# Génétique animale

## Introduction

*Geneticos* (gr) = science de l’hérédité = science qui étudie la transmission des caractères héréditaires.

Rappel historique : science jeune par rapport aux autres disciplines.

**1865** : Mendel = lois de l’hérédité = redécouverte en 1900 par de Vries. Lois par rapport à un accouplement.

**1908** : loi de Hardy-Weinberg (génétique des populations). Ce sont les lois de la génétique qui s’appliquent à une population.

**1937** : Lush = début de la génétique quantitative. Travail à l’échelle d’une population. Etude des règles de transmission des caractères qui sont déterminés par plusieurs gènes.

**1970** : début génie génétique (biotechnologie).

## Génétique des populations - concepts de base

### Définitions

* **Population :** désigne un ensemble d’individus d’une même espèce qui ont une probabilité non-nulle de s’accoupler entre eux.
* **Gène =**  une unité d’information élémentaire héréditaire.
* **Locus =** c’est l’emplacement du gène. Si deux gènes différents sont à un même locus, on parle de gènes homologues.
* **Allèle =** la forme d’expression d’un gène 🡪 polymorphisme allélique 🡪 diversité. Si à un locus déterminé, un gène a deux allèles identiques, l’individu est homozygote.
* **Phénotype =** tous les caractères qui sont observables. Le généticien détermine et définie le génotype

Quand on veut étudier une population, deux grandes étapes :

* Décrire cette population
* Etudier l’évolution de la population, les facteurs d’influence.

### Constitution génétique et loi de Hardy-Weinberg

#### Description de la population

A chaque phénotype correspond un génotype particulier.

Exemple : Pelage des bovins shorthorn (Amérique du Nord). Il existe un gène couleur de la peau avec deux allèles : Gène = couleur du pelage R, B (2 allèles)

Il y a eu une étude de la répartition des phénotypes. 3 phénotypes possibles liés à des génotypes :

* Le phénotype est **visible**. R, R = rouge. B, B = blancs R, B = rouans

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  | **R, R** | **R, B** | **B, B** |
| **Rouge** | **Blancs** | **Rouans** |
| 900 | 450 | 150 |
| Fréquence génotypique | f(R, R) = 900/1500 = 0,6 | 0,3 | 0,1 |
| Fréquence génique | f(R) = |  | f(B) =0,25 |

* Les fréquences génotypiques ne suffisent pas à décrire la population.
* La fréquence génique permet de constituer l’urne gamétique.

**Règle :**

**f(allélique) = f(homozygote) + ½**

Ex : f(R ) = 0,6 + 0,15 = 0,75

#### Loi de Hardy-Weinberg

Il définit une population idéale =

* Une population de **très grand effectif qui est fermée.**
* Population **non-soumise à des mutations**, ni à **migrations**, ni à **sélection**.

Dans cette population idéale, les fréquences géniques restent constantes d’une génération à l’autre. De plus, si une population a des accouplements **panmictiques** (indépendamment de leur phénotype) alors les fréquences génotypiques se déduisent des fréquences géniques.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **G0** | **A1p** | **A2q** |
| **A1p** | A1A1  P² | A1A2  pq |
| **A2q** | A2A1  qp | A2A2  q² |

* **f(génotypique)** = p² + 2qp + q² = 1
* **f(génique)** = f(A1) = p² + ½ 2pq = p² + pq = p (p+q) = **p**

Chez les bovins, il existe une maladie héréditaire = syndactylie (onglons soudés). C’est un **allèle récessif.**

Deux allèles M, m -> 1/90 000 naît syndactyle

**f(mm) = q²**

**q = =**

**p =**

**f(Mm) = 2 \* x ~**

**Conditions d’application de la loi :** cette loi s’applique à des caractères qui sont portés par des **chromosomes à 2n.**

Limite : s’utilise lorsque les caractères sont **déterminés par un seul gène**.

### Facteurs de variation des populations

Facteurs de variation :

* Mutation
* Migration
* Sélection
* Système d’accouplement
* Taille de la population

#### La mutation

Tout type d’altération héréditaire de la séquence d’ADN. La plupart des mutations sont défavorables, c’est la seule source de variation nouvelle.

