



HAL
open science

Méthodologie et pratique du croisement

Jean Pierre Bidanel

► **To cite this version:**

Jean Pierre Bidanel. Méthodologie et pratique du croisement. École d'ingénieur. Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques, Grignon, France. 2006, pp.92. hal-03364816

HAL Id: hal-03364816

<https://hal.inrae.fr/hal-03364816>

Submitted on 4 Oct 2021

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.



Cours Supérieur d 'Amélioration Génétique des animaux Domestiques

4ème session

La sélection et le croisement, la gestion et la valorisation des ressources génétiques

Grignon, 16-20 octobre 2006

**Méthodologie et pratique
Du croisement**

J.P. BIDANEL

Institut National de la Recherche Agronomique
Département de Génétique Animale
Station de génétique quantitative et appliquée
78352 Jouy-en-Josas Cedex - France

tél: 01-34-65-22-84

E-mail: jean-pierre.bidanel@jouy.inra.fr



Le croisement

Définition

Accouplement entre animaux issus de populations (races ou lignées différentes)

Conséquences

Les accouplements ne sont pas réalisés au hasard

Ecart à l'équilibre de Hardy-Weinberg

Existence d'un grand nombre de variantes

= systèmes (plans ou schémas) de croisement

Utilisation du croisement : exemple bovin

<http://www.race-aubrac.com/fr/race/caracteristiques.php>



Le croisement Charolais et Aubrac

« Les croisés Charolais x Aubrac représentent près de 60% des animaux produits dans les étables Aubrac. Dans les élevages inscrits, le croisement est aussi régulièrement pratiqué.

C'est un atout incomparable pour la race Aubrac car le croisement permet d'exploiter au mieux les vaches les moins bonnes dont les produits ne sont pas à garder pour l'élevage. Dans les élevages inscrits, ce taux varie légèrement suivant les années.

Depuis la campagne 1998, environ $\frac{1}{4}$ des vaches inscrites sont conduites en croisement Charolais, taux qui dépassait 30 % avant 1996 et qui était descendu ensuite en 1996 et 1997 à près de 20 % ».



Utilisation du croisement: exemple chez le porc

Site d'une OSP

Les truies parentales
XXXX, la truie parentale
3 voies



PROLIFICITÉ ET QUALITÉ MATERNELLES

Constante des truies XX, assurant portées nombreuses et lourdes au sevrage.

ADAPTATION OPTIMALE

Le double effet d'hétérosis d'une « trois voies » est bénéfique sur l'adaptation en élevage et la carrière.

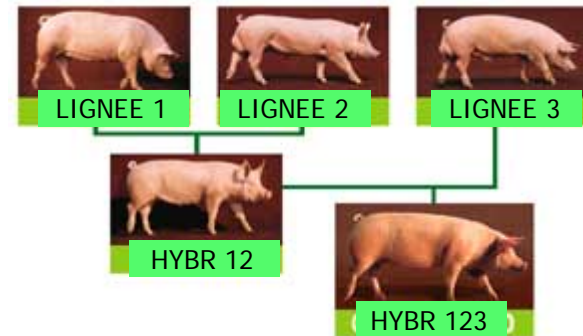
VIGUEURS DES PORCELETS

Autre avantage d'une truie « trois voies » : vigueur et croissance optimisées.

LA PROLIFICITE

Les résultats obtenus en élevage démontrent que la XXXXXX présente les qualités (nom compagnie) en terme de prolificité et de douceur maternelle.

PLAN d'OBTENTION



Utilisation du croisement

<http://www.inapg.inra.fr/dsa/especes/ovins/inra401.htm>



Les races ovines françaises - French sheep breeds - Las razas ovinas francesas

race ovine INRA 401



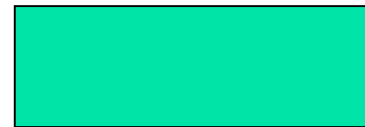
Aptitudes et utilisations

Issue d'un croisement entre une race prolifique (**Romanov**) et une race bouchère (**Berrichon du Cher**), cette race, aux aptitudes maternelles exceptionnelles, sans standard affirmé, produit 2 agneaux en moyenne par portée et fait preuve d'une très bonne aptitude au désaisonnement naturel.

L'INRA 401 relève le défi posé par la filière ovine, notamment en se valorisant par le croisement terminal avec des béliers fils d'améliorateurs sur qualités bouchères issus de BERRY TEST.

Utilisation du croisement

LAPINS HYBRIDES REPRODUCTEURS PARENTAUX



Exemple chez le lapin:

Site d'un sélectionneur



♀ PS HYPLUS 19

Couleur : pelage blanc extrémités noires
Age d'entrée en reproduction : 17 semaines
Lapereaux nés vivants par portée : 9,8 - 10,5
Poids vif à 70 jours : 2,250 kg - 2,350 kg

X



♂ PS HYPLUS 39

Couleur : pelage blanc extrémités noires
Age d'entrée en reproduction : 20 semaines
Lapereaux nés vivants par portée : 7,6 - 7,8
Poids vif à 70 jours : 2,700 kg - 2,800 kg
Rendement carcasse : 58 - 59 %
(à froid sans manchon)

=



STANDARD BLANC

Couleur : pelage blanc extrémités noires
Poids à 70 jours : 2,450 - 2,600 kg
Rendement à 70 jours : 57 à 58 %
Poids commercialisé par IA* : 16,5 à 18 kg



♀ PS HYPLUS 19

Couleur : pelage blanc extrémités noires
Age d'entrée en reproduction : 17 semaines
Lapereaux nés vivants par portée : 9,8 - 10,5
Poids vif à 70 jours : 2,250 kg - 2,350 kg

X



♂ PS HYPLUS 59

Couleur : pelage blanc
Age d'entrée en reproduction : 22 semaines
Lapereaux nés vivants par portée : 8 - 8,2
Poids vif à 77 jours : 3,000 kg - 3,100 kg
Rendement carcasse : 59 - 60 %
(à froid sans manchon)

=



GEANT BLANC

Couleur : pelage blanc extrémités noires
Poids à 77 jours : 2,800 - 2,900 kg
Rendement à 70 jours : 57 à 58 %
Poids commercialisé par IA* : 17 à 19 kg



♀ PS HYPLUS 19

Couleur : pelage blanc extrémités noires
Age d'entrée en reproduction : 17 semaines
Lapereaux nés vivants par portée : 9,8 - 10,5
Poids vif à 70 jours : 2,250 kg - 2,350 kg

X



♂ PS HYPLUS 79

Couleur : pelage gris, yeux noirs
Age d'entrée en reproduction : 20 semaines
Lapereaux nés vivants par portée : 7 - 7,5
Poids vif à 70 jours : 2,450 kg - 2,550 kg
Rendement carcasse : 57,5 - 58,5 %
(à froid sans manchon)

=



STANDARD YEUX NOIRS

Couleur : pelage gris noir,
yeux noirs
Poids à 77 jours : 2,350 - 2,400 kg
Rendement à 70 jours : 57 à 58 %
Poids commercialisé par IA* : 15,5 à 17 kg



♀ PS HYPLUS 19

Couleur : pelage blanc extrémités noires
Age d'entrée en reproduction : 17 semaines
Lapereaux nés vivants par portée : 9,8 - 10,5
Poids vif à 70 jours : 2,250 kg - 2,350 kg

X



♂ PS HYPLUS 119

Couleur : pelage gris garenne, yeux noirs
Age d'entrée en reproduction : 22 semaines
Lapereaux nés vivants par portée : 8 - 8,2
Poids vif à 77 jours : 2,900 kg - 3,000 kg
Rendement carcasse : 59 - 60 %
(à froid sans manchon)

=



GEANT YEUX NOIRS

Couleur : pelage gris garenne, noir,
yeux noirs
Poids à 77 jours : 2,700 - 2,800 kg
Rendement à 77 jours : 57 à 58 %
Poids commercialisé par IA* : 16,5 à 19 kg



Croisement vs fusion

Accouplements possibles dans le cas d'un croisement et d'une fusion de 2 populations P1 et P2.

Croisement			Fusion		
Popula- tion	P1	P2		P1	P2
P1	-	$P1 * P2$	P1	$P1 * P1$	$P1 * P2$
P2	$P2 * P1$	-	P2	$P2 * P1$	$P2 * P2$

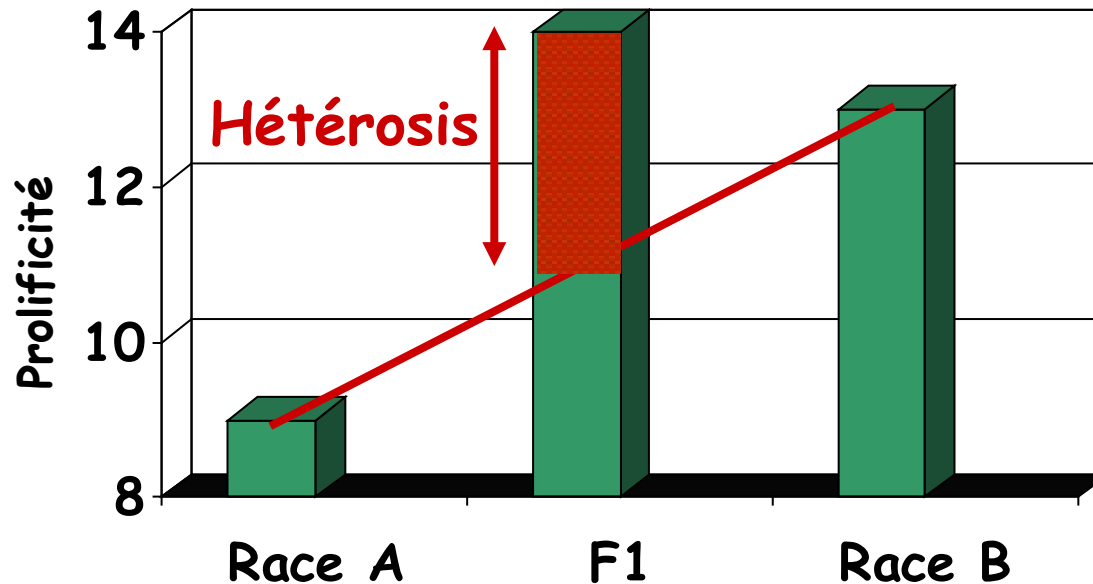


Les objectifs du croisement

- 1 - Exploitation du phénomène d 'hétérosis
- 2 - Utilisation de l 'effet de complémentarité
- 3 - Utilisation des différences additives
entre races
- 4 - Accroissement de la variabilité génétique
- 5 - Utilisation de gènes majeurs

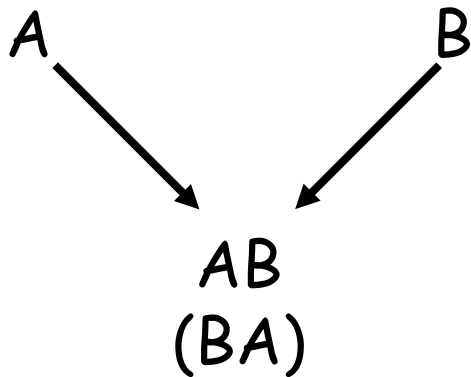
Le phénomène d'hétérosis

- Définition (chez les animaux)
 - Écart moyen, pour un caractère, entre la valeur des croisés F1 et la moyenne des races pures



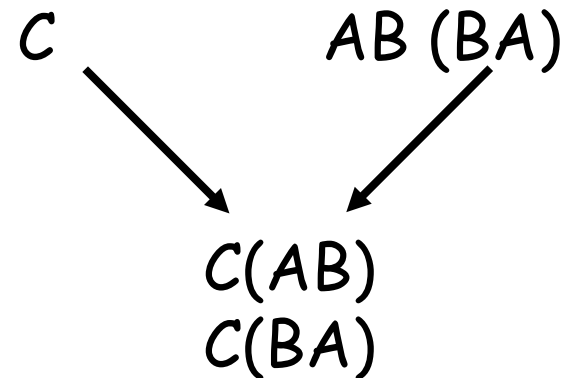
Hétérosis direct et maternel

Hétérosis direct



Écart entre la performance moyenne des F1 $(AB+BA)/2$ et la moyenne des races pures $(A+B)/2$

Hétérosis maternel



Écart entre la performance moyenne des animaux de mère F1 $[C(AB)+C(BA)]/2$ et celle des animaux de mère de race pure $(CA+CB)/2$



Facteurs de variation de l'hétérosis

✓ Caractère

- Existence ou non d'effets de dominance
- Validité du modèle de dominance

✓ Populations

- Différences de fréquences géniques

✓ Plan de croisement

✓ Effets du milieu

- Sexe, âge
- Interactions génotype x milieu



Ordre de grandeur de l'hétérosis pour quelques Caractères zootechniques chez le porc

Caractère	Hétérosis (%)	
	Direct	Maternel
Poids à la naissance	3	2
Poids au sevrage	5	8
Croissance après sevrage	6	0
Indice de consommation	-4	0
Taux de muscle de la carcasse	0	0
PH à 24 heures post mortem	0	0
Taille de la portée à la naissance	2	6
Taille de la portée au sevrage	6	9
Poids de la portée au sevrage	12	10



