

ÉLEVAGE ET AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DES ANIMAUX



ÉLEVAGE ET AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DES ANIMAUX

cours

Ioan Huțu

Faculté de médecine vétérinaire, Timisoara

Kor Oldenbroek

Centre des ressources génétiques, Pays-Bas

Liesbeth van der Waaij

Centre de génomique animale et d'élevage, Pays-Bas

Références scientifiques:

Prof. Dr. Ing. Emil Sas
CS II dr. Ing. Marcel Matiuți
Prof. Dr. Viorel Herman
Prof. Dr. Emil Tîrziu

En collaboration avec des étudiants de deuxième année en médecine vétérinaire,
section française:

Théo AUBARD, Jeanne BERNARD, Ninon BOF, Ninon BOULANGE, Tom BRUAK,
Julie CENEDESE, Pomme CHAVEROCHE DE LUCA, Chloé CRESPIY, Laura
CROP, Alexis GEORGIN, Mouna KAZI-TANI, Louise KOVACIC, Agathe
MANIGOLD, Cloé MENAGE, Alice MORTREAU, Eva PAPON, Noélie PERRIN,
Solène PERRIN, Luca PINERI, Doriane ROBERT, Chloé ROCHETTE, Abdel
SENHAJI, Julie TENDIL, Valentin VELY, Hortense VILLATTE, Clarisse YVOREL.

Descrierea CIP a Bibliotecii Naționale a României**HUȚU, IOAN**

Élevage et amélioration génétique des animaux / Ioan Huțu, Kor Oldenbroek,
Liesbeth van der Waaij. - Timișoara : Agroprint, 2020

Conține bibliografie

ISBN 978-606-785-149-6

I. Oldenbroek, Kor

II. Waaij, Liesbeth van der

636.09

Bon tirage: novembre 2020

Imprimé: décembre 2020

Toute partie de ce matériel peut être copiée et distribuée sur n'importe quel support et format.

Any part of this work can be copy and redistribute in any medium or format.

License CC BY-NC-ND 4.0.

Citation recommandée:

Huțu, I., Oldenbroek, K., van der Waaij, L., *Élevage et amélioration génétique des animaux*,
Agroprint, Timișoara, 2020.

AVANT-PROPOS

Le cours sur l'élevage et l'amélioration des animaux s'adresse principalement aux étudiants de la Faculté de médecine vétérinaire de l'Université des sciences agricoles et de médecine vétérinaire du Banat "Roi Michel I de Roumanie" à Timisoara.

Dans la rédaction, l'approche et la présentation du cours, nous sommes partis de la situation actuelle de la Roumanie - le miroir de l'amélioration est l'élevage du pays - de la structure du programme de médecine vétérinaire et des besoins des étudiants de deuxième année, section française, médecine vétérinaire.



Vaches du fermier Fulop Josef de Dănești, Harghita

Photo: l'ingénieur Daniel Ioan Dănuț

Le cours est structuré en deux parties: l'une liée à l'élevage en général (qui comprend des éléments d'introduction, l'origine, la domestication, la systématique et la morphologie des animaux) et l'autre dans laquelle sont présentés les notions et concepts de génétique animale et d'élevage. Afin de couvrir de nombreuses faiblesses contextuelles, telles que le degré de préparation de l'étudiant de deuxième année, le programme et l'affirmation déjà notoire selon laquelle "le vétérinaire n'aime pas les mathématiques", nous avons essayé, et j'espère que nous avons réussi, d'apporter des améliorations à l'attention des étudiants. à travers une approche descriptive mais pragmatique, nous la considérons facile et engageante sous la forme d'un «programme d'amélioration».

Pour cela, je remercie les collaborateurs affiliés de l'Université de Wageningen: Kor Oldenbroek du Center for Genetic Resources, Pays-Bas et Liesbeth van der Waaij du *Animal Breeding and Genomics Centre*, qui étaient disponibles et aimables pour offrir le manuscrit Textbook Animal Breeding and Genetics (<https://wiki.groenkennisnet.nl/display/TAB/>), afin de traduire et d'adapter ce manuel en roumain puis en français.



Les informations du cours sont présentées du point de vue de la prochaine zone de développement des étudiants - étant situé à proximité immédiate des connaissances existantes - accessibilité, utilité et efficacité - nous considérons les ingrédients nécessaires dans la formation et le développement de l'horizon du jeune spécialiste. C'est pourquoi, je pense, à travers une approche thématique et méthodique, le parcours Élevage et Amélioration des Animaux pourra constituer une «brique» essentielle dans «l'édifice» du futur vétérinaire.

Bonne chance pour étudier!

Facile à comprendre!

... et succès!

Dr Ioan Hutu,

Timisoara,

Octobre 2020

I^{ere} partie

L'ÉLEVAGE

Élevage

L'élevage ou science visant à la connaissance, la reproduction, l'élevage, l'alimentation. L'élevage et l'exploitation des animaux agricoles est nécessaire pour fournir à la population mondiale des produits animaux, à l'industrie alimentaire et légère des matières premières, à l'agriculture avec des engrais organiques, assurant également animaux de compagnie pour les humains, pour les sports ou la traction (chiens de traction, chevaux, etc.).

Du point de vue de la sécurité alimentaire, l'élevage répond aux questions sur l'origine et la sécurité des produits, l'adéquation de la production animale et la manière dont la production animale est obtenue.

Le patrimoine de l'élevage se compose de plusieurs branches telles que: l'élevage de chevaux, l'élevage de bovins (bovins et buffles), l'élevage de porcs (élevage de porcs), de chèvres, l'oviculture (élevage de moutons), la volaille (élevage de volailles), l'aquaculture (élevage de poissons et mollusques) , élevage de lapins (élevage de lapins de race pure) etc.

Par conséquent,

L'Élevage est la branche de l'agriculture dont l'objet est la multiplication et l'élevage d'animaux et d'oiseaux, de papillons en soie, d'animaux aquatiques (poissons, mollusques) et d'air (en référence à l'apiculture)

La première partie du cours est destinée à décrire les aspects introductifs de l'élevage, la domestication des animaux et la systématique zootechnique. La

différenciation des espèces, la connaissance des caractères morphologiques et des performances productives des races, la connaissance de la zone dans laquelle elles peuvent évoluer et des besoins présents et futurs de la société sont les conditions préalables à l'efficacité économique, à la durabilité environnementale et à l'acceptation sociale de l'élevage.

Un chapitre séparé présente la morphologie des animaux domestiques avec le détail de l'examen de synthèse externe, mais présenté de manière classique; avec les travaux pratiques prévus pour se dérouler simultanément avec le thème du cours, les aspects théoriques sont pratiqués dans l'idée de fixer les connaissances et de détecter les détails nécessaires pour percer le spécialiste dans le domaine de l'élevage et de la médecine vétérinaire. En d'autres termes: le chapitre d'analyse des caractères morpho-productifs des animaux est la base des connaissances nécessaires pour acquérir des compétences basées sur l'exercice, les comparaisons et l'analyse.

La partie 1 contient également les principaux éléments sur l'élevage et le développement des animaux ainsi que les questions liées à la biodiversité et en particulier à la diversité zootechnique.

Enfin, il doit devenir de plus en plus évident dans la conscience des étudiants que la modernisation de l'élevage d'aujourd'hui générera un meilleur niveau de vie à l'avenir.

Chapitre I. 1

COMMENCER SUR L'ÉLEVAGE

1.1. Définition, objet et importance de l'étude de l'élevage

L'élevage est apparu à l'Antiquité avec l'appriovissement et la domestication des animaux sauvages. En raison du développement des forces productives, l'élevage, avec l'exploitation des cultures agricoles, a marqué la première grande division du travail - Caïn et Abel étant considérés comme les premiers à concentrer leurs occupations soit dans un sens soit dans l'autre. Le terme élevage, synonyme d'élevage ou de zooculture, vient du mot grec zoon¹ et techne² initié à la science par le comte de Gasparin, dans son traité intitulé "Cours d'agriculture" publié en 1884 à Paris. Au fil du temps, plusieurs tentatives ont été faites pour définir l'élevage. Ainsi, Gasparin (1884), Sanson (1886 - la science qui traite de la connaissance et de l'exploitation des animaux), Cornevin (1891) et Cl. Bernard (1894) a tenté chacun de définir l'élevage. Professeur GK Constantinescu³ a défini l'élevage comme la science qui traite de l'élevage et de l'exploitation des animaux, et les professeurs Furtunescu et Fișteag ont défini l'élevage comme la science qui traite du développement de méthodes de travail liées à l'élevage d'animaux domestiques. Emil Sas (2002), professeur à la discipline de l'élevage de la Faculté de médecine vétérinaire de Timisoara considère l'élevage comme la science qui vise la connaissance, l'élevage, l'exploitation, la reproduction, l'élevage, la production, la recherche interdisciplinaire, l'éthologie et l'écologie des animaux domestiques, entreprise, laboratoire et animation, organisation de production et construction de fermes de profil.

¹ Animal

² Artisanat, science, art

³ *Le professeur GK Constantinescu a fondé l'Institut zootechnique roumain, qui possédait la première collection de races de taureaux. La deuxième tentative de réunification de toutes les races de taureaux en Roumanie a été lancée par le professeur I. Fișteag à la Station didactique et expérimentale de l'Institut agronomique de Timișoara.*

1.1.1. L'objet de l'élevage

L'objet d'étude de l'élevage est représenté par certaines espèces de vertébrés (oiseaux, poissons et mammifères) et d'arthropodes (papillons en soie et abeilles), et la méthode d'étude de cette science est expérimentale.

L'élevage a un caractère applicatif et est étroitement lié à d'autres disciplines dans le domaine des sciences biologiques. L'étude approfondie de cette discipline repose sur la connaissance de: l'anatomie, l'histologie, la physiologie, la biochimie, la génétique, la reproduction, l'hérédo-pathologie, l'éthologie, l'écologie, la nutrition et les statistiques biologiques.

La connaissance de la géographie, de la pédologie, de la climatologie, de l'hygiène et de la nutrition est également requise, ce qui fournit des données sur les conditions environnementales naturelles et artificielles. Depuis l'époque de Cornevin (1897), l'étude de l'élevage a été divisée en deux parties distinctes: l'élevage général et l'élevage spécial.

Élevage général a pour objet d'activité la présentation des notions des espèces et des races, l'origine et la formation des espèces et des races, les caractères, traits et particularités des races, les bases morpho-physiologiques et les facteurs qui influencent les principaux traits productifs. En outre, l'élevage général présente les éléments de base de l'élevage (sélection, gestion de l'accouplement, méthodes d'élevage), ainsi que la technique d'élevage de la jeunesse animale. Actuellement, du point de vue du contenu de la discipline, l'expression élevage général a été remplacée par l'expression élevage animal.

Élevage spécial traite l'application des principes, méthodes et techniques de production, d'exploitation et d'entretien qui ont été développés par l'élevage général, établissant la technique de production d'élevage, et d'utilisation des animaux de chaque espèce en fonction de leurs particularités. Actuellement, l'expression «élevage spécial» a été remplacée par l'expression «production animale».

1.1.2. L'importance de l'élevage d'animaux

L'importance de l'étude de l'élevage résulte de sa définition et de son contenu. En étudiant les principaux caractères et propriétés des animaux de ferme, les lois régissant l'évolution, la croissance et le développement de l'organisme animal, l'élevage général, ainsi que la génétique et l'hérédo-pathologie, ainsi que l'élevage spécial, constituent la base scientifique de la pratique de la production animale.

ELEVAGE

Dans ce contexte, le futur rôle du vétérinaire est, d'une part, de maintenir la santé animale grâce à une approche correcte de la relation entre les animaux et les techniques d'élevage et, d'autre part, de contrôler et de superviser la réalisation d'une production animale saine dans différentes circonstances et technologies de croissance.

1.2. L'évolution historique de l'élevage

1.2.1. Interférences culturelles, religieuses et mythiques

Depuis l'antiquité, les animaux et leur élevage se sont mêlés à certains aspects de la vie religieuse ou culturelle des peuples; Dans certaines cultures, l'ingérence continue de montrer son influence même au 21^e siècle.

À ses débuts, du paléolithique au mobilier moderne, plus de 3/4 des œuvres présentent un motif zoomorphe soit singulier soit attaché à des motifs anthropomorphes.

La mythologique grec est richement représenté en motifs zoomorphes; ici nous rencontrons le minotaure⁴, le centaure⁵, le cerbère⁶ ou le cheval de Troie⁷. Amalthée⁸, Herakles⁹.

⁴ Monstre de la mythologie grecque avec mi-homme, mi-taureau, le fils adultère de la reine Pasiphae, l'épouse du roi Minos, avec le taureau miraculeux envoyé en Crète par le dieu Poséidon. Il est tué par Thezeus, qui traverse le labyrinthe construit par Daedalus, à l'aide d'un fil donné par sa petite amie Ariane, la fille du roi.

⁵ Fabuleux être de la mythologie grecque avec la moitié inférieure du corps, à quatre pattes, d'un cheval, et la moitié supérieure, sur la taille, humaine, d'un homme. Le mythe le plus répandu attribue la naissance des centaures en Thessalie à l'union du fantôme Néphélé (créé par Zeus à l'image de la déesse Héra) avec le roi Ixion.

⁶ Chien monstrueux de la mythologie grecque, né du couple Typhon - Echidna, le frère d'Hydra. Il reçut trois têtes (rarement 50 ou 100 têtes) et fut chargé de garder l'enfer aux portes d'Hadès. Cerbère avait la mission éternelle de garder l'entrée en enfer des ombres des morts et de ne permettre à personne d'entrer dans le monde humain; ne permettant que l'entrée des ombres, pas des personnes vivantes, comme tout bon chien de garde qui laisse entrer des étrangers sur son territoire (bergerie, cour, maison), il contrôlait notamment la sortie, ne les laissant pas partir.

⁷ Énorme cheval de bois, construit par les Achéens sur les conseils d'Ulysse. Accueillis dans la ville par les Troyens, les guerriers achéens qui s'y cachent sont sortis pendant la nuit et ont ouvert les portes de la ville à leur armée, provoquant la chute de Troie - l'"Iliade".

⁸ La chèvre qui a nourri Zeus avec son lait. Il donne aux nymphes une corne de cette chèvre et ainsi la corne d'Amalthée, dotée de la capacité de donner tout ce qu'il veut, devient la corne de l'abondance.

⁹ Le fils illégitime de Zeus, né à 10 mois, étant condamné aux 12 travaux par Eurysthée, tue le lion de Némée, Hydra de Lerne, attrape le sanglier arcadien, le cerf aux pattes de cuivre et aux cornes d'or, nettoie les écuries d'Augias (sales avec le fumier des 3000 bovins, accumulé en 30 ans et qui a dû être enlevé en

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

Ce sont des personnages mythologiques dont les noms sont liés à de nombreuses légendes zoomorphes qui ont enrichi la spiritualité au fil du temps. Pour les anciens Égyptiens, le taureau et le soleil étaient le symbole de la procréation.

Judaïsme, il exige la justification des péchés humains par l'écoulement du sang animal. Dans les pages de la Bible, le sang des animaux devient le sacrifice du pardon à travers l'Ancien Testament.

Christianisme il est basé sur l'archétype du serpent d'airain érigé par Moïse pour la rédemption de ceux qui croient; "De même que Moïse a élevé le serpent dans le désert, il faut que le Fils de l'homme soit élevé."¹⁰

Dans **l'hindouisme** - la religion de ceux qui croient que non seulement ils vivront à nouveau après la mort, mais sont convaincus qu'ils ont déjà vécu d'autres vies - en Inde aujourd'hui, ils adorent la vache et la considèrent comme le détenteur d'un grand pouvoir.

1.2.2. Dynamique et évolution de l'élevage

En analysant d'un point de vue historique le développement de l'élevage, il y a, en général, un parallèle entre celui-ci et le développement de la société humaine; chaque ordre social est historiquement délimité, caractérisé par un certain stade de développement de l'élevage. Pendant la période connue dans l'histoire comme la «préhistoire» a eu lieu le processus de domestication, un processus d'une grande importance pour le développement de la société, tandis que l'homme a commencé à utiliser les animaux non seulement pour la nourriture et les fourrures, mais aussi les a utilisés pour les travaux agricoles, et les chevaux commencent à être utilisés comme moyen pour faire la guerre. Dans cette dernière période, certaines races se sont formées, des écrits sont apparus en rapport avec l'élevage.¹¹

Dans la féodalité, les relations à l'élevage ont ralenti le développement du niveau de production et, à ce titre, l'élevage a évolué plus lentement, marquant à certains égards un niveau plus bas que dans le monde antique. Lors du développement de l'économie de la première vague toflérienne (la première révolution industrielle), l'émergence des agglomérations urbaines et des villes développées a accru les besoins en aliments d'origine animale.

un jour), éloigne les oiseaux du lac Stymphalos, attrape le taureau en colère de Crète, apprivoise les juments du roi Diomède, ramène les troupeaux de bœufs de Géryoneus, apporte de inferno cerberus etc.

¹⁰ Traduction de la Bible par Dumitru Cornilescu, - Jean 3:14.

¹¹ Œuvres d'origine chinoise du 4e millénaire av.J.-C., le manuel sur l'élevage de chevaux découvert en Asie Mineure, les écrits des Grecs Xénophon et des Romains Varro, Virgilius, Columella, etc.

ELEVAGE

Les animaux sont de plus en plus utilisés à la fois pour obtenir leurs productions et pour fournir des matières premières à l'industrie du textile, de la chaussure, etc. La plus grande augmentation de l'élevage se trouve en Angleterre, qui, grâce au développement du commerce, a ramené des céréales bon marché de ses colonies. Pour cette raison, la culture des plantes a perdu de son importance et principalement l'élevage s'est développé, qui devait fournir la nourriture nécessaire aux nouveaux centres peuplés. Bien qu'il n'y ait pas d'orientation scientifique efficace, basée sur des recherches pratiques, certains éleveurs anglais utilisent des méthodes de travail plus avancées que par le passé, parvenant à obtenir de très bons résultats. Ainsi, Sir Robert Bakwell, a réussi grâce à une alimentation, une sélection et un appariement appropriés des couples pour créer des races précieuses de moutons et de bovins. En Ecosse, à la fin du 18ème siècle, Watson crée la race Aberdeen-Angus, race spécialisée pour la production de viande, basé sur des troupeaux locaux dans les comtés d'Aberdeen et d'Angus, infusé de la race Schorthorn et de bovins à peau noire (Hamli) des pays scandinaves. Au cours de la même période, se démarquent les frères Robert et Charles Colling, qui ont créé la race Shorthorn¹², une nouvelle race de bovins avec de bonnes qualités pour la production de viande.

La race bovine Hereford, formée au 18ème siècle en Angleterre par Benjamin Tomkins, a été élevée en croisant des bovins Herefordshire (sud de l'Angleterre) avec les races Devon, Shorthorn, Groning, Aberdeen-Angus et Red Polled.

Les méthodes de travail utilisées par les éleveurs anglais se sont étendues à celles d'autres pays européens (Pays-Bas, Danemark, Suisse), où il y a également eu un développement rapide de l'élevage, formant de nouvelles races chez presque toutes les espèces. Ainsi, de nouvelles races sont apparues telles que: Simmental, Frieze ou Schvyz. Dans la période entre les révolutions industrielles (milieu du XIXe siècle - milieu du XXe siècle) a lieu l'introduction et l'utilisation de registres généalogiques (le premier General Studbook date de 1791 et a été ouvert pour la race anglaise de race pure) utilisé pour l'isolement reproductif des animaux - la(e) prémisses de la création de la race. L'apparition d'associations d'éleveurs d'animaux de différentes races, la mise en place de livres généalogiques de chaque race, l'organisation d'expositions et le contrôle officiel des productions (depuis 1895 chez les bovins) ont permis de renforcer les caractéristiques des races nouvellement élevées.

¹² La race Shorthorn (syn. Durham) a été formée en Angleterre au 18ème siècle en infusant du bétail local avec des bovins Galovay et Aberdeen-Angus. C'est une race précoce, adaptable mais exigeante aux conditions environnementales. Il existe un type spécialisé pour la production de viande de boeuf-Shorthorn et un type avec de bonnes compétences pour la production de lait de traite-Shorthorn.

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

L'intervention de l'État dans la coordination de l'amélioration des troupeaux nationaux se fait dans la plupart des pays par l'importation / l'exportation d'éleveurs de valeur et l'organisation de l'élevage public. D'un point de vue scientifique, des travaux sont apparus au XIXe siècle sur la base non seulement d'observations pratiques mais aussi de certaines recherches scientifiques comme celles de Settegast, Sanson ou Ch. Darwin. Une impulsion particulière pour les sciences zootechniques a été donnée par la découverte des lois de Mendel et de la structure de l'ADN.

Par la suite, à partir de la seconde moitié du XXe siècle, le développement de la génétique permet l'amélioration des génotypes et l'accélération du progrès génétique grâce aux biotechniques reproductives (insémination, fécondation «in vitro», transfert d'embryons). Il existe également un large éventail de systèmes de production - des ménages, des exploitations familiales affiliées ou non aux associations d'éleveurs aux multinationales, complexes et combinés pour l'élevage; quelle que soit la forme d'organisation, du fait de l'augmentation de la puissance de calcul, l'élevage est géré par sélection dans les programmes de sélection et par croisements industriels, dans le cas de la production d'hybrides. Au 21ème siècle, il semble de plus en plus clair que les techniques de manipulation du matériel génétique ainsi que les cartes génétiques permettront la manipulation, la transgénèse ou le clonage du génome.

1.3. Questions clés en élevage

1. L'élevage est la branche de l'agriculture dont l'objet est la multiplication et l'élevage d'animaux et d'oiseaux, de papillons de soie, d'animaux aquatiques (poissons, mollusques) et d'air (en référence à l'apiculture)
2. L'élevage avec la génétique et les pathologies héréditaires sont la base scientifique de la pratique de la production animale
3. L'élevage a eu et continue d'avoir des interfaces culturelles dans l'art, la mythologie et la religion; en fait, l'évolution de la société moderne dépendait du développement de la branche de l'élevage
4. La dynamique et l'évolution de l'élevage sont associées à la dynamique et au développement de la société humaine: de la préhistoire à la société moderne, l'élevage présente des défis, des tendances et des orientations souhaitables pour la société.

Chapitre I. 2

ORIGINE ET DOMESTICATION DES ANIMAUX

2.1 L'origine de la vie

*..Comment surgit-elle, la vie? Je crains que, depuis Pasteur, cette question ne tient plus de la science.
Mora, 1963*

Depuis la découverte de l'ADN (en 1953, par James Watson et Francis Crick) la question du début de la vie sur la Terre est revenue à la biologie, ainsi qu'à la biochimie, la physique et l'astronomie. Par son immense quantité et la structure complexe, l'information encodée dans les quatre bases azotées adénine (A), guanine (G), thymine et cytosine (C) est comparable au code binaire 0 - 1 d'un logiciel informatique. Similairement au logiciel, l'ADN est un langage génétique qui communique une information à la cellule organique. Pour un chercheur (athée et croyant), le volume immense d'information et l'impressionnante complexité des acides nucléiques et d'autres molécules biologiques, imposent l'existence d'un moment dans l'histoire de l'univers quand la vie surgit *de novo* de la matière inerte, sans vie.

*Créationniste*¹ou *abiogénétique*², le début de la vie sur la Terre a générée des débats et des recherches. Depuis longtemps, plusieurs concepts et théories ont essayée d'expliquer comment la vie a-t-elle surgi sur Terre; parmi les plus savantes il faut citer les suivantes ci-dessous (non nécessairement en ordre chronologique).

¹Le *créationnisme* est la croyance religieuse (ayant des points communs aux bahaïsme, bouddhisme, christianisme, hindouisme, islam et judaïsme) que la nature et l'univers, la terre, la vie et les hommes priviennent des actes surnaturels de la création divine.

²L'*abiogenèse* serait le processus naturel de l'apparition de la vie, de matières non vivantes tels les composés organiques simples

La théorie de la génération spontanée explique le contexte de l'apparition des premiers êtres vivants par l'ainsi-dite *génération* spontanée, surgie soit par suite du processus d'*abiogenèse* (la vie surgit de la matière inorganique), soit par suite à *l'hétérogenèse* – la théorie de la vie qui surgit de la matière inorganique sans vie, tel les vers qui apparaîtraient dans la viande pourrissante. La théorie de l'hétérogenèse a été combattue et démentie par *Francesco Redi* qui, en 1668, a démontré que lorsqu'on couvre la viande d'un chiffon fin les vers disparaissent. Ce qui de plus est, au 19^{ème} siècle l'hétérogenèse a été complètement supprimée pas *Louis Pasteur*, qui en 1859 a démontré que l'air et l'eau contiennent une série de microorganismes qu'on peut rassembler et multiplier sur un substrat lequel ressemblerait à une génération spontanée.

La théorie de l'évolution. Elaborée par *Charles Darwin* et publiée en 1859, *L'Origine des espèces* est, au fait, une théorie de reconstruction historique, impossible à vérifier par observation directe. La théorie de l'évolution traite des phénomènes uniques, tels l'origine de la vie et de l'intelligence, non-répétables et, par cela, impossible à rechercher expérimentalement. A partir de cette théorie, le mouvement évolutionnaire moderne est apparu, en six étapes et six phases, à voir:

- i. *l'évolution cosmique* (la théorie du big-bang) – l'espace, le temps, la matière et l'énergie proviennent de rien;
- ii. *l'évolution chimique* – les éléments proviennent du hydrogène;
- iii. *l'évolution stellaire et planétaire* – développement des étoiles et des planètes;
- iv. *l'évolution organique* – la vie organique provient de la matière inorganique, de la roche;
- v. *la macroévolution* – origine des espèces (les types majeures);
- vi. *la microévolution* – les variations intra-espèces;

La théorie de l'évolution biochimique ou de la *prédestination biochimique* soutient l'hypothèse de genèse de la vie par évolution chimique, le mythe de la *soupe périodique*. En fait, la théorie soutient l'hypothèse de la biogenèse par un processus évolutif déroulé en cinq étapes: on part de l'atmosphère de la terre primitive (I^{ère} étape) on arrive à la soupe chaude diluée (II^{ème} étape), on passe par une étape de polymérase à grande échelle (III^{ème} étape) on arrive à l'étape de photocellule (IV^{ème} étape) et on achève par la V^{ème} étape, de la cellule vivante, capable de division³.