**A1p ; A2q**

**Taux de mutation** **m**  A1p 🡪 A2q

**V**

**G0 = f(A1) = p0**

**f(A2) = q0**

G1 = f(A1) = p0 – np0 + vq0 🡪 q0 = 1 – p0

**1 génération** : P1 = P0 (1 – n)

**Tgénération Pt = P0 (1-n)t**

**Pt = ½ p0 = p0 –(1 – n)t**

**(1 – n)t = ½**

**t = environ = 700 000**

#### Migration

Migration = transfert de reproducteur d’une population dans une autre. On s’intéresse aux reproducteurs qui immigrent.

Premier effet sur les fréquences génétiques et donc sur les fréquences génotypiques 🡪 modification de la structure génétique d’une population.

##### Effets sur les fréquences géniques

On s’intéresse à un locus A. Anciennement, la prim’Holstein = FFPN (Française Frisonne Pie Noir)

Taux de migration m

FFPN

Ap tgénération

Aq p’(A) ?

p’ = p(1-m) +p\*n (mutation)

(FFPN)

= p – mp +p\*m

**= p + m(p\* - p)**

P’ – p\* = p+m (p\*-p) – p\*

= P + mp\* - mp – p\*

= (1 – m) (p-p\*)

**Pt – p\* = (1-m)t (p-p\*)**

Exemple : n = 10%

Pt – p\* = ½ (p-p\*)

½ = (1-n)t 🡪 = **7 générations**

**Conclusion** : migration = moyen efficace de diminuer les fréquences génétiques. Apporter ou maintenir la variabilité génétique au sein d’une population qui aura été fixée.

##### Effets sur les structures génotypiques

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | **Population 1** | **Population 2** |
| **f(A)** | p | p+x |
| **f(a)** | q | q-x |
| **f(Aa) ?** | 2pq | 2(p+x) (q-x) = 2pq – 2x(p-q) – 2x² |

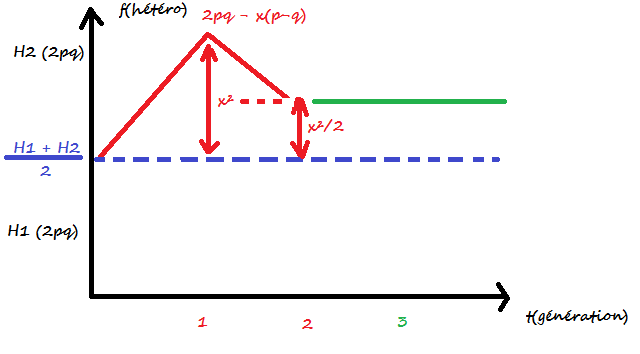
1. **Réunion des 2 populations : population 1 + population 2**

**f(Aa) =**

1. **Pop1 x Pop2 (=f(Aa)?)**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Pop1  Pop2 | AP | aq |
| A | AA | Aa  q(p+x) |
| a(q-x) | Aa p(q-x) | aa |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **f(Aa)** = q(p+x) + p(q-x)  = pq+qx+pq-px  = **2qp – x(p-q)** | **f(A)** = p(p+x) + pq (p-q)  = **p +** | **f(Aa)** = 2 (p + ) (q-)  **= 2pq – x(p-q) -** |



|  |  |
| --- | --- |
| **H2** | X² |
|  |
| **H1** |
| **1**  **2 t** | |
|  | |

|  |
| --- |
| X²/2 |

La migration permet d’augmenter la population d’hétérozygote mais seulement en première génération. Dans les autres générations, le croisement est peu intéressant.

#### Sélection

Il y a sélection lorsque selon leur génotype, les individus :

* N’ont pas la même probabilité de devenir reproducteur
* N’ont pas la même espérance de taille de descendance

NB : L’insémination artificielle permet d’avoir des milliers de descendent par le même male

**Sélection complète :** on juge à partir du phénotype. Si le phénotype que l’on veut exclure totalement correspond à un allèle dominant, la sélection se fait en une génération. Ex : lors de maladie létale (maladie provoquant la mort) : la fente palatine ou encore pour le gène HAL = stress de porc.