Ordre de grandeur de l'hétérosis pour quelques Caractères zootechniques chez la volaille

Caractère	Hétérosis (%)	
	Direct	Maternel
Production d'œufs	15	0
Poids à 8 semaines	12	
Indice de consommation/œuf produit	-12	0
Poids moyen de l'œuf	2	0
Qualité de l'oeuf	0	



Ordre de grandeur de l'hétérosis pour quelques Caractères zootechniques chez les bovins

Caractère	Hétérosis (%)	
	Direct	Maternel
Fertilité	0	9
Taux de gestation	11	
Poids à la naissance	4	
Poids au sevrage	6	8
Croissance après sevrage	5	
Production de lait	-	-
- première lactation	6	
- deuxième lactation	4	
Teneur en matière grasse du lait	0	



Ordre de grandeur de l'hétérosis pour quelques Caractères zootechniques chez les ovins

Caractère	Hétérosis (%)	
	Direct	Maternel
Fertilité	3	9
Taille de la portée à la naissance	3	3
Poids à la naissance	3	5
Poids au sevrage	5	6
Croissance post-sevrage	7	
Poids adulte	5	5
Caractères de carcasse	0	0

Hétérosis - modèle de dominance (1)

Modèle à un locus biallélique

Génotype		<i>A1A1</i>	<i>A1A2</i>	<i>A2A2</i>
valeur génotypique		<i>i</i>	<i>j</i>	<i>k</i>
fréquence	P1	<i>p</i> ²	<i>2pq</i>	<i>q</i> ²
généotypique	P2	<i>(p-y)</i> ²	<i>2(p-y)(q+y)</i>	<i>(q+y)</i> ²

Valeur génotypique (et phénotypique) moyenne

$$\mu_1 = p^2 i + 2pq j + q^2 k$$

$$\mu_2 = (p-y)^2 i + 2(p-y)(q+y) j + (q+y)^2 k$$

Hétérosis - modèle de dominance (2)

Moyenne des populations parentales

$$\begin{aligned}\mu_{\bar{P}} &= \frac{\mu_1 + \mu_2}{2} = 1/2[p^2 + (p-y)^2]i + [pq + (p-y)(q+y)]j + 1/2[q^2 + (q+y)^2]k \\ &= [p(p-y) + \frac{y^2}{2}]i + [p(q+y) + q(p-y) - y^2]j + [q(q+y) + \frac{y^2}{2}]k\end{aligned}$$

Cas d'une population F1

Fréquences génotypiques

Population		P1	
Gamète		A1	A2
P2	A1	$p(p-y)$	$p(q+y)$
	A2	$q(p-y)$	$q(q+y)$

$$\mu_{F1} = p(p-y) i + [p(q+y) + q(p-y)] j + q(q+y)k$$

Hétérosis - modèle de dominance (3)

L'hétérosis HF1 est égal à:

$$\begin{aligned} HF1 &= \mu_{F1} - \mu_P \\ &= -\frac{y^2}{2}i + y^2j - \frac{y^2}{2}k \\ &= y^2\left(j - \frac{i+k}{2}\right) \end{aligned}$$

$j - \frac{i+k}{2}$: effet de dominance d au locus A . Par conséquent:

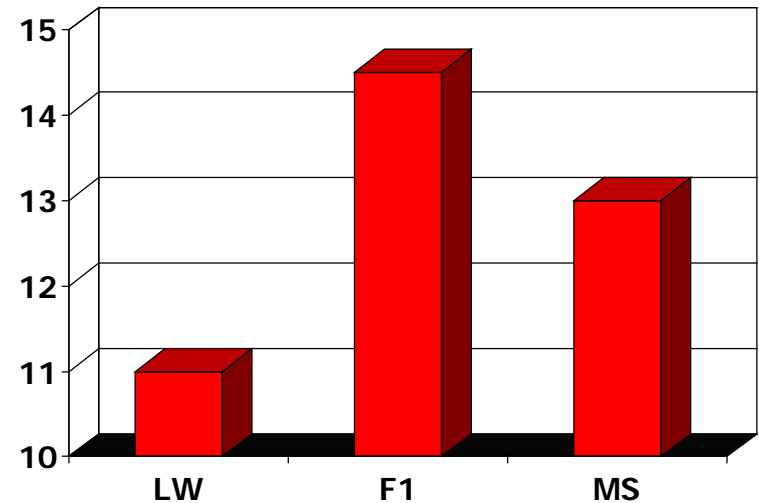
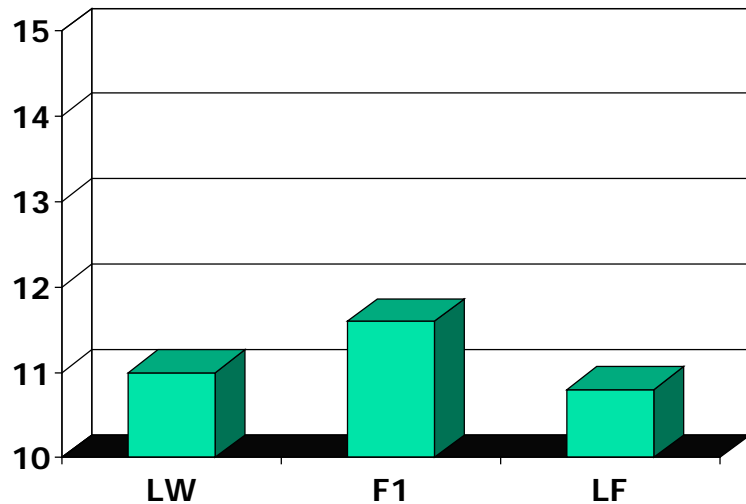
$$HF1 = dy^2$$

Généralisation à n loci indépendants

$$HF1 = \sum_i d_i y_i^2$$

Variation des effets d'hétérosis selon les populations parentales

Valeur de l'hétérosis sur la taille de portée dans les
Croisements entre diverses races porcines



LF = Landrace Français ; LW = Large White ; MS = Meishan

Hypothèse $Y(\text{MS-LW}) \gg Y(\text{LF-LW})$



Variation des effets d'hétérosis en fonction du milieu

Exemple d'interaction génotype x milieu chez le poulet

Caractère = nombre d'œufs jusqu'à 40 semaines

Type génétique	Milieu alimentaire	
	1	2
Fayoumi (FA)	72,2	73,0
Rhode Island Red (RIR)	40,0	50,9
FA x RIR	111,5	109,2
RIR x FA	88,4	96,6
Hétérosis	43,8	40,9

Milieu alimentaire : 1 = 50% orge; 2 = témoin

Variation des effets d'hétérosis en fonction du plan de croisement

Cas d'une population F2

Gamète		A1	A2
	Fréquence	$p-y/2$	$q+y/2$
A1	$p-y/2$	$(p-y/2)^2$	$(p-y/2)(q+y/2)$
A2	$q+y/2$	$(p-y/2)(q+y/2)$	$(q+y/2)^2$

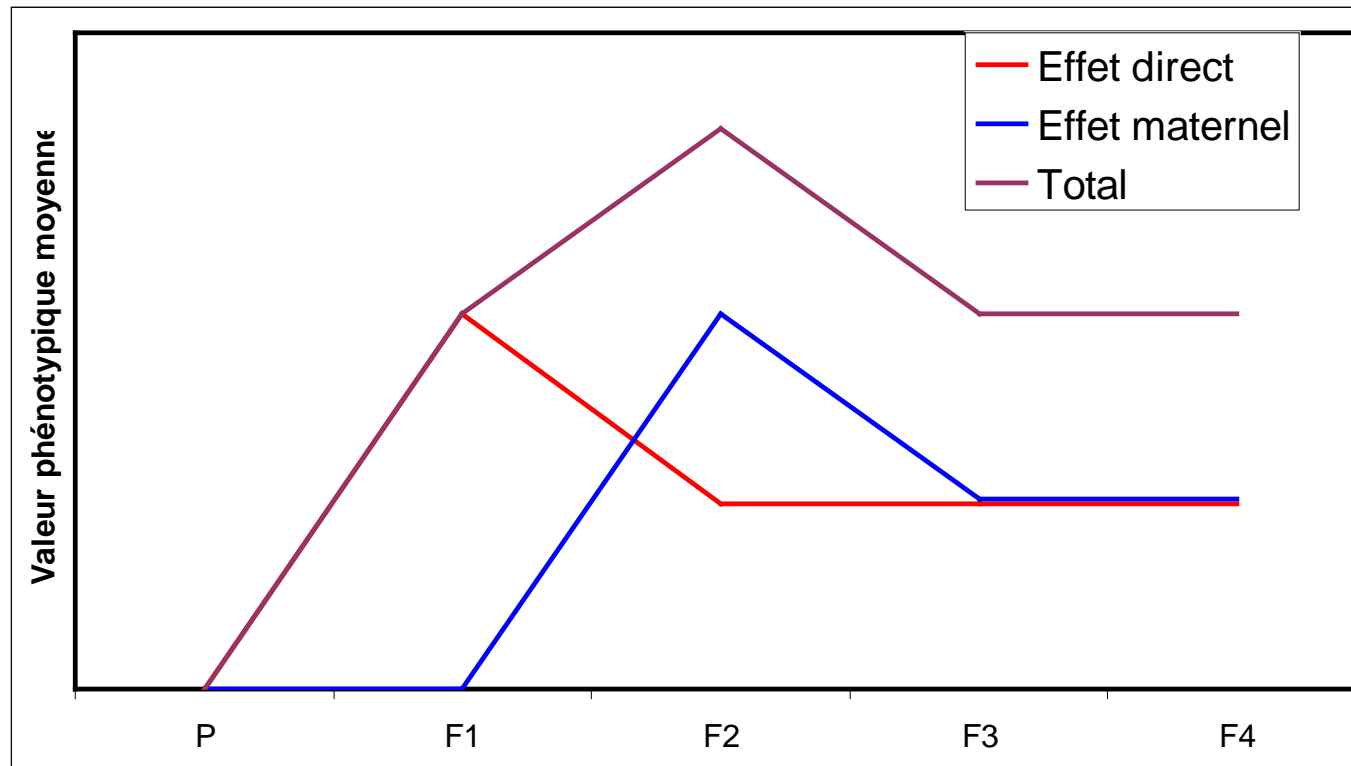
$$\mu_{F2} = \left(p - \frac{y}{2}\right)^2 i + 2\left[\left(p - \frac{y}{2}\right)\left(q + \frac{y}{2}\right)\right] j + \left(q + \frac{y}{2}\right)^2 k$$

$$\mu_{F2} = \left[p(p-y) + \frac{y^2}{4}\right] i + \left[p(q+y) + q(p-y) - \frac{y^2}{2}\right] j + \left[q(q+y) + \frac{y^2}{4}\right] k$$

$$\mu_{\bar{p}} = \left[p(p-y) + \frac{y^2}{2}\right] i + \left[p(q+y) + q(p-y) - y^2\right] j + \left[q(q+y) + \frac{y^2}{2}\right] k$$

$$\mu_{F2} - \mu_P = -\frac{y^2}{4} i + \frac{y^2}{2} j - \frac{y^2}{4} k =$$

Variation des effets d'hétérosis en fonction du plan de croisement



Caractère influencé par des effets d'hétérosis direct et maternel (supposés identiques) – l'hétérosis est du exclusivement à des effets de dominance

d'après Falconer et Mc Kay, 1996



Variation des effets d'hétérosis en fonction du plan de croisement

Modèle de dominance pour l'hétérosis

			locus 1		locus i
Race pure	"A"	Gènes du père	:	A A A A A	A A A
		Gènes de la mère	:	A A A A A	A A A

Expression de l'hétérosis = 0%

F1	"A x B"	Gènes du père	:	A A A A A	A A A
		Gènes de la mère	:	B B B B B	B B B

Expression de l'hétérosis = 100%

Variation des effets d'hétérosis en fonction du plan de croisement

Modèle de dominance pour l'hétérosis

			locus 1		locus i					
Croisement 3 voies	Gènes du père	:	C	C	C	C	C	C	C	
« C x (A x B) »	Gènes de la mère	:	A	B	A	B	A	B	A	B

Expression de l'hétérosis = 100% (50% AC, 50% BC)

Croisement en retour	Gènes du père	:	A	A	A	A	A	A	A	A
"A x (A x B)"	Gènes de la mère	:	A	B	A	B	A	B	A	B

Expression de l'hétérosis = 50%

Variation des effets d'hétérosis en fonction du plan de croisement

Plan de croisement	Hétérosis	
	Direct	Maternel
Simple	1	0
A trois voies	1	1
En retour	1/2	1
A 4 voies	1	1
Alternatif	2/3	2/3
Rotatif	6/7	6/7
D'absorption	0	0
Lignée synthétique	0 à 1/2	0 à 1/2



Hétérosis - écart au modèle de dominance

Production d'œufs à 500 jours d'âge chez la poule
(Sheridan, Anim Breed Abstr 49: 131-144)

Croisement	A x B	C x D
Moyenne des races pures	160	178
Moyenne des F1	190	223
Hétérosis	+30	+45
Moyenne des F2		
- attendue*	175	200,5
- réalisée	168	178
Écart	-7	-22,5

* Sur la base d'un modèle de dominance pour l'hétérosis

Hétérosis - écarts au modèle de dominance

Interactions entre loci = épistasie
2 loci A et B

2 loci additifs,
pas d'épistasie

	A1A1	A1 A2	A2A2
B1B1	10	20	30
B1B2	15	25	35
B2B2	20	30	40

2 loci additifs
épistasie A x A

	A1A1	A1 A2	A2A2
B1B1	12	20	28
B1B2	15	25	35
B2B2	18	30	42

1 locus additif, 1 locus dominant
épistasie A x D

	A1A1	A1 A2	A2A2
B1B1	10	20	30
B1B2	18	30	37
B2B2	20	30	40

2 loci dominants
épistasie D x D

	A1A1	A1 A2	A2A2
B1B1	10	30	30
B1B2	20	50	40
B2B2	20	40	40



Hétérosis - écarts au modèle de dominance

Interactions entre loci = épistasie

Potentiellement, très grand nombre de paramètres

2 loci : 5 paramètres A, D, AA, AD, DD

3 loci : 9 paramètres A, D, AA, AD, DD, AAA, AAD, ADD, DDD

.....

