

Amélioration génétique des animaux d'élevage

Chapitre I : Bases génétiques et statistiques de l'amélioration génétique

Introduction

Les méthodes d'action génétique se différencient selon les paramètres biologiques et les espèces.

- Les petites espèces : généralement améliorées dans des conditions de milieu bien maîtrisées, leurs caractéristiques (cycle de reproduction courte, nombre élevé des descendants, format, démographie, régime alimentaire, habitat..), permettent de réaliser un progrès génétique relativement rapide et important.
- Les grandes espèces : élevés en générale dans des milieux faiblement maîtrisables, leurs caractéristiques biologiques sont différentes (cycle de reproduction long, nombre faible des descendants, grand format, faible taux de fertilité, encombrement ...),

Dans le cas des grandes espèces le sélectionneur joue à la fois le rôle d'agent de développement et celui de généticien, mais à leurs avantages les grandes espèces permettent de valoriser un environnement difficile et naturel.

Pour conduire un programme d'amélioration génétique et réaliser un progrès génétique, il est donc indispensable de s'appuyer sur des organisations professionnelles soutenues par les pouvoirs publics dans le cadre d'un programme contractuel de développement basé sur des dispositifs réglementaires et juridiques.

Objet de la sélection

L'activité des sélectionneurs est d'améliorer les performances génétiques de cheptel dont il est à la charge par :

- Le choix à une génération donnée des reproducteurs ayant une valeur génétique supérieure à celle de leurs contemporains.
- La mise à la reproduction des animaux choisis pour engendrer la génération suivante.
- L'obtention d'un progrès génétique important exige le choix de reproducteurs qui transmettent à leurs descendants le maximum de leurs caractéristiques intéressantes.
- Ce choix doit être fait sur la base des informations du contrôle des performances de production des animaux candidats à la sélection et/ou leurs apparents.

Comment estimer la valeur génétique d'un reproducteur à partir de ces divers informations (performances).

Pour répondre à cette question :-

- On part en générale du modèle génétique et statistique relatif à un caractère déterminé par un seul couple de gènes homologues situés au niveau d'un locus.
- On généraliser ensuite ces principes à un caractère déterminé par un grand nombre de gènes situés au niveau d'un grand nombre de locus et par l'effet du milieu.

Rappel statistique:

- Moyenne

Méthode 1

x_i
9
5
4
7
5

$$\sum x_i = 30$$

$$\bar{x} = \frac{1}{N} \sum x_i = 6$$

Méthode 2

x_i P_i
9 . 0,2 = 1,8
5 . 0,4 = 2,0
4 . 0,2 = 0,8
7 . 0,2 = 1,4

$$P_i = \frac{n_i}{N}$$

N: nbr de mesures

$$\bar{x} = \sum P_i x_i = 6$$

- Variance

$$V(x) = \frac{1}{N-1} \sum (x - \bar{x})^2 = \frac{1}{N-1} \left[\sum x^2 - \frac{(\sum x)^2}{N} \right]$$

$$V(ax) = a^2 V(x) = a^2 \sqrt{\sigma_x^2}$$

$$V(x+y) = V(x) + V(y) + 2 \text{cov}(x,y)$$

$$V(x-y) = V(x) + V(y) - 2 \text{cov}(x,y)$$

$$V(ax+y) = a^2 V(x) + V(y) + a \cdot 2 \text{cov}(x,y)$$

$$\text{cov}(x,y) = \frac{1}{N-1} \left[\sum xy - \frac{(\sum x)(\sum y)}{N} \right]$$

$$\text{cov}(ax,y) = a \text{cov}(x,y)$$

$$\text{cov}(x,x) = V(x) = \sqrt{\sigma_x^2}$$

Lorsque des variables sont indépendantes leurs cov = 0

Variable indépendante → effets indépendants

$$G = A + D + I$$

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2$$

$$P = G + E$$

$$\sigma_P^2 = \sigma^2(G+E) = \sigma^2 G + \sigma^2 E + 2 \text{cov}(G,E)$$

$$V(G) = V[A + D + I]$$

$$V(P) = V(G + E)$$

Moyen : permettre de positionner les individus de la population.