³ Au fait, à partir de la première étape (H₂O, H₂, CO, CO₂, NH₃ et N) on suggère le développement, en deuxième étape, des acides gras, des aminoacides, des hydrates de charbon, des purines et des pyrimidines. A la III^{ème} étape, par polymérase on obtiendrait (dit la théorie) les lipides, et les peptides

ORIGINE ET DOMESTICATION DES ANIMAUX

On ne peut considérer la théorie ni fausse ni vraie, car elle ne se laisse pas démontrée expérimentalement (*Taxon et col. 1984*).

La théorie des nouvelles lois de la nature (*Walton, 1977*) suggère que l'échec des lois fondamentales (de la physique et de la chimie) d'expliquer l'origine de la vie requiert qu'on découvre des nouvelles lois de la nature.

La panspermie ou **radio panspermie** (*popularisée par Arrhenius, 1908*) part de l'hypothèse de l'origine extraterrestre de la vie sur la Terre; conformément à cette conception, une spore vivante a été amenée sur la Terre de quelque part de l'univers, par l'action de la radiation électromagnétiques. La théorie n'explique pas l'origine de la vie (seulement déplaçant l'origine sur une autre planète) et a du mal à expliquer comment la spore a-t-elle été protégée contre les radiations intenses de l'univers, ainsi pénétrant l'atmosphère de la Terre.

La panspermie dirigée (*Francis Crick et Leslie Orgel, 1973*) lancent l'hypothèse que les germes de la vie (*life spores*) ont été envoyés sur la Terre par les extraterrestres. La théorie est un subterfuge, les auteurs, eux aussi, déplacent seulement l'origine sur une autre planète.

La création spéciale d'un Créateur dans les cieux (*théorie suggérée par Hoyle et Wickramasinghe, 1973*) suppose que l'information contenue dans une cellule est beaucoup trop complexe pour avoir pu apparaître tout *naturellement*. Les auteurs supposent que des gènes ou des fragments de gènes (de 0,1-3 μm) se transmettent protégées par graphite par l'intermédiaire des ondes lumineuses. Les auteurs croient à l'existence d'un processus continu, par lequel on dirige les principales directions de l'évolution biologique, celui-là étant au fait le processus par lequel s'accomplit la fonction attribuée au darwinisme. Par ces *gènes tombants* on suggère en fait l'entière biologie. Les hiatus du registre fossile sont réels, il n'existant pas de formes de transition, puisque l'information génétique pour les sauts d'une espèce à l'autre est venue continuellement envers la Terre, du cosmos.

La création spéciale soutient l'hypothèse qu'il a été un temps où la matière existait comme un simple arrangement inerte, sans vie, à un certain moment passant dans un état de spécificité biologique suffisante pour soutenir la vie. La théorie de la création spéciale (causée par un Créateur du ciel ou d'en dehors du ciel) diffère de l'abiogenèse par la supposition que la source qui a produit la vie a été intelligente. En fait, un Créateur intelligent a informé la matière inerte.

En générant un point de discontinuité dans la chaîne causale, la création est difficilement acceptable par l'expert ou le chercheur ; l'origine l'ADN a une cause intelligente.

des hydrates de charbon et des poly nucléotides; en IV^{ème} étape arriverait la photocellule et, en V^{ème} étape, la cellule vive.

Dans la majorité des cas, la création est inacceptable puisqu'elle requiert un Créateur et les miracles ne sont pas possibles dans la pensée de l'homme moderne, probablement parce qu'elles sont... miraculeuses. *Les théories sur l'origine de la vie tient plutôt de la religion, non pas de la science – en acceptant ou en s'appropriant l'une ou l'autre, l'experte s'exprime son propre perspective d'entendement de la vie et du vif.*

2.2 Origine des animaux domestiques

L'étude de l'origine des animaux domestiques et des formes sauvages permet d'établir des affinités biologiques entre les divers animaux, notamment pour les races des mêmes espèces. Dans la majorité des théories, les animaux domestiques proviennent des diverses formes sauvages, quelques-unes desquelles encore vivantes, d'autres disparues, et encore d'autres en train de disparaître.

En perspective phylogénétique, lorsque les espèces d'animaux domestiques proviennent d'une seule forme sauvage, l'origine de la respective espèce est *monophylétique*. Dans le cas où l'on suppose qu'il existe deux formes sauvages, l'espèce serait d'origine *diphylétique*; si l'on suppose qu'il soit plusieurs espèces sauvages ancestrales, l'origine serait *polyphylétique*.

L'origine des animaux domestiques s'établit d'après les bases des études génétiques, immunologiques, de la capacité reproductive, et d'anatomie comparée et la paléontologique. Au cours du temps les ascendants sauvages des animaux domestiques ont été décelé à l'aide de:

- *l'anatomie comparative*, par laquelle on essaie de rechercher les similitudes entre les divers animaux sauvages ou fossiles, et les domestiques;
- *la paléontologie*;
- *la hybridation, ou la méthode physiologique*, c'est à dire des croisements entre les animaux sauvages et les domestiques, ainsi démontrant la compatibilité reproductive, donc la capacité des individus de diverses espèces à engendre de produits normaux;
- *l'étude du caryotype*;
- *l'étude de la carte génétique*, permettant d'établir le degré de similitude du matériel génétique des animaux sauvages avec le matériel génétique des animaux domestiques.

2.3 Domestication des animaux

La domestication des animaux sauvages est un processus réalisé depuis longtemps par l'homme sur les animaux, pour atteindre la métamorphose des caractères biologiques selon des intérêts humains, sociaux et économiques.

Définition.

La domestication est le processus par lequel les animaux sauvages se métamorphosent en animaux domestiques.

Il y a deux catégories majeures de théories sur l'utilisation des plantes et la domestication des animaux. Les théories qui soutiennent que l'humanité **a été attiré** dans de certaines circonstances qui ont causé la domestication (*pull theories*); conformément à cette perspective, les intérêts seraient les suivants :

- *les changements climatiques* – V. Gordon Childe suggère que les changements climatiques ont généré des oasis de terre fertile où la production végétale et celle des animaux se sont maximisées;
- *l'accoutumance graduelle* avec les plantes et les animaux utiles à l'homme a été suggéré par Robert Braidwood;
- *la coévolution* – David Rindos suggère que la dissémination involontaire de certains types de plantes et d'animaux a élevé le niveau de la confiance des hommes en ces plantes, ces animaux et en la diversification de leur utilisation.

Les théories qui soutiennent que l'humanité **a été poussé** par ses besoins (*push theories*) de passer par les étapes de la domestication, le niveau de ces besoins haussant; ces théories seraient:

- *les modèles populationnels* – Esther Boserup soutient que les sociétés intensifient la production de nourriture seulement quand elles sont poussées par la pression populationnelle, ou celle des ressources;
- *le stress démographique* – Lewis Binford suggère que plus le niveau des océans hausse, plus la population bat en retraite et le besoin de cultiver et produire assez de nourriture hausse aussi;
- *La croissance démographique* et la dissipation des populations sur la Terre a imposé l'utilisation de toutes des ressources, donc des animaux aussi, conformément à la théorie de Mark Cohen.

Indépendamment de la théorie et la causalité, la domestication des animaux a rendu possible un changement majeur: l'homme passe de l'étape de chasseur à l'étape de producteur. En général, on peut dire que la domestication des animaux a remplacé la chasse. Ce qui a permis la capture des animaux et la culture de la terre.

2.3.1 Les centres de la domestication

Le différent niveau de développement des sociétés humaines aux mêmes époques historiques mais en divers centres peuplés, a fait que la domestication s'est produite différemment. La domestication des animaux s'est passée dans plusieurs centres (voir Figure 3.1): le centre asiatique (Asie Centrale et de Sud-est); le centre localisé dans l'Afrique de Nord et l'Asie Mineure; le centre européen; et le centre américain (l'Amérique Centrale et l'Amérique de Sud. La majorité des animaux domestiques actuels ont été domestiqués dans les premiers trois centres cités. Les premiers animaux domestiqués ont été le chien (13.500 av J-C.), la chèvre (10.000 av J-C, Iran), le cochon (9000 av J-C, la Chine) et le mouton (10.000 av J-C, Anatolie-Türkiye); ensuite le bétail (8000 av J-C, en Chine), la poule (6000 av J-C, Indes), l'âne (5000 av J-C, Egypte), le cochon d'Inde (5000 av J-C, Pérou), le cheval (3500 av J-C, Kazakhstan), les vers de soie (3000 av J-C, La Chine), le lama (2500 av J-C, Pérou- Bolivie) ; et, plus tard, le canard de Barbarie (700 av J-C, Amérique de Sud), et le rat de laboratoire (19 siècle, UK) etc.

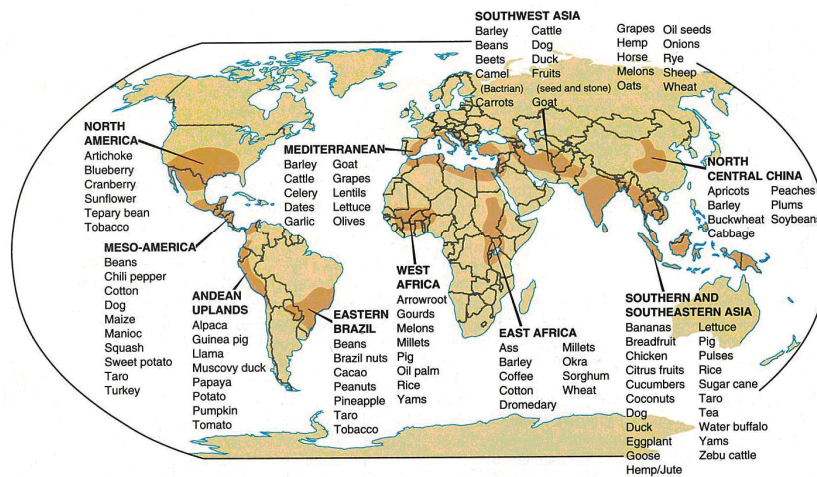


Figure 2.1. Les origines possibles des plantes et des animaux domestiques

Les plantes et les animaux ont été redistribués sur échelle très large, ainsi que les zones de production pour celles indiquées par la Figure 2.1 ne correspondent plus aux zones de la domestication initiale.

Source: <http://www.faculty.rsu.edu/users/f/felwell/www/Theorists/Essays/Diamond%20files/Origins%20of%20Domesticated%20Plants%20and%20Animals.png>

ORIGINE ET DOMESTICATION DES ANIMAUX

Tableau 2.1.

Les animaux principaux, la date et la localisation probable de la domestication

Espèce	Latin	Date	Localisation
Chien	<i>Canis lupus familiaris</i>	>30000 av J-C	Eurasie
Mouton	<i>Ovis orientalis aries</i>	11000-9000 av J- C	Asie de Sud-ouest
Cochon	<i>Sus scrofa domestica</i>	9000 av J-C	Asie Mineure, la Chine, l'Allemagne
Chèvre	<i>Capra aegagrus hircus</i>	8000 av J-C	Iran
Bétail	<i>Bos primigenius Taurus</i>	8000 av J-C	Les Indes, Le Moyen Orient, l'Afrique de Nord
Zébu	<i>Bos primigenius indicus</i>	8000 av J-C	Les Indes
Chat	<i>Felis catus</i>	7500 av J-C	Chypres et Le Moyen Orient
Poule	<i>Gallus gallus domesticus</i>	6000 av J-C	Indes et l'Asie de Sud-est
Lama	<i>Lama glama</i>	6000 av J-C	Pérou
Cochon d'Inde	<i>Cavia porcellus</i>	5000 av J-C	Pérou
Âne	<i>Equus africanus asinus</i>	5000 av J-C	Egypte
Canard	<i>Anas platyrhynchos domesticus</i>	4000 av J-C	La Chine
Buffle	<i>Bubalus bubalis</i>	4000 av J-C	Les Indes, La Chine
Cheval	<i>Equus ferus caballus</i>	4000 av J-C	Steppe eurasiatique
Dromadaire	<i>Camelus dromedaries</i>	4000 av J-C	Arabie
Abeille	<i>Apis</i>	4000 av J-C	divers endroits
Vers à soie	<i>Bombyx mori</i>	3000 av J-C	La Chine
Renne	<i>Rangifer tarandus</i>	3000 av J-C	La Russie
Pigeon de rocher	<i>Columba livia</i>	3000 av J-C	Le Bassin Méditerranéen
Oie	<i>Anser anser domesticus</i>	3000 av J-C	Egypte
Chameau	<i>Camelus bactrianus</i>	2500 av J-C	Asie Centrale
Yak	<i>Bos grunniens</i>	2500 av J-C	Tibet

Tableau 2.1.

Les animaux principaux, la date et la localisation probable de la domestication
(continuation)

Espèce	Latin	Date	Localisation
Éléphant asiatique	<i>Elephas maximus</i>	2000 av J-C	La Vallée de l'Indus
Alpaga	<i>Vicugna pacos</i>	1500 av J-C	Pérou
Putois	<i>Mustela putorius furo</i>	1500 av J-C	Europe
Carpe commune	<i>Cyprinus carpio</i>	-	Asie de l'Est
Dinde domestique	<i>Meleagris gallopavo</i>	500 av J-C	Mexique
Poisson d'or	<i>Carassius auratus auratus</i>	-	La Chine
Lapin européen	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	600	Europe
Caille japonaise	<i>Coturnix japonica</i>	1100–1900	Japon
Canari	<i>Serinus canaria domestica</i>	1600	Les Îles Canaries, Europe
Rat	<i>Rattus norvegicus</i>	1800s	Angleterre
Renard	<i>Vulpes vulpes</i>	1800s	Europe
Vison européen	<i>Mustela lutreola</i>	1800s	Europe
Cockatiel	<i>Nymphicus hollandicus</i>	1870s	Europe
Ceinture zèbre	<i>Taeniopygia guttata</i>	1900s	Australie
Hamster	<i>Mesocricetus auratus</i>	1930s	L'Amérique de Nord
Renard argenté	<i>Vulpes vulpes</i>	1950s	Russie
Piton à billes	<i>Python regius</i>	1960s	L'Afrique
Cerf rouge	<i>Cervus elaphus</i>	1970s	La Nouvelle Zélande
Saumon atlantique	<i>Salmo salar</i>	1969	Norvège
Code atlantique	<i>Gadus Morhua</i>	continu	Norvège

D'ailleurs le processus de domestication continue à présent, l'autruche, l'émeu, le faisan, la caille, le rat de laboratoire, le cerf wapiti, le gayal, le ragondin et l'abeille ont été domestiqué ou partiellement domestiqué ou encore en domestication, normalement captivés, à reproduction naturelle ou assistée.

2.3.2 Les étapes et les facteurs de la domestication

La domestication a suivi plusieurs étapes, à voir ci-dessous.

La captivité (la privation de liberté des animaux sauvages) est caractérisée par le fait qu'on tient les animaux sauvages captifs: ils ne se reproduisent pas et, si remis en liberté, reprennent leur vie sauvage.

L'apprivoisement est la période où les animaux sont tenus au ménage, se reproduisant dans certaines conditions. En apprivoisant un animal sauvage, on lui apprend à vivre près de l'homme et être à son service, en exécutant certains ordres, recevant de la nourriture, etc. L'étape d'apprivoisement se réalise beaucoup plus facilement avec de jeunes animaux, qu'avec des adultes.

La domestication proprement dite est considérée comme accomplie lorsque les animaux vivent libres au sein du ménage humain pour des productions ou services qu'ils donnent, se reproduisent sous surveillance et ne peuvent plus reprendre leur vie sauvage. En fait, la domestication veut dire la métamorphose des animaux sauvages en animaux domestiques, le changement de leurs traits biologiques selon les intérêts économiques de l'homme; les facteurs favorisant et déterminants de la domestication des animaux proviennent de deux directions, à savoir leur utilité pour l'homme et l'instinct de survie des animaux.

La domestication a été/ est favorisée par certains traits et caractéristiques des animaux, tels que :

- *l'instinct grégaire* - les espèces qui s'agrègent en troupeaux;
- *la polygamie* - les espèces ne forment pas de couples, à puissantes liaisons pour la reproduction;
- bon développement à la naissance;
- consommation d'une grande variété de fourrages.

De même, la domestication est aussi facilitée par les conditions de captivité, telles que : un espace restreint; un environnement constant, sans stress; et la persistance des animaux en ce milieu. Ces aspects assurent une puissante et ferme pression sur les animaux.

Le processus de domestication est plus intense pendant les premières générations de transition du milieu sauvage au milieu de captivité. Il paraît que la durée de la domestication est d'autant plus courte que le stress social et induit par l'homme est moindre et le nombre de reproducteurs est plus haut. Ces aspects ont été observés en domestication récente du rat, hamster, cerf, autruche, renard et vison.

Le processus de la domestication est considéré finalisé lorsque les animaux captifs:

- ont développé des caractéristiques qu'on ne trouve pas chez la forme sauvage d'origine;
- ont une activité de reproduction contrôlée par l'homme;
- sont exploités dans un but précis;
- survivent en dépendant de l'intervention humaine.

2.4 Des changements surgis par suite de la domestication

La domestication a signifié l'adaptation des animaux aux nouvelles conditions d'environnement, les conditions offertes par l'homme, qui ont protégé les animaux de l'influence des facteurs climatiques défavorables. Les nouvelles conditions dans lesquelles les animaux ont été élevés et se sont reproduits (alimentation, logement, soins, croisement, gymnastique fonctionnelle) ont déterminé des changements d'ordre physiologique qui ont mené à des changements morphologiques, dus à la liaison qui existe entre fonction et forme.

2.4.1 Des changements morphologiques

Suite à leur domestication, les animaux ont souffert de certains changements morphologiques, décrit ci-dessous:

Taille et volume des organes. En général, les animaux sauvages ont un cerveau plus volumineux que les animaux domestiques. Par exemple: Les animaux domestiques ont vu leur encéphale réduire de volume : les ovins, le cochon et le putois domestique de 30%, chez l'oie domestique et le cochon d'Inde de 15% et de 20% chez le Vison.

On explique cette réduction du cerveau par le fait que les animaux domestiques auraient les secteurs/régions cérébraux/cérébrales responsables des émotions et du comportement (motivation, agression, attention, réglage des activités endogènes) moindre que les animaux sauvages, suite aux conditions d'exploitation dans lesquelles ils vivent. Le cœur et la rate gèrent une activité circulatoire réduite en corrélation à l'activité réduite, surtout chez les animaux élevés en cage pour la fourrure, tel que le putois domestique par exemple.

Format et conformation corporelle. Les animaux sauvages ont, en général, un format corporel trapézoïdal. Le tiers antérieur est large et développé ce qui favorise le développement des organes internes de la cage thoracique, une nécessité associée aux grands efforts de déplacement pour la survie.

ORIGINE ET DOMESTICATION DES ANIMAUX

Chez les animaux domestiques, le format corporel s'est modifié selon le type de production de l'animal. Ainsi, chez le bétail spécialisé pour la production de lait, le format corporel est trapézoïdal, la grande base est orientée vers le tiers postérieur. Chez les vaches à viande, le tronc est rectangulaire et la tête, le cou et les pieds sont réduits en termes de taille.

Taille et masse corporelle. Chez certaines espèces d'animaux domestiques, la taille et la masse corporelle ont été manifestement modifiées comparativement à leurs formes sauvages d'origine. Ainsi, si chez les moutons et les chèvres la taille et la masse corporelle n'ont pas souffert des changements essentiels après leur domestication, chez les chevaux et les chiens, des races ont évolué au-dessus des espèces d'origine et d'autres races se situent en dessous des limites de formes sauvages dont elles proviennent.

Le squelette en général s'est réduit, est devenu plus fin, les cornes et les os de la face sont devenus plus courts, le cou, les pieds et le garrot se faisant plus mince.

Le système musculaire a souffert d'importants changements structuraux selon la spécialisation de chaque race. Ainsi, le système musculaire des chevaux lourds de trait et des races à viande des autres espèces est devenu beaucoup plus développé qu'il ne l'était chez les formes sauvages originales.

Les glandes mammaires des bovins et des ovins ont considérablement augmenté (de 2 à 10 fois). Le rapport tissu conjonctif sur tissu glandulaire a changé aussi.

La peau et les poils ont connu des changements de forme et de structure. La peau des animaux domestiques est désormais plus fine, et le tissu sous-cutané plus abondant. L'enrobage des animaux domestiques est moins épais que celui des animaux sauvages, les poils étant plus rares et plus fins que les poils longs et âpres de leurs ancêtres.

La couleur des animaux sauvages est en général uniforme, adaptée à l'environnement, conséquemment à la sélection naturelle. La couleur des animaux domestiques est devenue variable, en manifestant des variétés visibles surtout au niveau de la tête⁴des pieds⁵et du tronc⁶.

⁴ Différents cas possibles du marquage de tête: fortement "en tête" prolongée par liste, faiblement "en tête" prolongée par une liste fine, boit dans son blanc et ladre, liste interrompue, belle-face ou quelques poils "en tête": petite pelote "en tête", pelote "en tête", "en tête" en losange prolongée par fine liste, "en tête" irrégulière à droite, "en tête" irrégulière et tachée du fond de la robe ou boit dans son blanc.

⁵ Telles: balzane chaussée, grande balzane, petite balzane principe de balzane et trace de balzane.

⁶ Telles: les particularités de couleur: des charbonnières (zones de poils bruns), un miroité (des zones de poils plus brillants), le rubican (quelques poils blancs répartis sur une robe foncée), le neigé (des bouquets de poils blancs sur une robe sombre), le bordé (un mélange de deux couleurs de poils à la frontière entre deux couleurs - fréquent chez les chevaux pies), le moucheté (des bouquets de poils

2.3.3 Des changements physiologiques et productifs

À la suite de la domestication, certains caractères se sont accentués et d'autres se sont atténués.

La capacité de production des animaux domestiques augmente spectaculairement au-delà du nécessaire de la survie de l'espèce, comparé aux productions des animaux sauvages; par exemple une des vaches domestiques championne⁷ a produit 30.805,27 kg lait en un an, 1180 (3,3%) graisse et 3,3% protéine, en comparaison aux 700 l / lactation de la vache primitive.

La capacité de valoriser la nourriture s'est constamment amélioré suite aux changements d'alimentation. Les fourrages offerts aux animaux domestiques sont variés et consistants. L'appareil digestif s'étant modifié au cours du temps, mène ainsi à une utilisation plus efficace de la nourriture. Pour un kilogramme de production (viande, lait etc.)⁸ les races domestiquées ont continuellement baissé la consommation de fourrage, et les hybrides performants de nos jours continuent encore de la baisser. La capacité de valoriser la nourriture (consommation spécifique ou conversion de la nourriture) s'est toujours améliorée, la continuité de la domestication permet d'obtenir une quantité de production laitière de plus en plus élevée avec la même quantité de fourrage. Les animaux domestiques engraisent plus vite, à un taux de développement plus accentué que les sauvages.

L'âge de la maturité sexuelle et somatique des animaux domestiques est supérieur à celle des animaux sauvages; manifestant une *précocité sexuelle* et *somatique*. Les animaux domestiques atteignent la maturité sexuelle et somatique plus jeunes que les animaux sauvages *qui sont plus tardifs*.

La fonction de reproduction souffre des changements importants chez les animaux domestiques. Normalement, chez les animaux sauvages les nouveau-nés arrivent au printemps, la saison propice à la croissance et la plus haute en termes de production laitière des mères. Sauf certaines exceptions, les animaux domestiques mettent bas tout le long de l'année. Néanmoins, les cochons, les moutons et les chèvres manifestent la fonction de reproduction plus intensément en automne et les vaches au printemps (au mois de mai), ainsi les parturitions plus fréquentes sont au mois de mars de l'année suivante.

noirs sur une robe claire), le truité (des bouquets de poils marron-rouge sur une robe claire), l'herminé (des taches noires plus grandes et plus marquées que les pommelures), la marque de feu (un reflet fauve sur une robe sombre), des marques accidentelles (des zones où le poil repousse blanc à la suite de blessures), zain (aucun poil blanc).

⁷La vache Holstein *Muranda Oscar Lucinda* des frères Floyd et Lloyd Baumann, Marathon, WI, SUA; record de production, enregistrée en 1997, deux traites par jour, pour un an entier

⁸ Le sensé zootechnique est rendu par *consommation spécifique* ou *conversion de la nourriture*.

ORIGINE ET DOMESTICATION DES ANIMAUX

Le nombre des produits (la prolificité) des animaux domestiques est supérieur au nombre des produits des animaux sauvages; par exemple une truie sauvage met bas 5-6 porcelets une fois par an, alors qu'une truie Landrace aura 10-13 porcelets par mise bas et, de plus, en conditions d'exploitation intensive, va mettre bas 2,2 fois par an, donc elle aura 25 porcelets par an. Certaines races chinoises peuvent avoir 30-40 porcelets par an ; néanmoins elles sont peu utilisées en système intensif puisqu'elles sont tardives et ont trop de bacon en carcasse.