Surparamétrisation, utilisation impossible en pratique



Hétérosis - écarts au modèle de dominance

Interactions entre loci = épistasie

Quelques études sur la nature des interactions épistatiques

- Sur animaux de laboratoire, sur le porc, sur les bovins

=> Les effets épistatiques les plus importants seraient des interactions $A \times A$

= perte d'associations favorables entre loci, d'où le nom de « perte de recombinaison épistatique »

Mais manque de puissance de la plupart des dispositifs
Expérimentaux visant à étudier les effets épistatiques



L 'effet de complémentarité

■ Définition

- Consiste à tirer parti d 'aptitudes complémentaires présentes soit dans une race, soit dans l 'autre, mais difficiles à réunir par sélection dans une seule race

■ Exemple

- Cas de la production de viande

Race paternelle
à fort potentiel
de croissance
musculaire

×

Race maternelle
avec de bonnes
performances d 'élevage
et de reproduction

Exemple : utilisation de l'effet de complémentarité chez le porc

- Lié au mode d'expression du bénéfice : $B = ME - CT/P_N$

	Race A	Race B
Coût annuel d'une truie (€)	700	700
Marge en engraissement	77	70
Productivité numérique	20	25
Bénéfice/porc	$77 - (700/20)$ = 42	$70 - (700/25)$ = 42

- Croisement A x B : $B = 73,5 - (700/25) = 45,5$
- Gain lié à l'utilisation de lignées spécialisées = 3,5 €
 - = COMPLEMENTARITE



Utilisation des différences additives entre races

■ Croisement d'absorption

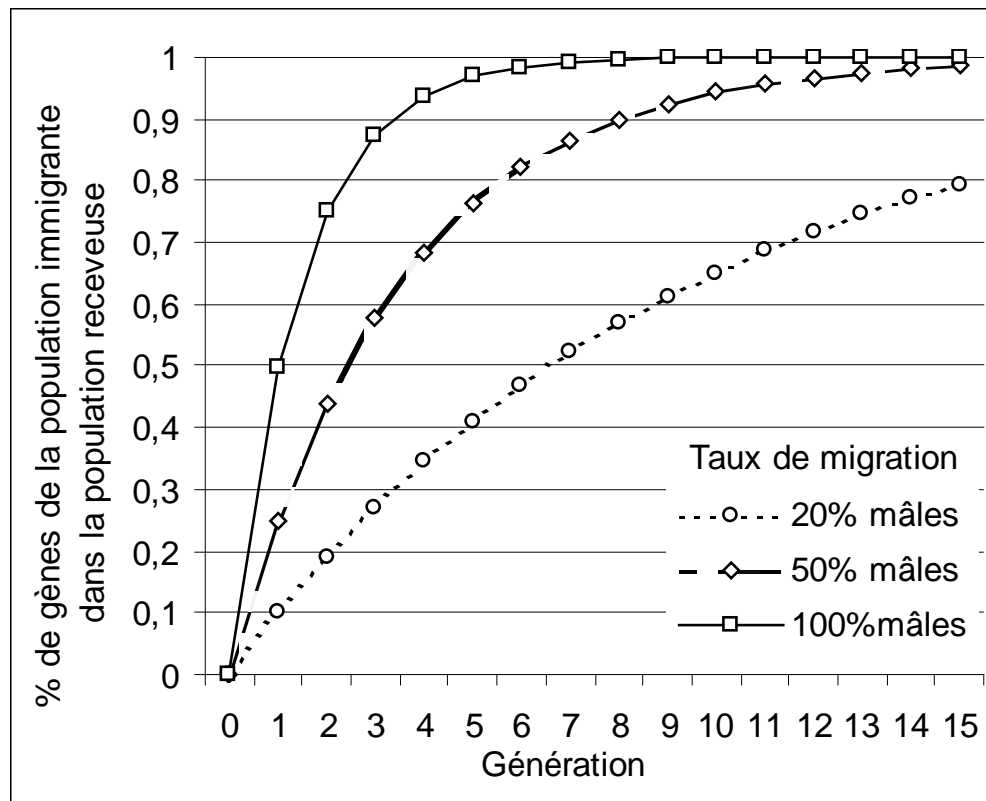
- Remplacement d'une population par une population plus performante
- Exemples :
 - Bovins laitiers : FFPN x Holstein
 - Porc : Piétrain français x Piétrain allemand

■ Croisement d'amélioration

- Introduction limitée de gènes d'une population amélioratrice
- Exemple :
 - Porc: introduction de LW anglais dans les années 1970
 - Bovins : Montbéliarde x holstein rouge

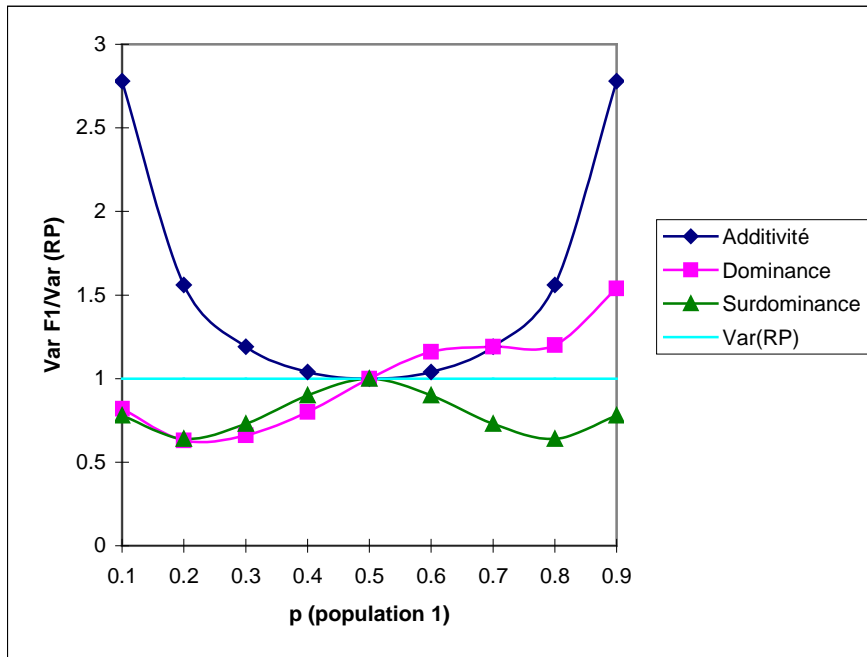
Utilisation des différences additives entre races

Croisement d'absorption - Effet du taux de migration



Accroissement de la variabilité génétique

Valeurs relatives de la variance génétique additive dans une population croisée et dans les populations parentales



Situation étudiée	Valeur génotypique		
	A1A1	A1A2	A2A2
Additivité	1	2	3
Dominance	1	3	3
Surdominance	1	4	3

Var(RP) représente la moyenne des variances génétiques additives des deux populations parentales.



Utilisation de gènes majeurs

Introduction d'un gène majeur dans une population par croisements en retour successifs (introgression)

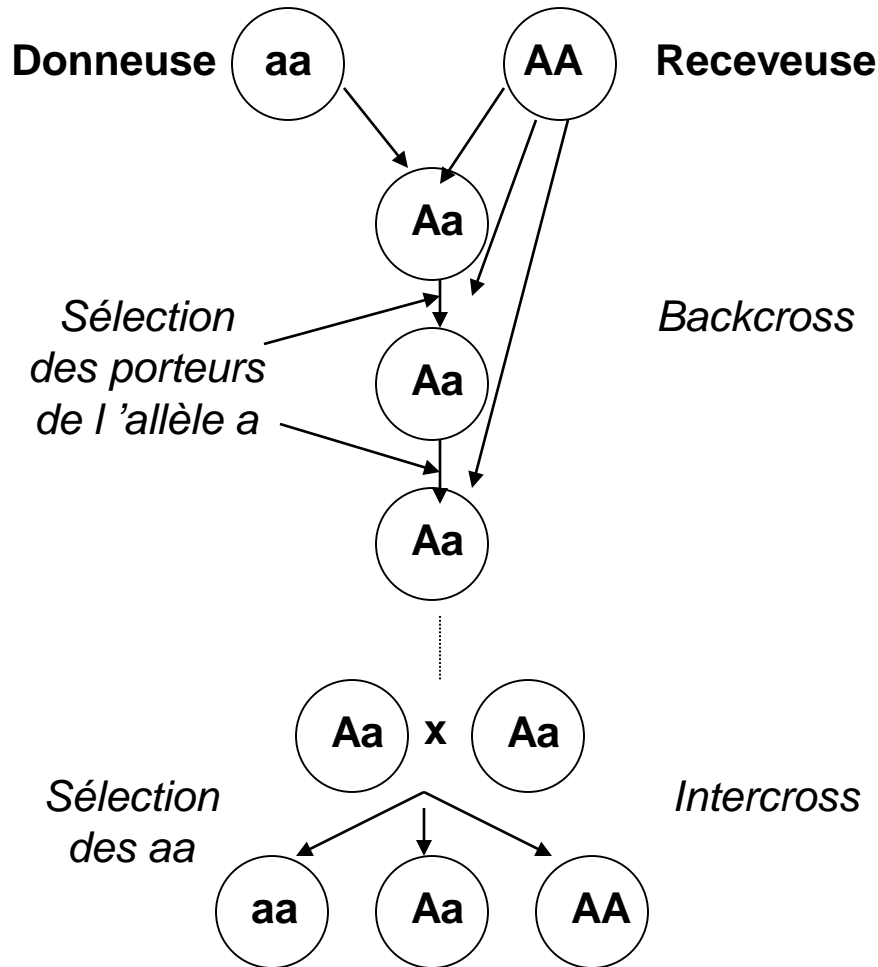
Exemples : le gène Booroola (allèle FecB) chez les ovins
l'allèle de non sensibilité à l'halothane (N) chez le porc
l'allèle dw (gène de nanisme) chez le poulet

Utilisation de gènes défavorables à l'état homozygote, mais intéressants chez les hétérozygotes

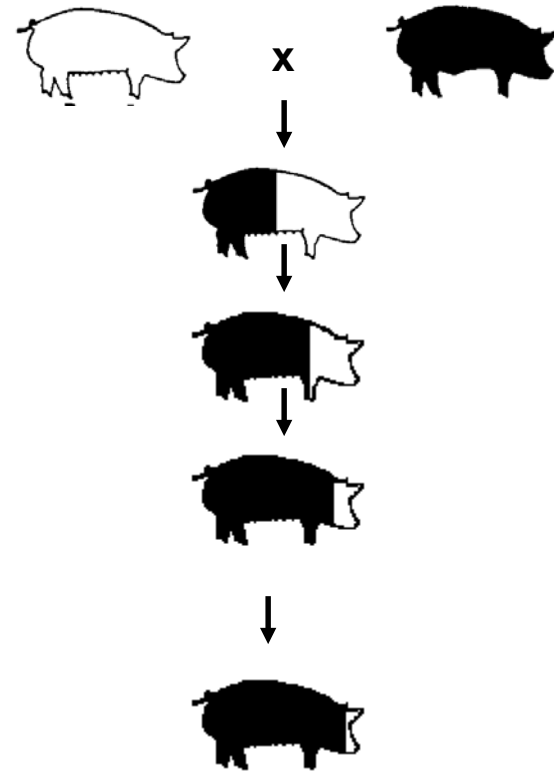
Exemples : le gène de nanisme chez la poule
le gène de sensibilité à l'halothane chez le porc

Introgression de gènes par croisement

Au locus introgressé



Reste du génome





Introgression de gènes par croisement : intérêt des marqueurs génétiques

Les marqueurs génétiques peuvent faciliter :

