont alors choisis avec le logiciel GENCONT. Les femelles de la première cohorte de cette liste sont inséminées en totalité avec des mâles de la génération précédente.

La deuxième étape intervient au moment de la mise en reproduction des femelles de la seconde cohorte. 50 mâles et 150 femelles sont à nouveau choisis avec le logiciel GENCONT parmi les animaux encore en vie de la liste précédente.

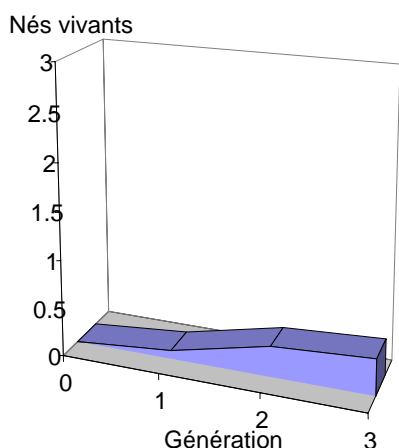
La troisième étape intervient au moment de la 4^e IA destinée à procréer la première cohorte de la future génération. Les mâles précédemment sélectionnés ont été testés pour leur production spermatique et ceux qui ne produisent pas de semence ont été éliminés. Toutes les femelles choisies à la seconde étape et aptes à être inséminées pour la 4^e fois sont retenues. Les mâles sont choisis par le logiciel GENCONT pour maximiser le progrès génétique sous la contrainte d'une augmentation maximum de la consanguinité de 1%. On fixe le nombre maximum de mâles à utiliser à 24. Les plans d'accouplement de la 4^e et de la 5^e IA sont ensuite réalisés à l'aide la sous-routine H03ABF.

2. Résultats et discussion

2.1 Evolution génétiques

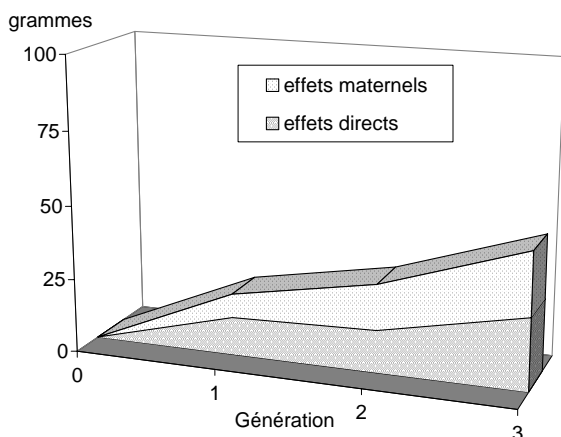
L'évolution génétique du nombre de nés vivants par portée est décrite dans la figure 1. En dépit de la faible pondération affectée à ce critère, le progrès génétique estimé par génération (+0,13) est plus élevé que celui estimé dans la souche 1077 (Rochambeau *et al.*, 1998) ou dans la souche espagnole V (Garcia et Baselga, 2002). La méthode d'optimisation du progrès génétique utilisée pour la souche 1077, plus

Figure 1 : Evolution génétique du nombre de nés vivants par portée



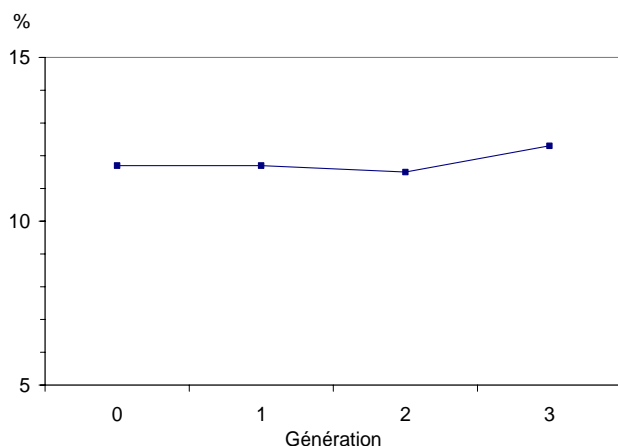
(L'étendue de l'axe des ordonnées correspond à un écart type phénotypique du caractère.)

Figure 2 : Evolution génétique des effets directs et maternels du poids au sevrage



(L'étendue de l'axe des ordonnées correspond à un écart type phénotypique du caractère.)

Figure 3 : Evolution de la consanguinité



efficace qu'une sélection appliquée dans des populations gérées en groupes de reproduction, peut expliquer ce résultat. Des travaux de simulation ont en effet montré que cette méthode pouvait apporter un gain de progrès génétique de 20 % pour la même évolution de consanguinité par rapport à des méthodes de gestion classiques (Meuwissen, 1997 ; Grundy *et al.*, 1998).