[A] (AA) ->

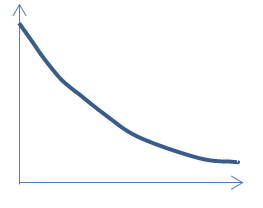
(Aa) ->

[a] (aa)

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Population |  |  | Pop |
| A,a | [A] | AA | P² |
| P,q | [A] | 2pq | 2pq |
|  | [a] | q²/1 |  |
|  |  |  | 1-q² |

f(génotypique) des Ax sélectives

🡪 f(génique) = **URNE**

f(a) = 0 + 🡪 (p = 1-q) =

q0

t

qt = 1/2q0 =

**t = 1/q0**

L’évolution fait évoluer rapidement l’urne gamétique et cette sélection est complète si la fréquence d’allèle est élevée.

Sélection directionnelle **= pour favoriser l’homozygote, on cherche à fixer l’allèle. f(A) = 1. Outil efficace.**

Surdominance**= on favorise les hétérozygotes, on maintien au maximum la variabilité génétique car elle est important pour certains caractères comme la fertilité.**

#### Système d’accouplement

Accouplement au hasard = méthode qui permet de maintenir la variabilité génétique.

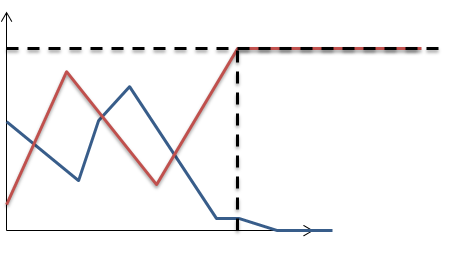
#### Taille de la population

On parle de l’effectif des reproducteurs. Pour chaque population, la taille n’est jamais infinie. On a toujours, au sein des populations, un nombre limité de gamètes qui sont tirés au sort et ce sont ces gamètes qui constituent la population à la génération suivante.

* Lorsqu’on a un échantillonnage de gamètes, les fréquences alléliques ne se maintiennent pas forcément d’une génération à l’autre 🡪 évolution 🡪 l’urne gamétique évolue.

**Problème** = évolution des fréquences alléliques.

* Quand on fait une sélection, on maîtrise le sens d’évolution des allèles. Par contre, lorsqu’on a une taille de population réduite, on a une fluctuation sans direction prévisible.
* La fluctuation de ces fréquences alléliques = **dérive génique**
* Quand on parle d’une situation, la fréquence génique tend de 0 vers 1. 0 = caractère éliminé dans la population.
* La dérive génique est d’autant plus rapide que la taille de la population est faible.
* **Conséquence d’un point de vue génétique = augmentation de la fréquence des homozygotes.**

 f(allélique)

1

0 1 2 3 4 t (génération)

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Population** | | |
| 🡪 | 🡪 | 🡪 |
| 🡪 | 🡪 | 🡪 |
| 🡪 | X |  |
| 🡪 |  |  |
| 🡪 | 🡪 |  |

Population avec effectif limité -> nombre d’ancêtres limités -> accouplements entre individus apparentés -> augmentation de la consanguinité qui est d’autant plus rapide que la population est à faible effectif.

**Exemple :** Holstein = phénomène de Bottle neck

Un effectif de reproducteur parmi une population constitue la population suivante. Parmi cette génération on prend un effectif de reproducteur qui constitue la population suivante etc. A l’arrivée il y a un très petit nombre d’ancêtres communs.

* Chez la Holstein, il y a 30 taureaux qui représentent 50% de la population mondiale.
* Pas plus de diversité génétique chez la Holstein que chez l’abondance qui est une race régionale.

*Système de la double horloge = système efficace pour conserver la variabilité génétique = éviter le phénomène de dérive génique.*

**Conclusion : Deux forces qui permettent de faire évoluer rapidement la structure génétique d’une population : sélection et croisement**

**Elles permettent de faire évoluer la fréquence et la structure d’une population mais dans un objectif connue.**

**La dérive génique permet de faire changer rapidement la structure génique d’une population. C’est rapide mais il n’y a pas de direction prévisible. C’est un outil moins efficace (pour la volaille = intéressant)**

**Le système d’accouplement : hétérogamie/homogamie permet de faire évoluer uniquement les fréquences génotypiques.**

### Transmission héréditaire : généalogie, consanguinité, parenté

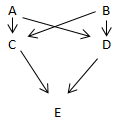
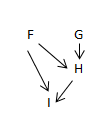
* Quand on fait de l’amélioration génétique, on sélectionne un certain nombre d’individus. (**performances**/**caractères**) On doit identifier ces individus (= généalogie).
* En France, il y a un numéro d’identification unique pour la généalogie = traçabilité = carte d’identité.
* OPA = attribution des numéros pour transport/échange des animaux.

