

EFFICACITE DE LA SELECTION INTRA-GROUPE POUR L'AMELIORATION CONJOINTE D'UN CARACTERE A SEUIL ET D'UN CARACTERE CONTINU SUR LA BASE D'UNE SELECTION MASSALE OU SUR INDEX

F. Enez, P. Haffray

SYSAAF, Station INRA/LPGP, Campus de Beaulieu, 35042 Rennes

Résumé

Le principe de la sélection massale intra-groupe est de combiner l'efficacité de la sélection massale et la simplicité de gestion de la consanguinité par croisement de groupes éloignés génétiquement. De précédents travaux ont montré qu'une première sélection massale intra-groupe sur caractère à seuil, tel que la résistance à une maladie, permet de générer du progrès génétique et qu'un système de croisements rotatifs entre groupes permet de limiter l'augmentation de consanguinité (Enez et Haffray, 2018). L'objectif de cette étude est d'évaluer par simulation l'impact d'une telle pratique sur un caractère continu, et de mesurer le gain génétique potentiel apporté par une sélection massale ou sur index sur ce second caractère.

Dix générations de sélection ont été simulées selon un processus stochastique. Les individus ont été générés à chaque génération à partir d'un plan factoriel recensant 160 parents répartis dans 4 groupes élevés séparément. Les valeurs phénotypiques pour le caractère à seuil (T-trait) et le caractère continu (Q-trait) sont définies comme la somme de l'effet génétique issu du père et de la mère, de l'effet micro-environnemental pour le caractère à seuil et d'un effet résiduel. Le phénotype de T-trait est déterminé par comparaison de la valeur phénotypique à un seuil dépendant de la prévalence du phénotype non recherché. Seuls les individus présentant le phénotype recherché sont considérés comme sélectionnables. Les géniteurs pour la génération suivante sont choisis aléatoirement parmi les individus sélectionnables, ou par sélection massale ou sur index pour Q-trait, avec ou sans gestion de l'apparentement. La consanguinité et les gains génétiques et phénotypiques ont été suivis en fonction des valeurs d'héritabilité des caractères (0,1; 0,25; 0,50), de la corrélation génétique (-0,5; 0; 0,5) et de la pression de sélection (0,50 et 0,25 pour T-trait, 0,32 and 0,10 pour Q-trait).

La sélection massale sur T-trait uniquement n'a pas d'impact sur Q-trait dans le cas où la corrélation génétique entre caractères est nulle. L'ajout d'une sélection massale ou sur index pour Q-trait n'impacte pas le gain génétique potentiel sur T-trait si la corrélation génétique est nulle. Le gain génétique potentiel sur Q-trait est de même ordre de grandeur si la sélection opérée sur ce caractère est massale ou sur index, mais la consanguinité augmente significativement. Son contrôle lors d'une sélection par index réduit de moitié le gain pour Q-trait. L'introduction du contrôle de la consanguinité dans le plan de sélection est particulièrement efficace quand l' h^2 de Q-trait est faible. L'augmentation de la pression de sélection sur T-trait de 50% à 25% et sur Q-trait de 32% à 10% permet de doubler le progrès génétique sur chaque caractère, respectivement, si la corrélation génétique est nulle.

Ce travail démontre que la sélection multi-caractères intra-groupe est une stratégie efficace pour améliorer simultanément un caractère à seuil et un caractère quantitatif lorsque la corrélation est faible. Ils ont permis de montrer que le gain génétique est également possible, mais plus limitée, si la corrélation est de -0,5. L'utilisation de l'assignation de parenté dans ce type de schéma améliore le contrôle de la consanguinité pour garantir la diversité génétique. Néanmoins les gains attendus dépendent directement des paramètres génétiques des caractères et de la pression de sélection exercée.

Références

Enez, F., Haffray, P., 2018. Efficiency of within-group mass selection for a threshold trait as disease resistance to manage inbreeding and ensure genetic gain: a simulation study. Présenté à AQUA2018, Montpellier.