

METHODES DE GESTION DES POPULATIONS A PETITS EFFECTIFS

**Hervé Chapuis¹, Alnahhas Nabeel², Maryse Boulay²,
Estelle Vanbergue², Daniel Guémené²**

¹INRA, UMR 1388 INRA-INPT GenPhySE - 24 Chemin de Borde Rouge - 31326 CASTANET
TOLOSAN

²SYSAAF, Unité de Recherches Avicoles, Centre INRA Val de Loire, 37380 NOUZILLY
hervé.chapuis@inra.fr

RÉSUMÉ

Qu'il s'agisse de lignées commerciales, expérimentales ou de races locales, les populations à faibles effectifs doivent concilier la recherche d'un progrès génétique (ou au moins du maintien des caractéristiques à un niveau acceptable) et la préservation de la variabilité. L'obtention d'un progrès immédiat sans hypothéquer les gains futurs est le propre de chaque démarche de sélection, mais est ici plus délicate et requiert des méthodes adaptées. Par simulation nous comparons différentes méthodes de choix des reproducteurs et de construction des plans d'accouplement, pour une population composée de 15 pères, chacun accouplé à 3 femelles, chaque couple produisant en moyenne 3 descendants de chaque sexe. Les générations sont successives et répétées jusqu'à 30 cycles de sélection. La méthode de référence pour les choix de reproducteurs consiste à trier les candidats intra famille, après une troncature arbitraire sur l'index secondaire visant à limiter sa dégradation. Elle permet d'assurer un compromis honorable entre le gain sur l'objectif de sélection et la pente d'augmentation de la consanguinité. Les méthodes optimisées, s'appuyant sur l'algorithme du recuit simulé et agissant sur le mode de sélection pour minimiser l'apparentement moyen et/ou sur la constitution des plans d'accouplements pour minimiser la consanguinité attendue, permettent d'améliorer les indicateurs du gain génétique et ceux de la variabilité sur le moyen et le long terme, en particulier quand l'objectif de sélection fait intervenir des caractères négativement corrélés entre eux (l'évolution nulle du second caractère est alors explicite). L'optimisation des plans d'accouplement, sans modifier significativement le taux d'accroissement de la consanguinité, se traduit principalement par un retard, visible sur les graphes, dans le point d'apparition de la consanguinité. Par ailleurs, interdire l'accouplement d'un mâle à des femelles apparentées entre elles ne réduit pas significativement ce taux, même s'il contribue probablement à atténuer les conséquences des accidents d'élevage (par exemple mort ou infertilité d'un mâle). La modélisation suggère que les informations données par le pedigree ne permettent de stabiliser les indicateurs qu'en cumulant au moins 10 générations.

ABSTRACT

Monitoring Small Poultry Populations Using Simulated Annealing Algorithms.

When dealing with small populations, which may be the case of local breeds or experimental lines, combining immediate genetic gain and preservation of genetic variability is a well-known issue, which requires relevant methods. Using stochastic simulation, we compared various methods of selection and mating allocation in a population obtained from 15 sires, each mated with 3 dams. Each full-sib family consisted of 3 male and 3 female offspring. Up to 30 successive selection cycles were simulated. Reference selection method consisted in sorting the male and female candidates on the main objective, within sire and dam families respectively, after truncation on the ancillary objective. It actually led to an acceptable trade-off between genetic gain and inbreeding rate. Optimized methods, based on Simulated Annealing Algorithm, can be used both for the selection of breeding animals, in order to reduce their average co-ancestry, and on mating allocation, in order to minimize the expected inbreeding. They thus improved both genetic gain and genetic variability indicators, especially when the breeding objective included antagonist traits. The optimization of mating allocation did not significantly affect the inbreeding rate, but delayed the onset of inbreeding by four generations. Preventing the mating of related females to the same sire did not significantly reduce the inbreeding rate. This avoidance practice should nevertheless be perpetuated, lest a deficient sire would reduce the progeny of a complete dam family to zero. Finally, results suggested that pedigree depth should exceed 10 generations to ascertain reliability of pedigree-based genetic variability indicators.