- Le génotypage pour le gène à introgresser
- Le recouvrement du génome receveur

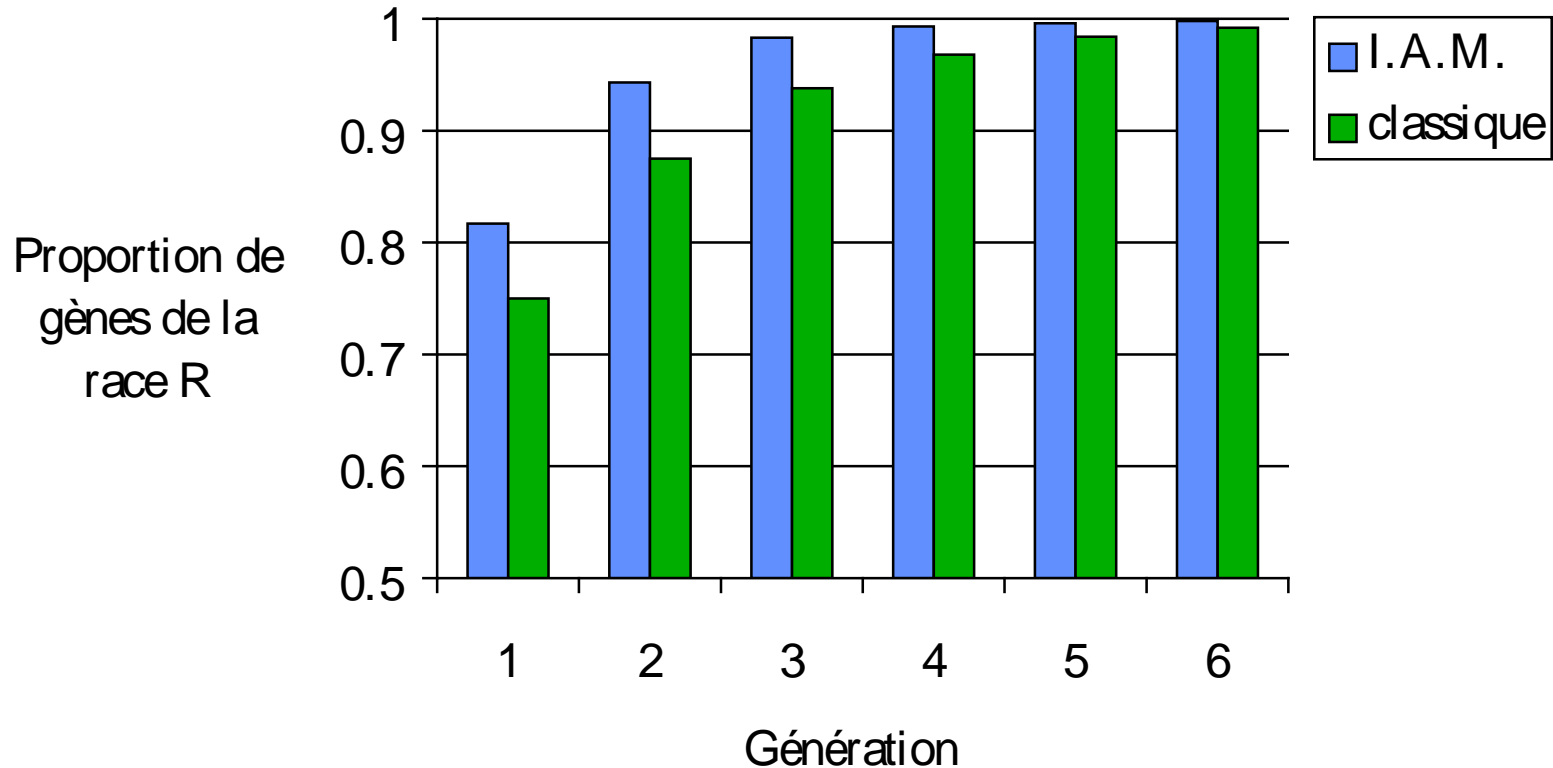
Les marqueurs génétiques sont utiles si :

- Le caractère est mesuré dans un seul sexe (ovulation)
- Le caractère est exprimé tardivement (longévité)
- La mesure détruit l'animal (qualité de la carcasse)
- Des erreurs de typage sont possibles

- Partout où le génotype est peu ou in-visible

Introgression de gènes par croisement : intérêt des marqueurs génétiques

Efficacité de l'introgression assistée par marqueurs



Valorisation de gènes majeurs en croisement: exemple du gène de sensibilité à l'halothane

Le gène de sensibilité à l'halothane chez le porc

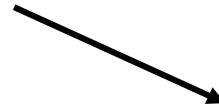
Hal = halothane (anesthésique)
Administration d'halothane



Réponse de type « tout ou rien »



Pas de réaction anormale
(sujets négatifs)



Réaction anormale = syndrome
d'hyperthermie maligne (sujets
positifs)

Le type de réaction est contrôlé par un **locus biallélique** = locus Hal.
Ce locus correspond à un gène identifié : il s'agit du gène d'un **récepteur**
à la **ryanodyne**, également noté **CRC**, qui assure le transport transmem-
branaire du calcium au niveau de la cellule.

Valorisation de gènes majeurs en croisement: exemple du gène de sensibilité à l'halothane

Allèle Hal^N ou N

Allèle Hal^s, n ou s

Génotype NN et Ns¹

¹Quelques sujets Ns réagiraient parfois

Génotype ss²

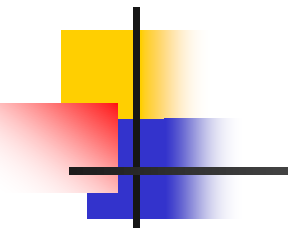
²pénétrance incomplète

Effets du gène

Prédisposition au syndrome de stress ou d'hyperthermie maligne (cas de mortalité subite)

Prédisposition au syndrome PSE (défaut de qualité de la viande)

Phénomène d'hypertrophie musculaire



Valorisation de gènes majeurs en croisement: exemple du gène de sensibilité à l'halothane

Génotype	NN	Ns	ss
Viabilité	++	++	--
Quantité de muscle	0	+	++
Qualité de la viande	++	+(+)	--
Prolificité	0	0	0
Indice de consommation	0	0	0

- Le génotype hétérozygote réunit le maximum d'avantages

Valorisation de gènes majeurs en croisement: exemple du gène de sensibilité à l'halothane

**Type génétique paternel
avec une fréquence élevée
de l'allèle s**



**Sélection classique
pour les performances
de production**

X

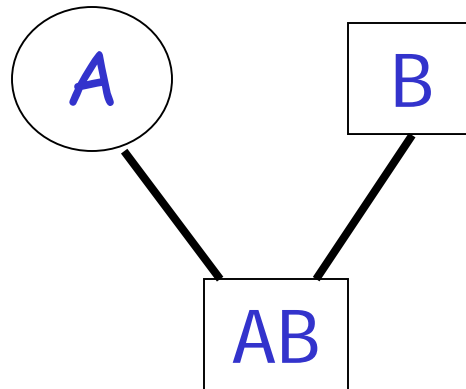
**Type génétique maternel
indemne de l'allèle s**



**Sélection pour les performances
de production et de reproduction
Élimination de l'allèle s
(Test Hal, PHI-PGD,
sonde moléculaire)**

Les différents plans de croisement

Le croisement simple (à 2 voies)



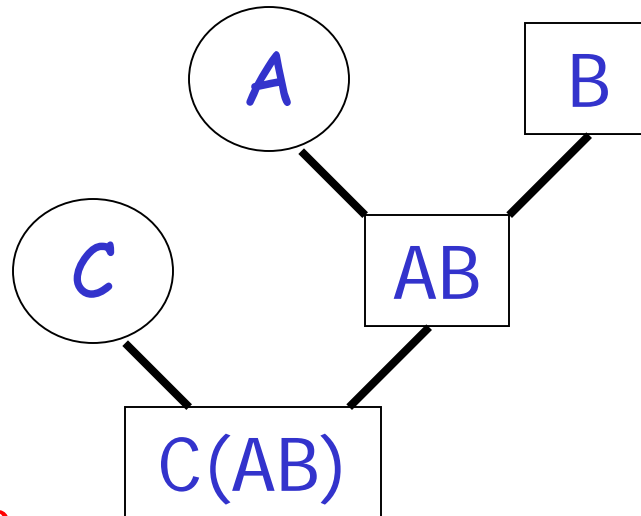
Exemples

- Chez les bovins
 - ✓ race à viande spécialisée x

race laitière
race rustique
- Chez les ovins
 - ✓ race à viande spécialisée x race rustique

Les différents plans de croisement

Le croisement à 3 voies

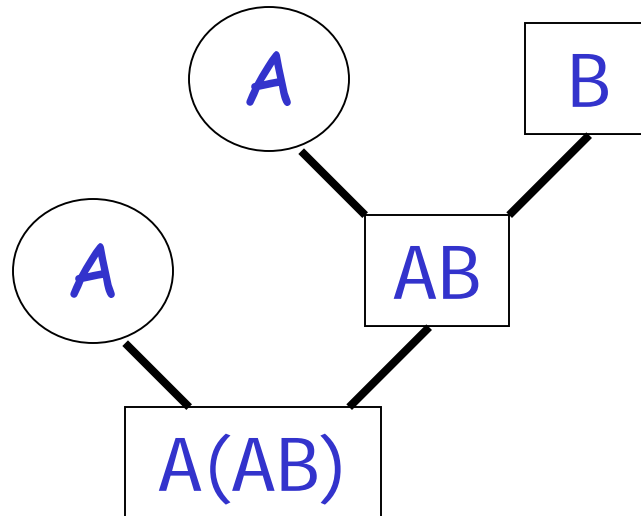


Exemples

- Bovins, ovins : cas de la Grande-Bretagne
 - ✓ Bovins : mâle Si, Ch ou LI x femelle (He x PN)
 - ✓ Ovins : mâle Suffolk x femelle F1 (races rustiques)
- Porc, lapin, volaille : très répandu
 - ✓ Porc : mâle Piétrain x femelle Large White x Landrace
 - ✓ Volaille : poulet de chair, dinde

Les différents plans de croisement

Le croisement en retour



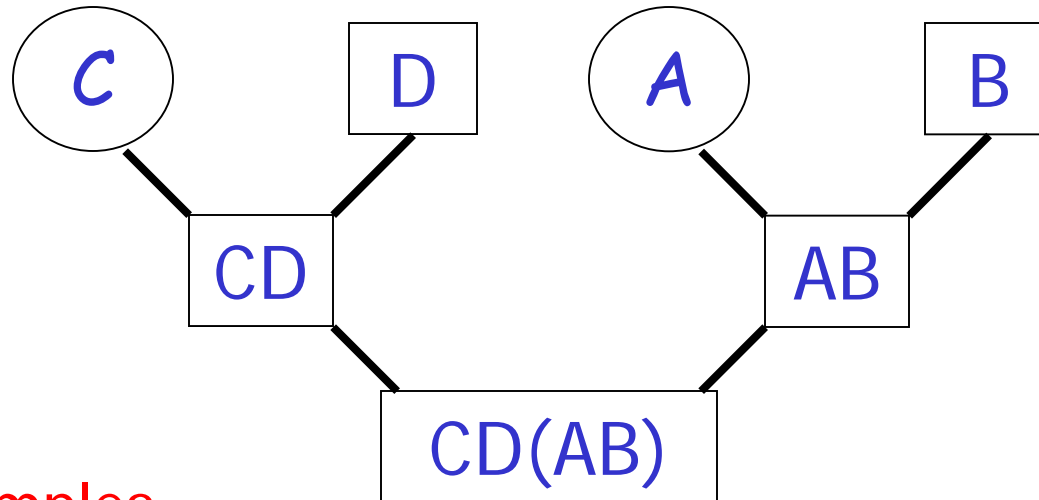
Exemple :

➤ Porc

✓ mâle Large White x femelle Large White x Landrace

Les différents plans de croisement

Le croisement à 4 voies

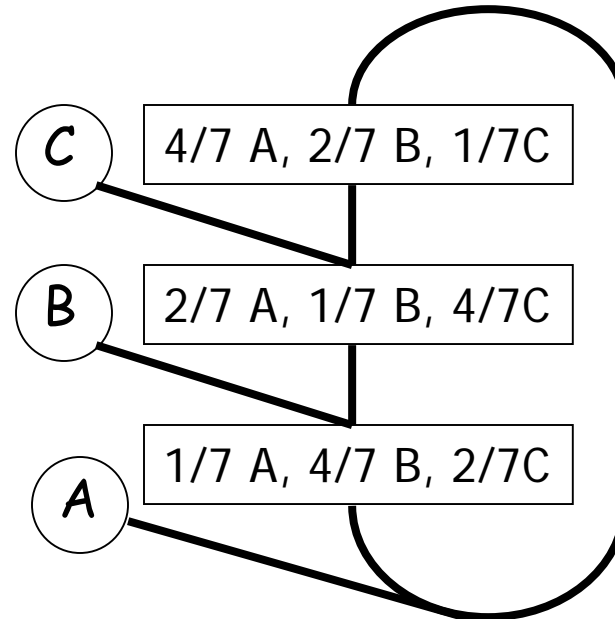
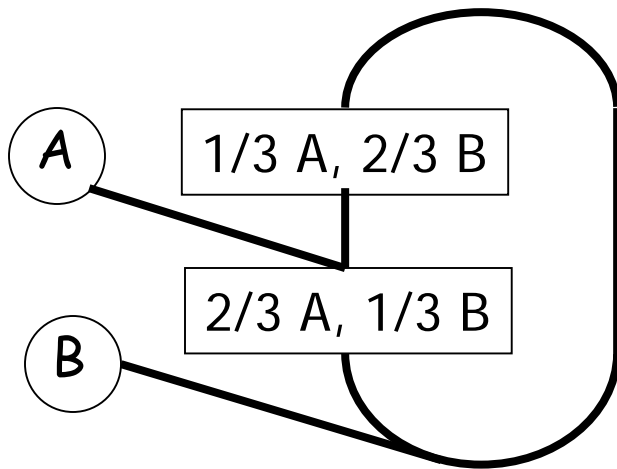