#### Généalogie = pedigree

La généalogie représente l’ensemble des individus qui ont une partie en commun. Généalogie fléchée = suivre la transmission des gènes/flux de gènes.

Chaque individu n’apparaît qu’une seule fois dans la généalogie

Toutes les flèches partent de l’ancêtre pour aller vers les descendants. Les parents transmettent leurs gènes aux descendants.



X

**X** est normal car **la** **consanguinité ne se transmet pas.**

* Deux individus sont apparentés s’ils ont au moins un ancêtre commun.
* Un individu est consanguin si ses parents sont apparentés entre eux.

|  |  |
| --- | --- |
| £$ | |
| £$ | £ |
| £ | £ |
| ££ | |

**Le coefficient de consanguinité est la probabilité pour que l’individu X ait deux copies du même allèle.**

**Méthode**

1. **Détermination des ancêtres communs**
2. **Ecrire toutes les chaines de parenté entre l’ancêtre commun et un individu X.**

Exemple : Calcul de f(x) ?

|  |  |
| --- | --- |
| A  B  D C  E  X | FX = |
| **A.N**  Il y a 4 itinéraires de transmission possible.  **FX =**  **½ = chance de transmettre l’allèle.**  **Ni = nombre d’individus sur la ième chaine.**  Ф (xy), c’est la probabilité que deux gènes soit identiques chez X et Y. | |

**Ex :**

* **A,a**
* **p,q**

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| (AA) | p² | **P² + Fpq** augmente |
| (Aa) | 2qp | **2qp(1-F)** diminue |
| (aa) | q² | **q² + Fpq** augmente |

**Différence entre homogamie et consanguinité :**

* **Homogamie** porte sur **un seul gène** et on modifie les fréquences génotypiques.
* La consanguinité agit sur **l’ensemble** du **génome**, on augmente fortement la probabilité d’apparition des tares létales.

**CONCLUSION GENERALE**

* Etre capable de caractériser une population - calcul de fréquence allélique/fréquence génique (allélique ou génique = urne gamétique) et des fréquences génotypiques (Hardy-Weinberg TD)
* Chercher quels sont les facteurs qui permettent de modifier la constitution génétique dans la population : migration, sélection (rapidement les fr. géniques et les fr. génotypiques à condition que l’allèle à éliminer soit fréquent dans la population) et la mutation
* Avec la généalogie on est capable d’identifier quels sont les candidats reproducteurs dans le but de maîtriser l’augmentation de la consanguinité dans une population. Important en génétique des populations aussi bien qu’en génétique quantitative

## Génétique quantitative

### Bases théoriques

#### Déterminisme génétique

##### Caractères qualitatifs/quantitatifs

**Mesure**

**Quantitatif** :

* phénomènes observés, performance, valeurs phénotypiques.
* Mesure de la vitesse de croissance, taille de portée etc. = caractères mesurables qui sont susceptibles d’évoluer.

**Qualitatif** :

* Il est relatif à la nature de l’individu. Il concerne des caractères de phanères optiques = ce qui est visible.
* Couleur de la robe, présence de corne, couleur de plumage etc.
* Non-mesurable (0 ou 1)

**Intérêt économique**

* Poids économique important : production laitière/viande.
* Les caractères **qualitatifs** sont moins importants d’un point de vue économique sauf quelques gènes majeurs. Ex : gène de sensibilité à l’halothane.
* Le gène MH = hypertrophie musculaire = gène culard.

**Variation**

**Caractère qualitatif** : variation discontinue c’est-à-dire que dans chaque population/race/troupeau, on peut classer les individus dans différentes catégories.