INTRODUCTION

Depuis la généralisation de l'utilisation du « BLUP modèle animal » en sélection, dans les années 1990, la préservation de la variabilité génétique, « carburant » des progrès futurs est devenue sujet de nombreux travaux (Wooliams et Thompson, 1994 ; Meuwissen et Wooliams 1994, Brisbane et Gibson, 1995 ; Wray et Goddard, 1994 ; Meuwissen, 1997). En effet, si le BLUP exploite de façon optimale l'information généalogique pour fournir les prédictors les plus précis de la valeur génétique des candidats, il conduit aussi à attribuer des valeurs similaires à des fratries entières, spécialement pour les caractères peu hératables. Ce phénomène est d'autant plus notable dans les populations avicoles, avec un schéma d'accouplement hiérarchique (1 mâle est accouplé à un « parquet » de plusieurs femelles, une femelle avec un seul mâle). Sur la base du BLUP, on sélectionne (ou on écarte donc) des familles entières, ce qui peut entraîner un appauvrissement de la base de sélection.

Il est maintenant convenu d'agir sur deux leviers. D'abord le choix des reproducteurs pour concilier l'obtention d'un gain génétique et le maintien de la parenté moyenne à des valeurs acceptables. Ensuite la recherche d'un plan d'accouplement qui minimise la consanguinité attendue aux générations suivantes.

Dans le cas de populations de petite taille, telles que les lignées expérimentales ou les races locales, caractérisées par un faible nombre de reproducteurs, ces problématiques ont encore plus d'acuité. Des méthodes de gestion adaptées sont donc requises.

L'objectif de cette étude est de présenter l'intérêt opérationnel des méthodes qui s'appuient sur l'algorithme du Recuit Simulé (Kirkpatrick *et al*, 1983) pour agir simultanément sur les deux leviers précités.

1. MATERIELS ET METHODES

Notre démonstration est basée sur des simulations de populations *in silico*, qui permettent de mimer le fonctionnement de populations fictives comme s'il s'agissait d'une population réelle. On crée alors un fichier de pedigree et de performances, ce qui permet de calculer des indices et d'estimer la consanguinité et la taille efficace (voir 1.3).

1.1. Algorithme du recuit simulé.

Dans nos schémas, la théorie des contributions génétiques optimales de Meuwissen (1997) ne s'applique pas facilement à cause des contraintes zootechniques : les contributions sont discrètes (l'animal est choisi ou non) et égales ; une fois choisi, un ♂ va être accouplé à n ♀ et on fait l'hypothèse d'un nombre égal de descendants (les

périodes de ramassage des œufs ne sont pas plus longues pour les meilleurs). Un algorithme adapté aux contributions discrètes était donc nécessaire. L'algorithme du Recuit Simulé (RS) s'est imposé par sa grande modularité. Il consiste, en partant d'un état donné, à tester de multiples permutations et à retenir celles qui le font évoluer vers l'objectif recherché. L'originalité de cet algorithme est qu'il peut également accepter des permutations qui momentanément dégradent l'objectif, ce qui lui permet d'explorer plus de solutions possibles, afin d'éviter le piège des optimums locaux. Le nom donné s'inspire d'un phénomène connu en métallurgie : pour assurer la solidité d'un alliage (qui est l'objectif), le refroidissement (que l'on assimile à la progression de l'algorithme) peut être interrompu par des phases de réchauffement (ou recuit). Dans sa version native, cet algorithme peut optimiser des fonctions simples : minimisation de l'appareillement moyen des reproducteurs sélectionnés (premier levier) ou de la consanguinité attendue après accouplement des reproducteurs (second levier). On peut également l'utiliser dans des cas d'optimisation sous contraintes (Colleau *et al*, 2004), ce qui est particulièrement adapté dans le cas présent (Chapuis *et al*, 2014 et 2016) pour maximiser un objectif principal sous la double contrainte de maintenir des objectifs secondaires à des niveaux désirés et l'accroissement de la consanguinité à une valeur acceptable (RSC = Recuit Simulé sous Contraintes).