Le système nerveux assure la liaison entre l'organisme et l'environnement, ayant aussi connu des changements marquants qui sont la conséquence des nouvelles conditions de milieux fréquentés par les animaux domestiques. Après la domestication, plusieurs réflexes conditionnés ont changé, certains se sont atténués ou ont même disparu, tandis que de nouveaux surgissent; par exemple le caractère défensif a beaucoup diminué chez les animaux domestiques, puisque l'homme s'est engagé de les protéger. Pour cause, les organes sensoriels se sont modifiés, l'ouïe, la vue et l'odorat sont moins performants que ceux des animaux sauvages.

Le tempérament des animaux domestiques peut être *tranquille* ou même *lymphatique*, alors que le tempérament des animaux sauvages est beaucoup plus *vif*. Il existe des exceptions, telles que certaines races du cheval *Equus*, qui manifeste un tempérament vif, comparé à ses formes ancestrales, comme le cheval Prjevalski.

La résistance aux maladies et intempéries a baissé chez les animaux domestiques, surtout en raison des conditions d'élevage toujours plus artificielles, et de l'exploitation toujours plus intensive. Les animaux domestiques s'adaptent bien aux nouvelles conditions du milieu mais la résistance aux maladies et aux facteurs climatiques défavorables a beaucoup baissé, les animaux domestiques deviennent bien plus sensibles aux divers agents pathogènes et facteurs climatiques.

2.4.2 Succès et effets indésirables de la domestication

Même empirique, la sélection artificielle a causé la discrimination ou l'élimination totale de la reproduction, des individus ne présentant pas des caractères utiles à l'homme. *Le Code de Hamurabi* mentionnait déjà l'utilisation de la castration depuis 2000-1500 av J-C. Alors, intentionnellement ou non, des croisements sont survenus (des appairages non-apparentés) ou des consanguinités (des appairages apparentés), entraînant des changements de fréquence des gènes et l'apparition de nouvelles variantes d'animaux, avec des aptitudes productives différentes, plus tard devenant des races.

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

La domestication est d'une importance toute particulière en pratique, permettant l'apparition de nouvelles formes, races, et hybrides. Pourtant, en tant que processus de domestication, le choix des animaux pour les productions désirées a parfois eu des effets négatifs sur le bien-être des animaux. La domestication devrait garantir un certain bien-être des animaux. Par exemple, de nos jours pour le cas des galliformes (*Gallus*) et leur sélection pour leur viande (*obtention du broiler*) la vitesse de développement, la consommation spécifique et la qualité de la viande se sont améliorées; pourtant des effets négatifs en ont aussi résulté, tel qu'un mécanisme perturbé de la satiété des broilers, qui manifestent un état de faim continu, une baisse de leur fécondité, une ponte difficile⁹, un système immunitaire détérioré et des troubles locomoteurs¹⁰.



Figure 2.1. Principales espèces majeures d'animaux domestiqués

⁹Chez les races volailles lourdes la monte est compromise ou même impossible sans le contrôle de la masse corporelle, c'est à dire sans fourrage restrictif des volailles

¹⁰ Les broilers ont changé d'allure et de marche. La sélection pour restreindre la consommation spécifique et l'accélération de la vitesse de développement, leur musculature s'est hypertrophiée, ainsi que l'eau intramusculaire, ce qui a causé le changement des fonctions musculaires. Le centre de gravité, se déplaçant en avant (par le surdéveloppement des muscles pectoraux), a d'importantes implications sur la locomotion. Le point de gravité étant déplacé vers l'avant, cela induit un stress mécanique des pieds et jarrets, ce qui (associé à l'accélération du développement du squelette), augmente l'incidence des troubles osseux.

ORIGINE ET DOMESTICATION DES ANIMAUX

Tableau 2.2.

Espèces domestiquées d'importances majeures et mineures

Espèce (nom scientifique)	Possible ancêtres des espèces domestiquées	Numéro de rases	Individus de l'espèce **
Espèces majeures			
1. Ovines (<i>Ovies aries</i>)	<i>Ovies musimon, Ovies ammon, Ovies orientalis, Ovies vignei</i>	850	1.209.467.079
2. Caprines (<i>Capra hircus</i>)	<i>Capra aegagrus, Capra falconeri</i>	320	1.045.915.764
3. Taurines – bétail et zébu (<i>Bos taurus</i> et <i>Bos indicus</i>)	<i>Bos primigenius, Bos namadicus</i>	815	1.489.744.504
4. Cochons (<i>Sus domesticus</i>)	<i>Sus scrofa, Sus celebensis, Sus barbatus</i>	350	978.332.119
5. Equines (<i>Equus caballus</i>) /	<i>Equus przewalski, Equus gmelini, Equus silvaticus, Equus robustus</i>	350	57.780.223
Les espèces mineures			
6. Dromadaire (<i>Camelus Dromedarius</i>).	<i>Camelus dromedarius</i>	50	35.525.270
7. Chameau (<i>Camelus bactrianus</i>)	<i>Camelus bactrianus</i>	6	
8. Lama et alpaga (<i>Lama glama</i> et <i>Lama pacos</i>)	<i>Lama guanicoe et Vicugna vicugna</i>	2+2	9.118.660
9. Âne (<i>Equus asinus</i>)	<i>Equus asinus, Equus africanus</i>	70	50.453.888
10. Buffle (<i>Bubalus bubalis</i>)	<i>Bubalus bubalis</i>	70	206.600.676
11. Yak (Bos grunniens)	Bos grunniens		
12. Bétail Bali (Bos javanicus)	Bos javanicus		
13. Gayal (Bos frontalis)	Bos frontalis		
14. Renne (<i>Rangifer tarandus</i>)	<i>Rangifer tarandus</i>		

*Diamond 1997 et **FAO et <http://faostat.fao.org> – stock au niveau de 2018.

2.4.3 L'influence de la domestication sur la société

La domestication a permis une hausse démographique de la population humaine, par l'amélioration de la santé et de la qualité nutritionnelle. Ceci a entraîné un meilleur développement mental, culturel et créé l'apparition d'une hiérarchie sociale.

La survie de l'humanité aujourd'hui dépend d'une mince fraction des espèces sauvages que l'on a pu domestiquer. La domestication s'est poursuivie grâce à la biologie moléculaire, la génétique et l'éthologie et pourrait mener à une hausse du nombre d'espèces domestiques. Néanmoins, des 148 espèces d'animaux sauvages qui ont été domestiquées, seulement 14 sont d'importance effective: cinq majeures, et neuf mineures – voir Tableau 2.2.

En fait, la seule espèce domestiquée durant notre millénaire a été le renne, le dernier des 14. Selon le tableau, les cinq espèces à la plus haute valeur (le mouton, la chèvre, la vache, le cochon et le cheval) ont été domestiquées jusqu'à 4000 av. J.-C. Similairement, dans le monde entier il existe approximativement 200.000 espèces sauvages de plantes. Seulement 100 manifestent un intérêt à être cultivées.

Les efforts, soutenus, depuis longtemps, des éleveurs d'animaux, ont mené soit à un échec (au moins apparemment, tels le wapiti, le musc et la zèbre), soit à des animaux de basse valeur (tels le cerf et le buffle américain), si on les compare aux cinq premiers mammifères domestiqués dont la valeur est majeure. De même, les espèces de mammifères récemment domestiquées (tels le renard arctique, le chinchilla, le hamster, le rat de laboratoire et le lièvre) sont des mammifères petits, qui n'améliorent ni la valeur, ni à la taille des ovins ou du bétail.

2.5 Aspects clés de l'origine de la vie animale et de la domestication

1. On soutient que les théories sur l'origine de la vie ne peuvent être prouvées sans équivoque: elles concernent davantage la religion et non la science - l'acceptation ou l'hypothèse de l'un ou de l'autre fait que le spécialiste place sa propre perspective sur la compréhension de la vie et de la vie.
2. La domestication des animaux a commencé avec le chien; plus tard, les animaux de la ferme ont été domestiqués.
3. La domestication a produit des changements morphologiques et physiologiques au niveau des espèces.
4. Parmi toutes les espèces d'animaux sauvages qui ont été domestiquées (environ 150), seules 14 ont une importance effective: cinq espèces (mouton, chèvre, vache, porc et cheval) sont d'une importance majeure et neuf d'une importance mineure.
5. Le processus de domestication de l'espèce est toujours en cours en raison de nouvelles exigences causées par des circonstances changeantes.

Chapitre I. 3

SYSTEMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACCLIMATATION

Dans la nature le nombre des créatures sont très élevé; elles sont ordonnées en plusieurs unités systématiques de la zoologie, les **taxons**: *embranchement, classe, ordre, famille, genre et espèce*. La taxonomie¹ ou la **systematique zoologique**, exprime l'étude théorique de la classification des animaux, les bases, les principes, les procédures et les règles.

3.1. Le début de la taxonomie

Le début de la taxonomie a commencé dans le monde antique. *Aristote* y mettait 500 espèces animaux, en les classant comme *ennaima* (à sang rouge) et *anaima* (à sang blanc), chaque classe à son tour se divisant en quatre sous-classes: pour la première classe, les quadrupèdes vivipares (qui laisse grossir dans leur ventre le ou les petits qui en sortiront vivants), les quadrupèdes ovipares (qui pondent des œufs), les volailles et les poissons; pour la deuxième – les animaux au corps mou et nue, mou et couvert d'écaillés, mou en coquille... et les insectes.

Le naturaliste suédois *Carolus Linnaeus* (connu comme *Carl Linné* (1707-1778) établie l'ordre de la nature dans son *Systema Naturæ* (1735, voir Figure 3.1).

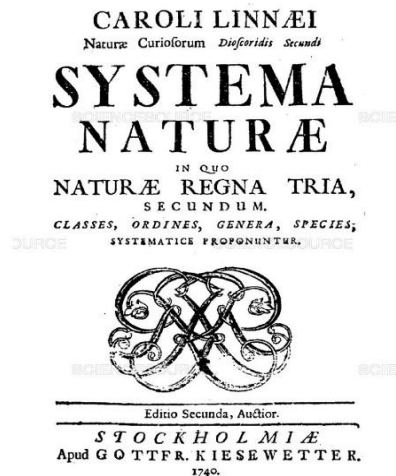


Figure 3.1. Linné -
Systema naturae

¹ Acception du mot **taxonomie** provient du greque *taxis*-arrangement et *nomos*-lois.

Il envisage un système qui classe *le monde des êtres* (Dieu, anges, démons et l'homme) et *le monde des devenants* (les animaux, les plantes et les minéraux), le tout créé pour la *gloire de Dieu*. Au fil du temps, la systématique a souffert de changements et de diverses approches, tels que décrits ci-dessous.

La conception morphologiste a été développée par Linné. Les caractères morphologiques des animaux ont été classés en genres, familles, classes et espèces, chaque taxon étant considéré comme une réalité objective, créée par la volonté de Dieu.

L'épisode suivant s'est passé à la fin du 18^{ème} siècle et début du 19^{ème} siècle, avec Lamarck² et Georges Cuvier, qui après Buffon, ont introduit, en premier, l'*axe temporelle*³.

Plus tard, après l'édition de *New Systematics* (Huxley, 1940), les taxonomistes du 20^{ème} siècle se préoccupaient tant de la structure que des mécanismes évolutifs; ainsi, après *The New Systematics* (Simpson, 1953) la recherche de la solution correcte et de la mutation perpétuelle continue. Les approches innovantes, appliquent le critère d'Aristote et l'exploit de Linné concernant la classification, attribuant aux *relations phylogénétiques* (qui tiennent à l'évolution) la recherche d'une définition de l'espèce; et aux critères de similitudes ou de différences morphologiques, seulement le rôle d'indices de relation phylogénétique. Une telle approche associe *la conception diachronique* (description au long de l'histoire) à la *conception synchronique* (description des phénomènes à un moment donné de l'histoire).

3.2. La systématique zootechnique déterminant la structure et la classification des populations

En vue de l'étude zootechnique, la taxonomie ou la **systématique zootechnique** des animaux domestiques s'intéresse au taxon de base : l'espèce. En fait, les sous-divisions de l'espèce sont délimitées par la systématique zootechnique, qui étudie *la population* en tant qu'unité: la plus haute population serait *l'espèce*, et la suivante (en termes de taille) est, en vue de la systématique zootechnique, *la race*.

La systématique zootechnique classe les animaux d'une certaine population (espèce, race, ligne, écotype, etc.) selon certains critères.

²Jean Baptiste Lamarck (1744-1829) refait le classement de Linné et voit les animaux comme 10 classes de vertébrées et 4 classes d'invertébrées.

³ Au fait, Linné donne une date de la création du monde (4000 av J-C), rien ne changeant plus depuis. Buffon a lancé l'idée que cette période serait trop courte, en proposant une plus longue; ensuite Cuvier (catastrophiste) parle d'extinctions périodiques et de créations d'espèces nouvelles. Pour Cuvier la diversité et l'environnement ont besoin d'un Créateur et de ses créations successives.

Définition.

*Dans la majorité des acceptions, la **population** exprime un groupe d'animaux isolés reproductivement.*

3.2.1. Les critères de la systématique zootechnique

La conception taxonomique moderne gère la systématique zootechnique des populations selon des critères tels que la structure numérique, le degré d'isolement reproductif, les différences morphologiques, écologiques, éthologiques et, plus récemment, les particularités génotypiques des animaux (taxonomie génétique). Les différenciations, les éléments descriptifs, le contenu et les particularités de ces critères, sont décrits ci-dessous.

Différenciations générées par la structure numérique

Selon le nombre et le groupement des individus, les populations sont *petites* ou *simples*, lorsque les individus de la population ont la possibilité de s'entre-reproduire (par exemple dans le cas des lignes zootechniques); et *grandes* ou *agrégées*, lorsque la population est formée de plusieurs groupes de populations tels que les espèces et les races. Surtout dans le cas de populations simples, de diverses catégories de risques populationnels (voir paragraphe 3.11) peuvent apparaître suite à une diminution du nombre d'animaux: *risque critique*, *risque maintenu critique*, *risque dangereux*, *risque maintenu dangereux*, *des populations non-exposées au risquemais en baisse du nombre d'individus qui les composent*.

Le degré d'isolement reproductif

Selon le degré d'isolement reproductif, les populations peuvent être: *ouvertes* (permet l'immigration des gènes) et *fermées*, avec un haut degré d'isolement reproductif (par ex. les races à *herdbook* fermé, telles que les races de chevaux Arabe et Pur-Sang Anglais, de la sous-espèce *Equus feruscaballus*). On calcule l'isolement reproductif selon un index dit *index d'isolement reproductif*, d'après la relation 3.1.

$$\text{Coefficient isolement} = \frac{AA - (DES + II)}{AA + (DES + II)} \quad 3.1$$

ou:

AA– le nombre d'individus à deux parents autochtones;

DES– le nombre d'individus à un parent autochtone;

II– le nombre d'individus à deux parents immigrants.

Le coefficient d'isolement ou l'immigration de la valeur, varie de -1 à +1. Les populations de valeur +1 sont des populations fermées, isolées reproductivement.

A une immigration de 10% (coefficient +0,8) la population peut être considéré comme ayant encore un bon isolement reproductif.

Différenciations morphologiques

Les populations diffèrent les unes des autres par la présence ou l'absence de caractères qualitatifs (couleur du tégument, du poil, etc.) ou par la moyenne des caractères quantitatifs (masse, taille, etc.). Dans le cas où le critère morphologique permet la différenciation des individus en groupes et proportions qui déterminent la ségrégation (ex. $\frac{3}{4}$ vs. $\frac{1}{4}$) on considère que tel caractère peut déceler des sous-populations, ou des populations différentes.

Différenciations écologiques

Les différenciations écologiques étudient la population et l'adaptation génétique aux conditions de l'environnement spécifique à la zone géographique; la population qui occupe une telle zone exprime un *écotype*; par ex. les moutons Tığaia expriment l'*écotype plaine, collinaire* ou *montagne*. Selon la zone occupée par le groupe d'animaux, les populations peuvent être *sympathiques*, lorsqu'elles occupent un seul type de territoire; ou *allopathiques*, lorsqu'elles occupent des zones diverses.

Différenciations éthologiques

Les caractères éthologiques (comportementaux) des groupes d'animaux ont des valences tant héréditaires qu'acquises; pour cause, en plus d'autres critères, le comportement peut être considéré comme critère de la systématique zootechnique. Par exemple les races de chiens (*Canis lupus familiaris*) sont classées, selon les caractéristiques et l'utilité, en 8 groupes (par le standard AKC-*American Kennel Club* et UKC - *United Kennel Club*) ou 10 groupes (selon le standard FCI - *Fédération Cynologique Internationale*). Il existe des chiens de compagnie, de protection, de bergers, terriers, de chasse, etc.

Taxonomie moléculaire

La taxonomie et la phylogénèse⁴ moléculaire permettent de confirmer et de compléter la taxonomie classique axée, en principal, sur la morphologie. La taxonomie génétique se propose de reconsidérer les similitudes (possible liaisons généalogiques) entre entités biologiques, l'évaluation précoce des divergences entre celles-ci et la chronologie de la succession événementielle au niveau génomique.

⁴La *phylogénèse moléculaire* étudie les relations évolutives d'entre les entités biologiques (individus, populations, espèces ou taxons supérieurs) processant les *dates moléculaires* (ADN, séquence protéique, éléments transposables ou succession des changements génétiques) par l'intermédiaire de la *bio statistique*.

Des cartes génétiques ont été finalisées pour presque toutes les espèces majeures; le principe serait de développer des relations de parenté (les arbres phylogénétiques) et d'associer les gènes des divers caractères morphologiques. Les marqueurs moléculaires identifiés et utilisés⁵ dans ce type de taxonomie sont de type I et de type II:

- *les marqueurs type I* sont associés aux gènes à fonction connue (*allozymes* - marqueurs exprimés sur individus hétérozygotes selon le modèle mendélien, ou dans l'*ADN mitochondrial*⁶);
- *les marqueurs type II* sont associés aux gènes à fonction inconnue, tels que les microsatellites⁷ et les marqueurs neutres (SNP⁸).

3.2.2. L'ontogénie des populations

Les populations surgissent, se développent et, à un certain moment dans le temps, risquent l'extinction.

i. Les populations naissent sous diverses modalités, détaillées ci-dessous:

L'anagenèse. Elle est basée sur l'apparition d'une nouvelle population par le changement progressif de ses individus. Ces derniers arrivent à un moment donné, à différer de la forme d'origine. Si la population a été isolée et que les individus se sont reproduits entre eux (à un haut coefficient d'isolement) on a l'**anagenèse autogène**. Si la population a bénéficié d'immigration (il y a infusion de gènes tout en gardant un haut coefficient d'isolement) on a l'**anagenèse allogène**.

La calogénèse. Elle est basée sur la division d'une des populations établies, en plusieurs nouvelles populations. Elle est réalisée soit en conditions d'isolement reproductif total (**calogène autogène**), soit en conditions d'immigration massive des gènes (**calogène allogène**). On peut citer comme exemple la formation de l'espèce de la vache Tachetée Roumaine issue des croisements de la vache Grise des Steppes et de vache Simmental.

⁵ Diverses techniques microbiologiques sont utilisées, telles: code-barres; PCR spécifique, PCR-RFLP, Multiplex PCR, RAPD, AFLP; analyse des microsatellites, qPCR, LAMP, etc.

⁶ L'*ADN mitochondrial* est non-nucléaire, en ADN des mitochondries cytoplasmiques; les marqueurs homologues (non ré-mélangeable), hérités maternellement en génotypes haploïdes.

⁷ Les *microsatellites* sont des séquences d'ADN simples se répétant plusieurs fois, ou en divers points de l'ADN d'un organisme.

⁸ Le *polymorphisme à un seul nucléotide* (SNP - *single-nucléotide polymorphisme*) surgit par conséquent de la substitution (transitions / transversions) ou de l'insertion / nullification d'un seul nucléotide laquelle apparaît dans une position spécifique du génome. Des variations de SNP existent, d'une population à l'autre – ex. un allèle SNP commune dans un groupe peut être beaucoup plus rare dans un autre. Les SNP sont les polymorphismes les plus abondantes du génome des populations, 0,5% variations possiblement existant d'un individu à l'autre (*voir Part II, chapitres 4 et 14*).

La synthèse. Elle est basée sur la construction de populations dites composites. Elles sont formées par un mélange de plusieurs populations totalement différentes de celles d'origine.

ii. L'expansion d'une population (son augmentation et son développement) est basée sur la hausse du nombre d'individus (exprimée comme la différence positive entre les taux de natalité et le taux de mortalité), l'extension de la zone d'habitation et la diversification génétique des individus. De nos jours, l'expansion de la population se fait grâce à l'utilisation de la biotechnique IA (Insémination Artificielle), au matériel génétique provenant de bons reproducteurs. Cela permet la préservation de la qualité et des caractéristiques de races locales; ex. l'utilisation de MSC (Matériel Séminal Congelé) des taureaux de race Simmental.

iii. L'extinction d'une population animale. Elle arrive soit à la suite d'un changement (peut y avoir une inflexibilité aux changements) des conditions de l'environnement, soit par l'intervention de l'homme pour des raisons économiques et de production.

3.2.3. La structure des populations

On peut stratifier les populations en diverses catégories d'individus. Selon le critère de classement, au sein de la même population, on peut décrire plusieurs structures. En zootechnie, on s'intéresse aux structures de genre, de la famille, de l'âge, des générations et des sous-populations.

i. La structure du genre. Elle s'exprime par la proportion, dans une population donnée, du nombre de femelles / le nombre de mâles utilisés pour la reproduction. Entre les deux sexes, il existe divers rapports, considérés comme normaux selon l'espèce et la biotechnologie utilisée. Par ex. le cas du cheval (*Equus ferus caballus*), le rapport est de 1 : 200 pour une monte naturelle échelonnée. Le rapport est de 1 : 800 pour l'insémination de matériel séminal frais / réfrigéré; et de 1 : 3000 pour l'insémination de MSC.

ii. La structure de famille. Elle représente un groupe d'animaux ayant des ancêtres communs (parent ou grand parent). Selon le degré de parenté intra-familiale, ce type de groupe exprime des caractéristiques génétiques fondamentales des populations étudiées. En pratique zootechnique, les *familles-mère* ou *-père* sont utilisées pour améliorer les populations d'animaux domestiques.

iii. La structure d'âge. Elle donne des informations sur l'activité reproductive et les productions d'une population animale. La structure d'âge est dite *stationnaire* lorsque le nombre (exprimé en %) des animaux jeunes est égale au nombre (exprimé en %) des animaux réformés.

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

Le *rajeunissement de la population* demande que le rapport des animaux jeunes comparativement à celui des animaux réformés soit supérieur. Le *vieillissement de la population* est visible lorsque ce rapport donne un résultat sous-unitaire. Selon la structure d'âge de la population on calcule les données suivantes:

- *l'âge moyen* (de vie, d'entrée en reproduction, de la réforme, etc.) des individus d'une population;
- *la durée moyenne d'exploitation (d)*. Elle est calculée après la relation 3.2:

$$d = 100 / \% \text{ réformés} \quad 3.2$$

- *l'intervalle entre les générations (i)*. Elle est calculée par la différence entre l'âge moyen de la génération parentale (V_{parental}) et l'âge à laquelle naît la première génération de filiation, conformément à la relation 3.3:

$$i = V_{\text{parental}} - V_{\text{la génération filiale première parturition}} \quad 3.3$$

Un tel intervalle (*i*), lorsqu'il est *haut* (entre 4,5 – 5 ans) cause l'apparition de populations à générations superposées. Cela est fréquent chez les espèces de bétail et les chevaux. Lorsque l'intervalle (*i*) est *bas* (entre 0,8-1,5 ans), les populations sont formées de générations de frères, sœurs, demi-frères et demi-sœurs. Cela est fréquent surtout chez les cochons et les volailles.

iv. La structure de la sous-population. Elle dépend de la valeur des individus qui la compose. Cette structure est *pyramidale* lorsque la stratification fonctionnelle des diverses sous-population permet de mettre en évidence la qualité des animaux représentée par le sommet de la pyramide (où on retrouve peu d'animaux mais de très haute valeur) comparativement à la base de la pyramide (ex. l'amélioration pyramidale est appliquée pour les cochons et les volailles). Par contre, la structure des populations est dite *insulaire* ou *horizontale* lorsque les éleveurs d'animaux situés au même niveau de la pyramide échangent des reproducteurs : béliers, chiens et (en quelque mesure) pour certains chevaux de courses.

3.3. Le concept d'espèce

John Ray introduit le concept d'espèce. Par la suite, *Carl Linné* mentionne l'universalité, la réalité et la stabilité de l'espèce. Plus tard, *Lamarck(1809)* et *Darwin(1859)* théorisent le concept d'espèce et la théorie de l'évolutionnisme.

Au fil de l'histoire, une multitude de définitions de l'espèce ont été établies :

Définitions.

L'espèce est un groupe d'animaux capables de se reproduire au sein du groupe (intra-groupe), et qui produisent des descendants fertiles.

L'espèce est le groupe d'une population naturelle capable de se reproduire naturellement, au sein du groupe (intra-groupe), isolé d'autres espèces. (Earnest Mayr, 1969).

L'espèce est un groupe d'individus qui possèdent des propriétés ontogénétiques similaires, des caractères morpho-physiologiques similaires et des comportements spécifiques. Ils se reproduisent au sein de l'intra-groupe sans se mêler aux individus d'autre espèce (Furtunescu, 1971)

L'espèce est un agrégé de populations panmictiques, isolé en termes de reproduction. (Drăgănescu (1979).

Finalement, l'espèce est une catégorie systématique fondamentale de classement en biologie. En zootechnie est située sous le genre mais au-dessus de la sous-espèce. L'espèce couvre l'ensemble des animaux à descendance commune et partageant des particularités morphologiques, physiologiques, biochimiques, écologiques, communes et se transmettant avec un haut degré de stabilité. Chaque espèce a deux noms en latin, le premier correspond au nom du genre auquel elle appartient et le deuxième lui est propre, le différentie.

