

MODELISATION DETERMINISTE D'UN SCHEMA DE SELECTION AVICOLE

François Yoannah¹, Alnahhas Nabeel¹, Brard Sophie¹, Chapuis Hervé², Elsen Jean-Michel², Le Roy Pascale³

¹*SYSAAF - Unité de Recherches Avicoles, Centre INRA Val de Loire - 37380 NOUZILLY,*
²*INRA, UMR1388 INRA-INPT GenPhySE – 24 chemin de Borde Rouge - 31326 CASTANET-TOLOSAN*

³*INRA, UMR1348 PEGASE - Domaine de La Prise - 35590 SAINT-GILLES*
yoannah.francois@inra.fr

RÉSUMÉ

Modéliser un schéma de sélection permet d'en faire varier les paramètres qui décrivent son organisation et de prédire les gains génétiques attendus afin de comparer différentes organisations. C'est un outil d'aide à la décision très utile pour la profession. La modélisation déterministe consiste à estimer les espérances des valeurs génétiques de cohortes de reproducteurs en s'appuyant sur les valeurs génétiques estimées utilisées pour la sélection, sur les paramètres décrivant la population et le processus de sélection. Le modèle proposé se place dans le cadre d'un schéma de sélection de poules pondeuses avec un objectif incluant de nombreux caractères. Il combine, en deux étapes, un processus de sélection individuelle et un processus de sélection familiale, en distinguant les individus de bonnes familles qui subissent une sélection massale et ceux des familles intermédiaires qui subissent une sélection intra-famille. L'utilité de ce modèle est illustrée par la comparaison de différents scénarios variant par le taux de sélection familiale : son augmentation s'accompagne d'une hausse du progrès génétique prédit jusqu'à atteindre un plateau. Ce modèle sert de base à une exploration en cours des possibilités apportées par la sélection génomique, dont un premier exemple comparant des modèles génétiques et génomiques est donné en illustration dans cet article.

ABSTRACT

Deterministic modeling of a poultry selection scheme

Modeling a selection scheme enables to vary its parameters and to compare different organizations through the predicted genetic gains. This is a useful tool for professionals. The deterministic modeling consists in estimating the breeder true breeding value expectation after a selection process based on estimated breeding values and on the different parameters describing the population and the selection process. This model is based on a layer chicken selection scheme with a breeding goal composed of numerous traits. This is a two steps model that combines an individual selection process and a familial one. Within selected families, candidates from the good families are undergoing a mass selection whereas candidates from medium families are undergoing a within family selection of a fixed number of candidates. The variability of the parameters composing the model enables to compare a large diversity of scenarios. To illustrate the usefulness of this model, we compared different scenarios varying for the familial selection rate: its increase leads to an increase of the predicted genetic gain until it reaches a plateau. An example of comparison between genetic and genomic models is also given in this article, as this model can be used as a basis to explore all the possibilities brought by genomic selection.

INTRODUCTION

Modéliser un schéma de sélection est un moyen d'en comparer différentes organisations en faisant varier les paramètres qui le décrivent et au travers des prédictions de gains génétiques qui en résultent (Elsen, 1992). C'est un outil d'aide à la décision qui peut s'avérer utile pour la profession car il peut permettre l'identification de leviers d'actions dans les schémas modélisés.

Le projet OPTIVOL au sein duquel s'inscrit cette étude, a pour objectif d'évaluer les gains et limites de sélection génomique par rapport à la sélection traditionnelle chez les volailles. La modélisation d'un schéma de sélection traditionnel est une première étape importante car elle permet d'établir une base de comparaison fiable pour d'autres scénarios et schémas de sélection, qu'ils soient traditionnels ou génomiques. Le but de cet article est de présenter un modèle de schéma de sélection avicole, basé sur un schéma de sélection traditionnel de poules pondeuses, ainsi qu'une illustration de son utilisation.

1. MATERIELS ET METHODES

1.1. Présentation du schéma modélisé

Le schéma modélisé dans cette étude est un schéma de sélection d'une lignée de poules pondeuses, représenté dans la figure 1. Dans ce schéma, un cycle de sélection comporte deux étapes de sélection successives (classique en aviculture) correspondant à deux phases d'élevage et de mesures différentes portant sur des critères de qualité d'œufs, de performance de ponte et de poids corporel. Les schémas avicoles se caractérisant par un grand nombre de critères de sélection, les contraintes zootechniques et celles relatives à la conservation d'un nombre minimal d'origines familiales font que le processus de sélection ne peut se résumer à une règle simple d'une sélection sur une valeur d'index au-dessus d'un seuil fixé par le taux de sélection appliqué. C'est la raison pour laquelle notre modélisation s'appuiera sur des index rétrospectifs (Allaire et Henderson, 1966), qui reflètent au mieux l'importance relative des différents caractères dans la pratique de la sélection.