1.2. Population simulée et scénarios étudiés.

La simulation mime une population réaliste, pour laquelle des effectifs similaires sont observés dans des races locales ou des lignées expérimentales de volailles. Chaque génération est constituée de 15 reproducteurs ♂, chacun accouplé à 3 ♀. Chaque couple ainsi constitué a en espérance 3 descendants de chaque sexe. Les cycles de sélection sont répétés sur 30 générations. 2 caractères modérément hératables ($h_1^2 = 0,4$ et $h_2^2 = 0,2$) et antagonistes ($\rho_G = \rho_E = -0,25$) sont simulés. En génération 1, la performance moyenne est de 100 pour chacun des caractères, avec un écart type de 10. Le premier caractère (objectif de sélection) est mesuré sur tous les candidats, tandis que le second, mesuré uniquement sur les femelles, est assimilé à un caractère de ponte, que l'on cherche à ne pas dégrader. Pour la sélection des individus, un scénario de référence (REF) est comparé aux scénarios optimisés. Dans cette situation, on vise l'amélioration de l'objectif tout en contrôlant l'augmentation de la consanguinité en procédant au tri intra-famille de père (candidats ♂) et intra famille de mères (candidates ♀). Afin de limiter la dégradation de la ponte, seuls les individus avec une valeur génétique pour le caractère 2 supérieure à un seuil arbitraire sont effectivement candidats.

Ce seuil est ici moins un demi écart type génétique et la condition est donc $u_{i2} > -0.5\sigma_{G2}$, où u_{i2} désigne la valeur génétique estimée et σ_G l'écart type génétique de la ponte.

Les scénarios de choix optimisés sont au nombre de deux. Le premier (BLUP50) vise à maximiser le gain sur le caractère 1 sans dégrader la ponte et en obtenant une pente de consanguinité équivalente à la moitié de celle obtenue en choisissant simplement les candidats avec les meilleurs indices BLUP pour le caractère 1. Le second scénario optimisé (CONSANGT) cherche à minimiser l'apparementement des reproducteurs tout en assurant un gain au moins égal au scénario de référence pour le caractère 1 et toujours sans dégrader la ponte.

En agissant sur le second levier (plans d'accouplement), il est aussi possible d'interdire de grouper des sœurs au sein du même parquet. En effet, intuitivement on pense plus efficace sur le court terme de répartir les femelles sans imposer de contraintes, en les associant au mâle qui leur est le moins apparenté. Ce faisant on craint cependant de décaler le problème en créant plus de groupes de cousins à la génération suivante. On a donc comparé 3 scénarios de choix des reproducteurs (REF, BLUP50, CONSANGT) en combinaison avec des accouplements au hasard ou optimisés avec (ou sans) la contrainte portant sur le regroupement des sœurs dans un même parquet.

1.3 Indicateurs utilisés

Pour comparer les scénarios, nous disposons des performances et des valeurs génétiques vraies à chaque génération. Nous pouvons également calculer la consanguinité et l'apparementement moyens par génération, ainsi que des indicateurs plus synthétiques de la variabilité génétique : la taille efficace N_e (voir Leroy *et al.*, 2013 pour différentes formules de calcul). Nous avons ainsi calculé, à chaque génération, une taille notée N_{eCERV} estimée à partir de l'apparementement moyen entre individus pris deux à deux (Cervantes *et al.*, 2011). Cet indicateur utilise l'ensemble de l'information pedigree disponible et diffère en cela du N_{eD} « démographique » pour lequel on n'a besoin que du nombre de reproducteurs mâles N_σ et femelles N_φ utilisés, et qui s'appuie sur un choix totalement aléatoire des reproducteurs, ce qui n'est pas le cas ici.

$$N_{eD} = \frac{4 \times N_\sigma \times N_\varphi}{N_\sigma + N_\varphi}$$

Dans nos scénarios où le nombre de reproducteurs est constant (15 ♂ et 45 ♀), $N_{eD} = 45$

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1 Supériorité des méthodes de choix optimisées

Si la méthode de référence présente l'avantage de la simplicité opérationnelle tout en offrant un compromis acceptable entre progrès sur l'objectif de sélection et évolution de la consanguinité, on constate (figures 1 et 2) que les méthodes optimisées s'appuyant sur le Recuit Simulé offrent de meilleurs résultats sur ces deux indicateurs : BLUP 50 pour les performances et CONSANGT pour la maîtrise de la consanguinité. Par ailleurs, ce sont les seuls scénarios qui effectivement garantissent le maintien à l'identique du niveau génétique sur la ponte. La méthode empirique de référence entraîne une dégradation sur le long terme qui pourrait devenir préjudiciable. Le RSC est par ailleurs le seul algorithme documenté à ce jour permettant d'associer une contrainte à la fois sur l'apparementement des reproducteurs et sur le niveau souhaité d'objectifs secondaires.