L'objet d'étude de la zootechnie est constitué des espèces d'animaux domestiques de deux embranchements, à savoir : *Chordata*, sous-embranchement *Vertebrata*, classe *Pisces*(poissons), *Aves* (volailles) et *Mammalia* (mammifères); et (l'embranchement) *Arthropoda*, des vers de soie (*Bombyx mori*) et des abeilles – *Apis mellifica*)

3.3.1. Les caractères d'espèce

Les caractères taxonomiques qui servent à différencier les espèces sont dits : caractères de l'espèce. Ils expriment les traits de base desquels on différencie les espèces.

Les caractères qui différencient les espèces sont de nature morphologique, physiologique, écologique, éthologique et géographique.

Les caractères morphologiques se fondent sur le phénotype de l'espèce et expriment les divers traits de forme de la micro- et de la macrostructure. Ainsi, ces caractères se relient au développement corporel, à la couleur, au nombre de vertèbres, au caryotype, à la forme corporelle, à la production pileuse, aux particularités du squelette.

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

Donc les caractères morphologiques différencient les espèces en termes de morphologie externe et interne, aussi qu'au niveau de la structure cellulaire.

Les caractères physiologiques expriment des particularités différenciant d'une espèce à l'autre. Ainsi, les espèces se différencient par :

- *Des particularités métaboliques.* Les espèces se différencient par le type de métabolisme, par leur régime alimentaire et leur capacité à valoriser la nourriture ;
- *Des particularités sérologiques et biochimiques.* Les espèces se différencient par la synthèse spécifique de composés chimiques, par des relations spécifiques de type antigène-anticorps, etc.;
- *La précocité de croissance* – certaines espèces grandissent plus vite que d'autres, ex. les volailles et les cochons sont plus précoces à comparer aux équidés (chevaux, mules) et au bétail (vaches, buffle);
- *Des particularités reproductives.* Les espèces se différencient par leur capacité à se reproduire au sein du groupe.

La fécondité **ne peut pas être considérée comme** un caractère absolu de différenciation des espèces. Le croisement d'individus d'espèces différentes peut donner une descendance aussi bien stérile que féconde. Il existe des croisements interspécifiques, par exemple entre le bétail (*Bos taurus*) et le zébu (*Bos indicus*), qui sont des espèces appartenant au même genre et qui produisent une descendance fertile. Le chien (*Canis lupus familiaris*) croisé avec le loup (*Canis lupus*) ou le chacal (*Canis aureus*), le mouton domestique (*Ovis aries*) avec le mouton de montagnes (*Ovis ammon arelini*) etc., engendre, de même, des produits fertiles. On peut au contraire, citer les exemples du bardo qui est issu du croisement entre un étalon (*Equus caballus*) et une ânesse (*Equus asinus*) et de la mule qui est issue du croisement d'une jument et d'un âne et qui sont des animaux stériles.

Les caractères écologiques expriment les limites du mode de développement des animaux. On retrouve ces caractères essentiellement dans la taxonomie des espèces inférieures, qui ont comme particularité de se différencier selon les caractéristiques de la flore et la faune de leur environnement. Pour les animaux étudiés en zootechnie, il est normal dans ce contexte qu'on élève et qu'on exploite dans des zones de plaine, les cochons et les galliformes⁹.

⁹ Les considérations pour lesquelles il est recommandé d'élever les cochons et les volailles dans les plaines et non dans les montagnes ou les collines tiennent à l'économie. En exploitation artificialisée, ces animaux peuvent être élevés dans n'importe quelle zone géographique, colline, montagne ou désert. L'élevage en plaine céréalière, baisse les coûts de transport des fourrages vers les fermes d'élevage, alors que les zones peu propices à la culture céréalière haussent les coûts de transport des fourrages.

Le bétail (vaches) et les moutons les plus perfectionnées sont élevés préférentiellement dans des zones avec collines et les races les plus rustiques sont élevées dans les montagnes : ex. Tırcana.

Les caractères éthologiques expriment le comportement des animaux et couvrent les particularités de comportement des individus. Le comportement de diverses espèces n'est pas le même par exemple durant la monte (ce qui peut être déterminé comme un isolement reproductif); durant la recherche de la nourriture; pour le soin des petits; et en socialisant avec leur pairs. Les particularités comportementales doivent s'ajuster aux conditions d'élevage et d'exploitation¹. On sait qu'on ne peut pas élever les cochons Grand Blanc et Landrace dans la même boxe, pour cause des différences éthologiques trop importantes.

Les caractères géographiques sont reliés à la zone d'habitation de chaque espèce. La zone exprime le territoire géographique habité par une certaine espèce. A l'intérieur de cette zone l'espèce rencontre ses conditions optimales de développement. Cette zone se relie aux particularités physiologiques de l'espèce ou même de la race; ex. les races de vaches Simmental et la Tachetée Roumaine ne peuvent être exploitées en Dobrudgea, pour cause des particularités géoclimatiques du territoire. Pour décider du peuplement d'une zone par une certaine espèce ou race d'animaux, il faut consulter les cartes météorologiques (*les isohyètes* et les *isothermes* de la région à peupler sont d'une grande importance pour le peuplement) ainsi que les cartes zootechniques.

3.4. Le concept de race

Les races ont surgi après la domestication d'animaux, en résultant de la grande variabilité qui caractérise les animaux domestiques. Dans chaque espèce d'animaux domestiques il existe des individus qui, en outre des caractères généraux de leur espèce manifestent certaines particularités qui les différencient des individus d'autres groupes. Ces groupes ou populations d'animaux sont les *races*. En Italie depuis le 15ème siècle on les a nommé *razza*, qui signifie le groupe d'animaux d'origine commune. Un siècle plus tard, en France, on a utilisé le mot *race*, et en allemand *dierasse*, pour désigner le groupe d'animaux à l'origine commune. En anglais le mot pour race est *breed*¹.

¹ L'organisation de l'élevage et l'exploitation selon les caractères éthologiques ont été respectées, en haute mesure, dans le complexe industriel de cochons COMTIM; ex. la propreté des boxes exploitaient des particularités éthologiques de hiérarchie sociale, d'excrétion (pour cause les cochons préférant le coin le plus obscur, humide et aérée de la boxe) et de santé du groupe. En termes de la technologie, de tels aspects sont respectées si la densité dans la boxe est d'un cochon en engraissement par 0,8 m², 10 à 12 cochons par boxe, l'abreuvoir au-dessus du grillage et les parapets aussi, pour favoriser l'aération.

¹En anglais *race* = trot run, or human races.

La race connaît beaucoup de définitions.

Définitions.

La race est un groupe d'animaux d'une certaine espèce qui par générations de reproduction sélective est devenue uniforme en performance, aspect et histoire de la sélection

La race est une variété consolidée de l'espèce (Buffon, cité par Farber, 1972)

La race est un groupe d'animaux domestiques de la même espèce, à origine commune, certains traits héréditaires similaires, formée dans les mêmes conditions d'environnement naturel ou artificiel, par l'homme en vue de ses objectifs économiques immédiats (Furtunescu, 1971).

La race est un agrégé de populations formées par l'homme, de taille assez haute pour évoluer sous l'influence de la sélection (Drăgănescu, 1979).

On peut conclure en disant que la race est un système ouvert et réversible, à traits biochimiques, physiologiques, écologiques, etc. Et déterminée héréditairement. La race est souvent considérée comme *une sous-division d'une espèce d'animaux domestiques créés en certaines conditions dans un noyau restreint d'individus bien ressemblant l'un à l'autre.*

3.4.1. La formation des races

Les facteurs qui ont mené à la formation des races se relient au processus de domestication même, et aux conditions d'existence des races après la domestication.

Les facteurs naturels-historiques qu'on croit avoir actionné sur les espèces et, plus tard, les races, en perspective lointaine, en dehors de la volonté de l'homme. Nombre de théories existent pour montrer l'importance des facteurs naturels-historiques dans l'apparition des races, citées ici-bas

- *L'origine monophylétique, polyphylétique et para phylétique* des espèces d'animaux domestiques; ex. l'origine des chevaux réunit au moins trois espèces sauvages, à voir: le cheval oriental - tarpan (le cheval sauvage *Equus gmelini*); le cheval robuste (*Equus robustus* ou *diluvialis*)¹ et le cheval sauvage asiatique (*Equus przewalskii*).
- *L'existence de plusieurs centres de domestication*; la théorie suppose que la domestication de plusieurs formes sauvages des mêmes espèces (ex.

¹ Le cheval diluvial est pris pour ancêtre sauvage des rases lourdes de chevaux de l'ouest de l'Europe, les chevaux Pinzgau (Noriker) en étant la plus ressemblante.

équines, bétail, cochons, moutons, etc.) ait mené déjà depuis le début à la formation de plusieurs races.

- *La migration des peuples (genes flow)* a causé d'importants déplacements de groupes d'animaux des régions où ils se sont formés vers d'autres zones géographiques avec des conditions climatiques différentes, ce qui a causé la formation de nouvelles races¹.

Pourtant, sous l'influence des facteurs naturels-historiques un nombre restreint de races (les races primitives) se sont formés, à basses productions, faciles à élever et résistantes aux facteurs climatiques défavorables; certaines races ont survécu ex. le cochon Stocli; jusqu'à nos jours, ex. la vache Grise de Steppe et Mocănița (bétail de montagne), ou les moutons Țurcana.

Les facteurs (artificiels) sociaux-économiques ont un rôle majeur à jouer dans la formation de nouvelles races. Sous l'influence des facteurs artificiels un grand nombre de races s'est formé dans chaque espèce domestique, c'est à dire les races spécialisées pour les diverses formes de production. Ces types de facteurs sont artificiels et se relie au:

- *développement industriel* des 17eme et 18eme siècles; ex. la métamorphose de la chasse en événement mondain, organisé et fastueux en Angleterre, a favorisé la formation des races de chiens, accompagnant la chasse et les batteurs et réagissent en meute au son du corne.
- *fouragement*, qui joue un rôle majeur surtout pour la gymnastique fonctionnelle de l'appareil digestif;
- *logement*, protégeant les animaux contre les intempéries influençant l'adaptabilité des races nouvellement introduites dans une zone géographique différente de celle d'origine.
- *sélection et croisement d'amélioration de la reproduction dirigée*, pour la formation de nouvelles races à performances productives supérieures et l'amélioration des performances des races existantes;
- *élevage* d'animaux par des méthodes adéquates à l'élevage du jeune bétail, à la formation des animaux adultes, etc., contribuant aussi à la formation réussie de nouvelles races.

Ex. influencée par les facteurs sociaux-économiques, la production laitière des vaches Frise Européenne a augmenté de 2.500 kg en 1910 à 9.350 kg en 2020, une moyenne donc de 62,27 kg lait par an.

¹ Ex. durant la migration des peuples le cheval mongol est arrivé à La Manche, hypothèse soutenue par la similarité du cheval Przewalski aux chevaux kirghiz, kalmouk, et de Mandchourie, Transbaikal et Mongolie.

3.5. Les caractères raciaux

Les caractères raciaux expriment les traits propres de certaines races et les aspects qui différencient une race de l'autre, au sein même d'une espèce. Les caractères raciaux permettent de décrire certaines races dans des critères *standards*. En approche scolastique, les principaux caractères raciaux décrivent des aspects morphologiques, productifs, reproductifs, physiologiques et populationnels.

3.5.1. Les caractères morphologiques

Les caractères morphologiques caractéristiques de diverses races sont les éléments différenciant une race d'une autre; ex. (parmi les plus fréquents cités), la taille, le poids, conformations corporelles, la robe et la couleur des poils.

La taille et la masse corporelle sont des caractéristiques qui différencient une race de l'autre; ex. les vaches Simmental sont plus grandes hautes et pèsent plus que les vaches Jersey (voir Figure 3.2). Néanmoins, dans une même race, on peut trouver des animaux ayant des tailles et des masses corporelles différentes. Cependant, ces tailles et ces masses corporelles varient autour des moyennes caractéristiques de chaque race.

La conformation corporelle donnée par l'aspect extérieur et le format corporel (la corpulence) des animaux, représente aussi un caractère racial. En ce sens, on considère tant l'aspect général que les diverses régions corporelles; ex. les poules Brahma, de type asiatique, au tronc large et profond, n'ont pas du tout l'aspect extérieur des poules Leghorn, caractéristiquement méditerranéennes, légères.



Figure 3.2. Taille et masse corporelle

La race Jersey, de taille 117-125 cm et masse corporelle 370-400 kg (*gauche*) à comparer à la race Simmental, de taille 138-145 cm et la masse corporelle 700-750 kg (*droite*).

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

De même, le cheval Clydesdale¹⁰, de conformation spécifique *au cheval de fardeau*¹ et production poilue abondante, diffère complètement du cheval Pur-Sang Anglais (PSE) qui est grand, spécifique *au cheval d'équitation*². La conformation extérieure tant de l'espèce, de la race et de l'animal, exprime le bon développement corporel de l'animal. Pouvant être selon la situation harmonieuse ou, au contraire, disproportionné par rapport aux caractéristiques. La conformation change selon l'âge et peut être influencée par les conditions d'élevage et l'alimentation.

Les régions corporelles diffèrent d'une race à l'autre par certaines particularités de dimension, de forme, attachement, extension, etc. Ainsi, le profil de la tête du cheval Arabe est droit ou légèrement concave, alors que celui du cheval Lipiřan est busqué (voir Figure 3.3, *haut*). Le cochon Grand Blanc a les oreilles moyennes, portées en haut et légèrement en avant-latéral, tandis que le cochon Landrace les a grandes et tombantes (voir Figure 3.3, *bas*).

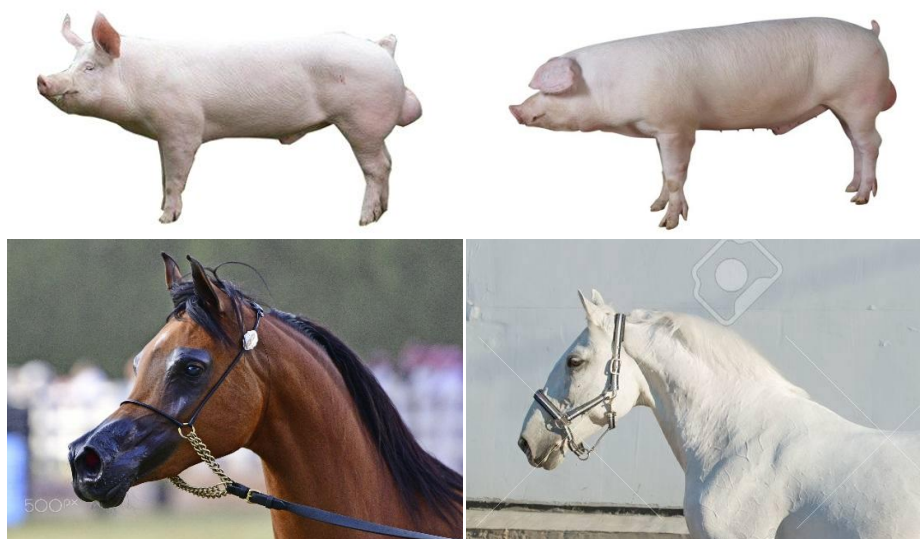


Figure 3.3. Profils de chevaux et formes d'oreilles de cochons

Les oreilles moyennes, portées en hauts (cochon Grand Blanc, *gauche*) et oreilles grandes tombantes (cochon Landrace, *droite*).

¹⁰ Formé dans la Vallée de Clyde Rivière, Ecosse, par le croisement du cheval lourd avec le cheval Flamand et la race Shire.

¹ L'aspect du *cheval de fardeau*: tête large, grandes oreilles, gros cou, tronc long, large et profond, pieds courts et robustes.

² L'aspect du *cheval d'équitation*: tête fine expressive, cou long musclé, tronc court étroit, les pieds longs fins et forts, profilé élongé.

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

La robe et le poil (ou encore la corne du sabot, les onglons, les griffes, la laine et le plumage) diffèrent d'une race à l'autre.

Le poil peut être lisse (ex. les cochons Grand Blanc) ou frisé (ex. les cochons Mangalița), long et épais (ex. les cochons Stocli, les chevaux Ardennais, Brabanson, Clydesdale et Shire-horse) ou court et rare (ex. les cochons Landrace).

La peau des races laitières est fine, dense et élastique, tandis que les races à viande l'ont moins dense ou élastique et plus épaisse.

La couleur du poil, de la laine, de la peau et du plumage est un caractère racial discriminant pour certaines races et espèces d'animaux domestiques ou variétés d'animaux sauvages. La couleur châtain du poil du cheval *Gidran*³ est aussi un caractère racial. On retrouve chez les vaches Holstein, la couleur tacheté noir et blanc; les cochons Grand Blanc et Landrace doivent manifester la couleur blanche, ou Hamshire, tout noir d'un cordon blanc. La peau blanche est aussi présente chez les poules anglaises, alors que les poules (d'origine) américaines ont la peau jaune.

La laine diffère d'une race de mouton à l'autre, autant dans la finesse que dans l'extension et la longueur. Ainsi, les moutons Merinos de Palas ont la laine courte et fine, alors que les *Țurcana* l'ont plus longue et épaisse.

Le plumage est aussi un caractère discriminant des races de volailles, en considérant la forme, la structure, la distribution et la couleur, etc. Il existe des races de poules et d'oies au plumage frisé (*Frisata Danubiana*) ou d'autres au plumage lisse et soyeuse (*La Noires Soie*). Pour la distribution, il existe des races au cou nu (*Cou-nu de Transylvanie* – figure 3.4), d'autres au plumage épais en haut du cou (à collier) ou encore au plumage épais sur la tête (*huppée*, *Houdan*) ou tout autour des métatarses (*chaussées*).



Figure 3.4. Plumage des races de poules domestiques.

Gauche à droite: Cou-nu de Transylvanie et Hollandaise Huppee, peigne à couronne de beurre, peigne à fraise (*Wyandotte*) et peigne lobé en *Malaysian Fighter*.

³Le cheval *Gidran*, synonyme d'*Anglo-Arabe Hongrois*, variété équine demi-sang.

Les défauts et les qualités des différentes races fournissent des éléments parfois très nécessaires lorsqu'on désire établir les caractéristiques morphologiques d'un certain animal d'une certaine race. Ainsi, les vaches Allgäu et Schwyz ont le paturon court et droit, et la Tachetée Roumaine manifeste parfois la croupe étroite au niveau de l'ischium, et les pieds postérieurs panards, tordues ou émoussées vers l'extérieur. Le cheval Nonius a les oreilles grandes, et les sabots hauts; tandis que le cheval Gidran a les lombes *essemblant à celles d'un âne* et les genoux arqués. De même, certaines races manifestent certains traits caractéristiques, tels le pis parallélépipédique de la vache Jersey; ou encore la croupe carrée et haute et les cuisses, les jambes et les fesses bien développées, de la vache Holstein.

3.5.2. Les caractères physiologiques, productifs et reproductifs

Les caractères physiologiques, productifs et reproductifs n'ont pas beaucoup d'importance pour différencier les races, mais ils sont très utiles pour l'amélioration des individus d'une race.

Le tempérament différencie une race de l'autre par l'ensemble de particularités constituant la race et qui influent sur le caractère et le comportement des animaux. Le tempérament fait la différence entre les races dont la majorité des individus sont lymphatiques – doux, apathiques, pacifiques, patients; et les races dont la majorité des individus sont nerveux – animés, agités, agressifs et impatientes.

La production est une des caractéristiques majeures de chaque race, le but même de l'existence de la race; car, les différenciations productives sont l'apanage des races.

La résistance aux maladies et aux intempéries est, de même, un caractère physiologique qui tient à la race. La résistance dépend de la constitution de l'animal et de sa spécialisation (voir Part Ière, De la consanguinité 4). Dans la majorité des cas, plus la race est perfectionnée et sa production grande, moins résistante elle s'avère.

La capacité de valoriser la nourriture (consommation spécifique ou conversion de la nourriture) différencie les races selon leur capacité spécifique de produire une grande (ou bien une petite) quantité de production (lait, viande, etc.) à la suite de la consommation d'une certaine quantité de fourrage; ex. le cochon Stocli gagne 1 kg de masse corporelle suite à une consommation de 7-8 kg fourrage, tandis que le cochon Landrace consomme seulement 2,7-3,0 kg pour chaque kilo gagné.

La prolificité différencie les espèces et les races par le nombre moyen de produits par parturition. Les termes *unipares* vs *multipares* différencient les femelles des races *polytociques* (qui normalement mettent bas à plusieurs petits par parturition) à leur première parturition, des femelles à plusieurs parturitions et des femelles des races *monotociques* qui normalement mettent bas à un seul petit.

La précocité sexuelle et somatique s'avère diverse selon la race; ex. la vache Holstein est plus précoce que la vache Pinzgau, la jument Pure Sang Anglais est plus précoce que la jument Huțul, la truie Landrace est plus précoce que la truie Mangalița et la poule Leghorn est plus précoce que la poule Plymouth Rock.

3.5.3. Les caractères statistiques populationnels

L'homogénéité exprime la similitude entre les animaux qui constituent une race par certains traits communs. Dans le cas des caractères quantitatifs, l'homogénéité suppose la distribution du caractère autour de la moyenne de la race. L'homogénéité de la race n'est pas absolue, puisque les animaux se ressemblent sans être parfaitement identiques. Les animaux diffèrent les uns des autres par des particularités qui permettent leur individualisation et leur identification.

La variabilité de la race exprime la capacité de changement (sous l'influence de l'environnement, de l'hérédité, des facteurs internes et externes) des traits morphologiques, physiologiques, productifs, biochimiques, écologiques etc., pour différencier un individu d'un autre. Les différences entre les individus correspondent à des *variations*¹¹. La variabilité peut être *individuelle*, lorsqu'on considère les caractères d'un seul individu (ex. les productions de lait, laine, viande etc.), et *collective*, lorsqu'elle s'intéresse à plusieurs animaux de la race, ligne ou variété.

La stabilité relative exprime la persistance des caractères raciaux de sous l'action des facteurs environnementaux et de l'homme, d'une génération à l'autre. La stabilité relative des races diffère d'une race à l'autre. La stabilité exprime la similitude des individus au long des générations.

¹¹ Les *variations* s'apprécient par mesures corporelles, par pesage, ou inspection visuelle par un expert. Si on détermine un caractère de variabilité (ex. la production de laine, lait, œufs, etc.), d'un groupe d'individus d'une certaine race, on va voir que pour la majorité des animaux, la valeur du caractère examiné se trouve autour d'une certaine valeur, la *moyenne*. Pour exprimer l'amplitude de la variabilité par un seul chiffre, on calcule la *variance* (s^2), qui exprime la moyenne des carrées des variances contre la moyenne arithmétique d'un caractère évalué pour un groupe d'individus. Par l'extraction de la racine carrée de la variance on obtient la *déviaton standard* (s), et par le rapport (pourcentage) de la déviation standard et la moyenne arithmétique on obtient le *coefficient de variabilité* ($CV\%$; voir Partie 2eme, Chapitre 4).

3.6. Standard de race

Les caractères morphologiques et les caractères physiologiques diffèrent autant selon la race ou le groupe de race au sein de la même espèce, ainsi que par rapport à la direction de leur spécialisation. Pour établir la race d'appartenance d'un individu, on va considérer plusieurs de ses caractères par rapport aux standards de différentes races. Le standard (type) racial décrit les caractères d'une race animale, pour ainsi pouvoir évaluer (par comparaison) la valeur de tout animal examiné.

Définition.

Le standard racial est une description des caractéristiques de l'animal idéal qui doit être obtenu par le programme de reproduction d'une race standardisée.

Le standard *restreint* les individus d'une race dans certaines limites, normalement autour des valeurs moyennes des caractères de la race. Donc on situe un animal dans le tableau de sa race par comparaison avec le standard de race; s'il est bien fait, le standard va couvrir le plus possible les informations suivantes :

- *préambule*: – numéro d'enregistrement du standard; nom de la race, dans la langue du pays d'origine;
- *bref histoire*: origine et mode de formation de la race; informations sur la zone d'élevage;
- *description des caractères morpho-physiologiques* de la race:
 - l'harmonie d'ensemble et le classement général de l'animal dans le type morphologique, le type physiologique et la forme corporelle caractéristique de la race;
 - les proportions importantes;
 - taille et masse corporelle;
 - description des régions corporelles, succession de haut en bas: *la tête et région crânienne* (forme du crâne, direction, profil de la ligne supérieures); la région faciale (nez, narines, truffe, gueule, museau, selon l'espèce) yeux, des oreilles, dentition etc.; *cou, tronc, les pieds et la queue*;
 - couleur de la robe et des cheveux et ongles
 - caractéristiques comportementales;
 - allure, selon l'espèce, s'intéressant à l'amble et au déplacement à au pas, à au trot et ou au galop;
 - défauts fréquents et défauts prévenant la reproduction;
- *description des caractères productifs et reproductifs*;

- *tendances et directions* à l'égard de l'évolution de la race (amélioration, etc.).

Il existe des standards pour les principales races de bétail, de chevaux, de lièvres, de ragondins, de visons, de chiens, de chats et de volailles. Le standard de race est émis, promu, soutenu et modifié par les associations d'élevage qui ont pour but la stratégie de promouvoir, de développer et d'améliorer les animaux d'une certaine zone.

L'évaluation économique, les expositions d'animaux où l'on accorde des classes, toutes s'occupent à de promouvoir les meilleurs exemplaires de la race; Les plus grands reproducteurs sont identifiés et certifiés,

La race standardisée est une race d'animaux qui a été développée conformément à un programme stricte d'isolement génétique et d'amélioration, aux buts clairs, poursuivis sur la durée de plusieurs générations (voir 2ème partie).