Exemples

- Porc : très fréquent
 - ✓ (Duroc x Hampshire) x (Large White x Landrace)
 - ✓ (Piétrain x Large White) x (Large White x Landrace)
- Volaille
 - ✓ Production de poules pondeuses

Les différents plans de croisement

Les croisements alternatifs et rotatifs

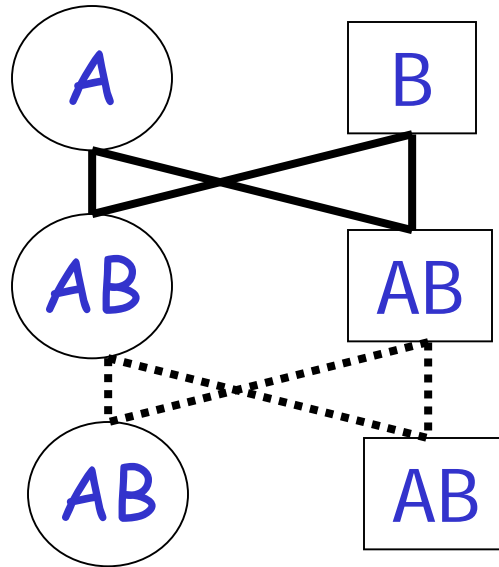


Exemples

- utilisé chez les porcs, les bovins et les ovins aux USA, mais leur importance tend à diminuer
- Chez le porc : race mâle x alt (Large White x Landrace)

Les différents plans de croisement

Les lignées synthétiques



Exemples

- Des lignées synthétiques ont été créées dans la plupart des espèces d'élevage, avec des résultats variés
- Quelques succès en France
 - ✓ Lignée ovine INRA 401
 - ✓ Lignée bovine INRA 95
 - ✓ Lignée mâle porcine Laconie



Choix d'un système de croisement

Éléments à considérer

- **Aspects démographiques**

- ☞ Importance de la productivité numérique des femelles

- **Aspects génétiques**

- ☞ Différences entre races

- ☞ Effets d'hétérosis et de complémentarité

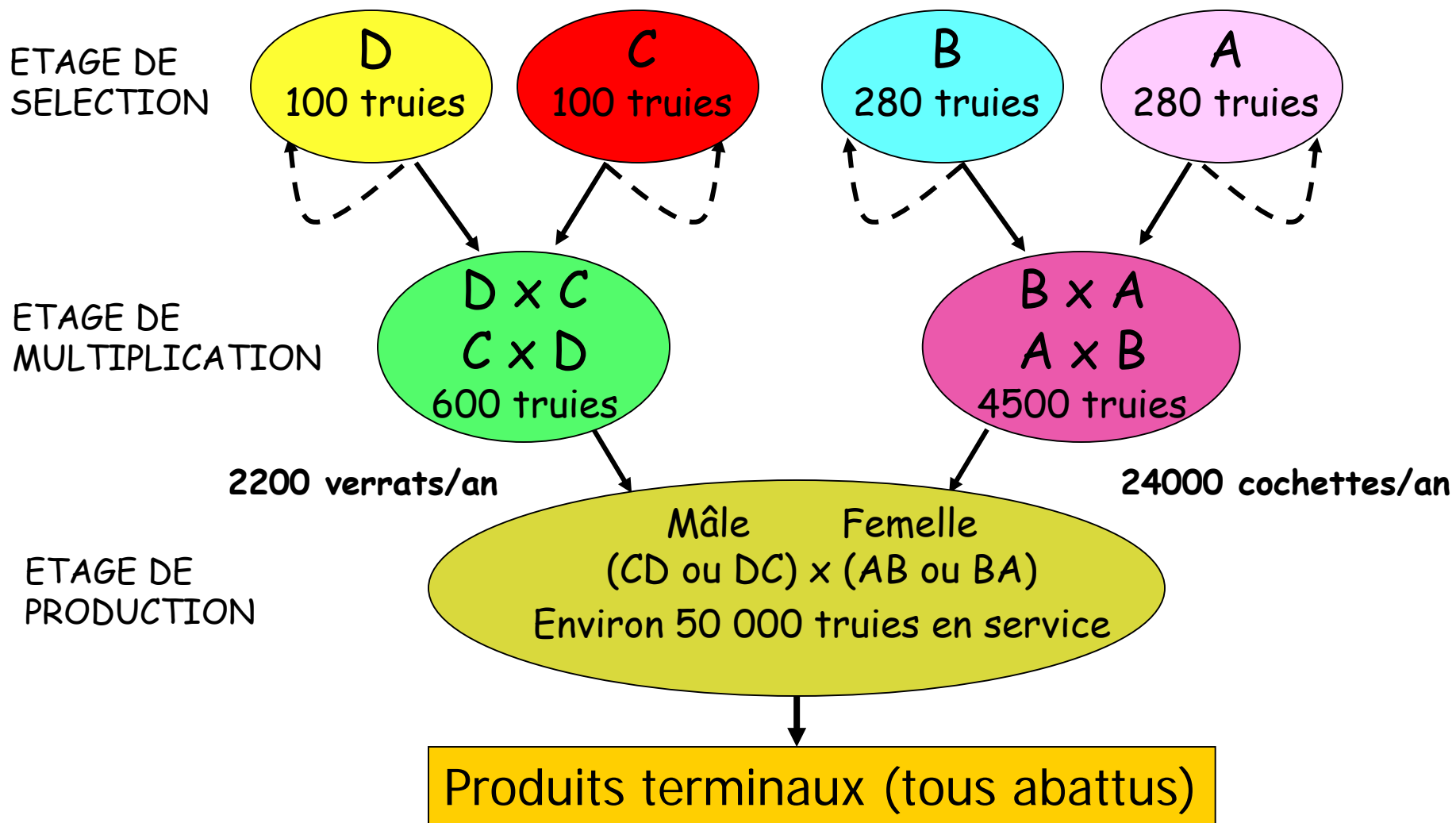
- ☞ Utilisation de gènes majeurs et de QTL

- **Aspects organisationnels**

- ☞ Aspects pratiques, commerciaux et réglementaires

- **Aspects sanitaires**

STRUCTURE DEMOGRAPHIQUE DES SCHEMAS DE CROISEMENT : EXEMPLE DU PORC





STRUCTURE DEMOGRAPHIQUE DES SCHEMAS DE CROISEMENT : EXEMPLE DES BOVINS

- Population de grande taille
- Fécondité : 0,8 descendant/femelle/an
- Espérance de vie productive : 4,5 années

Proportion maximale de femelles utilisées en croisement ?

- Une femelle produit en moyenne 1,8 filles
- $0,8 / 1,8 = 44 \%$ des femelles pourront être utilisées en croisement si l'on veut pouvoir renouveler la population de race pure



COMPARAISON DE SYSTEMES DE CROISEMENT

- Aucun plan de croisement n'est systématiquement supérieur aux autres
- En général, pas de comparaison expérimentale exhaustive possible

☞ On cherche à décrire la variabilité entre races par un nombre réduit de paramètres permettant de prédire les performances moyennes de plans de croisement = PARAMETRES DU CROISEMENT

3 étapes

- Estimation des paramètres du croisement
- Prédiction des performances moyennes des différents types génétiques impliqués dans un plan de croisement
- Evaluation économique des plans de croisement



LES PARAMETRES DU CROISEMENT

- Différences additives entre races
 - Directes g^o
 - Maternelles g^m
 - Grand-maternelles g^n
 - Δ (entre races) = $(\Delta)g^o + (\Delta)g^m + (\Delta)g^n$
- Effets non additifs
 - Effets d'hétérosis
 - Directs H^o
 - Maternels H^m
 - Effets d'épistasie
 - Directs aa^o, ad^o, dd^o
 - Maternels aa^m, ad^m, dd^m

ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT

Paramètres du croisement entre deux populations P1 et P2

I - Différences entre races

$$\mu_{P1 - P2} = g^o_{P1-P2} + g^m_{P1-P2} + g^n_{P1-P2}$$

Avec : $g^x_{P1-P2} = g^x_{P1} - g^x_{P2}$ $x=m, n, o$

Effets grand-maternels

S'estiment comme l'écart entre les performances moyennes d'individus issus d'une grand-mère de race P1 et ceux issus d'une grand-mère de race P2

$$\hat{g}^n_{P1-P2} = \mu_{Yx(P2 \times P1)} - \mu_{Yx(P1 \times P2)}$$

où Y peut être un mâle de race A, B, F1 ou d'une population quelconque

ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT : EXEMPLE

N° TG	TG père	TG mère	NT
1	MS	MS	14,3
2	MS	LW	11,4
3	LW	MS	14,9
4	LW	LW	10,6
5	F1	LW x MS	16,1
6	F1	MS x LW	16,3
7	F1	MS	13,2
8	F1	LW	12,0
9	MS	LW x MS	14,0
10	MS	MS x LW	14,6
11	LW	LW x MS	15,1
12	LW	MS x LW	15,5

3 contrastes permettent
d'estimer g^n_{LW-MS}

$$g^n_{LW-MS} = \mu_{F1x(LWxMS)} - \mu_{F1x(MSxLW)}$$

$$g^n_{LW-MS} = \mu_{(6)} - \mu_{(5)}$$

$$g^n_{LW-MS} = 0,2$$

$$g^n_{LW-MS} = \mu_{MSx(LWxMS)} - \mu_{MSx(MSxLW)}$$

$$g^n_{LW-MS} = \mu_{(10)} - \mu_{(9)}$$

$$g^n_{LW-MS} = 0,6$$

$$g^n_{LW-MS} = \mu_{LWx(LWxMS)} - \mu_{LWx(MSxLW)}$$

$$g^n_{LW-MS} = \mu_{(12)} - \mu_{(11)}$$

$$g^n_{LW-MS} = 0,4$$

Moyenne pondérée : 0,4

ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT

Effets maternels

S'estiment comme l'écart entre les performances moyennes des individus issus d'une mère de race P1 et celles issus d'une mère de race P2, après soustraction des effets grand-maternels :

$$\hat{g}_{P1-P2}^m = \mu_{P2 \times P1} - \mu_{P1 \times P2} - \hat{g}_{P1-P2}^n$$

Exemple :

$$\hat{g}_{LW-MS}^m = \mu_{MS \times LW} - \mu_{LW \times MS} - \hat{g}_{LW-MS}^n$$

$$\hat{g}_{LW-MS}^m = \mu_{(2)} - \mu_{(3)} - \hat{g}_{LW-MS}^n$$

$$\hat{g}_{LW-MS}^m = 11,4 - 14,9 - 0,4 = -3,9$$

ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT

Effets directs

S'estiment comme l'écart de performances entre des individus de race P1 et ceux de race P2, après soustraction des effets maternels et grand-maternels :

$$\hat{g}_{P1-P2}^0 = \mu_{P2} - \mu_{P1} - (\hat{g}_{P1-P2}^n + \hat{g}_{P1-P2}^m)$$

Exemple :

$$\hat{g}_{LW-MS}^0 = \mu_{LW} - \mu_{MS} - (g_{LW-MS}^n + g_{LW-MS}^m)$$

$$\hat{g}_{LW-MS}^0 = \mu_{(4)} - \mu_{(1)} - (g_{LW-MS}^n + g_{LW-MS}^m)$$

$$\hat{g}_{LW-MS}^0 = 10,6 - 14,3 - (-3,9) - 0,4 = -0,2$$

ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT

II- Effets non additifs

Hétérosis direct

S'estime comme l'écart entre les performances moyennes d'individus croisés F1 et de ceux des deux races pures utilisées pour produire les individus F1 :

$$\hat{H}_{P1 \times P2}^0 = (\mu_{F1} - \mu_{\bar{P}}) \quad \text{avec : } \mu_{F1} = \frac{\mu_{P1 \times P2} + \mu_{P2 \times P1}}{2} \quad \mu_{\bar{P}} = \frac{\mu_{P1} + \mu_{P2}}{2}$$