**Caractère quantitatif** : variation continue. Ex : Production laitière.

**Milieu**

**Caractère quantitatif :** climat, sol, température, environnement chimique, êtres vivants autour du troupeau, interactions entre animal et Homme (bon éleveur -> performances positives). Objets matériels : bâtiments, équipements, logements, machine à traire.

* Fortement influencés par le milieu.

**Caractère qualitatif :** gène corne/sans corne, l’effet milieu n’importe pas = présence du gène.

##### Modèle polygénique

Le déterminisme génétique des caractères quantitatifs sont identiques aux caractères qualitatifs. Les lois de Hardy-Weinberg s’appliquent toujours. On ne s’intéresse pas à un seul gène mais à un ensemble de gènes. Le processus de transmission des caractères est exactement identique.

Quand on s’intéresse aux caractères quantitatifs, on travaille sur un grand nombre de gènes, qui est parfois inconnu.

Ex : production laitière -> une dizaine de gènes très importants et une vingtaine qui ont une influence.

* L’effet individuel de chacun de ces gènes n’était pas connu. On a développé un modèle polygénique (ou polyfactoriel) dans lequel on s’intéresse à l’ensemble des effets de ces gènes.
* On a déterminé une **valeur génétique additive = effets des gènes**
* On détermine la valeur génotypique d’un individu = valeur génétique additive + **interactions** (entre les gènes).

**G = A + I**

* Quand on fait de la reproduction, on transmet la moitié des gènes à la génération suivante -> transmission de la moitié de l’activité spécifique des gènes.
* Conséquence : l’additivité se transmet alors que la valeur des interactions ne se transmet pas.

**A**

n chromosomes ~~A b C D~~

**I** = génotypique

n chromosomes ~~a B C d~~

**A’**

##### Action du milieu

L’expression du caractère quantitatif mesure une performance.

* P = G + M
* P = A + I + M

##### Valeurs phénotypiques

On cherche à mesurer P.

**Valeur de A = valeur génétique additive**

On appelle effet moyen d’un gène, sur un caractère et dans une population donnée la différence entre la valeur moyenne de la population et la valeur moyenne des individus ayant reçu ce gène d’un de leurs parents.

**Ai = + OG**

**Valeur de I ~ 0**: Aucun moyen d’action sur elle, pas d’identification et de contrôle –> Pas de modèle d’amélioration génétique.

**Valeur de M** = effet du milieu. Inconvénient = un effet masquant du milieu.

#### Héritabilité

##### Définition

**h² = =**

Il n’y a pas la même héritabilité entre deux populations différentes.

h² = 0,4 = 40% de la performance a une origine génétique. 60% = effet du milieu.

h² = 0 🡪 Var A = 0.

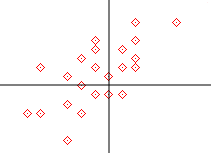
Quand on a des caractères avec des héritabilités faibles, la sélection est inefficace car l’essentiel de la performance est liée au milieu.

Au contraire, si le h² = 1 -> Dès que l’on mesure des performances différentes, on a une estimation très fiable de la valeur de A.

**CONCLUSION : LA CONNAISSANCE DE LA VALEUR D’HERITABILITE RENSEIGNE SUR L’EFFICACITE DE LA SELECTION. H ELEVE = SELECTION EFFICACE**

**H FAIBLE = SELECTION INNEFICACE -> passer par d’autres méthodes.**

**Le choix des reproducteurs** : on choisit le reproducteur en fonction de ses performances, qui sont masquées en grande partie par l’effet milieu. L’héritabilité renseigne dans quelle mesure on peut choisir un reproducteur en fonction de sa performance. Plus l’héritabilité est faible, plus on commet des erreurs sur le choix des reproducteurs.

Plus l’héritabilité est élevé, plus la part de la génétique sur la performance est importante, moins on commet d’erreur sur le choix des performances.

A (estimation) droite de régression. Pente = h²

Performance (mesurée)

Plus le nuage est aplati autour de la droite, plus la sélection de reproducteurs sera facile.

**L’héritabilité permet de dire si la sélection est efficace, si le choix du reproducteur est fiable.**

##### Valeurs d’héritabilité

C’est une notion statistique = comprise entre 0 et 1.

Les héritabilités varient suivant les populations et dépendent du milieu ou de l’année de la mesure.