1.2. Modélisation du schéma de sélection

La modélisation envisagée du schéma de sélection est de type déterministe. Dans cette approche les conséquences de la sélection sur l'évolution des distributions des valeurs génétiques sont décrites et calculées grâce à des équations reliant cette évolution aux variables (effectifs, taux de sélection) qui caractérisent la population. Elle se base sur une description détaillée du schéma, de la démographie de la population, des critères de sélection et des pressions de sélection appliqués ou encore de la précision de sélection (corrélation entre l'objectif de sélection et l'index des critères de sélection). Un point clé de cette

modélisation est l'estimation de l'espérance de la valeur génétique vraie ($E[g|I > s]$) des reproducteurs dont l'index I se situe au-delà d'un seuil s donné : $E[g|I > s] = i(q) * r(I, H) * \sigma_H$. Dans l'équation, $i(q)$ correspond à l'intensité de sélection appliquée au cheptel, $r(I, H)$ est la corrélation entre l'index I et l'objectif de sélection, σ_g est l'écart-type génétique du caractère évalué.

Deux index rétrospectifs (I_1 et I_2) sont utilisés dans la modélisation, un pour chacune des deux étapes de sélection (figure 1) et sont calculés en tenant compte de l'information disponible, y compris les performances des apparentées. La première étape de sélection est modélisée en 2 sous-étapes (figure 2) : une familiale et une intrafamiliale.

Les familles sont triées selon la moyenne familiale des index I_1 ($x_i = \frac{1}{n_i} \sum_j \hat{I}_{1ij}$, où n_i est le nombre d'individus composant la $i^{\text{ème}}$ famille). La proportion Q_f de familles que l'on doit conserver lors de la sélection détermine un seuil τ_a . Les moins bonnes familles, telles que $x_i < \tau_a$ sont alors éliminées. Parmi les familles retenues, on distingue deux groupes : les « bonnes » et les « intermédiaires », séparées sur la moyenne familiale par un seuil τ_b , avec deux processus de sélection intrafamiliale différents. Dans le groupe des familles intermédiaires ($x_i < \tau_b$), on retient la même proportion Q_{min} d'individus par famille, c'est-à-dire les individus dont l'écart à la moyenne familiale est supérieure à un seuil s_a à déterminer ($y_{ij} > x_i + s_a$, avec y_{ij} la valeur d'index du $j^{\text{ème}}$ individu de la $i^{\text{ème}}$ famille). Dans le groupe des meilleures familles ($x_i > \tau_b$), les individus sont sélectionnés sur leurs propres valeurs d'index ($\hat{I}_{1ij}$) selon un seuil s_b commun à toutes les familles du groupe et à déterminer lui aussi. Autrement dit, pour ces bonnes familles, le nombre d'individus sélectionnés en première étape est variable et dépend de la moyenne familiale. La deuxième étape de sélection du schéma correspond à un processus de sélection individuelle. Les candidates sont sélectionnées si leur valeur d'index I_2 est supérieure à un seuil s_z déterminé par le taux de sélection appliqué à cette étape. La supériorité génétique Δ des femelles sélectionnées peut alors s'écrire comme la somme des espérances des supériorités génétiques dans les familles intermédiaires et dans les bonnes familles :

$$\Delta = \frac{Q_1}{Q_1 + Q_2} Ma + \frac{Q_2}{Q_1 + Q_2} Mb$$

$$Ma = E[g|x_i \in [\tau_a, \tau_b], y_{ij} > s_a, z_{ij} > s_z]$$

$$Mb = E[g|x_i > \tau_b, y_{ij} > s_b, z_{ij} > s_z]$$

Les seuils τ_a et s_a sont déterminés à partir des taux de sélection Q_f et Q_{min} , respectivement. Les seuils s_b et s_z sont déterminés de façon à respecter les taux de sélection Q_1 et Q_2 , respectivement, et le seuil τ_b (à partir duquel une famille est considérée parmi les

meilleures) est déterminé de façon à maximiser la supériorité génétique que l'on cherche à prédire.

1.3. Modélisation d'un schéma de sélection génomique.

Le modèle de génomique proposé utilise un index (I_g) et combine un processus de sélection familiale où les familles sont triées selon la moyenne familiale x_{gi} de l'index et un processus de sélection intra-famille où les individus sont triés selon leur propre valeur d'index (y_{gij}). L'espérance de la valeur « génomique » des reproducteurs s'écrit : $\Delta_g = E[g|x_{gi} > s_f, y_{gij} > s_c]$, où s_f est le seuil de troncature donné par le taux de sélection familial et s_c est le seuil de troncature donné par le taux de sélection individuel.