Variance : permettre de voir la dispersion des individus de la population au tour de leur moyen.

Modèles génétique et répartition de la variance génétique quantitative.

Modèles génétique un locus (caractère déterminé par deux allèles)

On suppose pour le moment que l'environnement n'a pas d'effet sur le caractère considéré ; le phénotype est par hypothèse égale au génotype.

Le modèle classique sépare la performance phénotypique (P) ou performance mesuré en deux principales composantes en négligeant les interactions.

- Valeur génotypique (G) a valeur génétique additive (A)
- Valeur résiduelle due a l'effet milieu (M).

Phénotype (K lait) = A (kg de lait) + M (kg de lait)

Par hypothèse, l'effet M est nul ($M = 0$) donc $P = G$; considérons le génotype $A_i A_j$ avec les allèles A_i et A_j ou locus A ayant les fréquences p et q, il y a trois génotype possibles ayant les valeurs génotypiques et les fréquences et observées suivants :

génotype	Fréquence génotypique	Valeur génétique mesurées
$A_i A_i$	p^2	r
$A_i A_j$	$2pq$	s
$A_j A_j$	q^2	t

Les valeurs r,s,t sont les valeurs prise pour le caractère étudié par les trois génotypes.

Moyenne d'une population :

L'espérance de (G) ou moyenne génotypique de la population s'écrite

Esp (G) ou $\mu = p^2 r + 2pq s + q^2 t$

$\mu = E(G) = E(P)$ étant la vrai moyenne de la population aussi s'écrite $\mu = G = P$

Exemple :

Les valeurs de concentration d'un enzyme déterminées par un couple de gènes E_1 et E_2 dans une population en équilibre HW : sont donnees dans le tableau suivant :-

génotype	Fréquence	Valeur
$E_1 E_1$	p^2	r = 8
$E_1 E_2$	$2pq$	s = 6
$E_2 E_2$	q^2	t = 2

Quelle est la moyenne de la population pour $p = 0.6$ et $q = 0.4$

$$\mu = (0,6)^2 (8) + 2 (0,6 \times 0,4) (6) + (0,4)^2 \times (2)$$

$$\mu = 6,08$$

la variance Totale de la population
s'écrite $\text{Var}(g) = p^2 (r -$

Remarque :

On peut soustraire la moyenne de chaque valeur génotypique sans effectuer la variance

Dans la pratique

Les valeurs génotypique sont exprimées en terme d'écart a la moyenne générale de la population [avec hypothèse $\mu = E(G) = E(P)$]

Ponson i, j et k les nouvelles valeurs centrées prises par les trois génotypes

génotype	fréquences	valeurs	valeurs	Valeurs
$A_i A_i$	p^2	$i = r - u$	$p^2 r$	$p^2 i$
$A_i A_j$	$2pq$	$j = s - u$	$+ 2pq s$	$+ 2pq j$
$A_j A_j$	q^2	$k = t - u$	$+ q^2 t$	$+ q^2 k$
Moyenne de la population			$\mu =$ somme de vrai moyenne	$\mu_c =$ somme des moyenne centrées

La moyenne des valeurs centrées de la population (ou moyenne centrées) est par définition

$$\mu_c = p^2 i + 2pq j + q^2 k = 0$$

Le changement d'origine pour les mesures de i, j, k n'affecter pas la variance

$$\sigma^2 G = p^2 i^2 + 2pq j^2 + q^2 k^2$$

Chaque génotype de notre population est mentionnait $A_i A_j = i$ ou j ou k , selon les gènes qui le composent.

Or peut écrire le modèle générale pour décrier n'importe quel génotype qui inclut un terme pour tout sort de contribution que les gènes peuvent apporter :

$$G = A + D$$

$$A_i A_j = \alpha_i + \alpha_j + (\alpha\alpha)_{ij}$$

Le problème consiste à donner aux éléments de ce modèle les valeurs qui reflètent véritablement leurs effets et qui peuvent être en même temps utilisés, statistiquement FISHER avait définie les valeurs qui semblent allez très bien à ces exigence.