Exemple :

$$\hat{H}_{LW \times MS}^0 = \frac{\mu_{LW \times MS} + \mu_{MS \times LW}}{2} - \frac{\mu_{LW} + \mu_{MS}}{2}$$

$$\hat{H}_{LW \times MS}^0 = \frac{11,4 + 14,9}{2} - \frac{10,6 + 14,3}{2} = 0,7$$

ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT

Hétérosis maternel

- S'estime comme l'écart entre les performances moyennes de femelles croisés F1 et celles de femelles des deux races pures utilisées pour produire les individus F1, après correction pour les variations d'effets d'hétérosis direct.
- 3 contrastes au moins permettent d'estimer les effets d'hétérosis maternel (vrai en l'absence d'épistasie)

$$\hat{H}^m = C \times \overline{F1} - C \times \overline{P}$$

$$\hat{H}^m = \overline{BC}_M - \overline{BC}_P$$

$$\hat{H}^m = \overline{F2} - \overline{BC}_P$$

Avec :

(type génétique
du père en 1ère
Position)

$$\overline{F2} = \frac{\mu_{F1 \times (P1 \times P2)} + \mu_{F1 \times (P2 \times P1)}}{2}$$

$$\overline{BC}_P = \frac{\mu_{F1 \times P1} + \mu_{F1 \times P2}}{2}$$

$$\overline{BC}_M = \frac{\mu_{P1 \times (P1 \times P2)} + \mu_{P1 \times (P2 \times P1)} + \mu_{P2 \times (P1 \times P2)} + \mu_{P2 \times (P2 \times P1)}}{4}$$

II- Effets non additifs

Hétérosis maternel

Exemple :

$$\hat{H}_{LW \times MS}^m = \mu_{BCM} - \mu_{BCP} = \frac{\mu_{(9)} + \mu_{(10)} + \mu_{(11)} + \mu_{(12)}}{4} - \frac{\mu_{(7)} + \mu_{(8)}}{2}$$

$$\hat{H}_{LW \times MS}^m = \frac{14,0 + 14,6 + 15,1 + 15,5}{4} - \frac{13,2 + 12,0}{2} = 2,2$$

$$\hat{H}_{LW \times MS}^m = \mu_{F2} - \mu_{BCP} = \frac{\mu_{(5)} + \mu_{(6)}}{2} - \frac{\mu_{(7)} + \mu_{(8)}}{2}$$

$$\hat{H}_{LW \times MS}^m = \frac{16,1 + 16,3}{4} - \frac{12,0 + 13,2}{2} = 3,6$$

ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT

III- Estimation conjointe de l'ensemble des paramètres

A partir des performances moyennes des types génétiques

$$\begin{matrix}
 m = K b + e \\
 \\
 \text{Var}(m) = V
 \end{matrix}
 \quad
 m =
 \begin{bmatrix}
 \text{MS} & \mu_1 \\
 \text{MSx(LWxMS)} & \mu_2 \\
 \text{MSx(MSxLW)} & \mu_3 \\
 \text{F1xMS} & \mu_4 \\
 \text{LWxMS} & \mu_5 \\
 \text{MSxLW} & \mu_6 \\
 \text{F1x(LWxMS)} & \mu_7 \\
 \text{F1x(MSxLW)} & \mu_8 \\
 \text{LWx(LWxMS)} & \mu_9 \\
 \text{LWx(MSxLW)} & \mu_{10} \\
 \text{F1xLW} & \mu_{11} \\
 \text{LW} & \mu_{12}
 \end{bmatrix}
 =
 \begin{bmatrix}
 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\
 .75 & .5 & 1 & .5 & 1 \\
 .75 & .5 & 0 & .5 & 1 \\
 .75 & 1 & 1 & .5 & 0 \\
 .5 & 1 & 1 & 1 & 0 \\
 .5 & 0 & 0 & 1 & 0 \\
 .5 & .5 & 1 & .5 & 1 \\
 .5 & .5 & 0 & .5 & 1 \\
 .25 & .5 & 1 & .5 & 1 \\
 .25 & .5 & 0 & .5 & 1 \\
 .25 & 0 & 0 & .5 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0
 \end{bmatrix}
 \begin{bmatrix}
 g_{\text{MS-LW}}^o \\
 g_{\text{MS-LW}}^m \\
 g_{\text{MS-LW}}^n \\
 h_{\text{LWxMS}}^o \\
 h_{\text{LWxMS}}^m
 \end{bmatrix}
 +
 \begin{bmatrix}
 e_1 \\
 e_2 \\
 e_3 \\
 e_4 \\
 e_5 \\
 e_6 \\
 e_7 \\
 e_8 \\
 e_9 \\
 e_{10} \\
 e_{11} \\
 e_{12}
 \end{bmatrix}$$

Estimation par les moindres carrés généralisés : $\hat{b} = (K'V^{-1}K)^{-1}K'V^{-1}m$



ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT

III- Estimation conjointe de l'ensemble des paramètres

Par régression multiple sur les coefficients des paramètres du croisement

$$y = X_1 b_1 + X_2 b_2 + \varepsilon$$

ε a une structure complexe

peut raisonnablement être approximée par :

$$\varepsilon = Za + Wp + e$$

Avec : $\text{Var}(a) = A\sigma_a^2$ $\text{Var}(p) = I\sigma_p^2$ $\text{Var}(e) = I\sigma_e^2$

Estimation des composantes de variance (REML,...), puis obtention des BLUE par résolution des équations du modèle mixte

LES PARAMETRES DU CROISEMENT

- Expression en fonction des effets additifs et de dominance

- différences additives entre races

$$g_i^x = \sum_k (2q_{ik} - 1) a_k^x - \bar{a}^x + \sum_k 2 \left(q_{ik} - q_{ik}^2 \right) d_k^x - \bar{d}^x$$

x = effets directs, maternels ou grand-maternels

- Effets d'hétérosis

- ☺ dominance uniquement

$$H_{ij} = \sum_k (q_{ik} - q_{jk})^2 d_k$$

- ☹ dominance et épistasie

$$H = \bar{F}1 - \bar{P} = \Delta_A^2 d_A + \Delta_B^2 d_B + \Delta_A \Delta_B a a_{AB}$$

LES PARAMETRES DU CROISEMENT

Décomposition des différences entre populations en fonction des effets additifs, de dominance et d'épistasie dans le cadre d'un modèle à deux locus.

Contraste	Décomposition en fonction des effets génétiques
$P1 - P2$	$2\Delta_A a_A + 2\Delta_B a_B - \frac{\Delta_A^2 \Delta_B}{2} da_{AB} - \frac{\Delta_A \Delta_B^2}{2} ad_{AB}$
$\bar{F1} - \bar{P}$	$\Delta_A^2 d_A + \Delta_B^2 d_B + \Delta_A \Delta_B aa_{AB}$
$\bar{F2} - \bar{F1}$	$-\frac{\Delta_A^2}{2} d_A - \frac{\Delta_B^2}{2} d_B + \frac{\Delta_A \Delta_B}{2} (1-2C) aa_{AB} - C(1-C) \frac{\Delta_A^2 \Delta_B^2}{4} dd_{AB}$
$\bar{B1} - \bar{P}$	$\frac{3\Delta_A}{2} a_A + \frac{\Delta_B}{2} a_B + \frac{\Delta_A^2}{2} d_A + \frac{\Delta_B^2}{2} d_B - (1+C) \frac{\Delta_A \Delta_B}{2} aa_{AB} + \frac{2C-1}{8} \Delta_A \Delta_B^2 ad_{AB}$ $+ \frac{2C-1}{8} \Delta_A^2 \Delta_B da_{AB} - C \frac{\Delta_A^2 \Delta_B^2}{8} dd_{AB}$

Δ_I, a_I, d_I = différence de fréquence génique dans les populations parentales, effet génétique additif et de dominance au locus I (I = A, B), respectivement ; $aa_{AB}, ad_{AB}, da_{AB}, dd_{AB}$, C = Interactions d'épistasie de type additif x additif, additif x dominance, dominance x additif et dominance x dominance et taux de recombinaison entre les locus A et B, respectivement.



ESTIMATION DES PARAMETRES DU CROISEMENT

Décomposition des effets d'hétérosis

$$H_o = 2d_o - \alpha\alpha_o$$

$$H_m = 2d_m - \alpha\alpha_m$$

$$\hat{d}_o = 1/2[\overline{F1+P} + 4(\overline{BC_M} - \overline{F2})]$$

$$\hat{\alpha}\alpha_o = 4(\overline{BC_M} - \overline{F2})$$

$$\hat{d}_m = 1/2[\overline{P \times F1} + \overline{P \times P} + 4(\overline{P \times BC} - \overline{P \times F2})]$$

$$\hat{d}_m = 1/2[\overline{C \times F1} + \overline{C \times P} + 4(\overline{C \times BC} - \overline{C \times F2})]$$

$$\hat{\alpha}\alpha_m = 4(\overline{P \times BC} - \overline{P \times F2})$$

$$\hat{\alpha}\alpha_m = 4(\overline{C \times BC} - \overline{C \times F2})$$

LES PARAMETRES DU CROISEMENT

- Notion d'hétérosis moyen et spécifique

$$h_{ij}^x = \bar{h}^x + h_i^x + h_j^x + s_{ij}^x$$

$$h_i^x = E(h_{ij}^x | i) - \bar{h}^x$$

$$h_{ij}^x = E(h_{ij}^x | ij) - \bar{h}^x - h_i^x - h_j^x$$

- Aptitude générale à la combinaison

$$AGC_i = 1/2 g_i^d + h_i^d$$



Plans expérimentaux pour l'étude de la variabilité génétique entre races

Le croisement diallèle

= Croisement factoriel de p populations

	P1	P2	...	Pn
P1	Y_{11}	Y_{12}	...	Y_{1n}
P2	Y_{21}	Y_{22}	...	Y_{2n}
...
Pn	Y_{n1}	Y_{n2}	...	Y_{nn}

Plans expérimentaux pour l'étude de la variabilité génétique entre races

Paramètres du croisement estimables dans un dispositif diallèle

Paramètre	Estimateur
$m_i = g_i^m + g_i^n$	$\bar{y}_{.i} - \bar{y}_{.}$
g_i^d	$\bar{y}_{ii} - \bar{y}_{.} - m_i$
AGC_i	$\frac{p-1}{p(p-2)} [(p-1)\bar{y}_{i.}^* + \bar{y}_{.i}^* + p\bar{y}_{.c}]$
h_{ij}^d	$(\bar{y}_{ij} + \bar{y}_{ji})/2 - (\bar{y}_{jj} + \bar{y}_{ii})/2$
\bar{h}^d	$\sum_j \sum_{i < j} h_{ij}^d / [p(p-1)/2]$
h_i^d	$\sum_{j, j \neq i} h_{ij}^d / (p-1)$
s_{ij}^d	$\frac{(\bar{y}_{ij} + \bar{y}_{ji})}{2} - \frac{p-1}{2(p-2)} (y_{i.}^* + y_{i.}^* + y_{j.}^* + y_{j.}^*)$
r_{ij}	$(\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{ji})/2 - (m_j - m_i)/2$

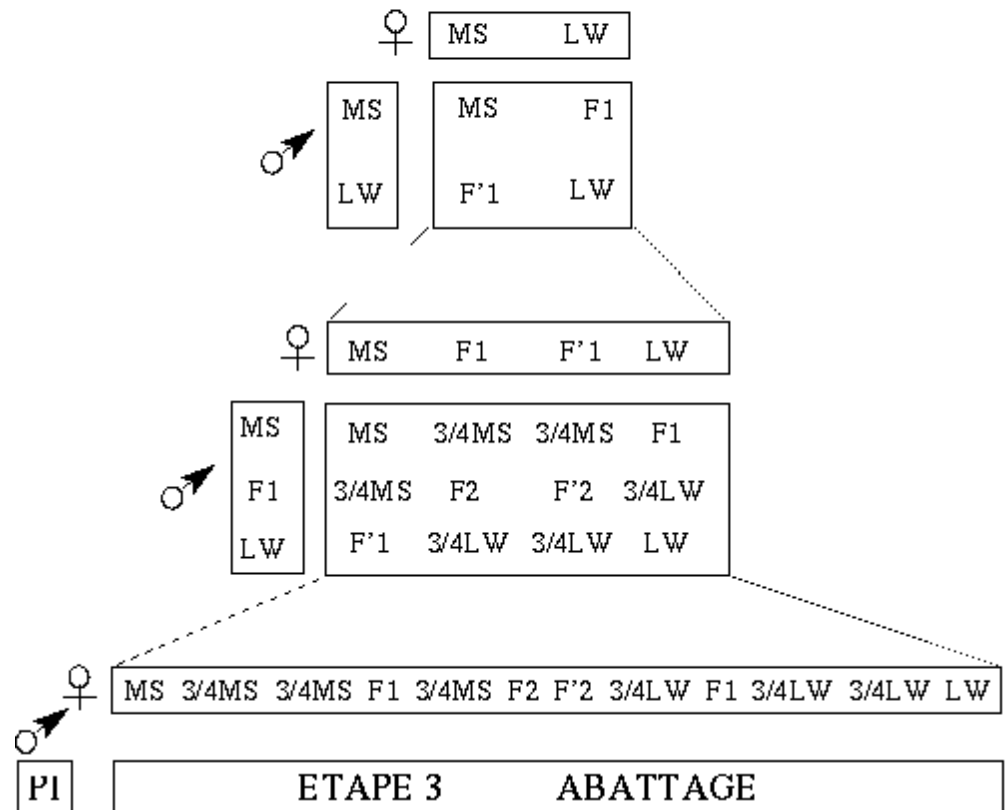
Plans expérimentaux pour l'étude de la variabilité génétique entre races