2.2 Evolution des indicateurs de taille efficace

Trois points importants sont à signaler (figure 3). Primo, un lien existe entre la méthode de gestion et l'évolution au cours du temps de la taille efficace calculée selon les formules de Cervantes *et al.* (2011). Le scénario visant à minimiser explicitement l'apparementement moyen des reproducteurs conduit à la taille efficace la plus élevée. Secundo, l'optimisation des accouplements n'a pas le même effet sur la taille efficace, selon que les choix s'appuient ou non sur le Recuit Simulé (et tiennent ainsi explicitement compte de l'apparementement des reproducteurs). Enfin, tertio, on constate la grande instabilité de cet indicateur de taille efficace basé sur l'information généalogique, tant que celle-ci est incomplète. Ainsi une augmentation très forte (et contre-intuitive) de la taille efficace est observée au début, tant que l'information marginale apportée par chaque nouvelle génération est importante. Ensuite seulement on observe une stabilisation (REF et CONSANGT) ou une diminution (BLUP50). Ce constat incite à de la prudence quand on estime la taille efficace dans une population. En effet on l'envisage plutôt comme une ressource initiale qui, dans une population fermée, ne peut que diminuer à un rythme plus ou moins soutenu, selon le soin accordé à sa préservation. Or l'estimation de N_e avant d'avoir obtenu une information généalogique suffisante contredit cette supposition. Il semblerait que 5 générations d'ancienneté (seuil usuellement retenu pour considérer l'information pedigree pertinente) ne soit pas suffisant, et qu'il faille lui préférer au moins 10 générations.

2.3 Optimisation des accouplements.

Nos simulations (figure 2) ont démontré l'absence d'effet de l'interdiction d'associer des sœurs à un même mâle (on ne distingue pas les deux types

d'accouplements optimisés). Contrairement à ce qui avait été envisagé, la création de cousins (descendants issus de sœurs) à la génération $n+1$ ne rend pas plus difficile la minimisation ultérieure de la consanguinité. Il n'y a pas davantage d'effets sur les valeurs génétiques, alors qu'on pourrait craindre un moindre brassage des origines et donc une baisse d'efficacité de l'indexation. L'absence d'effet étant démontrée, il est conseillé de continuer à éviter de regrouper les sœurs car la modélisation ne tient pas compte des accidents d'élevage qui peuvent toujours survenir si, par exemple, un mâle se révélait hypofertile. En répartissant mieux les femelles, on diminue le risque de perdre des origines. Par ailleurs, comme Meuwissen (1997), on note qu'au niveau de la consanguinité, l'optimisation des accouplements se traduit essentiellement par un décalage à l'origine et non par une différence de pente.