Une autre explication possible réside dans la probable liaison génétique favorable entre la taille de portée et les effets directs et maternels du poids au sevrage. Des corrélations génétiques positives entre caractères de taille de portée et caractères de croissance corrigés pour la taille de portée ont en effet été décrites par plusieurs auteurs (Gomez *et al.* 1998; Garreau *et al.*, 2003). La forte sélection appliquée aux composantes du poids au sevrage peut avoir accru la réponse à la sélection du nombre de nés vivants par le jeu d'une corrélation génétique favorable. Nous réaliserons de nouvelles estimations de paramètres génétiques et, si nécessaire, une évaluation combinée des 3 critères, prenant en compte l'ensemble des corrélations génétiques pour améliorer la méthode d'indexation.

L'évolution génétique des effets directs et maternels du poids au sevrage est donnée dans la figure 2. Le progrès génétique estimé par génération a été de 7,5 g pour les effets directs et 7,2 g pour les effets maternels. Les 2 composantes étant additives, nous pouvons en déduire que le progrès génétique moyen par génération du poids au sevrage a été de 14,7 g. Le progrès génétique assez modéré des effets maternels, au regard de la forte pondération affectée à ce critère, s'explique par sa faible héritabilité de ce critère et par la faible précision des valeurs génétiques estimées.

2.2 Evolution de la consanguinité

L'évolution de la consanguinité moyenne des reproducteurs est donnée dans le graphique 3. La consanguinité moyenne des reproducteurs était de 11,2 % pour la génération fondatrice. L'évolution est nulle jusqu'à la génération 2. Elle augmente ensuite de 0.8 % de la génération 2 à la génération 3. Cette évolution, bien plus faible que celle prévue par l'utilisation du logiciel GENCONT qui autorise une augmentation de consanguinité de 1 % par génération, s'explique par l'utilisation conjointe de l'algorithme H03ABF utilisé pour la réalisation des plans d'accouplement : La méthode d'optimisation est en effet fondée sur l'augmentation moyenne de consanguinité résultant de l'ensemble des accouplements possibles entre les mâles et les femelles retenus par le logiciel à chaque génération. Les accouplements pratiqués en minimisant les coefficients de parenté parmi l'ensemble des appariements possibles ont permis de réduire la consanguinité au-delà de l'évolution maximale autorisée par la méthode d'optimisation.

Conclusion

La souche 1777 est très novatrice, tant sur la méthode de gestion de la consanguinité que sur les caractères sélectionnés. En optimisant le progrès génétique, notamment sur les aptitudes maternelles des femelles, elle répond aux exigences des éleveurs qui souhaitent des femelles à la fois prolifiques et capables de produire des lapereaux plus lourds au sevrage. De nouvelles estimations de paramètres génétiques sont toutefois requises pour mieux estimer le progrès génétique. L'évolution de la consanguinité est bien plus faible que celle des souches classiquement gérées en groupes de reproduction, ce qui prouve l'efficacité de cette méthode de gestion. Une estimation conjointe des valeurs génétiques prenant en compte les corrélations génétiques entre la taille de portée et le poids au sevrage sera prochainement réalisée.

Remerciements

Nous remercions l'ensemble de l'équipe de la Station Expérimental Lapins de Langlade pour la collecte des données ainsi que l'équipe des informaticiens de la SAGA pour l'attention qu'ils portent à la bonne utilisation des outils de gestion de données.

Références

BOICHARD D., MIGNEL L., Verrier E., 1997. Value of probabilities of gene origin to measure the genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 5-23.

- GARCIA M. L., BASELGA M., 2002. Estimation of genetic response in litter size of rabbits using a cryopreserved control population. *Livest. Prod. Sci.*, 74, 45-53.
- GARREAU H., ROCHAMBEAU H. DE. 2003. La sélection des qualités maternelles pour la croissance du lapereau. In *10^{ème} Journées de la Recherche Cunicole.*, Paris, 19-20/11/2003, 61-64.
- GILMOUR A. R., THOMPSON R., CULIS B. R., WELHAM S. J., 2002. ASREML estimates variance matrices from multivariate data using the animal model *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August 19-23, Montpellier
- GOMEZ E.A., RAFEL O., RAMON J., 1998: Genetic relationships between growth and litter size traits at first parity in a specialized dam line, In *Proc. 6th W.C.G.A.L.P.*, XXV, 552-555.
- GRUNDY B., VILLANUEVA B., WOOLLIAMS J. A. 1998. Dynamic selection procedures for constrained inbreeding and their consequences for pedigree development. *Genet. Res.*, 72, 159-168.
- MEUWISSEN, T. H. E. 1997. Maximizing the response of selection with predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.*, 75, 934-940.
- MEUWISSEN T.H.E., Luo Z., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.*, 24, 305-313.
- ROCHAMBEAU DE H., RETAILLEAU B., POIVEY J.P., ALLAIN D., 1994. Sélection pour le poids à 70 jours chez le lapin, *6èmes Journées de la Recherche Cunicole*, ol.1, 235-240.
- ROCHAMBEAU H. De, 1998. La femelle parentale issue des souches expérimentales de l'INRA. Evolutions génétiques et perspectives. *7èmes Jour. Rech. Cunicole*. Lyon, France, 3-14.