Les calculs nécessaires aux deux modèles, de résolution des intégrales ou encore de maximisation de la fonction, ont été réalisés avec l'aide des fonctions G01EAF, G01FAF et des routines C05ADF, D01FCF et E04ABF de la librairie NAG (Numerical Algorithms Group Ltd., Oxford, UK).

1.4. Mise en œuvre du modèle

Afin d'illustrer l'utilisation possible du modèle proposé, celui-ci a été mis en œuvre pour déterminer l'influence des paramètres Q_f (taux de sélection familial, c'est-à-dire la proportion d'origines maternelles représentées parmi les femelles conservées à l'issue de la première étape) et Q_{min} (proportion d'individus sélectionnés dans les familles intermédiaires) sur les prédictions de progrès génétique espéré. Le modèle est multi-caractères, mais seuls les résultats obtenus pour le caractère de poids d'œuf ($h^2=0,29$) sont présentés, les autres caractères présentant des résultats similaires. Les deux modèles proposés ont également été mis en œuvre pour comparer les prédictions de gain génétiques espérés sur deux caractères fictifs, C1 et C2, présentant des héritabilités de 0,12 et 0,33, respectivement et une pondération dans l'objectif de 40% et 60%, respectivement. La corrélation entre les deux caractères varie de 0 à 0,7.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

La figure 3 présente les prédictions de supériorité génétique pour un caractère de poids d'œuf obtenues après utilisation du modèle pour des valeurs de Q_f allant de 30% à 50% et des valeurs de Q_{min} de 1/10, 3/10 et 5/10 (pour plus de simplicité, nous avons supposé toutes les familles de mère de même taille, égales à 10 pleines sœurs). Malgré la faible échelle dans laquelle s'inscrivent ces résultats (0,015 points d'écart entre les valeurs les plus extrêmes), une tendance se dégage. L'augmentation de la proportion de familles sélectionnées s'accompagne d'une légère

hausse des valeurs des espérances prédites (de 0,256 à 0,26) jusqu'à atteindre un plateau lorsque Q_f dépasse 41% autour de 0,26. Ce constat est le même quelle que soit la valeur de Q_{min} , c'est-à-dire quel que soit le nombre d'individus que l'on impose de choisir dans les familles intermédiaires. De plus, la valeur de Q_{min} imposée ne semble pas ou peu influencer la valeur de l'espérance prédite : pour $Q_f=30\%$ et $Q_f=41\%$, le résultat obtenu est le même pour les 3 valeurs de Q_{min} , alors que pour les autres valeurs de Q_f , une combinaison avec $Q_{min}=1/10$ ou $Q_{min}=5/10$ semble plus performante. Le modèle est conçu de manière à maximiser le progrès prédit quel que soit le paramétrage Q_f/Q_{min} demandé, ce qui peut expliquer en partie le faible écart entre les valeurs des différentes conditions.

La figure 4 présente les premiers résultats de comparaison des prédictions de gain génétique obtenus par les deux modèles proposés. Quelle que soit la corrélation, le gain génétique obtenu par le modèle génomique est nettement supérieur à celui obtenu par le modèle classique. Dans ce cas, les progrès des deux caractères sont équivalents quelle que soit la corrélation. En revanche, dans le cas génomique, le progrès du caractère C1 diminue plus fortement que celui du caractère C2 quand la corrélation diminue. C1 étant moins héritable que le C2, cette différence semble due à la plus faible pondération de C1 par rapport à C2 et à la diminution de la corrélation. Il semble ainsi que le modèle génomique soit plus sensible que le modèle génétique aux différents paramètres que sont l'héritabilité, la pondération et la corrélation, mais cette hypothèse nécessite d'être étayée.

Comme précisé ci-dessus, les résultats présentés ici pour illustrer la mise en œuvre du modèle ne concernent qu'un seul caractère. Cependant, le modèle a été conçu pour pouvoir traiter une approche multi-caractères et prédire par une seule utilisation les supériorités génétiques potentielles des caractères composant les index utilisés. Les index peuvent ainsi n'être composés que d'un seul ou de plusieurs caractères.

CONCLUSION

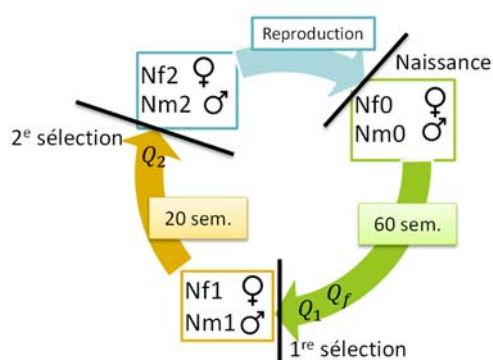
Le modèle présenté dans cet article fait intervenir de nombreux paramètres dont la variabilité amène à comparer des scénarios de schémas de sélection différents. Dans un contexte d'optimisation de schéma pour en maximiser les gains, il peut permettre d'identifier les paramètres clés ou les combinaisons de paramètres optimales des schémas modélisés. Dans un contexte d'évaluation de la sélection génomique, ce modèle servira de base de comparaison et pourra être adapté à la génomique pour comparer différents scénarios de sélection génomique entre eux et avec le modèle de sélection traditionnelle.

