



HAL
open science

Modélisation de l'efficacité d'une sélection contre la mortalité avec génotypage a posteriori des candidats et collatéraux soumis à un challenge

Hervé Chapuis, Mathilde Dupont-Nivet, Pierrick Haffray, Marc Vandeputte,
Edwige Quillet

► To cite this version:

Hervé Chapuis, Mathilde Dupont-Nivet, Pierrick Haffray, Marc Vandeputte, Edwige Quillet. Modélisation de l'efficacité d'une sélection contre la mortalité avec génotypage a posteriori des candidats et collatéraux soumis à un challenge. 3. Journées de la Recherche Filière Piscicole, Jul 2012, Paris, France. pp.105-105, 2012, 3èmes Journées de la Recherche Filière Piscicole. hal-01190198

HAL Id: hal-01190198

<https://hal.science/hal-01190198>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

MODELISATION DE L'EFFICACITE D'UNE SELECTION CONTRE LA MORTALITE AVEC GENOTYPAGE A POSTERIORI DES CANDIDATS ET DES COLLATERAUX SOUMIS A UN CHALLENGE.

Hervé Chapuis¹, Mathilde Dupont-Nivet², Pierrick Haffray³, Marc Vandeputte⁴, Edwige Quillet²

¹ SYSAAF, INRA-URA, 37380 Nouzilly, France

² INRA-GABI, 73350 Jouy-en-Josas, France

³ SYSAAF, INRA-LPGP, 35042 Rennes, France

⁴ IFREMER, 34250 Palavas les Flots, France

Résumé

Nous cherchons ici à prédire, par la simulation *in silico* d'une population, l'efficacité d'une sélection contre un pathogène en utilisant un dispositif comprenant un lot de N_1 candidats à la sélection (en principe préservés) et un lot de N_0 collatéraux soumis à un challenge contrôlé. Les animaux des deux lots (issus de parents 100 pères et 100 mères croisés dans 10 plans factoriels 10 x 10) sont élevés en famille mélangées, et les pedigrees sont connus *a posteriori* par génotypage. A chaque génération, les animaux soumis au challenge permettent d'estimer les valeurs génétiques des parents et donc de classer les candidats à la sélection. Nos simulations reposent sur une simple stratégie de comptage des animaux en fin de challenge.

La survie observée traduit la position d'une performance sous-jacente (non observable mais avec un déterminisme génétique comme les caractères commerciaux habituellement sélectionnés) par rapport à un seuil (Wright, 1934). Le progrès génétique est apprécié comme la différence de fréquence de mortalité entre deux générations successives en supposant le seuil inchangé tandis que la variable sous-jacente augmente sous l'effet de la sélection.

Selon les hypothèses classiques, le progrès génétique est influencé par la précision de l'estimation des index servant au tri et par la pression de sélection. Ces deux facteurs dépendent du résultat du challenge, des effectifs génotypés sans oublier l'héritabilité supposée du caractère, autrement dit la proportion de variabilité observée expliquée par la génétique et exploitable en sélection..

Le gain après un cycle de sélection est maximal pour un taux de mortalité de 0,6. Quand on sort de d'une zone entre 40% et 70% de mortalité, le résultat se dégrade.

Si l'héritabilité est modérément élevée ($h^2 = 0,5$) alors la réduction de la mortalité est très rapide.

Selon nos estimations, avec 4000 génotypages par an (soit $N_0=3000$ et $N_1=1000$), on arrive assez rapidement (3 générations) à ramener le taux de mortalité sous la barre de 10% d'animaux touchés (en partant de 50%), ceci avec des hypothèses tout à fait raisonnables pour les paramètres génétiques. Il faut surtout retenir que le gain espéré n'est aucunement proportionnel à l'effort de génotypage.

Une hypothèse forte de nos simulations est l'aptitude de l'opérateur à reproduire à chaque génération un challenge. Ce gain pourrait donc n'être que théorique en cas de coévolution du pathogène et de l'hôte. Les résultats sont néanmoins très encourageants.

Références

Vandeputte M., Chapuis H., Dupont-Nivet M (2009) Xth International Symposium 'Genetics in Aquaculture', Bangkok, June, 22-26th, 2009

Wright S (1934) Genetics. 19:506-536.