3.7. La structure interne des races

La définition même de la race met en évidence deux caractéristiques :

- la ressemblance des individus qui détermine une certaine homogénéité de la race et
- la similitude des individus au fil des générations qui détermine la constance ou la stabilité de la race. Néanmoins, la race comme unité systématique n'est pas parfaitement homogène. La ressemblance des individus de la même race n'est pas absolue. En effet, au sein de cette dernière, des groupes d'individus se ségrègent tout en gardant les caractéristiques générales de la race. Ils manifestent entre eux certaines particularités communes.

L'homogénéité, donnée par l'hérédité, est la part conservatrice de la race, qui maintient les individus dans les limites de ses valeurs standard.

La variabilité manifeste des tendances centrifuges, contrairement à l'hérédité. Cela implique que dans la nature, il n'existe pas deux êtres parfaitement identiques. Dans la pratique de l'élevage et de l'amélioration des animaux, on retient les variations individuelles utiles et on supprime (par amélioration) les variations négatives.

La structure interne de la race s'est formée sous l'influence des facteurs climatiques, de l'homogénéité et de la stabilité relative des races, mais surtout par l'intervention de l'homme. La structure raciale peut manifester des sous-divisions.

La variété est une sous-division de la race, formée sous l'action des facteurs climatiques.

La variété est formée d'un groupe d'individus d'une race qui les différencie de leurs congénères par certains traits qui se distancient de l'aspect général de la race. La variété a tous les traits généraux de la race respective. Elle ne se différencie que par un seul trait (zone, couleur, etc.). La variété comme unité systématique se trouve souvent chez les races de haute expansion géographique. Elle diffère selon les conditions environnementales: ex. la vache Grise de Steppe peut manifester des variétés telles que *moldave*, *transylvaine* et *dobroujean*.

D'autres variétés peuvent se différencier par la *couleur* – voir Figure 3.5. Ainsi certains moutons manifestent les variétés *blanche*, *noir bigarrée* et *rouille*; tandis que les moutons Karakul peuvent manifester les variétés *noir*, *grise*, *marron*, *brillante*, etc.

La lignée exprime une population qui se forme et évolue sous l'influence de la sélection et de la dérive génétiques. Elle est isolée reproductivement par l'homme, provenant, normalement, d'un seul ancêtre commun mais lorsque la lignée a plusieurs ancêtres, ils sont apparentés ou consanguins.

Le groupe d'individus apparentés par un certain ascendant est une lignée lorsque la valeur de sa moyenne dépasse la valeur moyenne de la race à laquelle il appartient. Dans le cas des grands animaux, les lignées prennent le nom de leur fondateur (*rasseur* ou *fondateur de ligne*)¹² tandis que les lignées de petits animaux sont numérotées en associant divers symboles; ex. la lignée de poules Albo 67 provient de la race Leghorn qui semble être le croisement des lignées L7 et L8; et la lignée de broilers Roso 70 provient des lignées H, M et P de la race Rhode Island; ou la lignée de cochette TN70, provient de Landrace norvégien, lignée Z).



Figure 3.5. Groupe de moutons Karakul – variétés de couleur

Les lignées sont créées par l'homme et ont un rôle particulier pour l'amélioration des races. Ainsi on connaît des lignées types comme :

- *Lignée non consanguines*

La lignée non consanguine se manifeste sur des populations simples, évoluant sous l'influence de la sélection, évitant la consanguinité (voir 2ème Partie, Chapitre 6), en acceptant un maximum de 1% d'apparentage par génération.

¹² Ex. pour les équines, on connaît et reconnaît les lignées Hambletonian, Eclips, Matchem, Nonius Senior, Turf, Penatok Crusader, etc.

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

Les populations qui constituent les lignées non consanguines diffèrent par leurs particularités productives, plutôt que par leurs caractères morphologiques. Ces lignées sont formées pour des croisements industriels, pour produire des hybrides.

- *La lignée modérément consanguine*

La lignée modérément consanguine évolue sous l'influence de la sélection artificielle, en appliquant la consanguinité modérée jusqu'à 3% par générations. Cette lignée est utile lorsqu'on veut maintenir la similitude génétique avec les reproducteurs de valeur, surtout avec le fondateur de la ligne.

- *La lignée consanguine*

La lignée consanguine est formée de populations minimales (minimum deux individus). Elle évolue sous l'influence de la dérive génétique, manifestant une hausse de plus de 6% de consanguinité par génération. Ces lignées ont un haut degré d'homozygotie.

- *La lignée génétique stable*

La lignée génétique stable n'est pas assujettie à la sélection, à la consanguinité ou à l'immigration de gènes, évoluant sous l'influence des facteurs environnementaux. On utilise des populations à risque d'extinction, comme par exemple les vaches Grises de Steppe, qui, malgré plusieurs défauts, manifestent une résistance à l'action des facteurs environnementaux. Ces aspects font de cette race un vrai réservoir de gènes nécessaires pour les futures améliorations.

La famille est un groupe d'animaux étroitement apparentés, provenant d'un animal de valeur, couvrant un faible nombre de générations, c'est-à-dire fils, filles, petits-fils et petites filles. La famille est considérée comme une sous-division de la lignée. L'homogénéité absolue n'existe pas à l'intérieur d'une sous-division de race. Les individus qui la composent manifestent des différenciations de l'un à l'autre, dans les limites caractéristiques de la race, des variétés, de la lignée et de la famille. Ces différenciations résultent du mode de combinaison des gènes parentaux et des conditions environnementales où la base héréditaire s'est développée, en constituant ainsi la *variabilité individuelle*.

3.8. La classification des races

Pour classer les races on peut se servir de divers critères, parmi les plus importants il y a les critères anatomiques, économiques, d'origine et de degré d'amélioration.

Les critères anatomiques, la base de la classification des races, sont des plus diverses, les plus fréquemment utilisés sont les suivants : ~~ici-bas~~.

Sur la base de taille et masse corporelle:

- races *grandes* ou *hyper métriques* (BBB¹³, Charolaise, Holstein);
- races *moyennes* ou *manométriques* (Schwyz, Simmental, BR¹⁴, BNR¹⁵, Hereford);
- races *petites* ou *hypsométriques* (Scotch Highland¹⁶);
- races miniatures (les chevaux Falabella, taille 81 cm).

Sur la base de la *forme et longueur de la queue* (pour les races moutonnes):

- races de moutons à courte queue;
- races de moutons à longue queue (Merinos, Tığaie);
- races de moutons à queue large (Karakul);
- races de moutons à queue épaisse (Kurdiuk).

Sur la base de la *couleur du poil*:

- races blanches (les cochons Grand Blanc et Landrace);
- races noires (cochons Noir de Strei, Berkshire à pieds, museau et queue blanches);
- races rouges (le cochon Duroc);
- races tachetées (Hampshire, Bazna).

Sur la base de la *longueur et la portée des oreilles* (pour les cochons):

- races aux oreilles courtes et droites (Hampshire);
- races aux oreilles grandes et tombantes (Landrace).

Sur la base de *taille et profile de la tête*, les races seraient :

- races dolichocéphales (tête longue);
- races brachycéphales (tête courte);
- races mésencéphales (la tête moyenne).

Les critères économiques sont fréquemment appliqués en pratique puisqu'ils déterminent le type de production de chaque race.

Sur la base des productions des races, elles seraient:

- races spécialisées pour un unique type de production (Holstein);
- races mixtes (Simmental);
- races universelles (Pinzgauer).

¹³ Blanc Blue Belge, race de bétail d'origine belge.

¹⁴ Bigarré Roumaine

¹⁵ Bigarré Noire Roumaine

¹⁶ Race bétail ancien des montagnes, d'origine écossaise.

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

En base de la précocité:

- races précoces (Landrace, Grand Blanc, Berck modern)
- races tardives (Grise de Steppe, Astrahan¹⁷, Wattusi¹⁸)
- races semi tardives.

Les critères d'origine des races impliquent la définition de l'ancêtre ou du lieu de formation de la race.

Sur la base des *formes d'origine sauvages* les races seraient:

- races d'origine permienne (Grise de Steppe);
- races d'origine brachycère (Scwyz, Jersey);
- les races d'origine moufloniforme (Romanov¹⁹, Heidsohnucke²⁰);
- les races d'origine argaliforme (Tigaie, Turcana);
- les races d'origine arkaliforme (Arhamerinos²¹);
- les races d'origine molossoïde.

Sur la base du *lieu de formation* les races seraient:

- races autochtones;
- races d'import.

Les critères zootechniques de degré d'amélioration donnent la classification suivante.

- Les races *perfectionnées* (pures)

Les races perfectionnées (pures) ont été créés sous l'influence directe de l'homme, en assurant aux animaux de bonnes conditions de fourragement et soins, et par sélection artificielle, croisements et pairage. Les races perfectionnées ont un potentiel héréditaire de valeur et sont fréquemment utilisées en grand nombre dans l'amélioration des races primitives et intermédiaires.

Sur la base de leur degré d'isolement reproductif, deux types de race existent: *fermée* et *ouverte*. Les races *fermées*, ou à herdbook fermé, se reproduisent seulement à l'intérieur de la race; ex. le cheval Pur-Sang Anglais. Les races *ouvertes*, à registre généalogique ouvert, on peut pratiquer d'infusions avec d'autres races.

¹⁷ Race de bétail provenue d'ancien bétail indien, type orthoceros, des steppes de l'Asie de Sud et de l'Est.

¹⁸ Zébu africain.

¹⁹ Race de moutons russes, à haute prolificité.

²⁰ Mouton allemand à laine longue et épaisse.

²¹ Moutons cosaques.

- *Les supra races*

Les supra races sont des groupes de races monophylétiques, phénotypiquement trop diverses pour pouvoir appartenir à une seule race. De ces races ont été bâtis les types nationaux, ex. Pur-Sang Anglais, Arabe, Frise, Grand Blanc, Landrace, Mérinos. Les vaches Frise provenues d'une vieille race hollandaise diffèrent d'un pays à l'autre, car les vaches Holstein américaines sont strictement laitières, et diffèrent de la Frise allemande, qui manifeste tendances envers des productions mixtes (viande/lait); ces races sont de même origine et sont tachetées noir et blanc.

- Les races *améliorées* (intermédiaires, semi races)

Les races améliorées résultent en général par suite au croisement des races perfectionnées avec des primitives. A comparer aux races parentales, les races améliorées manifestent des traits morpho-physiologiques intermédiaires et, en tant que phénotype et génotype, sont typiquement hétérogènes. En Roumanie, ce type de races est représenté par les vaches Tachetée Roumaine et Brune, et les moutons Țigaia.

- Les races *primitives* (naturelles, locales)

Les races *primitives* sont formées surtout sous l'influence des facteurs de l'environnement, et beaucoup moins par l'action de l'homme. A l'exception notable des moutons Țurcana, en Roumanie les races primitives (Grise de Steppe, Mocănița, Stocli) sont presque disparues. Il faut mentionner que le groupement des races en primitives, perfectionnées et intermédiaires est conventionnel, les races étant en perpétuelle métamorphose. L'utilisation des programmes d'amélioration est fortement soutenue, et des systèmes d'exploitation adéquats, ont mené à l'évolution graduelle des races primitives envers les races intermédiaires et ensuite envers les races perfectionnées.

3.9. Adaptation et acclimatation des races

Chaque race s'est formée dans certaines conditions naturelles d'environnement, ce qui a causé la formation et le développement des particularités morpho-physiologiques, d'adaptation à ces conditions. Alors que les animaux sont transférés ou déplacés en autres conditions environnementales, un déséquilibre peut apparaître entre organisme et environnement, l'organisme s'*adaptant* ou non au nouveau spécifique de ces conditions. L'*acclimatation* est le processus de réadaptation aux nouvelles conditions environnementales; ce processus se développe graduellement, ce qui prend du temps, toujours avec la participation de l'homme, avec les étapes suivantes.

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

L'accommodation est un processus d'adaptation du caractère individuel, exprimant la totalité des changements compensatoires d'un organisme sous l'influence des conditions, lorsqu'un seul facteur (ex. la température) change. L'accommodation implique des changements morphologiques et physiologiques qui visent un nouvel équilibre entre l'organisme (en tant que système auto réglable) et les nouvelles conditions environnementales. Les changements survenus peuvent être réversibles au moment où l'individu revient aux conditions de vie antérieures.

La naturalisation de l'environnement est un processus de changement phénotypique et génotypique des animaux sous l'impact des stimuli agressifs, internes et externes. A différence de l'accommodation, *la naturalisation* couvre des phénomènes irréversibles arrivant dans un groupe ou dans une population.

L'adaptation est le résultat des deux étapes antérieures : l'accommodation et la naturalisation.

Définition.

L'adaptation exprime le processus que les animaux supportent lorsqu'on les déplace dans de nouvelles conditions pédoclimatiques, certains traits se modifiant sans toucher aux capacités productives, de fécondité, de prolificité et de vitalité.

L'adaptation survient en perspectives biologique et physiologique.

L'adaptation biologique suppose l'existence des caractères causés génétiquement, par lesquels l'organisme devient apte de survie. Pour l'introduction d'une population dans une zone de climat différent de celui d'origine, on recommande l'import d'animaux de large variation génétique, pour augmenter la chance qu'on puisse y trouver des individus à haute capacité adaptative.

L'adaptation physiologique exprime l'existence d'une qualité favorisant la survie dans un environnement stressant. Le stress environnemental est le facteur qui induit l'accommodation par réaction de défense de l'organisme. Les animaux adaptés vont manifester les réactions suivantes:

- perte de masse vive minime, durant l'exposition au stress;
- résistance aux maladies;
- haute longévité;
- haute fertilité.

La valeur adaptative est la mesure génétique de la capacité d'adaptation, quantifiable en perspective reproductive par la *prolificité individuelle* (le nombre de descendants de chaque individu) et la *natalité* de la population; c'est à dire la valeur adaptative qui exprime la capacité relative du porteur de génotype de transmettre ses gènes à la nouvelle génération.

L'acclimatation est une forme spéciale de naturalisation qu'on utilise exclusivement sous le contrôle de l'homme, requérant une adaptation phénotypique de longue durée, manifestée par une plus haute tolérance à l'exposition continue et répétée à de complexes agents stressseurs climatiques. L'acclimatation implique:

- la participation de l'homme;
- la restructuration des fonctions réactives physiologiques, développementales et comportementales;
- la survie et la production en conditions d'endurance;
- le maintien des aptitudes de reproduction.

Les facteurs qui influencent sur la réussite ou l'échec de l'acclimatation sont le climat, le sol, l'altitude, l'eau bref, les facteurs naturels. Selon le climat, l'acclimatation serait à l'altitude, aux tropiques, en zone froide, etc. L'acclimatation est de haute importance en cas d'import de races de valeur. Pour un processus d'acclimatation réussi il faut choisir des races formées en conditions environnementales naturelles proches des conditions de leur future zone, pour qu'elles puissent répondre aux exigences économiques imposées.

3.9.1. La capacité d'acclimatation

La capacité d'acclimatation exprime la capacité des animaux de répondre aux expositions continues et répétées à des agents stressseurs climatiques complexes. Cette capacité diffère selon l'espèce, la race, l'âge et le degré de la spécialisation.

La capacité d'acclimatation de l'espèce. Les espèces répondent différemment au changement des conditions de l'environnement. Les cochons s'acclimatent plus facilement que le bétail et les moutons, qui sont beaucoup plus attachées aux conditions naturelles environnementales. Les formes d'adaptation les plus connues des espèces d'animaux non-domestiquées sont plutôt celles par des moyens actifs (homochromie²², homotypie, mimétisme aposémieetc.) que par des moyens passifs (pointes, épines, poils piquants, etc.).

La capacité d'acclimatation de la race. La capacité d'acclimatation diffère d'une race à l'autre. Les facteurs qui influent sur la capacité d'acclimatation des races sont les suivantsci-dessous.

²² Changements permanents ou saisonniers de couleur des espèces selon l'environnement. Homochromie, manifestant de plus une imitation de la forme et du dessein du milieu. Mimétisme - exprime les similitudes de plusieurs espèces animales. Lorsqu'une espèce sans moyens défense se ressemble à une qui en a de tels moyens il s'agit de *mimétisme batesien*; lorsque plusieurs espèces en capacité de se défendre se ressemblent, il s'agit de *mimétisme müllerien*. Aposémie exprime la couleur d'avertissement, ou menaçante, qu'une espèce manifeste en moyen de défense

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

- *Le pouvoir d'acclimatation des races*

Dans perspective on différencie les races à haut pouvoir d'acclimatation (*les races cosmopolites*) et les races à moindre pouvoir d'acclimatation (*les races topolites*). Les races (européennes) cosmopolites avec seulement les vaches Pinzgauer se sont adaptées aux zones équatoriales de l'Afrique, et seulement les vaches Frise se sont adaptées de la Scandinavie jusqu'aux tropiques. Les races topolites (Shorthorn, Jersey et Guersey) sont moins répandues, car moins résilientes aux conditions climatiques de ce qu'elles avaient aux endroits de leurs naissance,

- *Le degré de spécialisation des races*

Le *degré de spécialisation des races* influe aussi sur le pouvoir d'acclimatation. Les races primitives, peu spécialisées, élevées dans des conditions environnementales naturelles, s'adaptent beaucoup plus difficilement aux nouvelles conditions du milieu, que les races perfectionnées, élevées sous l'influence des facteurs environnementaux artificiels. De même, les races spécialisées unilatéralement ont une capacité d'acclimatation mineure par comparaison à la capacité des races à productions mixtes.

- *L'âge des animaux*

Les jeunes animaux s'acclimatent plus facilement que les adultes, car plus jeunes ils sont à leur plus haute valeur de leur plasticité et ils assimilent les nouvelles conditions environnementales plus facilement. Ainsi on peut les acclimater plus rapidement et mieux que les animaux adultes dont le développement est achevé. Pour cause, on préfère l'import de jeunes femelles gestantes, assurant ainsi une meilleure acclimatation aux nouveau-nés.

- *Le genre*

Normalement les mâles s'acclimatent plus facilement que les femelles, ce qui s'explique par le fait que les productions des mâles sont moins sollicitantes que les produits (le lait, la reproduction) des femelles

- *Les particularités climatiques (voir Figure 3.6)*

Les facteurs climatiques hautement différents, les vents dominants, les niveaux de climat, les isothermes²³, les isohyètes²⁴ et les zones de végétation des régions géographiques des fermes d'exploitation par contraste aux endroits d'origine hautement diminuent la capacité d'acclimatation des certaines races.

²³L'*isotherme* est figurée par la ligne qui unie les localités à même température moyenne par une période déterminée de temps.

²⁴L'*isohyète* est figurée par la ligne qui unie, sur une carte météorologique, les endroits d'une région ou les précipitations ont la même valeur par une période déterminée de temps.

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

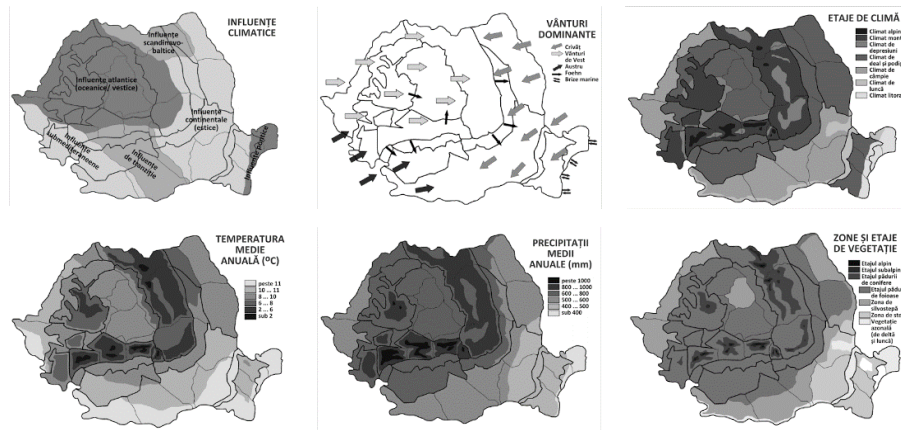


Figure 3.6. Unités de relief et éléments de climat et de végétation en Roumanie

D'après Tudose I., 2016, geografila.blogspot.com

Les isothermes et les isohyètes affectent plus fortement la capacité d'acclimatation des espèces dont la technologie d'élevage s'applique à de larges espaces (pâturages), à comparer aux espaces des animaux élevés en stabulation, en stalles.

3.9.2. La crise d'acclimatation

Les animaux transférés dans de nouvelles conditions d'environnement peuvent manifester une *crise d'acclimatation*.

Définition.

La crise d'acclimatation exprime la *totalité des difficultés physiologiques dont souffre l'animal les premiers ans depuis son transfert dans une autre zone géographique.*

Le problème est particulièrement important au cas des transactions (imports-exports) d'animaux de diverses zones géographiques. Pour cause, on recommande avant de réaliser la transaction commerciale, que les cartes zootechniques spécifiques de chaque région soient consultées. Les critères d'évaluation l'échec ou de la crise d'acclimatation sont la perte de masse vive, la basse résistance aux maladies, la longévité biologique et économique restreinte, la fertilité basse et les indices cliniques et constantes sanguines sont au-delà des limites physiologiques²⁵

²⁵ Pouls, respiration, température, constante hématologique, les valeurs moyennes de certaines enzymes sériques, etc.

Chaque fois qu'on étudie l'acclimatation des groupes ou des races d'animaux, les problèmes à résoudre sont complexes, s'imposant l'analyse de tous les critères de l'acclimatation²⁶ et la connaissance détaillée des particularités biologiques²⁷ des respectifs animaux. Pour prévenir les crises d'acclimatation, dans chaque pays on a étudié les zones géographiques où l'on recommande qu'une certaine race soit élevée. On dresse ainsi une distribution de certaines races sur certains territoires, sur la base des *cartes zootechniques*. En partant de la spécificité de chaque race, de la tendance de changement climatiques, les vents dominants, les niveaux de climat, les isothermes, les isohyètes et les zones de végétation nécessaires à la base fourragère, on peut proposer et soutenir une stratégie de subvention la distribution des animaux selon les cartes zootechniques (voir les cartes zootechniques pour les espèces majeures de ruminants figurées par les Figures 3.7 et 3.8).

3.10. La dégénérescence des races

Dans le monde des animaux, *dégénérescence* veut dire le processus de régression organique ou fonctionnelle jusqu'à la disparition des organes ou fonctions animales; la dégénérescence arrive au cours du développement individuel, soit par suite de l'action des intempéries, soit par suite de l'inactivité d'un organe. En termes zootechniques, la dégénérescence d'une race signifie *perte* des traits de valeur économique de génération en génération, due au non acclimatation, à une longue consanguinité, aux conditions d'élevage inadéquates, à l'alimentation et aux mutations.

²⁶ Un autre exemple de crise d'acclimatation proprement-dite est la tentative d'élevage de la race Shorthorn dans la Plaine de Bărăgan; la tentative a échoué, la crise d'acclimatation se manifestant par suite de la grande différence entre les facteurs climatiques et la végétation autochtone et ceux du pays d'origine, l'Angleterre.

²⁷ Une crise d'acclimatation s'est déclenchée lorsque des moutons Romney-Marsh, importées de la Nouvelle Zélande en 1976-1977, ont été placés au Nord-Ouest de Transylvanie. En termes du phénotype, en Roumanie la race Romney-Marsh a perdu de ses traits caractéristiques, surtout pour cause des conditions frustrantes d'élevage et exploitation. Même si à un regard hâtif beaucoup de critères de la non-acclimatation y figuraient (surtout durant le 2ème an après le peuplement) une analyse de détail, 20 ans après l'import, a montré que ce matériel biologique de valeur avait plongé à la baisse *non* pour cause de la non-acclimatation ; et les valeurs des indices cliniques et des constantes sanguines (proches du matériel importé dans les années '76 -'77) le confirmait. L'explication de l'apparente non-acclimatation venait des particularités biologiques de la race. La crise des moutons Romney-Marsh s'expliquait par son comportement alimentaire spécifique à l'égard du pâturage: cette race ne pâture pas en troupeau, comme le font les moutons locaux, mais dispersée; les chiens de la bergerie les ont stressées en essayant de les agréger, ce qui les rendait trop fatiguées pour manger leur plein de masse verte. De plus, la race exigeait aussi de l'eau de haute qualité, préférant de ne pas boire si l'a trouvaient non potable; et encore, les bergers devaient compenser le comportement maternel effacé des brebis par plus de soins accordées aux agneaux.

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

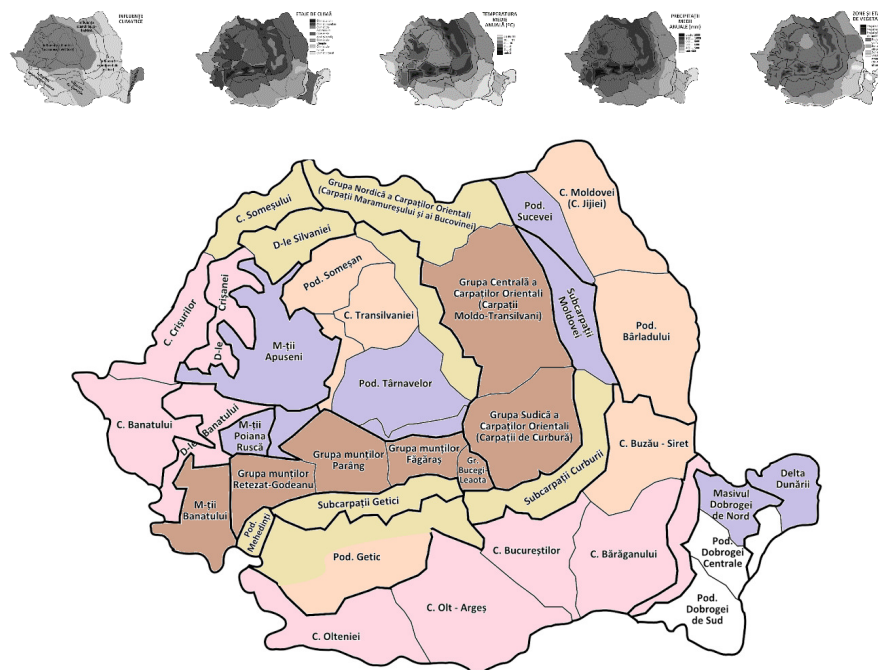


Figure 3.7. La carte zootechnique du bétail en Roumanie

La Tacheté de Noir Roumaine, améliorée avec Holstein-Friesen (type productif lait, 700 kg masse vive, 6500kg lait/lactation, à 3,9% graisse et 3,3% protéine) dans la Plaine de l'Ouest.