Remerciements : Nous remercions AGENAVI, financeur du projet OPTIVOL dans lequel s'inscrit cette étude, ainsi que NOVOGEN, partenaire du projet.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

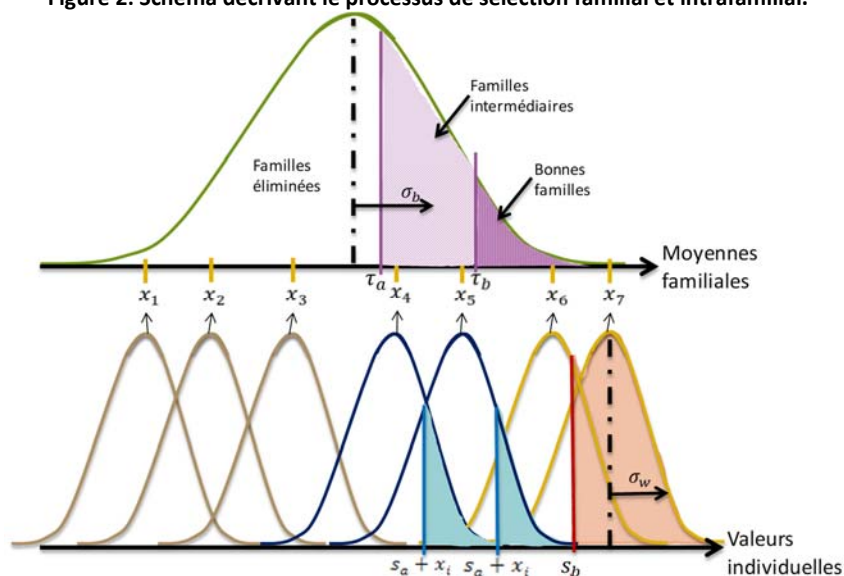
- Allaire F.R., Henderson C.R., 1966, Sélection practiced among dairy cows II. Total production over a sequence of lactation. J. Dairy Sci., 49 (11), 1435-1440.
- Elsen, J.-M., 1992 De l'optimisation au progrès génétique réalisé dans les schémas de sélection. INRA Productions animales, 1992, hs, 237-242.

Figure 1 : Schématisation d'un cycle de sélection de poules pondeuses.



Q_1 et Q_2 sont les taux de sélections appliqués aux candidats aux étapes 1 et 2, respectivement. Q_f est le taux de sélection familial appliqué lors de la 1^{re} étape de sélection. **Nf** et **Nm** sont les effectifs des femelles et des mâles, respectivement, aux différentes étapes du cycle de sélection.

Figure 2 : Schéma décrivant le processus de sélection familial et intrafamilial.



Les familles sont numérotées de 1 à 7 et triées selon leur moyenne x . Dans les familles intermédiaires (4 et 5), un nombre fixe d'individus est choisi, déterminé par un seuil $x_i + s_a$. Dans les bonnes familles, les meilleurs candidats sont choisis, sélectionnés selon un seuil s_b .

Figure 3 : Prédiction de gain génétique annuel par le modèle de sélection classique pour différentes valeurs de Q_f et de Q_{min}

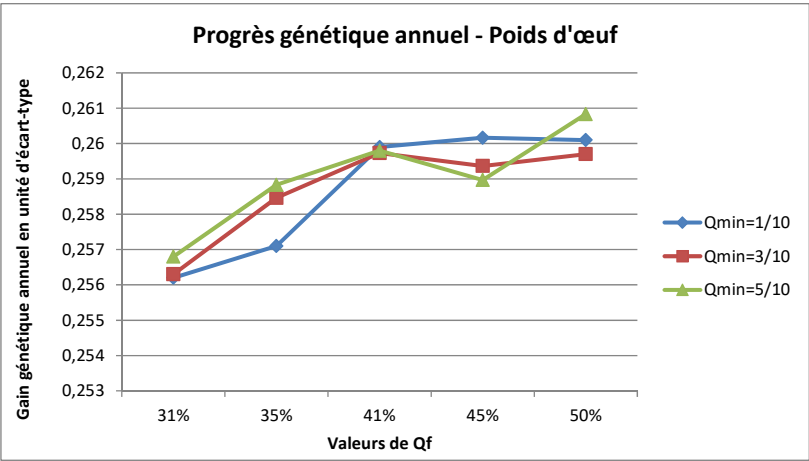


Figure 4 : Progrès génétiques prédits par les modèles classiques et génomique selon la corrélation entre les deux caractères C1 et C2.