On distingue trois catégories de caractères :

* Caractères à **forte héritabilité** = h² > 0,4-0,45 🡪 en règle générale, ce sont des caractères qui sont liés à la nature/composition des produits. Ex : épaisseur de gras, taux butyreux, protéique.
* Caractère à **héritabilité moyenne**: ce sont ceux compris entre 0,2 et 0,45 🡪 généralement, ils sont liés à la quantité de matière produite. Ex : quantité de lait, GMQ, indices de consommation etc.
* Caractères à **héritabilité faible :** ce sont ceux inférieurs à 0,2 🡪 généralement liés à la reproduction. Ex : Fertilité, prolificité, conditions de mises-bas ou vêlage etc.

Plus liés à l’effet milieu qu’à l’effet génétique. Autre moyen pour améliorer la fécondité d’un troupeau = augmenter les valeurs d’interaction = utiliser le croisement.

Il y a une structure génétique de la population qui évolue dans le temps de même que l’influence du milieu.

**h² =**  **Var A diminue => h² diminue.**

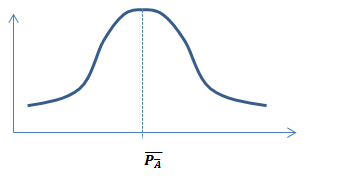
* Cause : sélection, dérive génique, consanguinité. Les animaux sont plus homogènes entres eux.

Pour diminuer la variabilité du milieu, on crée un milieu homogène = stations de contrôle individuel (SCI), et on mesure les performances, tous les individus étant dans le même milieu, même alimentation etc.

##### Intérêt de l’héritabilité des caractères

Quand on fait de la sélection, on cherche à choisir les animaux qui ont le potentiel génétique le plus élevé, c’est-à-dire qui ont la valeur génétique additive la plus élevée, qu’on ne peut estimer qu’à partir des performances.

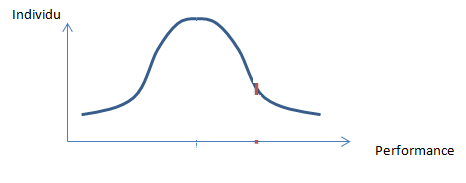
**La sélection individuelle** = mesure de la performance sur l’individu.

Individu

G1

**As** Ps Performance

**G2**



**P**

### Le progrès génétique

#### Définition

L’intervalle de génération est variable suivant les espèces. On définit un progrès génétique annuel.

**= vitesse du progrès génétique annuel**

**i = variabilité de la sélection**

**R = précision de la sélection**

**σA = VA = variabilité de A**

**T = intervalle de génération en année**

On définit un annuel à l’échelle d’une population mais la situation est différente chez les mâles et femelles. On parle de voie mâle et de voie femelle. Il y a 4 types de transmissions à additionner.

|  |  |
| --- | --- |
| P | M |
| Fils | Fille |

#### Les paramètres du

* Une mauvaise orientation de sélection et une population consanguine induisent une diminution de**.**
* Le croisement permet d’augmenter la**.**
* Parfois il peut être intéressant de sélectionner des reproducteurs moins performants mais intéressants d’un point de vue généalogique.
* **Choix sévère**  = i augmente car il y a beaucoup de reproducteurs éliminés
* **Choix peu sévère** = i diminue car on élimine très peu de candidats reproducteurs.
* Le taux de sélection P est facile à mesure mais i n’est pas mesurable directement, on l’obtient grâce à des abaques à partir de P.

P % = Aα sélectionnés

**i**

**P**

1

* **I augmente quand P diminue**
* I est un caractère qui permet de mesurer la supériorité moyenne des animaux sélectionnés par rapport à la moyenne de la population.
* Si P est faible, i est grand car l’écart est important.