■ Extensions des dispositifs diallèles

- Exemple: croisement MSxLW
- Nécessaire pour estimer certains paramètres: g^n , h^m , d , aa , dd

Dispositif de l'expérience de croisement entre les races Large White et Meishan (Le Magneraud, 1984-1989)

LW = Large White ; MS = Meishan ; PI = Piétrain



Plans expérimentaux pour l'étude de la variabilité génétique entre races

Paramètres estimables dans un dispositif diallèle à 2 races (A, B)
Étendu à 2 générations

Paramètre ¹	Estimateur (combinaison linéaire des moyennes par type génétique) ²
$g_A^n - g_B^n$	$A \times (B \times A) - A \times (A \times B)$ $B \times (B \times A) - B \times (A \times B)$ $F1 \times (B \times A) - F1 \times (A \times B)$
$g_A^m - g_B^m$	$B \times A - A \times B - (\hat{g}_A^n - \hat{g}_B^n)$
$g_A^d - g_B^d$	$(A - B) - (\hat{g}_A^m + \hat{g}_A^n - \hat{g}_B^m - \hat{g}_B^n)$
$h^d = 2d^d - aa^d$	$\overline{F1} - \overline{P}$
$h^m = 2d^m - aa^m$	$\overline{BC}_M - \overline{BC}_P$
d^d	$1/2[\overline{F1} + \overline{P} + 4(\overline{BC}_M - \overline{F2})]$
aa^d	$4(\overline{BC}_M - \overline{F2})$
dd^d	$1/2[\overline{P} + \overline{F1} + 2\overline{F2} - 2(\overline{BC}_M + \overline{BC}_P)]$

Plans expérimentaux pour l'étude de la variabilité génétique entre races

Paramètres estimables à partir d'une troisième étape de croisement
(cas d'un dispositif avec deux races parentales A et B)

Paramètre ¹	Croisement avec les populations parentales P ²	Croisement avec une population indépendante C ²
$h^m = 2d^m - aa^m$	$\overline{PxF1} - \overline{PxP}$	$\overline{CxF1} - \overline{CxP}$
d^m	$1/2(\overline{PxF1} + \overline{PxP}) + 2(\overline{PxBC} - \overline{PxF2})$	$1/2(\overline{CxF1} + \overline{CxP}) + 2(\overline{CxBC} - \overline{CxF2})$
aa^m	$4(\overline{PxBC} - \overline{PxF2})$	$4(\overline{CxBC} - \overline{CxF2})$
dd^m	$1/2(\overline{PxP} + \overline{PxF1}) + \overline{PxF2} - 2\overline{PxBC}$	$1/2(\overline{CxP} + \overline{CxF1}) + \overline{CxF2} - 2\overline{CxBC}$



Plans expérimentaux pour l'étude de la variabilité génétique entre races

Diallèle incomplet

Age à la puberté chez des bovins Angus (A), Brahman (B), Hereford (H) et Jersiaise (J)

Race	A	B	H	J
A	-			
B	399	-		
H	416	425	-	
J	385	395	398	-

Modèle d'analyse

$$Y_{ijk} = m + AG_i + AG_j + AS_{ij} + e_{ijk}$$



Plans expérimentaux pour l'étude de la variabilité génétique entre races

Diallèle incomplet

Age à la puberté chez des bovins Angus (A), Brahman (B), Hereford (H) et Jersiaise (J)

Résultats

Race	A	B	H	J
A	- 4,5			
B	- 4,5	5,0		
H	2,5	2,0	15,0	
J	2,0	2,5	-4,5	-15,5

(aptitudes générales sur la diagonale, aptitudes spécifiques sous la diagonale)



Comparaison des systèmes de croisement

- **Peut s'envisager à différents niveaux**
(selon l'espèce et le schéma de croisement :
niveau d'intégration, relation entre partenaires,...)
- L'animal ou le couple mère - produit
 - *ex : bénéfice par porc engraisé*
- L'élevage
 - *le bénéfice au niveau de l'élevage peut différer de la somme des bénéfices par animal*
- Le système de croisement
 - *les recettes et les coûts au niveau notamment des élevages de sélection et de multiplication peuvent différer selon le plan de croisement*



Comparaison des systèmes de croisement

- Les modèles de comparaison peuvent être :
 - Statiques
 - *comparaison à un instant t*
 - Dynamiques
 - *prise en compte de la dimension temporelle, pour intégrer en particulier les effets de la sélection dans les noyaux de race pure*



Comparaison des systèmes de croisement

• Choix des races

- Sur les performances en race pure
 - *ne permet en général qu'un premier tri*
 - *quelques exceptions :*
 - *déterminisme additif*
 - *choix des animaux intra-population*
- Sur les performances en croisement
 - *sur la base des aptitudes générales et spécifiques à la combinaison*



Comparaison des systèmes de croisement

Prédiction des performances moyennes des types génétiques croisés

- Prédiction à l'aide des paramètres du croisement
 - Croisements de première génération
 - *Prédiction simple si l'on connaît les effets additifs, d'hétérosis et les proportions relatives des différentes races*
$$\mu = \sum_i^j p_i^j g_i^j + \sum_{ik}^j p_{ik}^j q_{ik}^j H_{ik}^j$$
 - Générations avancées de croisement
 - *Prédiction plus complexe : dépend de la nature des effets d'hétérosis*
 - *dominance uniquement: on se ramène au cas simple présenté ci-dessus*
 - *dominance + épistasie : plus complexe (dépend de la nature des effets d'épistasie*

Comparaison des systèmes de croisement

Prédiction des performances moyennes des types génétiques croisés

• Exemples

- Croisement simple : $A \times B$

$$Y_{A \times B} = \mu_A + 0.5g_{B-A}^o + g_{B-A}^m + g_{B-A}^n + H_{A \times B}^o$$

Croisement en retour $A \times (A \times B)$ - pas d'épistasie

$$Y_{A \times (A \times B)} = \mu_A + 0.75g_{B-A}^o + 0.5g_{B-A}^m + g_{B-A}^n + 0.5H_{A \times B}^o + H_{A \times B}^m$$

Croisement en retour $C \times (A \times B)$

$$Y_{C \times (A \times B)} = \mu_A + 0.5g_{C-A}^o + 0.25g_{B-A}^o + 0.5g_{B-A}^m + g_{B-A}^n \\ + 0.5H_{C \times A}^o + 0.5H_{C \times B}^o + H_{A \times B}^m$$



Comparaison des systèmes de croisement

Modèles dynamiques

Le plus souvent, modèles déterministes ou « semi-stochastiques »

Principe

- Les différentes populations sont scindées en cohortes = ensembles d'animaux homogènes vis à vis de facteurs de variation comme :
 - l'âge,
 - le sexe,
 - le type génétique,
 - le « statut » vis à vis des opérations de sélection (reproducteur sélectionné ou non)
- Le temps est scindé en périodes élémentaires (instants):

- Le passage de l'instant t à l'instant $t+1$ est décrit par:

$$G_{t+1} = D_t * G_t + DG_t$$

- Les valeurs phénotypiques sont calculées comme:

$$P_t = G_t + H_{(t)} + E_{(t)}$$

Comparaison des systèmes de croisement

Modèles dynamiques

Construction de la matrice de transition D_t

➤ Tableau contenant les probabilités ou « semi - probabilités » de transmission des gènes entre cohortes du temps t au temps $t+1$

➤ Ses éléments peuvent traduire :

➤ La reproduction

✓ « semi-probabilités »

Voie mâle

Voie femelle

$$\sum \text{Prob}_i = \frac{1}{2}$$

$$\sum \text{Prob}_j = \frac{1}{2}$$

➤ $\text{Prob}_i, \text{Prob}_j$ = « $\frac{1}{2}$ probabilité » d'être issu d'une cohorte de reproducteurs (dépend de la pyramide des âges des reproducteurs, de leur productivité, de la sélection pratiquée, ...)

➤ Le vieillissement d'un groupe d'animaux

Proba (âge $i+1$ à $t+1$ | âge i à t) = 1

Les autres probabilités sont nulles

➤ La diffusion du progrès génétique

ex : passage d'animaux de sélection en multiplication

Comparaison des systèmes de croisement

Exemple de matrice de transition

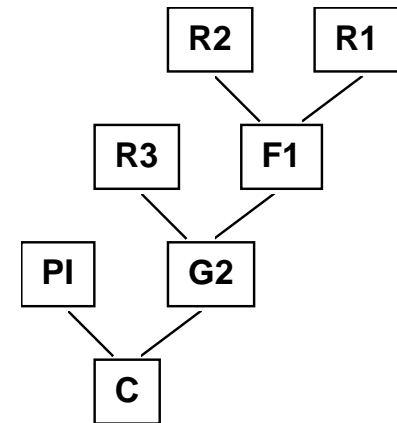
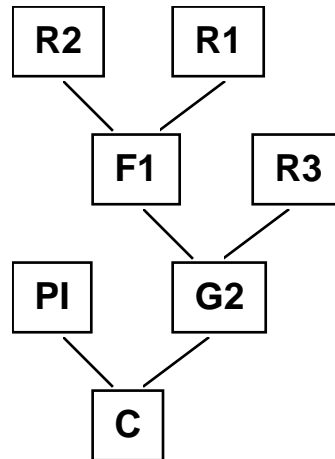
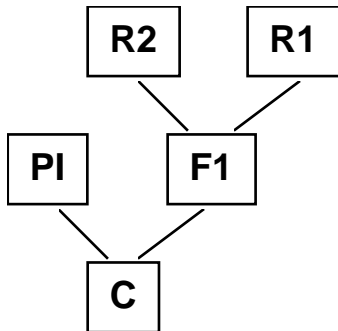
(2 populations de race pure A et B, 3 étages : sélection, multiplication, production)

$$\begin{aligned}
 & \begin{bmatrix} M_1^{AS}(t+1) \\ M_2^{AS}(t+1) \\ F_1^{AS}(t+1) \\ F_2^{AS}(t+1) \\ F_3^{AS}(t+1) \\ M_1^{BS}(t+1) \\ M_2^{BS}(t+1) \\ F_1^{BS}(t+1) \\ F_2^{BS}(t+1) \\ F_3^{BS}(t+1) \\ M_1^{AM}(t+1) \\ M_2^{AM}(t+1) \\ F_1^{BM}(t+1) \\ F_2^{BM}(t+1) \\ F_3^{BM}(t+1) \\ F_1^{AB}(t+1) \\ F_2^{AB}(t+1) \\ F_3^{AB}(t+1) \\ F_4^{AB}(t+1) \\ F_5^{AB}(t+1) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & 1/2 & 0 & 1/4 & 1/4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1/2 & 0 & 1/4 & 1/4 & 0 & 1/2 & 0 & 1/4 & 1/4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1/2 & 0 & 1/4 & 1/4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1/2 & 0 & 1/4 & 1/4 & 0 & 1/2 & 0 & 1/4 & 1/4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1/2 & 0 & 1/4 & 1/4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} M_1^{AS}(t) \\ M_2^{AS}(t) \\ F_1^{AS}(t) \\ F_2^{AS}(t) \\ F_3^{AS}(t) \\ M_1^{BS}(t) \\ M_2^{BS}(t) \\ F_1^{BS}(t) \\ F_2^{BS}(t) \\ F_3^{BS}(t) \\ M_1^{AM}(t) \\ M_2^{AM}(t) \\ F_1^{BM}(t) \\ F_2^{BM}(t) \\ F_3^{BM}(t) \\ F_1^{AB}(t) \\ F_2^{AB}(t) \\ F_3^{AB}(t) \\ F_4^{AB}(t) \\ F_5^{AB}(t) \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \Delta G_M^{AS}(t) \\ 0 \\ \Delta G_F^{AS}(t) \\ 0 \\ 0 \\ \Delta G_M^{BS}(t) \\ 0 \\ \Delta G_F^{BS}(t) \\ 0 \\ 0 \\ \Delta G_M^{AM}(t) \\ 0 \\ \Delta G_F^{BM}(t) \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ H \\ H \\ H \\ H \\ H \\ H \end{bmatrix}
 \end{aligned}$$