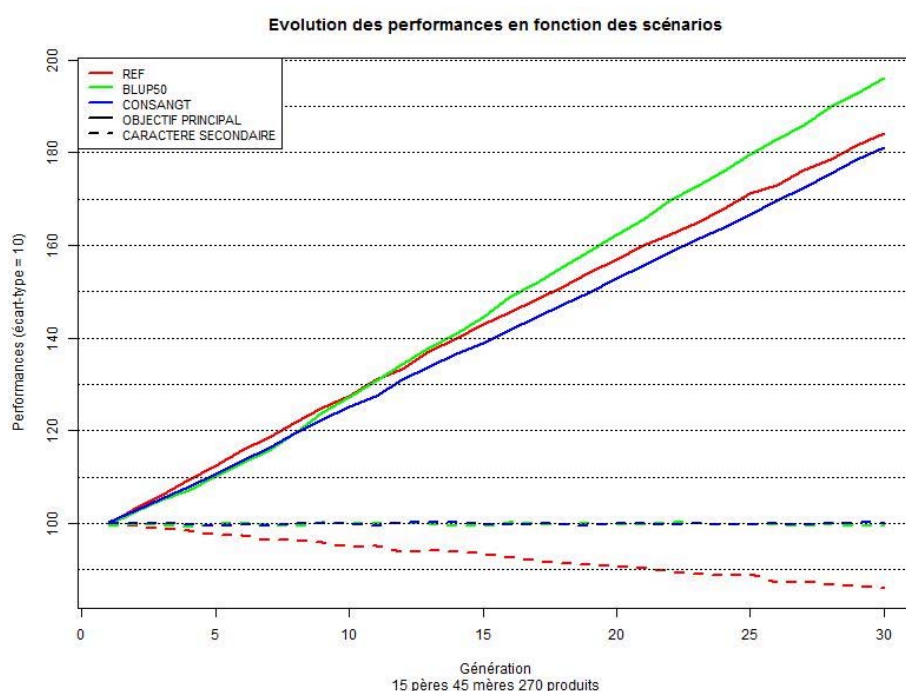
CONCLUSION

Ces travaux démontrent l'intérêt des méthodes de gestion optimisées pour les populations de taille limitée. D'autres prolongement seront nécessaires pour évaluer l'intérêt de ces méthodes dans le cas, par exemple d'une gestion sans le recours à l'insémination artificielle avec une reproduction au sol au sein de groupes de taille à déterminer. Le pedigree serait alors connu *a posteriori* par assignation de parenté en utilisant des marqueurs moléculaires. La sélection et l'accouplement des reproducteurs devra alors faire l'objet d'un soin tout particulier, dans le contexte d'une représentation familiale qui n'aura plus rien d'uniforme, afin de préserver la puissance d'assignation des jeux de marqueurs.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

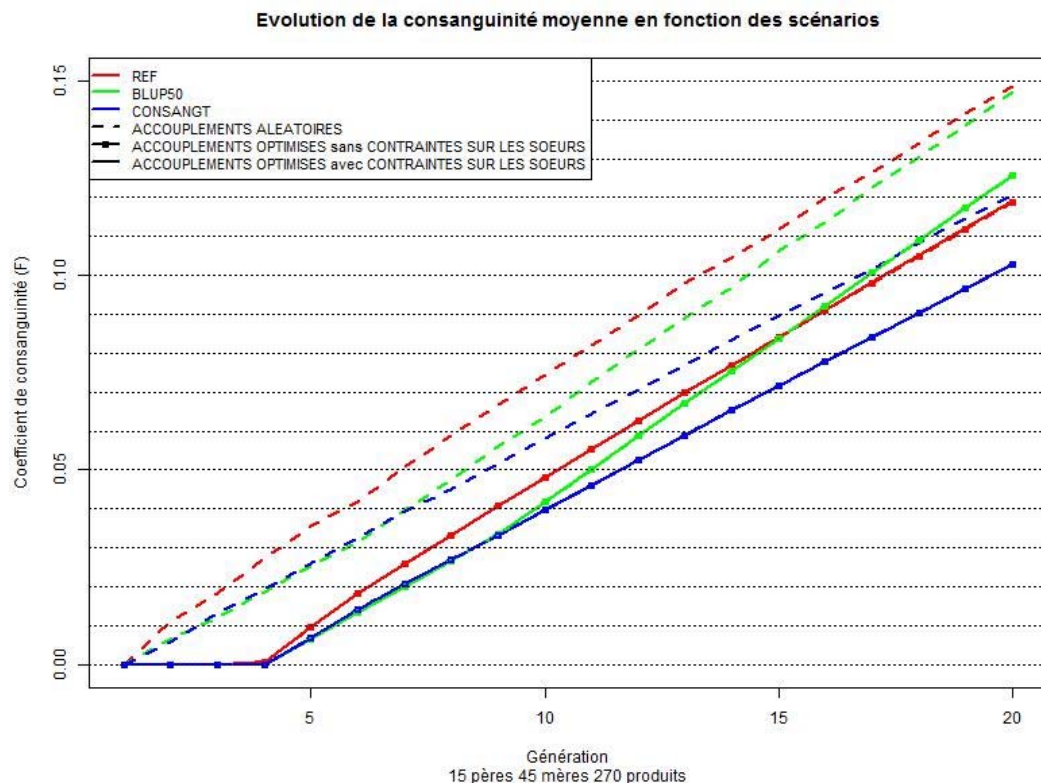
- Brisbane J.R., Gibson J.P., 1995, Theor. Appl. Genet., (91), 421–431.
 Cervantes I., Goyache F., Molina A., Valera M., Gutierrez J.P., 2011, J. Anim. Breed. Genet., (128), 56-63.
 Chapuis H., Pincet C., Colleau J.J., 2014, 10th WCGALP, Vancouver, Canada, Communication 23-02.
 Chapuis H., Pincet C., Colleau J.J., 2016, J. Anim. Breed. Genet., (133), 3-12.
 Colleau J.J., Tual K., de Préaumont H., Regalado D., 2009, Genet. Sel. Evol., (41), 7.
 Leroy G., Mary-Huard T., Verrier E., Danvy S., Charvolin E., Danchin-Burge C., 2013, Genet. Sel. Evol., 45:1
 Meuwissen T.H.E., Woolliams J.A., 1994, J. Dairy Sci., (77), 1905–1916.
 Meuwissen T.H.E., 1997, J. Anim. Sci., (75), 934–940.
 Woolliams J.A., Thompson R., 1994, 5th WCGALP, Guelph, Canada, (19), 127–133.
 Wray N.R., Goddard M.E., 1994, Genet. Sel. Evol., (26), 431–451.