La Tacheté avec Noir Roumaine, améliorée avec Frise Européenne (type productif lait-viande, 650 kg masse vive, 5500kg lait/lactation, à 3,9% graisse et 3,3% protéine) dans la Plaine de Sud et la Plaine Moldave.

La Tacheté Roumaine, améliorée avec Red Holstein (type productif lait-viande, 650 kg masse vive, 5500kg lait/ lactation à 4,07% graisse et 3,4% protéine) en Transylvanie, Banat et les zones d'altitude de jusqu' à 600m.

La Tacheté Roumaine améliorée par croisement avec Simmental et (en certaines cas) avec la race Charolais, Bleu Blanc Belge et Limousin (type productif viande-lait, 650 kg masse vive, 4500kg lait/ lactation à 4,0% graisse et 3,04% protéine) en Ardeal et Banat, à l'altitude 600-1000m.

La Brune de Maramureș, améliorée avec Brown Swisset Schwyz (type productif lait-la viande, 575 kg masse vive, 4500kg lait/ lactation a 4,00% de graisse et 3,45% protéine) Maramureș et L'Arc alpino-carpatique à l'altitude de 800m.

La Brune de Maramureș, améliorée avec Schwyz suisse (type viande-lait, 600 kg masse vive, 3500kg lait/ lactation à 4,4% de graisse et 3,45% protéine) en Maramureș et L'Arc alpino-carpatique à l'altitude de 800-1200m.

Pinzgau de Transylvanie améliorée avec souches de Pinzgauer précoce Autrichien, Abondance et Limousin (type productif viande-lait, 575 kg masse vive, 2700kg lait/lactation à 4,2% graisse et 3,4% protéine) dans les trois zones traditionnelles dans le Delta du Danube.

Aubrac et hybrides Aubrac x bétail Brune de Carpates (type productif viande-lait, 550 kg masse vive, 6500kg lait/lactation à 4,2% graisse et 3,40% protéine) dans les Carpates méridionales et orientales à l'altitude de 1200m.

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

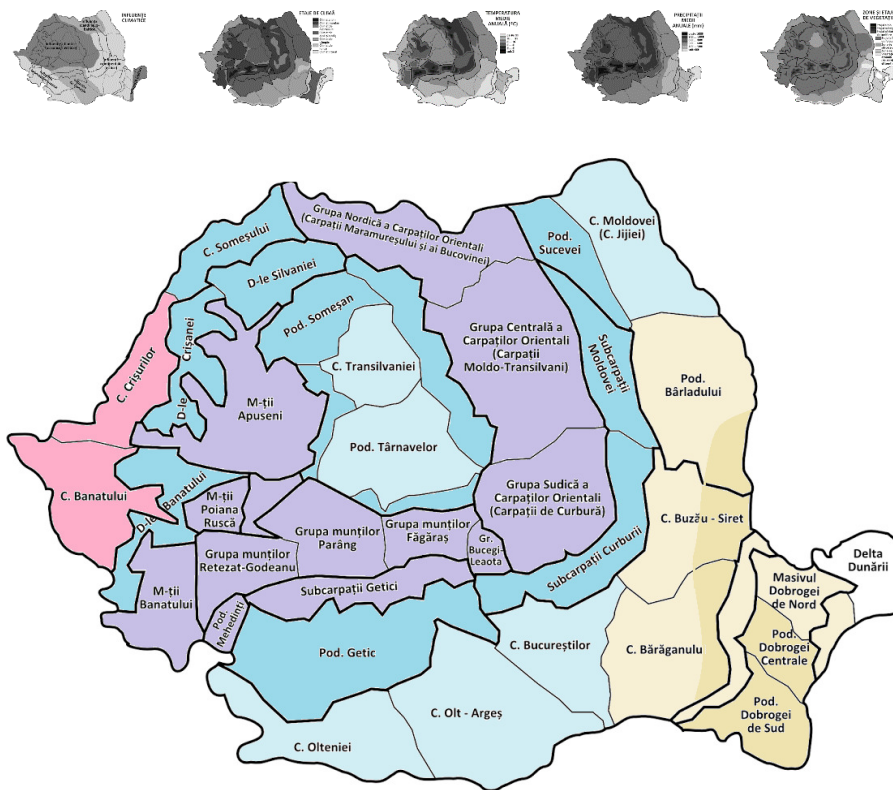


Figure 3.8. Carte zootechnique des moutons de Roumanie

Mérinos de l'Ouest créé par croisement des races Ile de France et Merinolandscaf avec divers types de Mérinos de la Plaine de l'Ouest (type productif viande-laine, 120 kg masse vive les béliers, 80kg masse vive les moutons, 5 kg laine fine, viande de haute qualité, gain moyen par jour 300g) dans la Plaine de l'Ouest.

Mérinos de Pallas dans la Plaine du Sud, (type productif laine-viande, 90 kg masse vive les béliers, 70kg masse vive les moutons, 4 kg laine fine) dans la Plaine Moldave de Sud et le Plateau de Bârlad.

Țigaie améliorée avec Suffolk et SamborskaȚigaie (type productif viande-lait, 100 kg masse vive les béliers, 80kg masse vive les moutons, 4 kg laine semi-finie, viande de bonne qualité, gain moyen par jour 300g) dans les zones de plateau et collinaires d'altitude de jusqu'à 600m.

Țurcana améliorée avec Awassi et Frise (le type productif lait-la laine, 70 kg masse vive les béliers, 50kg masse vive les moutons, 5 kg laine grossière, agnelles pour des croisements stratifiés) dans les Carpates, en haut de 600m.

Proposition pour la période 2020-2040

La dégénérescence est un phénomène contraire à l'acclimatation qui surgit lorsque l'organisme ne peut pas s'adapter à de nouvelles conditions d'environnement, les changements menant à perte de productivité, viabilité, fécondité et prolificité. La dégénérescence se manifeste plus intensément chez les femelles qu'aux mâles. Les premiers signes de dégénérescence sont les troubles de la fonction de reproduction, exprimés par la baisse de fécondité et prolificité. Chez les générations ultérieures, qui naissent dans de nouvelles conditions de milieu, on constate la baisse de la masse et la taille corporelles caractéristiques de l'âge adulte; aussi, la baisse de production (par cela les animaux devenant peu rentable en termes biologiques et économique) de résistance aux maladies et une constitution affaiblie. Selon la cause et le type de changements survenus, la dégénérescence peut se manifester comme *débilitation*, ou *dégénérescence proprement-dite*.

Définition.

La *débilitation* d'un animal implique l'existence d'un état de faiblesse accompagnée par de basse résistance aux efforts et maladies; on va aussi remarquer la diminution des productions et de la masse corporelle.

La *dégénérescence des races* implique une perte totale ou partielle de traits morphologiques ou fonctionnels caractéristiques du genre ou de l'espèce, par suite de l'action des facteurs environnementaux ou héréditaires.

La dégénérescence proprement-dite implique les deux aspects suivants:

- *la dégénérescence biologique* exprime perte de qualités naturelles, normales, jusqu' à la limite où l'existence de l'animal est périlicé; la dégénérescence biologique se manifeste par le changement profond des fonctions vitales (baisse de fertilité jusqu'à infécondité, baisse de résistance aux maladies, et de vitalité, etc.).
- *la dégénérescence économique ou productive* exprime une chute de production jusqu'à la limite où l'animal devient peu rentable; la dégénérescence économique se manifeste comme conséquence de la diminution des caractères de race de valeur (taille, productions, masse corporelle, etc.)

Les facteurs majeurs qui déterminent la dégénérescence des races sont les suivants:

- pathologies par technologie, l'exploitation unilatérale excessive et les soins défectueux ;
- non acclimatation;
- consanguinité;

SYSTÉMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACLIMATISATION

- sous-alimentation;
- mutations;
- agents pathogènes qui induisent des maladies.

La dégénérescence des races est un processus complexe qui peut surgir non seulement du fait que les animaux ne peuvent pas assimiler les nouvelles conditions du milieu (trop différents de la zone de formation) mais aussi pour cause des facteurs artificiels, nécessaires mais défectueusement offerts. La dégénérescence des races surgit donc, même si les bonnes conditions naturelles environnementales y sont, pourtant l'alimentation, le logement, l'exploitation rationnelle, la sélection et le pairage ne sont pas satisfaisants.

La zootechnie du 20ème siècle en Roumanie a connu les mêmes déceptions causantes de dégénérescence, à voir:

- les vaches rustiques Grise de Steppe de la ferme Pădureni, sous-alimentées et surexploitées, sont tombées malade de la tuberculose;
- le bétail Hereford élevé auprès d'Agnita et les vaches Aberdeen-Angus élevées auprès de Berzovia, ont dégénérées pour manque de végétation au pâturage (surtout en été);
- le bétail Holstein-Friesen de Vladimirescu (proche d'Arad) a dégénérée pour cause du sur-fourragement, à des rations acides.

Les pertes causées par la dégénérescence des races sont particulièrement hautes. La baisse de la production, de la fécondité et de la prolificité seront accompagnées par la hausse de réceptivité à diverses maladies infectieuses beaucoup plus fortement ressenties par les individus dégénérés, lesquels deviennent ainsi porteurs d'agents à haute pathogénie, susceptibles d'affecter les autres animaux. Pour cause il faut connaître les sources de la dégénérescence et des contre actions précoces, déjà dès l'apparition des premières signes de péril, surtout à l'égard des conditions environnementales artificielles.

3.11. Aspects clés de la systématique de l'élevage

1. La population est, à bien des égards, un groupe d'animaux isolés sur le plan de la reproduction
2. L'espèce est le plus grand groupe d'animaux capables de se reproduire pour produire une progéniture fertile.
3. La race est un agrégat de populations artificielles dont le troupeau est suffisamment grand pour évoluer sous l'influence d'un programme d'élevage.
4. Le standard de la race est une description des caractéristiques de l'animal «idéal» obtenu en mettant en œuvre un programme d'élevage d'une race standardisée.
5. L'adaptation est le processus que subissent les animaux lorsqu'ils sont transférés dans des conditions pédoclimatiques, ce qui leur donne certaines caractéristiques, mais sans diminuer la capacité de production, la fécondité, la prolificité et la vitalité.
6. La crise d'acclimatation représente la totalité des difficultés physiologiques que l'animal rencontre dans les premières années après son transfert dans une autre zone géographique.
7. La dégénérescence raciale implique la perte totale ou partielle des caractéristiques morphologiques ou fonctionnelles caractéristiques du genre ou de l'espèce, en raison de l'action de facteurs environnementaux ou héréditaires.

Chapitre I. 4

CARACTÉRISTIQUES MORPHO- PHYSIOLOGIQUES ET PRODUCTIVES DES ANIMAUX DOMESTIQUES

On observe, quantifie et compare les traits des animaux par l'étude de leur aspect extérieur. L'évaluation de l'extérieur des animaux est une activité déployée par étapes. Tout d'abord on observe et évalue un animal selon sa conformation corporelle, pour déterminer son type morpho-physiologique et productif, sa condition corporelle et le tempérament, ainsi qu'en estimant sa capacité de production zootechnique et le type de production. D'un point de vue pratique l'étude de l'extérieur estime la capacité des animaux à résister aux conditions d'exploitation à différents niveaux productifs et reproductifs.

Ensuite, dans l'étape suivante on évalue les animaux en termes de: *i. l'origine; ii. la croissance et le développement corporel; iii. la conformation corporelle et la constitution; et pour en finir avec, iv) la production réalisée effectivement* (à voir *Pratique. Déterminer la classe générale des animaux reproducteurs*); ainsi va-t-on déterminer facilement la valeur zootechnique d'un animal. Par l'approche de l'origine, l'étude de l'extérieur permet d'en arriver au phénotype des animaux, en vue de continuellement améliorer le cheptel, en tenant compte des informations sur la valeur zootechnique des animaux. Respectivement: *appartenance à une race*, l'origine (voir le pedigree, la consanguinité, le degré d'apparentage ou la classe partielle en base de l'origine); *croît et développement* (à voir la somatométrie - *mesures corporelles*, déterminer la classe partielle en base du développement corporel et de la constitution); *conformation corporelle-constitutionnelle*, les défauts (à voir la valeur économique, l'évaluation linéaire de l'extérieur, détermination de la classe partielle en base de la conformation-constitution); et *classement de l'animal sur ses performances productives* (à voir la détermination des classes partielles en base du niveau productif).

L'importance de l'étude de l'extérieur, quoique subjective, consiste, tout d'abord, à permettre l'exclusion de la reproduction des individus qui, bien qu'ayant de hautes productions, à cause de l'extérieur ne peuvent manifester ce potentiel productif à long terme. De plus, qui de plus est, certaines productions se relient aux femelles (par leurs productions, de lait, d'œufs, etc.) mais on réalise plus facilement l'amélioration des performances d'une génération à l'autre (voir *Partie 2^{ème}, Amélioration du cheptel*) par les mâles; en ce cas, on fait évaluer les mâles indirectement, en se basant sur des traits et des performances des femelles d'apparentage (mères, filles, etc.).

Ce chapitre aborde des aspects des prémisses de l'évaluation du cheptel (marquage et identification), et des méthodes d'évaluation de l'extérieur, surtout l'inspection de synthèse de l'extérieur.

4.1. L'évaluation de l'extérieur et le potentiel productif du cheptel

Le croissance, l'amélioration et l'exploitation rationnelle du cheptel seront efficaces au cas où l'on connaît leurs traits individuels, c'est à dire les caractéristiques morphologiques, physiologiques et productives. Les premières et plus faciles informations qu'on peut observer lors de l'évaluation des traits du cheptel sont les caractères extérieures, dites *caractères d'extérieurs*.

Définition.

Par l'extérieur des animaux on comprend la totalité des aspects extérieurs des corps des animaux qui fournissent des indices sur leur valeur économiques et zootechniques. La base scientifique de l'évaluation de la valeur du cheptel en base de l'extérieur constitue le lien indissoluble d'entre fonction et forme.

Le professeur français *Claude Bourgelat* (2eme moitié du 17eme siècle) est considéré comme le fondateur de l'étude scientifique de l'extérieur; il a proposé un prototype de cheval¹, modèle idéal duquel s'en servir pour l'évaluation comparative des autres.

L'évaluation du cheptel doit être multilatérale; l'étude de l'extérieur constitue une première étape de l'évaluation d'un animal. En cette étape on estime la capacité d'un animal de réaliser une certaine production à un moment donné. En approche analytique, l'étude de l'extérieur nécessite l'évaluation de la conformation corporelle, la détermination du type morpho-physiologique, du type productif, de la condition corporelle et du tempérament. En pratique l'étude de l'extérieur estime la capacité des animaux à résister aux conditions d'exploitation à hauts niveaux productifs et reproductifs.

Du point de vue pratique, l'évaluation du cheptel une fois acquise permet de faciliter son classement devient facile, des animaux en classes de valeur: ainsi le classement et la hiérarchie des animaux deviennent possibles, en jugeant sur les classes partielles en basées sur: *i. origine; ii. la croissance et développement corporel; iii. conformation corporelle et constitution; et, finalement, iv. classe partielle en base de la production effectivement réalisée*, en ce cas encadrant les animaux en classes zootechniques valériques (record, élite, classe lère, classe seconde).

¹Le canon du Bourgelat a été justement critiqué pour ne pas toucher à l'aspect de proportion d'entre les diverses parties constitutives du corps, en base de la direction de spécialisation de la race.

L'étude de l'extérieur est important (même subjectivement) car il consiste tout d'abord à permettre le classement des animaux et à leur discrimination en vue de la reproduction.

Il faut voir l'extérieur (les formes des zones corporelles et de leur attachement, associées au déroulement normal des fonctions vitales) en unité. Plus sont annotées les différences notées, meilleure est l'inspection de l'extérieur.

4.2. Marquage et identification des animaux

Les prémisses d'une bonne inspection de l'extérieur des animaux part du marquage et de l'identification correcte des animaux à examiner.

Le marquage est une opération qui permet l'*identification* ou l'*individualisation* d'un animal ou de plusieurs animaux, consistant en l'application d'un ou plusieurs signes conventionnels, de courte durée (par *tonte*, *teinture* ou *médailleurs*) ou permanente (par *marquage à froid*, *clips*, *tatouage*, *étiquettes oreilles*, *micro puces* ou *anneaux*), sur diverses zones du corps. Une bonne technique de marquage serait celle qui est facilement exécutable, applicable le plus tôt possible postpartum, non douloureuse, non stressante, non préjudiciable de la valeur de l'animal, non-dupliquable, facilement lisible, durable pour la vie de l'animal, et économique.

L'identification permet l'individualisation de certains animaux, ou de certains groupes du cheptel (par rapport à d'autres), par couleur, par particularités de couleur et par marquage (tatouage, étiquettes oreilles, clips, etc.). L'identification permet l'association des animaux avec les documents d'inspection de l'extérieur, les évaluations économiques et le transport ; ainsi que l'association avec les informations sur l'origine de l'animal, mais aussi les informations épidémiologiques et sanitaires.

On identifie le cheptel grâce aux documents, signalements, signes conventionnels marquées sur le corps, ou à l'intérieur du corps (ex. micro puce à RFID²) des animaux.

4.3. Méthodes utilisables d'évaluation de l'extérieur

On peut examiner l'extérieur des animaux à l'œil nu – *somatoscopie*; par des mesures corporelles – *somatometrie*; ou par enregistrement graphique – *somatographie*; on peut compléter ces méthodes par l'enregistrement vidéo des animaux.

² RFID – *Radio Frequency Identification Device*

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

4.3.1. Somatoscopie

Par somatoscopie on entend l'inspection de chaque partie du corps: la tête, le cou, les régions dorsales du tronc, les régions latérales, crânielles et caudales, les régions des pieds, des tiers antérieurs et postérieurs, à partir des parties proximale vers les parties distales.

Définition.

Somatoscopie veut dire inspection visuelle d'un animal qu'on examine, sur un terrain plat, illuminé naturellement. L'inspection de l'extérieur se fera de profil, en arrière, en frontale, de distance et de près.

La somatoscopie est expéditive et les conclusions peuvent en être subjectives; néanmoins l'inspection visuelle est essentielle lorsqu'on examine l'extérieur; on peut aussi la compléter avec d'autres procédures auxiliaires, pour éviter la subjectivité: des mesures corporelles, des photos, des enregistrements vidéo, etc.

4.3.2. La somatometrie (mesures corporelles)

En mesurant on obtient des données sûres à l'égard du développement de diverses régions de l'organisme dans son ensemble, ainsi que sur la proportionnalité des diverses régions du corps.

Définition.

Somatométrie, mesures corporelles et biométrie veulent dire mesurer les principales dimensions et angles du corps animal.

Pour prendre les mesures corporelles on utilise les outils suivants:

- *le zoo mètre* (bâton à mesurer, bâton *Lydtin*) utilisé pour mesurer les hauteurs, les largeurs et les longueurs;
- *le compas Wilkens*, est utilisé pour mesurer les minces dimensions de la région de la tête, la croupe et du thorax; ses deux bras semi-circulaires sont unis à la base, et les pics s'achèvent en deux billes; un arc de cercle fixé près de la base, à divisions, indique par chaque division la distance de 1 cm entre les pics des bras;
- *le ruban* est utilisé pour mesurer les périmètres;
- *la règle* est utilisée pour mesurer le pis;
- *le goniomètre* est utilisé pour mesurer les angles des os du corps animal, tels les angles (respectivement) scapulo-huméral, huméro-radial, métacarpo-phalangien, coxo-fémoral, fémoral-tibial, tibial-tarse-métatarsien, et métatarsien-phalangien; à l'aide du goniomètre on mesure les relations de longueur, les facteurs de direction et d'inclinaison, et les angles de l'appareil

locomoteur, tous très importants pour toucher aux vitesses et forces désirées;

- *la balance* est utilisée pour mesurer la masse corporelle.

Dans certaines situations on peut recourir à l'évaluation de la masse corporelle par *barimétrie*³ et/ou *nomogramme*⁴. Les deux méthodes sont basées sur l'existence de fortes corrélations et régressions entre les diverses dimensions des régions corporelles et la masse corporelle.

Les mesures corporelles se classifient en: *mesures de masse, de conformation et du croît*.

Les mesures de la masse expriment le développement corporel, à l'égard de la taille (hauteur au niveau du garrot, parfois remplacée par la hauteur au niveau du tiers postérieur), longueur du tronc, largeur du thorax et de la croupe, périmètre thoracique, périmètre du jarret et masse corporelle.

Les mesures de la conformation expriment le degré de développement de diverse régions et la proportionnalité des divers segments et régions corporelles. Les mesures de la conformation (Figure 4.1) incluent les mesures de la masse, auxquelles on ajoute: la hauteur à la ligne du dos, la hauteur au niveau de la croupe et a base de la queue; la longueur du thorax, du dos, des lombes, et de la croupe; la largeur de la croupe, du thorax, et des lombes; les mesures du pis, etc.

Les mesures de la croissance expriment l'évolution de la croissance des jeunes animaux. On va utiliser les mesures obtenues de trois façons, à voir: en mesures absolues (cm, kg); en valeurs relatives; et en indices corporaux.

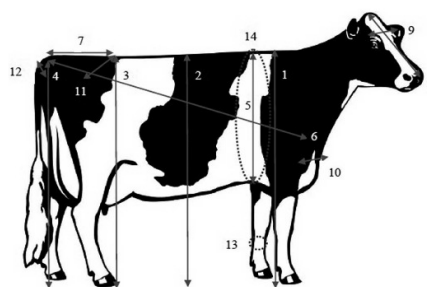


Figure 4.1. Les principales mesures la taurine

1 – hauteur au niveau du garrot; 2 – hauteur à la ligne du dos; 3 – hauteur au niveau de la croupe, 4 – hauteur à la base de la queue; 5 – périmètre thoracique; 6 – longueur oblique du tronc, 7 – longueur de la croupe; 8 – longueur de la tête; 9 – largeur de la tête; 10 – largeur du thorax, 11 – largeur de la croupe au niveau de l'ilium; 12 largeur de la croupe à la pointe ischiale.

³ La **barimétrie** estime la masse corporelle par les relations mathématiques de certaines dimensions corporelles, telles que le périmètre thoracique, la longueur du tronc, la taille, etc.

⁴ Le **nomogramme** est une représentation graphique 2D en lignes graduées, de la relation de dépendance de deux ou plusieurs dimensions variables; ici le nomogramme sert à déterminer rapidement, sans calculer, les valeurs des mesures de la masse corporelle, en rapport a d'autre dimensions telles la taille, la longueur du corps, le périmètre thoracique et le SBC.

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

Les mesures absolues s'utilisent pour déterminer le développement corporel et le degré d'homogénéité ou variabilité des animaux d'un groupe. Les valeurs absolues (V_a) des dimensions corporelles fournissent des indices sur la proportionnalité du corps. On compare les mesures absolues d'une région corporelle aux mêmes mesures d'un individu, ou d'un groupe d'individus, ou à d'autres races ou au standard de race.

Les mesures relatives expriment le rapport d'entre la valeur absolue (V_a) d'une dimension et une autre, indiquant le degré de développement corporel; ex. la hauteur au niveau du garrot (voir la relation 4.1). Les valeurs relatives (V_r) des dimensions du corps d'un animal fournissent des informations sur la proportionnalité de son corps, indiquant son classement, en unités taxonomiques caractéristique de sa race ou ligne.

$$V_r = \frac{V_a}{\text{hauteur au garrot}} \times 100 \quad 4.1$$

Les indices corporaux sont des valeurs relatives, résultées du rapport de deux dimensions en relation morphologique et physiologique. On classifie les indices corporaux en plusieurs groupes: indices *de forme*, indices *de la constitution* (indice de massivité, de capacité, du squelette, thoracique, dactylo-thoracique), indices *mécaniques* (tel l'indice du vide sous-sternal), etc.

Les indices corporaux sont utilisés pour l'évaluation de la croissance, ainsi que pour identifier les races, puisque la valeur moyenne des indices de race exprime les particularités de conformation et la concordance avec la production de la race. Généralement, la valeur de ces indices manifeste d'importantes variations, qui dépendant de l'âge, de la race, du genre et du type morpho-productif.

4.3.3. La somatographie

La somatographie donne des informations graphiques sur un animal; selon la modalité appliquée, les possibilités financières et la valeur de l'animal, les informations graphiques peuvent être réalisées par des photos, par détails du modèle robage (ensemble des couleurs et des particularités pileuses), par la méthode des rectangles, etc.

Les photos, de norme générale (voir Figure 4.2), seront prises de profil, d'en arrière, frontales et d'en haut.

La photo de profil s'obtient en posant la caméra de manière à se que l'axe de son objectif s'aligne au niveau de la dernière côte, juste au milieu, en angle droit avec le plan longitudinal de l'animal.



Figure 4.2. Somatographie par photos

De gauche à droite: photo latérale (côté droit), photo avant (gauche) et photo arrière (droite).

Les photos d'en derrière et frontales seront prises par posant la caméra de manière que l'axe de son objectif se trouve parallèle au plan (médian) de la position de l'animal, en visant à la moitié de son hauteur.