**Besoins en reproducteurs =** variables suivant l’espèce, le sexe, et le mode de reproduction.

**Candidats disponibles =** variables suivant l’espèce, et suivant la méthode de sélection.

* Espèce : dépend des caractères de reproduction, notamment :
* Le **taux de renouvellement**. Plus le taux de renouvellement est élevé, plus on diminue l’intensité de sélection
* Le **rythme de reproduction** = nombre de mises-bas par an.
* **Prolificité**

Elevage porcin = 6 cochettes renouvellement/100 🡪 i = 2 (abaque)

Elevage bovin = 1 génisse de renouvellement /2 🡪 i = 0,7 (abaque)

* Mode de reproduction
* IA : les besoins en reproducteurs sont beaucoup plus faibles.
* Transfert Embryonnaire : Nb candidat augmente 🡪 P diminue 🡪 i augmente
* Sexe : nombre de mâle augmente 🡪 P diminue 🡪 i augmente

1. **méthodes différentes :**

* **Méthode selon l’ascendance** : Coût nul, il suffit simplement de connaître les performances des ascendants.
* On mesure la **part entre les valeurs génétiques mesurées et l’héritabilité génétique du candidat** -> coût peu élevé
* **Sélection sur descendance** : pour choisir un candidat reproducteur, on le fait reproduire et on mesure les performances sur les descendants. Utilisé dans les schémas de sélection lorsqu’on veut mesurer des caractères qui ne sont pas produits par l’animal/candidat lui-même. Ex : taureau laitier, comment savoir si ce taureau a un bon potentiel laitier -> on le fait reproduire, on choisit les femelles, on attend qu’elles soient pubères et qu’elles aient fait un veau pour connaître la performance laitière. Très coûteux.
* **Sélection sur collatéraux** : consiste à mesurer les caractères des frères/sœurs. Elle est peu précise et est utilisée pour des caractères d’héritabilité

R est le coefficient de corrélation entre la valeur de A et son estimation. Mesure l’erreur sur l’estimation de la valeur génétique.

**CD = coefficient de détermination = R²**

La valeur de CD est donnée par des abaques et varie en fonction :

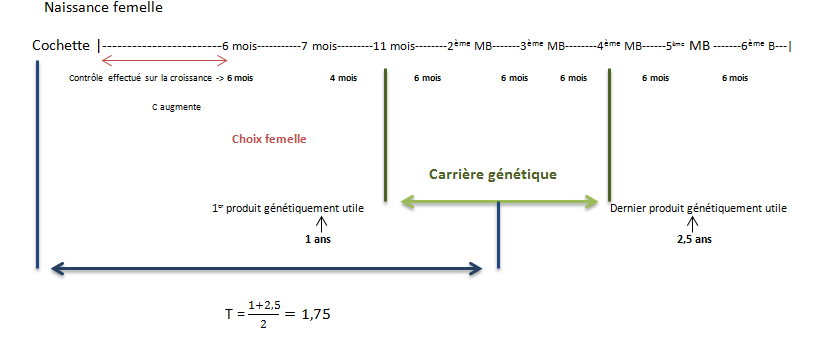
* De la valeur d’héritabilité du caractère. h² élevé -> CD élevé
* La méthode de sélection sur descendance, qui est la plus précise mais la plus coûteuse. R augmente mais I diminue.
* Nombres d’informations disponibles.

**T = âge moyen des parents à la naissance de leur produit.**

T =intervalle de temps qui sépare deux états physiologiques identiques dans le cycle de vie des individus qui appartiennent à deux générations successives.

ΔG = /T

Carrière génétiquement utile : carrière sur laquelle s’étale la période de reproduction dont les descendants pourront constituer les candidats qui sont pris en compte dans la formule de l’intensité de sélection (T=B/C)



N reproduction 1ère vêlage relation 2ème vêlage 3ème vêlage

Vache laitière |---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

**2 ans** **choix**

T = la somme des 4 voies.

**T chez vache laitière :**

* **Voie mère fille** = 1er vêlage = 2,5 ans

2ème V = 3,5 ans

3ème V = 4,5 ans T = 2,5+5,5/2 = 4 ans

4ème V = 5,5 ans

* **Voie mère fils** = 1er vêlage = 2,5 ans

2ème V = 3,5 ans 2 lactations connues -> on sait si on les garde

3ème V = 4,5 ans

4ème V = 5,5 ans T = = 5,5 ans

5ème V = 6,5ans

* **Voie père fils/père fille**

Mise en testage du **taureau** **: 15 – 18 mois**

Naissance fille **= 2,5 ans**

1er vêlage fille = **5 ans**

1ère lactation, calcul index : **6 ans <- on peut choisir le taureau**

Diff + IA pop

1ère produits nés : 7 ans

Durée utilisation = 3 ans **T = (7+10)/2 = 8,5 ans**

Dernier produits nés = 10 ans

**TOTAL VOIE FEMELLE + VOIE MÂLE**  = 6,7 ans

**Facteur de variation de ΔT**

C’est dû essentiellement aux caractéristiques biologiques de chaque animal : âge à la puberté, rythme de reproduction, durée de gestation, prolificité (taille de la portée) et fertilité.