Effet moyen d'un gène

Dans le cas d'un locus a deux allèles la valeur génotypique dépend de la paire d'allèles présents a ce locus, lors de la formation des gamètes. Par contre, ce sont les gènes isolés et non les couples des gènes qui sont transmis de génération en génération, c'est l'effet quantitatif qu'aura un gène donné entrant en combinaison avec un autre gène homologue pris au hasard dans le reste de la population.

FISHER avait définie l'effet moyen d'un gène comme étant

L'écart à la moyenne générale des individus qui ont reçu ce gène d'un parent, le gène reçu d'autre parent étant quelconque.

Le tableau suivant résume la situation :

Male	Femelle du troupeau (pris au hasard)	Fréquences des gènes (femelle)	Génotype descendant	Valeur génotypique	Effet moyen des gènes
A ₁	A ₁	p	A ₁ A ₁	i	$\left. \begin{matrix} pi \\ qj \end{matrix} \right\} pi + qj = \alpha_1$
	A ₂	q	A ₁ A ₂	j	
A ₂	A ₁	p	A ₁ A ₂	j	$\left. \begin{matrix} pj \\ qk \end{matrix} \right\} pj + qk = \alpha_2$
	A ₂	q	A ₂ A ₂	k	

α_1 : effet moyen de gène A₁ parentale

α_2 : effet moyen de gène A₂ parentale

Application :

Application du modèle générale pour le calcul de α_1 , α_2 et (α)

$$A_{n1} A_{n2} = \alpha_{n1} + \alpha_{n2} + (\alpha_{n1} \alpha_{n2})$$

$$A_1 A_1 = \alpha_1 + \alpha_1 + (\alpha_1 \alpha_1)$$

$$A_1 A_2 = \alpha_1 + \alpha_2 + (\alpha_1 \alpha_2)$$

$$A_2 A_2 = \alpha_2 + \alpha_2 + (\alpha_2 \alpha_2)$$

génotype	Valeur observée	1 ^{er} Cas p = 0.6		2 ^{ème} Cas p = 0.9	
		valeurs centrées	Fréquence génotypique	valeurs centrées	Fréquence génotypique
A ₁ A ₁	r = 14	i = 2.24	p ² = 0.36	i = 0.44	p ² = 0.81
A ₁ A ₂	s = 12	j = 0.24	2pq = 0.48	j = 1.56	2pq = 0.18
A ₂ A ₂	t = 6	k = -5.76	q ² = 0.16	k = -7.56	q ² = 0.01

1^{er} Cas

2^{ème} Cas

Valeur d'élevage

Valeur génétique additive = la somme des effets moyens des gènes constituent le génotype de l'individu.

$$A A = \alpha_1 + \alpha_1 = 2 \alpha_1$$

$$A a = \alpha_1 + \alpha_2$$

$$A a = \alpha_2 + \alpha_2 = 2 \alpha_2$$

Moyenne de descendent = moyenne de population des individus contemporains de ce groupe des descendent + $\frac{1}{2}$ valeur génétique additive de l'individu

Donc **moy descendent = moy population + $\frac{1}{2}$ VGA individu**

VGA individu = 2 [moy descendent - moy population]

Pour que cette note (index) devienne une note génétique il faut la multiplier par des paramètres ou coefficients génétiques

Modèle des valeurs

$$G = A + D + I$$

Valeur génétique

VGA

écart de dominance

écart d'épistasie

Interaction inter allèle

interaction entre gène non allèles

Modèle des variances génotypiques

$$\sigma^2 G = \sigma^2 A + \sigma^2 D + \sigma^2 I$$

Si on tient en compte de l'influence de milieu

$$P = G + E \rightarrow P = A + D + I + E$$

$$\sigma^2 P = \sigma^2 G + \sigma^2 E \quad \sigma^2 E : \text{variance du milieu.}$$

Variance total = variance phénotypique