Comparaison des systèmes de croisement

Exemple : comparaison de stratégies d'utilisation de la race porcine Meishan

Plans de croisement considérés



Comparaison des systèmes de croisement

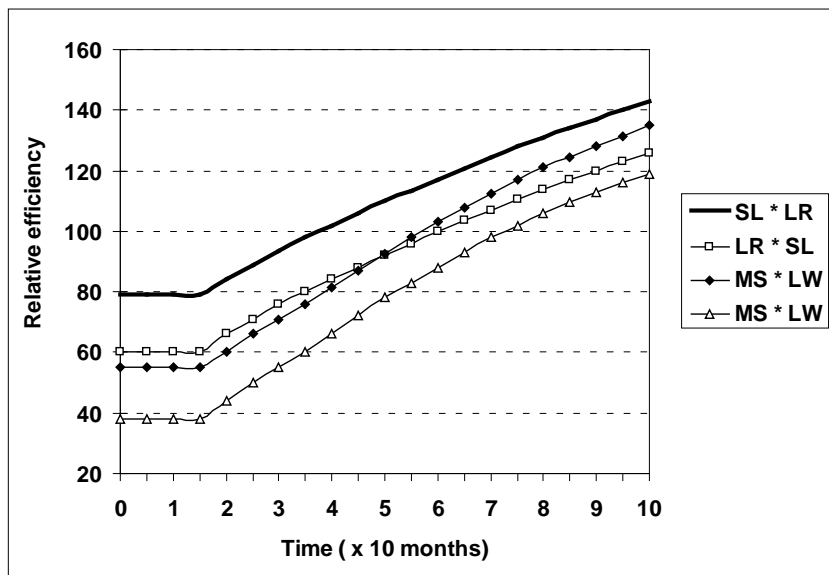
Exemple : comparaison de stratégies d'utilisation de la race porcine Meishan

	Genetic type ¹	Traits ²					
		LSW	ADG	FCR	DP	ECLC	MQI
μ_{LW}		9.6	870	2.84	77.9	54.6	85.6
g^o	MS	-0.1	-206	0.9	-4.2	-20	1.2
	LR	0.3	-20	0.09	0	-1	0.2
g^m	MS	2.1	0	0	0	0	0
	LR	-0.4	0	0.03	0	0.4	0
h^o	MSx(LWor LR)	0.6	103	-0.11	0	0	0
	LWxLR	0.3	25	-0.06	0	0	0
h^m	MSx(LWor LR)	2.6	0	0	0	0	0
	LWxLR	0.5	0	0	0	0	0

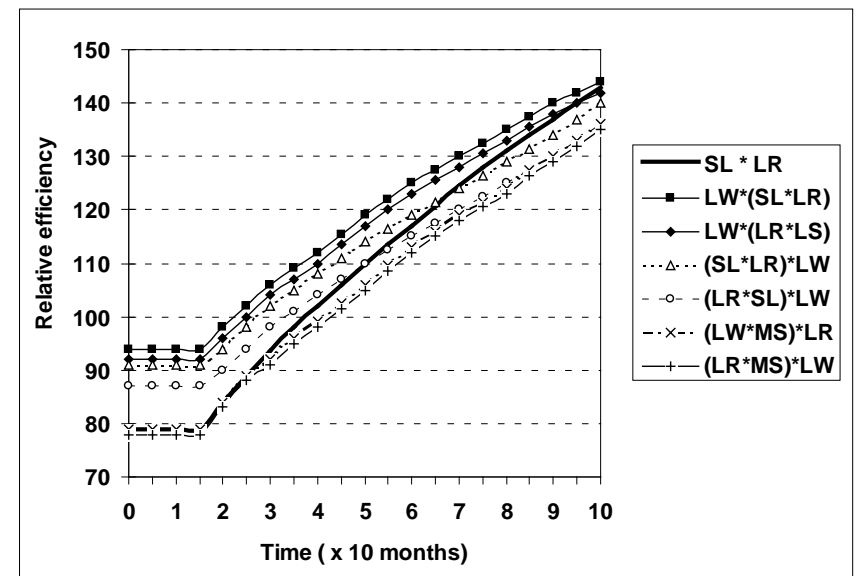
Comparaison des systèmes de croisement

Exemple : comparaison de stratégies d'utilisation de la race porcine Meishan

Plans de croisement à 2 voies



Plans de croisement à 3 voies



Croisement et sélection

1 - Le classement des reproducteurs est-il le même selon la population partenaire ?

- Si oui, prise en compte des effets d'hétérosis (et d'épistasie) moyens

$$Y = Wm + Xb + Zu^* + e$$

m = vecteur contenant les performances moyennes par type génétique ou leur décomposition en fonction des paramètres du croisement

$$E \begin{bmatrix} Y \\ u^* \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Wm + Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} Y \\ u^* \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} ZGZ' + R & ZG \\ GZ' & G \\ R & 0 \end{bmatrix}$$

=> Utilisation des reproducteurs simple à gérer

- N.B. Le modèle est un modèle approché
 - non prise en compte des (co)variances de dominance
- Prise en compte des (co)variances de dominance
 - Cf Lo et al (1995), J Anim Sci, 75, 2877-2884

Croisement et sélection

Le classement des reproducteurs varie selon la population partenaire

- Solution générale : définir la performance comme un caractère différent pour chaque population partenaire

Exemple : cas d'un croisement simple

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & Z_{13} & 0 & Z_{23} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} g_{11} \\ g_{13} \\ g_{22} \\ g_{23} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

g_{11}, g_{22} : valeurs génétiques en race pure

g_{13}, g_{23} : valeurs génétiques en croisement

Z_{13}, Z_{23} : matrices d'incidence avec des 0.5 (au lieu de 1)

e_3 : résidu dans le modèle $y_3 = s_1 + d_2 + e_3$

Contient la moitié de la variance génétique (aléa de méiose)

Croisement et sélection

Le classement des reproducteurs varie selon la population partenaire

$$\text{var} \begin{bmatrix} g_{11} \\ g_{13} \\ g_{22} \\ g_{23} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 A_{11} & \sigma_{13} A_{11} & 0 & 0 \\ \sigma_{31} A_{11} & \sigma_{3a}^2 A_{11} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_2^2 A_{22} & \sigma_{23} A_{22} \\ 0 & 0 & \sigma_{32} A_{22} & \sigma_{3b}^2 A_{22} \end{bmatrix}$$

Les variances et covariances en croisement ne s'obtiennent pas directement à partir des variances en race pure lorsqu'il y a dominance



Croisement et sélection

Le classement des reproducteurs varie selon la population partenaire

- Principales difficultés

- Beaucoup de paramètres (difficultés d'estimation)

- => essayer de réduire le nombre de paramètres
regarder les effets d'échelle, regrouper les populations
en sous-groupe homogènes, ...

- Utilisation des reproducteurs

- Complexe à optimiser s'il y a plusieurs populations partenaires
Algorithme d'optimisation proposés (ex: Kinghorn)

- Dans beaucoup de cas, VG estimée en race pure

- Doivent être interprétés pour une utilisation en croisement



Croisement et sélection

1 - Choix des reproducteurs pour le croisement

Dépend beaucoup de l'espèce et de la production

Ex : croisement sur vaches laitières

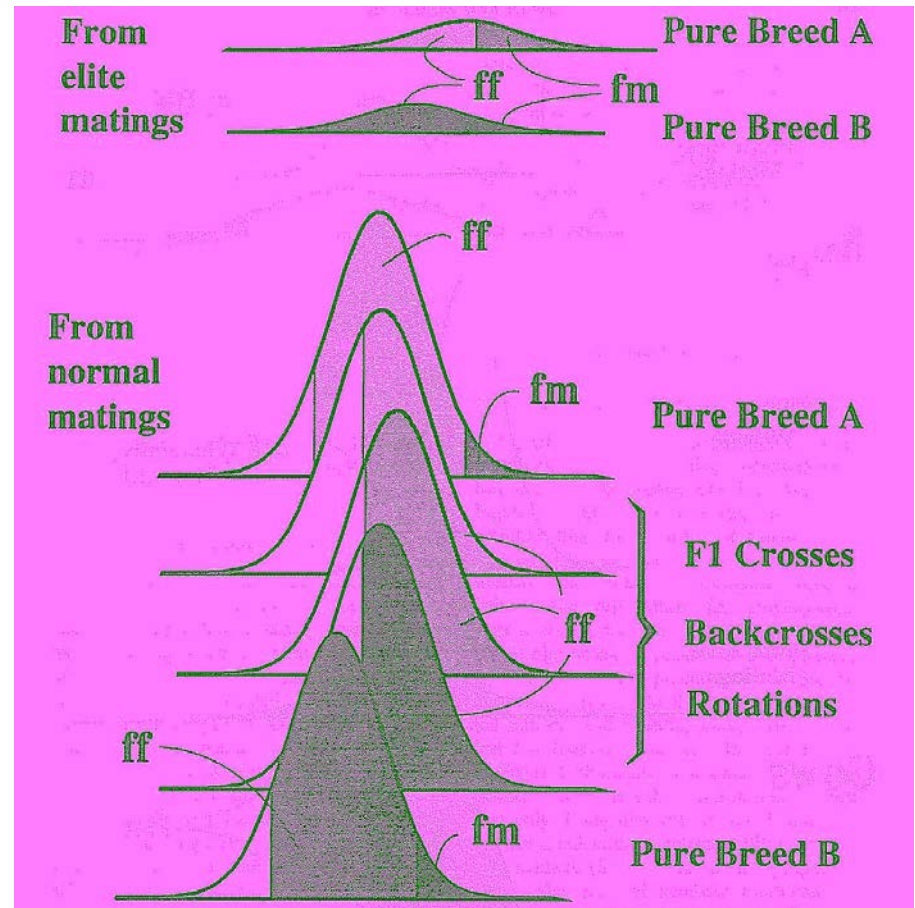
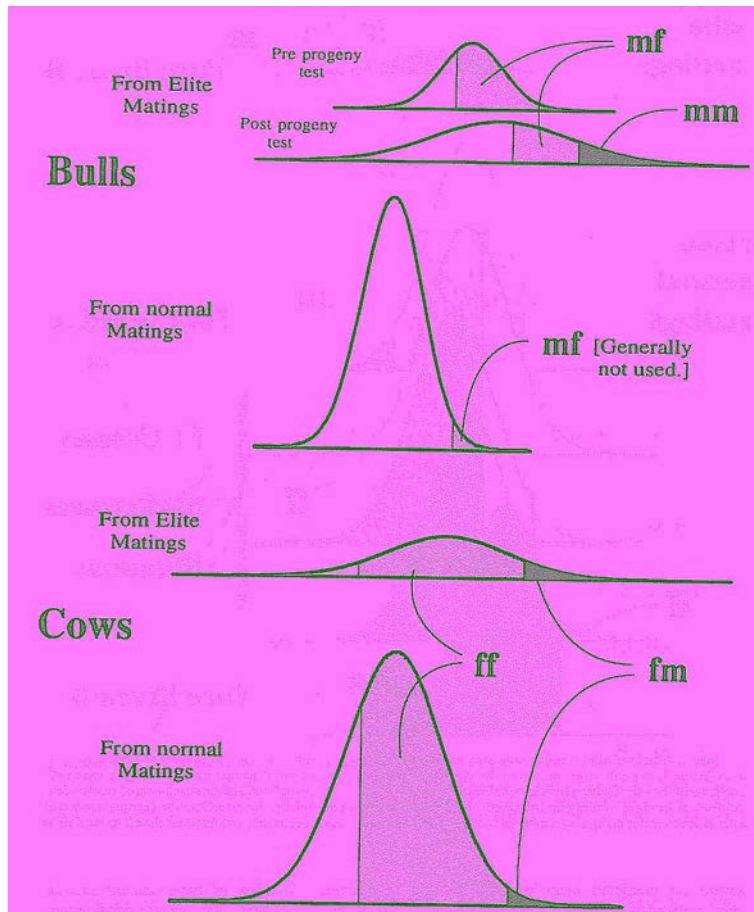
Ex : Lien Charolais

Cas des espèces polytoques (ex: porc)

- Animaux les mieux classés utilisés en race pure
- Animaux « intermédiaires » utilisés en croisement

Croisement et sélection

Effets du croisement sur le programme de sélection Exemple des bovins laitiers





Croisement et sélection

Effets du croisement sur les programmes de sélection

Spécialisation des objectifs de sélection

Cas de la production de viande

- **Lignées paternelles** : sélection sur le potentiel de croissance musculaire et la qualité des produits (QP)
- **Lignées maternelles** : sélection sur :
 - les aptitudes maternelles
 - le potentiel de croissance musculaire et QP



Croisement et sélection

Effets de la sélection sur l'hétérosis

Lié notamment à une évolution des fréquences alléliques

Pas de mise en évidence claire d'une diminution des effets d'hétérosis dans les populations d'élevage

Sélection pour la performance en croisement

Sélection Récurrente : les candidats à la sélection sont évalués à partir des performances de leurs descendants croisés

Peu utilisé jusqu'à présent chez les animaux d'élevage

$$\frac{SRP}{SRR} = \rho_{PC} \frac{i_P}{i_C} \frac{t_C}{t_P} \frac{\alpha h_P}{\beta h_C}$$

Perf propre: $\alpha = \beta = 1$

Contr. desc. $\beta = \frac{n}{4 + (n-1)h_C^2}$

Intérêt des marqueurs génétiques