**Intervalle de génération :**

Bovins = 7-8 ans ; Chevaux = 10-15 ans **<- sélection longue et couteuse** ; ovins-caprins = 3 – 6 ans ; porcins = 2 ans.

**Exercice de sélection de poule pondeuse** -> calculer un progrès génétique. On ne parle pas de ΔG annuel car une génération = 6 mois chez volailles (et lapins) !!!

Chez les lapins au bout de 20 générations de sélection, il atteint un plateau (entre 20 et 25). Il sert de modèle.

Chez les bovins, **20 générations de sélections = 100-40 ans.** En 2050, on pourrait obtenir un plateau de sélection.

Si on croise avec d’autres souches, le progrès génétique peut redémarrer ! = ne pas sous-estimer le croisement.

**La durée d’utilisation des reproducteurs :**

Plus la durée d’utilisation augmente, plus on augmente T et plus les besoins en reproducteurs diminuent. P diminue et I augmente.

Durée d’utilisation augmente 🡪 T augmente 🡪 ΔG diminue

* Besoins reproducteurs diminuent –> P diminue 🡪 i augmente 🡪 ΔG augmente

Attention à la méthode de sélection que l’on choisit.

**CONCLUSION : ΔG = IRσA/T**

## Amélioration génétique et schémas de sélection en France

Quand on fait de l’amélioration génétique, on veut les génotypes les plus intéressants économiquement.

L’objectif est d’améliorer la valeur génétique additive au sein des populations. On peut travailler entre les populations = croisement.

La méthode est toujours identique, on définit les objectifs de sélection, et on essaye de choisir la méthode la plus efficace.

### L’organisation générale de la sélection

#### Objectifs et critères de sélection

##### Objectifs globaux

Pour les définir, on réunit tous les acteurs de la filière, et les objectifs ne sont pas identiques.

* Eleveur = maximiser son revenu.
* Transformateurs = équilibre entre les taux = rendement fromager

On met en place des objectifs de sélection opérationnels

**Ex : Porcs – maximiser le revenu de l’éleveur**

Marge brute/porcs charcutiers produits. Plus la marge brute est élevée, plus le revenu est élevé. Une marge est un produit moins un coût :

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Objectifs de sélection opérationnel | Critères de sélection | Mesure |
| **Prix du porcelet** | Coût cycliques, varient extrêmement, spéculatif. |  |
| **Coût d’engraissement** | GMQ (Gain Moyen Quotidien), IC (Indice Consommation). | * Station contrôle individuel   IC, GMQ à 35 à 90 kg pour les **mâles**  **Femelles** -> on mesure un **âge à poids type.**  Ex : individu à 100 kg -> Quel âge ?  Pour femelles et mâles -> épaisseur de lard  Coefficient de corrélation entre GMQ et IC  Qui est NEGATIF et élevé\* |
| **Valeur de la carcasse** | Taux de viande maigre, épaisseur de lard, poids du jambon. | Appareil à ultrason |
| **Qualité viande** | Indices de qualité de viande (IQV) |  |

\* Si GMQ augmente, IC diminue.

A l’arrivée, on propose un **index combiné** qui prend en compte GMQ, IC (mais pas utile vu que corrélé), épaisseur lard, IQV.

Il y a des lignées qui sont sélectionnées uniquement sur un critère. Ex : GMQ

GMQ corrélé avec le taux de viande maigre. GMQ élevé = augmente taux de viande maigre = diminue l’épaisseur de lard.

Chez **les bovins laitiers**

Objectif = augmenter la MB/kg de lait produit.

* Prix du lait
* Quantité de lait
* TB, TB = MU (matière utile)
* Index INEL (= index national économique laitier)
* Index IBOVAL = **bovins viandes**

### Diversité des plans d’amélioration génétique