La photo d'en haut sera prise par posant la caméra de manière que l'axe de son objectif se trouve en plan médian de l'animal, visant la pointe d'attachement de la dernière côte à la colonne vertébrale, en angle droit par rapport à la ligne du dos de l'animal. N'importe quelle déviation de l'axe de l'objectif de la caméra par rapport aux plans et les positions décrites va causer des changements (parfois intentionnel) des proportions des régions corporelles de l'animal et de ses particularités; ex. si on prend une photo du côté latéral d'une vache laitière, et que l'axe de l'objectif de la caméra est posé à un angle de moins de 90° par rapport au tiers postérieur, cela va mettre en relief un tiers postérieur et un pis surdimensionnés, en désaccord avec la réalité. On a recours à la méthode des photos surtout pour les reproducteurs de valeur et les animaux qui sont au top, et aussi pour voir comment l'extérieur des parents est-il transmis aux descendants. Les photos apparaissent dans des catalogues de reproduction, de promotion, etc.

Les films vidéo enregistrent sur de divers supports l'extérieur, le comportement, et l'allure – le mode caractéristique de mouvement des animaux. Ce type d'enregistrement permet de voir les animaux dans diverses positions, durant différentes hypostases; le film vidéo permet de garder longtemps la mémoire des animaux, de ceux qui ont disparus. Les informations obtenues seront traitées de manière à ce que l'on puisse ainsi apprécier la masse corporelle, le comportement et de diverses allures – au pas, au trot, au galop, etc.

4.4. Inspection de l'extérieur des animaux

On évalue les animaux selon leur aspect extérieur grâce à plusieurs méthodes, telles sommaire, analytique et de synthèse. Quelque soit la méthode appliquée, l'évaluation de l'extérieur des animaux requiert que l'évaluateur connaisse aussi bien la théorie que la pratique, et ait esprit d'observation bien développé.

4.4.1. L'inspection sommaire

À son premier contact avec l'animal, l'observateur va déployer son inspection sommaire par observation, il va ainsi pouvoir classer l'animal dans son type ou standard de race, et évaluer ce qui le frappe: la particularité, qualité ou défaut, ce qui individualise l'animal parmi ses pairs du groupe soumis à l'inspection.

4.4.2. L'inspection analytique

Lorsque de l'inspection analytique, scolastique, du corps de l'animal, on aura en vue trois segments (*les tiers*) :

- *le tiers antérieur*, délimité par les plans rostral et transverse qui passent par l'angle caudo-dorsal de l'épaule ;
- *le tiers moyen*, délimitée par les plans transverses qui passent par l'angle caudal-dorsal de l'épaule et l'angle externe du l'ilium;
- *le tiers postérieur*, délimité crânialement par le plan anatomique transverse qui passe par l'angle externe de l'ilium.

En pratique, lorsqu'on déploie l'inspection analytique de l'extérieur, on note quatre groupes de régions corporelles, à voir: la tête, le cou, le tronc et les pieds. L'importance accordée aux diverses régions dépend du type de production de l'animal spécialisé inspecté; ex. chez les vaches laitières trois groupe de régions qui sont d'une importance tout particulière, à voir: les pieds, la glande mammaire et le tiers postérieur.

Excepté la forme, la taille, l'attachement et l'extension des régions corporelles, l'inspection analytique requiert que l'on identifie les traits de qualité ou défaut, soit au niveau des régions, soit de leur attachement.

Les traits de beauté expriment, en termes zootechniques, la vision esthétique (par proportionnalité, symétrie ou excentricité), ainsi qu'(en termes de fonctionnalité) la correctitude, l'utilité et la bonne marche de l'organe, associée au type morpho-productif.

Du point de vue zootechnique du terme, la beauté peut être *absolue*, lorsque les caractéristiques de l'extérieur sont les mêmes pour toutes les espèces ou les types morpho-productifs; ou bien est-elle *relative*, lorsque ces caractéristiques sont seulement d'une certaine race ou type productif.

Les défauts, les tares, les vices et les maladies sont diamétralement opposés (en termes de sens et fonctionnalité) aux qualités décrites en haut; en voilà une description ici-bas.

Les défauts donnent l'aspect *laid*, disproportionné ou asymétrique d'une région de l'organisme, ou de l'organisme tout entier.

Les tares sont des séquelles d'accidents ou de maladies survenues avant ou après la naissance d'un animal, un indice de la basse résistance de l'animal aux maladies. Les tares se trouvent dans la peau, les os, les articulations et tendons. Selon l'emplacement et la consistance, les tares sont *molles* (*molletes*⁵ *vessigones*⁶ et *hydarthroses*⁷) et *dures* (*exostoses*⁸).

Les vices expriment l'agressivité de l'animal, ses mauvaises habitudes et ses maladies chroniques incurables. Les vices diminuent la valeur économique des animaux, les poussant vers la réforme. Pratiquement l'inspection analytique de l'extérieur veut dire l'observation détaillée et l'évaluation correcte de chaque région corporelle par analyse de la base anatomique de l'animal, de sa taille, forme, directions, limites, attachement de certaines régions de l'organisme aux autres, observation des qualités et de la beauté de leurs organismes, ainsi que l'inspection des éventuels défauts et vices, de leurs tares ou maladies.

4.4.3. L'inspection de synthèse de l'extérieur

L'inspection de synthèse de l'extérieur implique un examen de synthèse du développement corporel, de la conformation de l'ensemble d'un animal, de sa conformation générale (la conformation du corps, du tronc, de la tête, des pieds, de l'aspect des téguments et du robage), de la constitution, de la condition corporelle, du tempérament et du type productif, ce que l'on va détailler dans le chapitre suivant.

⁵**molletes**: de petites saillies sphériques, molles, à contenu synovial, situées au niveau de la cheville; causent boitement et baisse de la capacité d'effort de l'animal.

⁶**vessigons**: vésicules articulaires ou tendineuses, molles et fluctuantes, au niveau des articulations des genoux et des jarrets, formées par l'accumulation d'exsudat séreux dans la cavité articulaire, relâchant les fonds des sacs synoviales.

⁷**hydarthroses**: *hydropisies* (rétention d'eau dans les tissus et cavités) des synoviales articulaires

⁸**exostoses**: *néoformations* squelettiques, post traumatiques ou inflammatoires, surtout chez les chevaux.

4.5. Analyse synthétique de l'extérieur

Ce type d'analyse implique plusieurs aptitudes de pensée logique, causale, d'évaluation, synthétique, d'analyse des informations notées ou mesurées. De plus des fois l'analyse synthétique de l'extérieur suit la séquence décrite ici bas.

4.5.1. Développement corporel

On évalue le développement corporel à partir des mesures, en principal de masse corporelle et de taille. En général un bon développement corporel assure une meilleure production. Ainsi une corrélation positive existe entre développement et production viande/ énergie. Cette corrélation se maintient pour la production laitière, mais seulement jusqu'à une certaine limite de masse, spécifique pour chaque race. Le développement corporel constitue le caractère de la race et, pour les vaches, on peut rencontrer les situations illustrées dans la Figure 4.3.

Le développement corporel permet l'évaluation des conditions de croissance données, assurées aux animaux, en sachant que, dans des conditions impropres d'alimentation et soins, les animaux ne se rapprochent pas du standard de développement corporel de leur race. La qualité du croissance des jeunes animaux se constitue en étape ontogénétique majeure, par laquelle le potentiel génétique se matérialise en capacité productive et, plus tard, en productions effectivement réalisées.

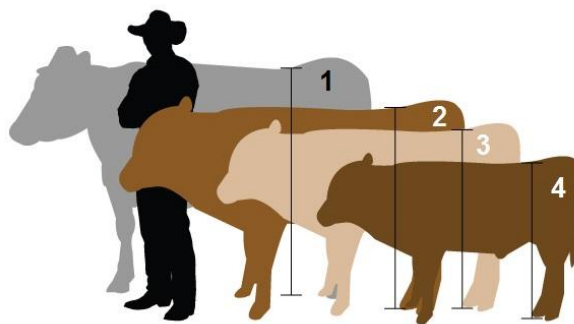


Figure 4.3. L'évaluation du développement corporel des vaches selon la hauteur mesurée au niveau du tiers postérieur

Dimensions corporelles des vaches, comparativement à la taille humaine: 1. *racés standard* (hyper métriques: taille haute de jusqu'à 155 cm); 2. *racés eumétriques* (taille de 105 à 125 cm); 3. *racés hypsométriques* (taille de 90 à 105 cm); et 4. *racés miniaturées* (mini taille, normalement sous 90 cm).

On peut évaluer le développement corporel à l'œil nu et à partir des mesures de la masse et de la taille; parfois, en plus de ces mesures on inclut aussi la longueur oblique du tronc, le périmètre thoracique, et le périmètre du jarret.

4.5.2. Conformation des animaux

Il faut évaluer la conformation en se basant sur l'aspect de la conformation d'ensemble, de la conformation du corps, du tronc, de la tête, des pieds, et de l'aspect des téguments et de l'enrobage.

Définition.

La conformation de l'extérieur des animaux reflète la structure physique générale du corps et de ses parties, à l'égard du mode d'inter-attachement, des rapports, des proportions et de leurs positions, ainsi que de l'aspect des téguments et de l'enrobage.

i. Conformation d'ensemble de l'animal

On évalue la *conformation générale*, ou *l'étude d'harmonie d'ensemble* à l'aide *des rapports* d'ensemble, de la hauteur, la longueur et la largeur, par les rapports du tronc et des pieds, à partir desquels on détermine *le type morphologique* de l'animal.

Les rapports d'ensemble dépendent de l'évaluation de l'animal sous l'aspect de la correct du développement et de la proportionnalité de ses régions. Les plus importants rapports d'ensemble concernent le profil corporel et le format corporel.

On évalue le *profil corporel* selon le contour géométrique encadrant le tronc de l'animal, en considérant la ligne supérieure du tronc, la ligne thoracique-abdominale, l'extrémité antérieure du thorax et d'une des régions caudales.

Voici quelques profils corporels du bétail d'intérêt zootechnique.

- *Profil corporel trapézoïdal*

Le profil corporel trapézoïdal est caractéristique des vaches laitières et de labour, ainsi que des lévriers. Les races de vaches laitières (voir Figure 4.4) ont le profil trapézoïdal, la base longue à la partie caudale du tronc; tandis que les lévriers et les coursiers ont le profil corporel trapézoïdal la base longue à la partie crâniale du tronc. Un profil trapézoïdal est, de même, observable chez les volailles des races légères, bonnes pondeuses, ex. les poules *Leghorn*, voir Figure 4.5).

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

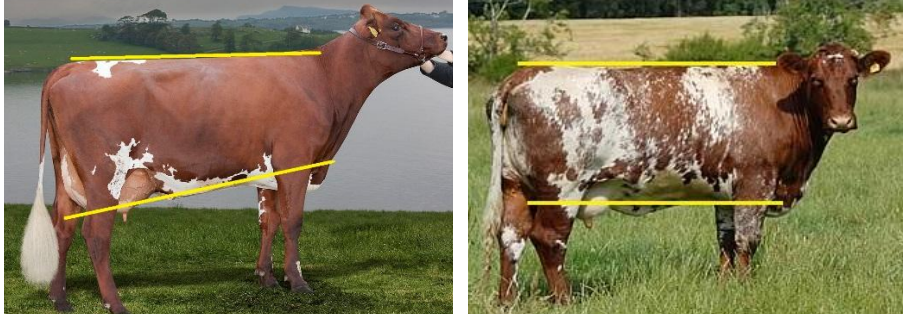


Figure 4.4. Profil vaches selon la production spécifique

Le profil trapézoïdal de la vache laitière *Rouge Norvégienne* (gauche); et le profil rectangulaire de la vache viande *Shorthorn* (droite)

Le tiers antérieur des races primitives de plusieurs espèces de bétail est plus développé que le postérieur, donc le format corporel tend vers la forme trapézoïdale, la base longue envers la partie crânienne du tronc.

- *Profil corporel rectangulaire*

Le profil corporel rectangulaire est caractéristique pour les races de vaches viande (*Aberdeen Angus, Hereford, Charolaise, etc.*), pour les chevaux et pour les volailles lourdes ou mixtes (*Sussex, Rhodes-Island, New Hampshire*).

- *Profil corporel ovoïdal*

Le profil corporel ovoïdal est spécifique pour les races de volailles combattantes (*Combattants anglaise, Combattants Malaisienne, Combattants d'Aseel*), contour du tronc de l'animal ovoïdal.

Le *format corporel latéral* est dû au rapport des divers dimensions corporelles, surtout de la taille et la longueur oblique du tronc, synthétiquement exprimée par l'*indice du format corporel latéral* exprimant le rapport (pourcentage) de la longueur du tronc et la taille de l'animal, selon la relation 4.2.

$$I.f. \% = \frac{\text{Longueur oblique du tronc}}{\text{Taille de l'animal}} \times 100 \quad 4.2$$



Figure 4.5. Profil corporel volailles selon la production spécifique

Profil corporel **trapézoïdal** des races pondeuses (*Leghorn*); profil corporel **rectangulaire** des races mixtes (*New Hampshire*); profil cercle ou **rond** des races viande lourdes (*Brahma dorée*); et profil **ovoïdal** des races combattantes (*Combattants Malaisienne*).

Le format corporel latéral des principales espèces de bétail peut être:

- **format corporel haut** (*i.f.* < 100%), lorsque la taille dépasse la longueur oblique du corps; le format corporel haut est caractéristique pour des chevaux d'équitation (Pure Sang Anglais) et pour les lévriers;
- **format corporel carrée** (*i.f.* = 100%), lorsque la taille et la longueur oblique du tronc sont égales, ou la différence ne dépasse pas 1-2%; le format corporel carré est caractéristique pour les chevaux de trait léger ou d'équitation, et pour les races de volailles lourdes asiatiques;
- **format corporel rectangulaire** (*i.f.* > 100%), la longueur oblique du tronc supérieure à celle de la taille, caractéristique pour les races lourdes de chevaux, les cochons, les races de vaches viande, etc.

Le format corporel est du au type de production, au genre (les mâles de valeur supérieure), à l'âge, à la production spécifique, etc.; ex. chez les vaches laitières adultes, la valeur de l'indice du format est de 118-120%, chez les mixtes 120-122% et chez les viandes 122-125%; chez les chevaux d'équitation adultes l'indice format est moins de 99%, chez les carrossiers 99-101%, et chez les chevaux de trait de plus de 101%. Donc le format et le profil corporel varient par rapport à l'espèce, au type d'aptitude, à la race, à l'âge (Figure 4.6), au genre, aux conditions du croît durant la période intra-utérine et postpartum, etc.

Les rapports d'hauteur sont les rapports des diverses dimensions de la hauteur: en comparant les unes aux autres les valeurs des hauteurs au niveau respectivement du garrot, du dos, des lombes, de la croupe et de la base de la queue, on obtient d'informations sur la rectitude de la ligne supérieure, de la direction de la croupe, de la direction du dos et des lombes, etc.

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

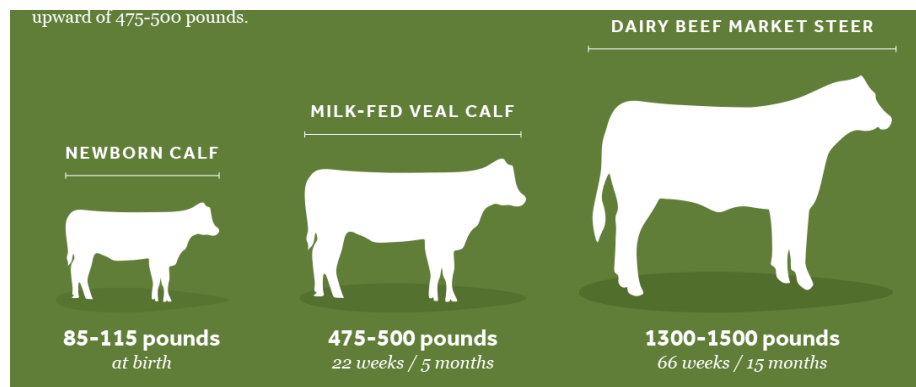


Figure 4.6. Les changements de format corporel selon l'âge

Taille corporelle des veaux (à gauche), des jeunes (au milieu) et des taureaux après un an (à droite). Dans les fermes d'engraissement de veaux provenant de fermes laitières immédiatement après la période de colostrum (43-55 kg), les jeunes sont élevés pendant cinq mois, jusqu'à ce qu'ils atteignent un poids corporel de 235-250 kg, après quoi, en règle générale, ils sont capitalisés. À l'âge de 15 mois, la masse corporelle des jeunes qui grossissent est de 650 à 750 kg.

Chez le bétail, la ligne supérieure doit être droite, c'est à dire les cinq hauteurs doivent être de valeurs sensiblement égales. La ligne supérieure droite dénote un bon développement des régions supérieures du tronc, haute résistance de la colonne vertébrale, en indiquant, de même, que l'animal a bénéficié de conditions de croît normales; les veaux ont, à naissance, la hauteur au niveau de la croupe supérieure à la hauteur au garrot, mais en des conditions satisfaisantes d'élevage, l'intensité du croît en taille est supérieure, ainsi que les deux dimension s'égalent jusqu'à l'âge adulte, voir Figure 4.6).

Chez les chevaux, selon le rapport de la hauteur au garrot et la hauteur à la ligne du dos, on peut évaluer la hauteur du garrot, ce qui est très important pour le cheval d'équitation. De même, ces rapports permettent d'évaluations de la colonne vertébrale et des lombes, qui peuvent être droites, convexes ou concaves. Au cas de développement harmonieux des deux tiers, la hauteur au niveau du garrot doit être égale avec celle du niveau de la croupe, ce qui est désirable pour pouvoir réaliser une usure uniforme des pieds de l'animal.

Pour les rapports d'hauteur, on évalue aussi le rapport de la profondeur du thorax et la taille, le rapport obtenu par l'indice de profondeur du thorax selon la relation 4.3

$$l'indice\ de\ la\ profondeur\ du\ thorax\ (\%) = \frac{Profondeur\ du\ thorax}{Taille\ de\ l'animal} \times 100 \quad 4.3$$

Chez les chevaux, le rapport de la profondeur du thorax et de la taille, a la valeur sous 50%, variant selon l'aptitude. Ainsi, chez les chevaux d'équitation la valeur de l'indice thoracique est plus bas (40-45%), chez les moyens 45-48% et chez les lourds 50%.

Chez les vaches, le rapport de la profondeur du thorax et de la taille a la valeur de plus de 50%, variant selon le type de la spécialisation. Ainsi, les races viande ont ce rapport de 55-60%, les races mixtes de 53-55%, et les races laitières 51-52%. Chez les bœufs, le thorax est plus bas que chez les vaches, la profondeur du thorax étant plus haute de 3-6% que celui du thorax des vaches de la même race.

Le rapport des valeurs de la profondeur du thorax et la taille peut être influencé par les conditions du croît. Au cas des conditions impropres du croît, le *vide sous-sternal* va être haut, à son âge adulte l'animal semblant *haut sur ses pieds*.

Les rapports de longueur sont les rapports des diverses dimensions de longueur des tiers antérieur, médian et postérieur.

Chez les vaches et les cochons on demande un haut développement des tiers postérieur et médian, la longueur se corrélant à hautes productions de viande.

Chez les chevaux le surdéveloppement du tiers médian serait un grave défaut de conformation, surtout chez les chevaux d'équitation.

Les rapports de largeur donnent d'indices sur le développement général de l'animal et varient selon le type de la spécialisation de la race.

Les rapports de largeur se référant surtout aux deux largeurs grandes du tronc (à voir la *largeur du thorax* et la *largeur de la croupe* au niveau des hanches) il est bien possible que les basses valeurs des largeurs corporelles proviennent du croît impropre en jeune âge, parce que ces dimensions manifestent l'intensité du croît haute après la naissance de l'animal. Les largeurs uniformes de la croupe au niveau des hanches, de l'articulation coxo-fémorale et de la pointe ischiale donnent l'aspect zootechnique connu comme *beauté absolue*. Pratiquement lorsque la croupe est large de toute sa longueur, elle constitue la base anatomique utile pour la production de viande (vaches, moutons, cochons, etc.); pour la bonne production laitière les vaches ont la base d'attachement du pis haute, et les femelles de toute espèce l'ont de même, pour parturition normale (eutocie).

Les rapports du tronc et des pieds indiquent proportionnalité entre masse corporelle et le développement des pieds. On évalue ces rapports en base de l'indice squelettique, de l'indice dactylo-thoracique, etc.

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

L'*indice squelettique* (voir la relation 4.4) et l'*indice dactylo-thoracique* (la relation 4.5), expriment le développement squelettique par rapport au développement général de l'animal. Ces indices diffèrent selon le type productif des animaux, normalement ils se montrent plus hauts chez les races viande qu'aux laitières, ou spécialisées pour se déplacer à haute vitesse.

$$\text{Indice squelettique}(\%) = \frac{\text{Périmètre du garrot}}{\text{Taille de l'animal}} \times 100 \quad 4.3$$

$$\text{Indice dactylo-thoracique}(\%) = \frac{\text{Périmètre du garrot}}{\text{Périmètre thoracique}} \times 100 \quad 4.4$$

Les rapports qui assurent un bon équilibre entre le développement du tronc et des pieds constituent la prémisse d'un rendement supérieur en trait et haute résistance des pieds à l'usure.

Le type morphologique contribue à l'évaluation de la conformation générale d'un animal en considérant les rapports de longueur et ceux de largeur, selon lesquels on différencie trois types morphologiques du bétail.

Le type morphologique dolichomorphe manifeste grandes hauteurs. Les formes corporelles sont allongées et angulaires et la musculature est peu évidente. Ce type morphologique est celui des chevaux d'équitation vitesse, ainsi que des vaches et moutons laitières.

Le type morphologique brevimorphe manifeste bas hauteurs et hautes largeurs et longueurs. La musculature est bien développée et les formes corporelles sont arrondies. Ce type morphologique est caractéristique des races de vaches et moutons viande et des chevaux de trait lourd.

Le type morphologique mésomorphe est intermédiaire des types décrits en haut, caractéristique pour les races mixtes de vaches et moutons et les races intermédiaires de chevaux.

Visiblement l'harmonie d'ensemble, ou la conformation générale, donne d'importantes informations, les types morphologiques (à rapports spécifiques des hauteurs et des largeurs) et les types productifs se montrant, de toute évidence, associés.

ii. Conformation de la tête

Par ses caractéristiques crâniennes prédominantes, la conformation de la tête donne des indices sur l'origine, le degré d'amélioration, la précocité et l'aptitude productive, les conditions de croissance et le niveau, les caractères sexuels secondaires etc. La conformation de la tête vise l'identification de type crânien; surtout chez les vaches, les types crâniens sont à la base du type crânien primitif (*primigenius*) et le type crânien *brahicer* et d'autres encore (voir Figure 4.8) ici-bas décrits.

Le type crânien ***primigenius*** ***manifeste*** (chez les races primitives) la taille et le format de la tête haute et longue, des contours crâniens linaires droits, et les cornes grandes longues et épaisses. Le front est court rapporté à la longueur de la tête et du nez), large à la base du crâne et étroite au niveau des orbites. Le nez est long, la branche horizontale du maxillaire inférieur est droite; type crânien typique pour les races primitives, telles Grise de Steppe, Maremmana et Galloway.

Le type crânien ***brahicer*** (cornes courtes) de format de la tête petite et courte et la taille de même; ses contours crâniens sont angulaires arrondis, et les cornes petites, courtes et effilées. Le front long et étroit manifeste des vagues, saillies et dépressions; la crête frontale et prolongée sur le front et forme un triangle pariétal-interpariétal visible. Le nez court rapporté au front, légèrement conique envers la bouche. La branche horizontale du maxillaire inférieur est légèrement recourbée, convexe. Chez les races bétail type crânien *brahicer* il existe un anneau blanc autour du museau chez les vaches Jersey et Schwyz, bétail autochtone de Montaigne; parfois cet anneau dépigmenté y est aussi chez certains individus de la race Grise de Steppe.

Le type crânien ***brahicefalos*** (tête courte) manifeste la tête conique et courte, le front large et haut, la face courte, étroite et très conique. Le front à vagues et concave au long de la ligne méridienne d'entre les orbites. Les orbites sont légèrement proéminentes, dirigées en dehors. Les fosses nasales sont courtes et larges, et les cornes moyennes.

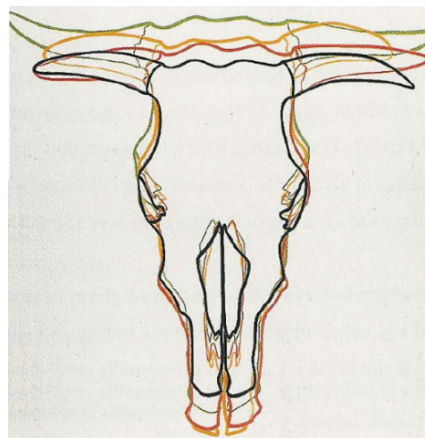


Figure 4.7. Types crâniens bétail

En orange - *primigenius*; en rouge - *brahicer*; en noir - *brahicefalos*; et en vert - *frontosus*. Apres Wilckens, 1876.

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

La branche verticale du maxillaire inférieur est très large; ce type crânien est d'une part du bétail Pinzgauer, Tuxer, etc.

Le type crânien **frontosus** manifeste le front haut, large et long, plat ou à de vagues légères, la ligne de la tête légèrement convexe et des fois ondulante, et la face longue et large. Le type crânien *frontosus* est celui des vaches Simmental, contribuant à la formation de la race Tachetée Roumaine; ainsi dedans la race Tachetée Roumaine se trouve une gamme de traits crâniens reçus de divers individus, par conséquent de l'origine de la race dans le croisement Simmental et Grise de Steppe.

Le type crânien **akeratos** manifeste un manque de cornes, exprimant une forte prééminence centrale sur la tête (oxycéphalie prononcée). Les races de vaches sans cornes s'élèvent au nord de l'Europe, en Angleterre. Les animaux qui ont les cornes qui poussent manifestent oxycéphalie si on les a écornés très jeune.