Figure 1. Prédiction des performances sur l'objectif principal (trait plein) et sur le caractère secondaire (trait pointillé).



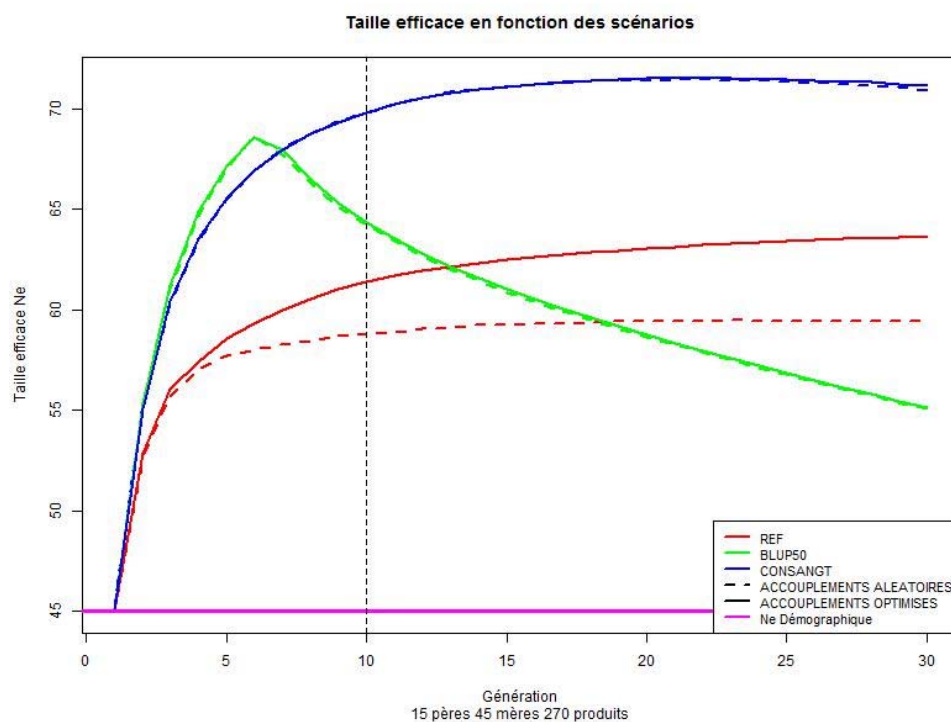
REF = scénario de référence. BLUP50 et CONSANGT sont des scénarios optimisés visant à maximiser le gain génétique ou à réduire la consanguinité. Par souci de clarté seuls les scénarios avec optimisation des accouplements sont représentés, mais ils se superposent, pour les performances, aux courbes obtenues avec des accouplements aléatoires.

Figure 2 : Coefficients de consanguinité



REF = scénario de référence. BLUP50 et CONSANGT sont des scénarios optimisés visant à maximiser le gain génétique ou à réduire la consanguinité.

Figure3 : Evolution de l'estimation de la taille efficace N_e selon l'information généalogique disponible



REF = scénario de référence. BLUP50 et CONSANGT sont des scénarios optimisés visant à maximiser le gain génétique ou à réduire la consanguinité.