Figure 4.8. Types crâniens bétail

De gauche à droite: types crâniens primigenius, macroceros, brahicer, brahicefalos, frontosus et akeratos.

iii. Conformation du tronc

La conformation du tronc s'associe au type de métabolisme prédominant de l'organisme. Les productions des animaux dépendent de l'intensité du métabolisme et surtout du rapport anabolisme-catabolisme. En perspective zootechnique, deux types de conformation bétail se différencient aisément au niveau du thorax, à voir les deux types physiologiques majeurs: respiratoire et digestif (voir Figure 4.9).

Le type physiologique respiratoire est celui des animaux manifestant des réactions cataboliques prédominantes, les réactions transformant les nutriments assimilés en énergie et sécrétions.

Les animaux type physiologique respiratoire sont dolicho morphes, à conformation thoracique spécifique: thorax long, plat bilatéral, les côtes peu arquées, dirigées obliquement (140°) par rapport à la colonne vertébrale, haute capacité respiratoire, les alvéoles pulmonaires minces mais nombreuses, la peau fine et élastique, le poil fin et brillant, le tissu conjonctif sous-cutané peu abondant (voir Figure 4.6). Les animaux de cette conformation sont de type productif à réactions cataboliques⁹ intenses, ex. les races laitières, pondeuses ou de déplacement en vitesse.

Le type physiologique digestif est celui des animaux manifestant des réactions anaboliques¹⁰ prédominantes, en assimilant plus qu'elles ne consomment, ainsi déposant des réserves organiques, en tissu musculaire, respectivement adipeux. Les animaux de type physiologique digestif sont brevi morphes. Manifestant le thorax large et profond, arrondi en section transverse, les côtes fort arquées, dirigées perpendiculairement à la colonne vertébrale, la peau épaisse, peu élastique à beaucoup tissu conjonctif sous-cutané, ou déposer de hautes quantités de graisse (voir Figure 4.9).

Voilà pourquoi au type physiologique correspond les types productifs spécialisés pour la production de viande, d'énergie, etc.

Les types physiologiques intermédiaires (digestif-respiratoire ou respiratoire-digestif) sont caractéristiques pour les animaux type productifs mixtes, en manifestant des états physiologiques intermédiaires entre les deux caractéristiques morpho-physiologiques productives.

⁹Les processus cataboliques dégradent les macro- /micromolécules, produisant de l'énergie et des processus oxydatives, menant à l'utilisation dans des réactions enzymatiques de coenzymes sous forme oxydée, ainsi qu'à la production de coenzymes sous formes réduites.

¹⁰Les processus anaboliques sont des processus de biosynthèse, de réduction, respectivement d'utilisation de la coenzyme sous forme réduite dans des réactions enzymatiques et production de coenzymes sous formes oxydées.

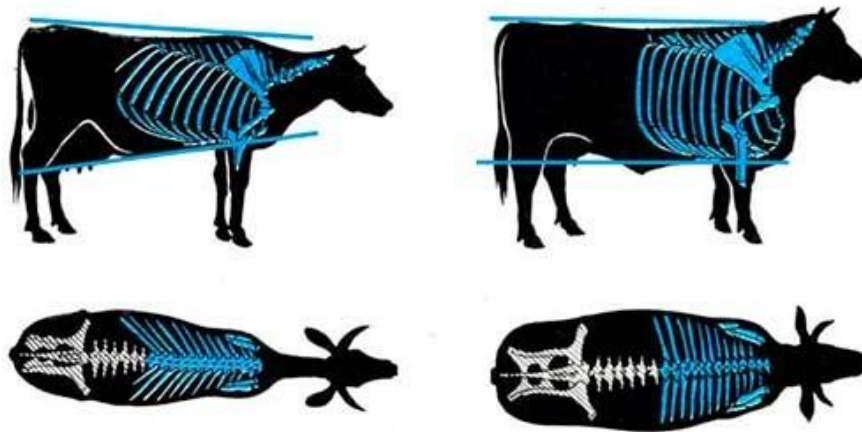


Figure 4.9. Conformation thoracique de latéral et d'en haut.

Conformation thoracique types physiologiques respiratoire (*gauche*) et digestif (*droite*).

iv. La conformation des pieds et les aplombs

La conformation des pieds agrège d'importantes informations sur le type de production spécifique à chaque animal. Cette conformation s'exprime en termes de longueur, rapport pieds/taille (voir l'indice du squelette), dimensions, diamètre (voir l'indice dactylo-thoracique), angulation de divers os des pieds, degré de recouvrement en musculature, position des pieds par rapport aux plans de l'animal (sagittal, médian, transverse) et aux plans de référence (horizontal, vertical).

Illustration: la croupe horizontale continue de la cuisse longue et verticale, jambe et tibia longues, ensuite longs paturons obliques, favorise les chevaux coursiers (vitesse). Au contraire, cuisse, jambe tibia courtes ou déviations du plan médian, vertical (campée, pied dessous-dessus, etc.) ou de l'axe du pied (*pieds en X*, *pieds en O*, *canneaux*, *panard*...) empêche de toucher à la vitesse, tout en favorisant le trait, dedans les limites d'une certaine plage.

v. L'aspect des téguments et du robage

Le *tégument* (la peau et les muqueuses, le tissu enrobant le corps animal) donne l'informations sur cet aspect (par tout sort de comparaisons y compris), en termes d'épaisseur (gros/ fine), platitude (lisse/rugueuse), intégrité (intègres/ à cicatrices, dépilations), mobilité (adhérente/ détachable).

Et des informations sur le tissu conjonctif sous-cutané (peu abondant), en termes d'élasticité (rigide/élastique), de couleur, de température, etc. L'inspection des téguments (la peau et les muqueuses visibles telles nasales, conjonctivales, auriculaires, etc.) associée à l'état de santé, contribuent à déterminer le type physiologique et la constitution.

Le robage (la couleur et la distribution de la couleur de la peau et des phanères du bétail) peut se constituer en fonction du caractère de la race. L'inspection du robage requiert l'évaluation de la couleur et des particularités du poil, du plumage, de la laine, etc. ainsi que le dessin corporel et la distribution de tous ces facteurs.

Les couleurs du bétail sont très variées, par conséquent la présence dans les couches de la peau, de la laine, du poil, du plumage... des pigments de diverses nuances. En certaines cas, la couleur est associée à la production; ex. la toison des moutons Karakul peut être noire, marron, grise, etc.; toujours pour les ovines, la couleur non uniforme des mèches peut endommager la qualité de la toison¹¹.

L'inspection des téguments et du robage permet l'observation et la discrimination des aspects normaux de ceux indésirables: la présence/absence du brillé caractéristique, les dépilations (chez les animaux à poil) ou mue (des volailles), la fragilité du poil ou du plumage et la finesse inexplicable de la fibre de laine sont signalées par l'étude de l'extérieur.

4.5.3. *Le tempérament des animaux domestiques*

Le tempérament des animaux domestiques exprime le mode de réaction de l'organisme aux stimulus excitants externes et internes, déterminées par le système nerveux et par les conditions environnementaux assurées à l'animal durant son croît¹².

Le tempérament tranquille (mésosensible) est caractéristique pour les animaux au système nerveux fort, équilibré et inerte. Les animaux d'un tel tempérament sont équilibrés, se meuvent lentement, ont une haute capacité d'adaptation aux conditions de l'environnement, sont faciles à gérer, manifestent une haute vitalité et sont normalement productifs.

¹¹ **La toisonveut** dire la totalité de la tonte d'un mouton, moins le jarre (la laine de la tête et des pieds).

¹² Il ne faut pas confondre **le tempérament** et le *caractère d'un animal* (bon ou mal). Le caractère se forme tout au long du développement en cours de développement individuel et dépend extrêmement du comportement de l'homme envers l'animal.

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

Le tempérament vif (sensible) est caractéristique pour les animaux au système nerveux fort, équilibré et vif; les animaux sont équilibrés, et manifestent une haute mobilité des processus d'excitation/ inhibition. Les animaux de ce type de tempérament s'adaptent bien aux conditions d'environnement, sont faciles à se dresser, et ont une haute vitalité et productivité.

Le tempérament lymphatique (hypo-sensible) est caractéristique pour les animaux ou le système nerveux affaibli, à basse intensité des réflexes, ou les processus d'inhibition prédominant sur les processus d'excitation. Les animaux sont peureux, s'adaptent difficilement aux conditions environnementales, manifestant une basse résistance aux maladies.

Le tempérament nerveux (hypersensible) est caractéristique pour les animaux au système nerveux fort mais déséquilibré, au processus d'excitation et inhibition intenses, ces d'excitation excessive. Les animaux de ce tempérament sont excitables, difficiles à gérer. Leur surexcitabilité dépasse le pouvoir de résistance de l'organisme, ce qui cause l'usure précoce et la baisse de résistance aux conditions environnementales défavorables. La productivité de ces animaux est basse. Ce tempérament est désavoué des animaux en engraissement, car ceux-là assimilent moins de nourriture, ainsi constituant la source d'agitation permanente dans leur groupe.

Les connaissances, les habiletés et l'expérience de l'évaluateur lui donnent la capacité de voir plus ou moins clairement l'association d'entre le type de tempérament et les types physiologiques et productifs.

4.5.4. La constitution des animaux domestiques

La signification de la constitution des animaux domestiques comporte plusieurs approches, normalement exprimant la totalité des caractéristiques morphologiques, structurales et fonctionnelles conditionnant le niveau de la production et de résistance aux conditions environnementales. Sas (2003) considère la constitution *production et existence en endurance*.

Définition.

La constitution des animaux exprime la totalité des traits morphologiques et physiologiques d'un animal, causés par la base héréditaire et les conditions du développement individuel; la constitution exprime le type et le niveau productif, et la résistance aux facteurs environnementaux défavorables et aux maladies.

La constitution n'est pas seulement l'apanage des conditions d'élevage; il y a aussi un composant héréditaire, l'environnement manifestant ce déterminant héréditaire.

Néanmoins, la constitution n'est pas l'apanage de la race non plus, dans chaque race se retrouvant des individus qui manifestent plusieurs types de constitution, certaines races manifestant plus fréquemment certaines constitutions plus désirables. N'importe l'espèce et la race, le bétail peut manifester types de constitution désirables:

- *la constitution fine et la constitution robuste* ;
- et deux variantes indésirables: *la constitution débile* et *la constitution grossière* (voir Figures 4.10 à 4.13).

La constitution fine est celle des animaux de type physiologique respiratoire, de type morphologique dolichomorphe spécialisé pour production laitière (les vaches), vitesse (les chevaux), lait et laine (les ovines) viande (les cochons) et œufs les volailles à tempérament vif, parfois même très vif (nerveux).

Les animaux à constitution fine manifestent une conformation corporelle harmonieuse, au squelette fin, dense et très résistant, la tête, le cou et les pieds longs, un tronc long et assez large, le format corporel latéral trapézoïdal, la cavité thoracique longue, plate bilatérale, ovale en section transverse, les côtes longues et peu arquées, oblique à la colonne vertébrale (140°), à de larges espaces intercostales, haute capacité respiratoire, le poumon à minces et nombreuses alvéoles pulmonaires, la peau fine dense élastique et légèrement détachable, le poil court fin et brillant, le tissu conjonctif sous-cutané peu abondant ainsi relevant les angles externes de divers os, la vascularisation sous-cutané, les tendons et les ligaments. Les organes internes: le cœur, les poumons et l'appareil digestif de ces animaux sont bien développés, les fonctions des glandes exo- et endocrines accentuées et les yeux bien relevés (parfois à l'aspect exophtalmique, thyroïdien).

Les animaux à constitution fine manifestent un haut niveau productif (surtout du lait, vitesse, œufs et bas pour la viande) et sont assez résistants aux maladies et aux facteurs défavorables de l'environnement. Normalement les productions de ces animaux sont efficaces en termes économiques.

La constitution robuste – peu dense se retrouve chez les animaux à type physiologique digestif et type morphologique brevi-morphe, spécialisés pour la production de viande (les vaches, les ovines et les volailles), trait lourd (les chevaux), de graisse (les cochons à tempérament tranquille, parfois même très tranquille, lymphatique).

Les animaux à constitution *robuste – peu dense* manifestent la conformation corporelle harmonieuse, au squelette fin, à structure moins dense mais résistent, la tête, le cou et les pieds courts, le tronc long, large et profond, et le format corporel latéral rectangulaire.

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES



Figure 4.10. Types constitutionnels chevaux

Constitution fine (*gauche, haut*), robuste compacte (*droite, haut*), robuste peu dense (*gauche, bas*) et debile (*deoitte, bas*).

La cavité thoracique large, ronde en section transversale, les côtes bien arquées, presque perpendiculaire à la colonne vertébrale, à d'espaces intercostaux étroits. La peau est moins dense et élastique et plus difficilement détachable, le poil long et fin, le tissu conjonctif sous-cutané abondant, arrondissant les angles externes de divers os, couvrant la vascularisation sous-cutanée, les tendons et les ligaments. Les organes internes, le cœur et le poumon de ces animaux sont moins développés, le rythme cardiaque et respiratoire sont plus lents, l'appareil digestif ayant un haut pouvoir d'assimilation de la nourriture.

Les animaux à constitution robuste – peu dense manifestent un niveau productif normalement haut (surtout pour la production viande), bonne adaptabilité, résistance aux maladies et aux intempéries. Les productions de ces animaux sont efficaces en termes économiques.



Figure 4.11. Types constitutionnels du bétail

Constitution fine (*gauche, haut*), robuste compacte (*droite, haut*), robuste peu dense (*gauche, bas*) et debile (*deoitte, bas*).

La constitution robuste-compacte se retrouve chez les animaux à type physiologique respiratoire-digestif ou digestif-respiratoire, le type morphologique mésomorphe, spécialisée en productions mixtes de viande-lait ou lait-viande (les vaches), laine-viande, laine-lait (les ovines), viande-oeufs (les volailles), trait moyen (les chevaux), graisse-viande les cochons à tempérament vif.

Les animaux à la constitution robuste-compacte manifestent une conformation corporelle harmonieuse et de traits morfo-physiologiques intermédiaires entre le type à constitution fine et celle robuste - peu dense. Ces animaux manifestent le squelette fin, à structure dense et résistante, tête cou et pieds de taille moyenne, le tronc assez long, large et profond, et le format corporel latéral rectangulaire; de même, leur niveau productif est en général haut, ils résistent bien aux maladies et aux intempéries, et leurs productions s'avèrent rentables.

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES



Figure 4.12. Types constitutionnelle ovines

Constitution fine (*gauche, haut*), robuste compacte (*droite, haut*), robuste peu dense (*gauche, bas*) et debile (*deoitte, bas*).

La constitution débile est la constitution hyper fine des animaux avec un tempérament hypersensible.

Les animaux à constitution débile manifestent une conformation corporelle disharmonieuse, à de nombreux défauts d'extérieur, tels les épaules détachés et mal attachement de diverses régions corporelles etc. De même, on remarque l'existence du squelette trop fine, peu dense et peu résistant, les ligaments et les tendons maigres, le cou effilé et trop long et les pieds aussi trop longs (des animaux hauts sur leurs pieds), les caractères sexuelles secondaire masculins peu évidentes, la peau hyper fine, transparente (saisissable surtout au niveau des oreilles) facilement détachable, mais peu élastique, le poil rare, super fin et peu résistant (friable), tissu conjonctif sous-cutané presque inexistant, ce qui révèle les angles externes des divers os, la vascularisation sous-cutané, les tendons et les ligaments.



Figure 4.13. Types constitutionnels volailles

Constitution fine (*gauche, haut*), robuste compacte (*droite, haut*), robuste peu dense (*gauche, bas*) et debile (*deoitte, bas*).

Les animaux de constitution débile manifestent un bas niveau productif, basses fécondité, prolificité et capacité de valorisation de la nourriture, maigre résistance aux maladies et aux intempéries. Il est rare que ces animaux soient efficaces, en termes économiques.

La constitution grossière se manifeste en constitution hyper robuste des animaux à tempérament lymphatique; en termes de morphologie, l'aspect de ces animaux est grossier.

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

Le bétail à constitution grossière manifeste une conformation corporelle disharmonieuse, au squelette très développé, gros mais à la structure peu dense et peu résistante, la peau épaisse et inélastique, le poil gros, âpre et abondant, tissu conjonctif sous-cutané abondant donnant à certaines régions corporelles (la tête, les pieds) l'aspect de feutrage, les caractères sexuelle secondaires des femelles peu évidentes et, par là, l'expression faciale masculine.

Les animaux à constitution grossière se caractérisent par un faible niveau productif et une faible résistance aux maladies et aux intempéries. Quoique la constitution ne soit pas un apanage de race, la majorité des animaux de chaque race se classent dans une, à voir la constitution dite caractéristique de la race. Des animaux peuvent exister dans la race qui expriment tous les types constitutionnels, même déviants envers de types intermédiaires, tels constitution fine vers robuste-compacte, robuste – peu dense et robuste vers grossière, ou fine vers débile.

4.5.5. La condition corporelle des animaux

La condition corporelle de l'animal dépend de son état de santé, des conditions d'élevage et de l'intensité d'exploitation, possiblement variant durant sa vie selon les facteurs décrits en haut, et la direction du croît.

Définition.

La condition veut dire l'état physiologique, de l'élevage, de l'entraînement et de la gymnastique fonctionnelle d'un animal à un moment donné. La condition de l'animal exprime combien il est préparé pour participer aux productions de certaines quantités et qualité.

En pratique on rencontre cinq types de condition: la reproduction, la production, l'entraînement, l'exposition, l'engraissement et l'exténuation.

La condition corporelle des animaux domestiques quantifie les rapports des processus d'assimilation (anaboliques) et les processus de désassimilation (cataboliques). Lorsque l'assimilation prévaut, les formes corporelles s'arrondissent et le tissu adipeux se dépose en de diverses régions du corps et des organes internes. Bien au contraire, lorsque les processus cataboliques prévalent, au niveau de l'extérieur on note peu de musculature, des os saillants, l'abdomen creux, le flanc creux, et un aspect général de l'animal fatigué et épuisé. L'évaluation de la condition des animaux est globalement dite *BCS*¹³ ou, simplement, *scoring*, et permet le classement des animaux en classes d'engraissement (voir Figure 4.14) comme *émaciées, maigres, modérées, grasses ou obèses*.

¹³BCS - *body condition scoring*



Figure 4.14. L'évaluation de la condition corporelle des vaches Holstein
Le score de la condition corporelle des vaches laitières: en vue latérale (*gauche*), latérale-postérieure (*milieu*) et dorsale-latérale-postérieure (*droite*).

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

Les animaux en condition de misère physiologique (score 1, animaux émaciés) ne comportent pas d'évaluation correcte de l'extérieur, puisque, de part du maigre développement de la musculature, l'aspect d'harmonie d'ensemble n'est pas normal.

Dans la pratique, l'inspection permet l'évaluation des réserves de tissu adipeux et de tissu musculaire, et l'on détermine à quel point les animaux le sont (ou non), pour un certain état *physiologique* (*reproduction* ou *gestation*), *étape d'allaitement* (début d'allaitement, mi-allaitement ou l'allaitement en phase descendante) ou *l'étape d'entraînement*.

La condition de reproduction est spécifique aux animaux utilisés en reproduction, dont toutes les fonctions de l'organisme se manifestent normalement; l'état doit être normal, l'animal bien entretenu.

Les animaux ne sont ni gras ni maigres, mais vifs et vigoureux. On maintient cette condition en administrant des rations équilibrées en tout principe nutritif, de bons soins et mouvement en plein air.

La condition d'entraînement est caractéristique pour les lévriers et des chevaux trotteurs ou de labour.

La condition d'entraînement, soit en étape initiale – *l'étape de développement et de fortification de l'appareil locomoteur* – soit en *étape de développement de l'appareil respiratoire et calculateur*, lorsque le souffle s'ouvre et on exprime cette manifestation en condition corporelle.

Si l'entraînement se déroule en conditions adéquates d'entretien et alimentation, par la suite de mouvement journalier, le tonus musculaire est haut, les animaux sont vigoureux, vifs, et ne perdent pas en masse corporelle durant l'entraînement. En pratique, chez les animaux en entraînement, la condition d'entraînement assure toutes les prémisses requises par l'évaluation correcte de l'extérieur, puisque l'organisme est amené à une forme maximale de la manifestation de son potentiel.

La condition d'exposition est celle manifestée par les animaux en diverses occasions (voir Figure 4.15), a voir bonne ou possiblement en début d'engraissement. On accorde une attention tout particulière aux animaux en condition d'exposition, en termes de soins corporels, surtout au niveau du pis.

Les animaux seront lavés, tondues, peignées, brossées, les onglons et les sabots nettoyés et graissés, la queue et la crinière peignées.



Figure 4.15. Vaches en condition d'exposition - World Dairy Expo

Les championnes suprêmes a World Dairy Expo - Medison Wisconsin, 2015 (droite) et 2016 (gauche), exposition spécialisées pour production laitière.

4.5.6. Le type productif

Le type productif exprime l'ensemble des caractères productifs spécifiques à une entité taxonomiques.

Il existe de forts liens entre les types respectivement productifs, physiologique et morphologique, selon l'entité taxonomique se relevant des types productifs lait, viande, vitesse, laine, œufs, énergie, etc. et types productifs mixtes.

Ainsi, les chevaux exploités pour production d'énergie, vitesse, dressage, sauts, etc. manifestent les types productifs suivants :

1. le type productif - chevaux d'équitation (de selle)

- le cheval pour dressage olympique;
- le cheval pour steeple-chase;
- le cheval de sport – sauts obstacles (jumping), de catégorie débutants, moyens et avancées;
- le cheval trotteur;
- le cheval de galope;
- le cheval d'équitation de haute école;
- le cheval d'agrément et divertissement;

2. le type productif - chevaux de trait (les carrossiers)

- léger (les Trotteur américain, Trotteur roumain, Trotteur roumain de sulky et carrosses de luxe);
- moyen (les carrossiers);
- lourd (de fardeau – les chevaux Ardennais, Noriker etc.).

CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES PRODUCTIVES

Les bovins manifestent des types productifs spécialisés (viande, lait), mixtes (viande-lait, lait-viande) et universels (viande-lait-labeur, les buffles).

Les ovins peuvent être spécialisés pour la viande, la laine et le lait, et se manifester en types productifs mixtes (laine-viande, viande-laine,).

Les cochons peuvent être spécialisés pour la viande et la graisse, et peuvent manifester des aptitudes productives pour les deux productions.

Les volailles manifestent des aptitudes productives pour la viande ou les œufs, pouvant être mixtes, combattantes ou ornementales.

Les chiens, selon l'activité déroulée et le standard agréé, manifestent les types productifs de garde et de défense, de troupeau (bergers), terriers, de grand gibier, de petit gibier, épagneuls, trouveurs, limiers, apporteurs, fouilleurs, lévriers et d'agrément.

4.6. Facteurs de l'affaiblissement de la constitution

L'affaiblissement de la constitution implique l'apparition des types de constitution indésirables (débile ou grossière) et cause une perte économique par la baisse de productions et la résistance diminuée aux intempéries et aux maladies. En même temps, la haute héritabilité de la constitution cause elle aussi une perte zootechnique, en compromettant les produits du bétail respectif. Les manifestations d'affaiblissement de la constitution sont diverses et variées, selon l'espèce, l'âge, le genre, etc. Chez les jeunes animaux on note une diminution des paramètres du croît et du développement, ainsi que des défauts de l'extérieur; chez les adultes, la constitution affaiblie se manifeste par baisse de productions jusqu'à la cessation, et par des états pathologiques. Les causes provoquant l'affaiblissement de la constitution se relient tant à la base héréditaire (facteurs internes), qu'aux conditions environnementales du génotype en cours de formation (facteurs externes).

Les facteurs internes déterminant l'affaiblissement de la constitution seraient:

- l'utilisation de la reproduction sur des animaux à défauts héréditaires et avec une constitution défectueuse; ce facteur surgit fréquemment lorsque la sélection est unilatérale, uniquement selon le niveau de production;
- l'utilisation du pairage consanguine sur une longue durée;
- pairage non contrôlé;
- début précoce de l'activité reproductive.

Les facteurs externes déterminant l'affaiblissement de la constitution seraient:

- alimentation carentielle, surtout pour le bétail jeune et très productif;
- conditions de logement insalubres (haute densité, noxes, températures en dehors des limites du confort thermique, etc.)

L'affaiblissement de la constitution affecte au début des traits isolés, ensuite se manifestant au niveau de l'organisme entier. Les animaux à constitution en déclin vont produire peu, et manifester une baisse de la longévité économique. Ces animaux seront dans un état de santé fragile, avec une haute morbidité et une faible réponse aux traitements, etc.

On prévient et corrige l'affaiblissement de la constitution à partir des causes. Le respect des normes et des principes zootechniques et sanitaires vétérinaires caractéristiques pour chaque espèce et groupe d'âge, assure un bon déroulement du croît et de l'exploitation des animaux, prévenant ainsi les causes produisant l'affaiblissement de la constitution.

Il faut **prévenir l'affaiblissement de la constitution dès les premiers signes** saisis, même ceux qui peuvent paraître moindre, en analysant et en trouvant des solutions pour les sources d'affaiblissement de la constitution et plus tard la dégénérescence des animaux.

4.7. Aspects clés de la morphologie animale

1. L'extérieur des animaux représente la totalité des aspects externes du corps des animaux qui donnent des indications sur leur valeur économique et zootechnique. La base scientifique pour évaluer la valeur des animaux de l'extérieur est le lien indissociable entre «fonction et forme».
2. La somatoscopie implique l'inspection visuelle de l'animal examiné, sur un sol plat et éclairé naturellement. L'examen de l'extérieur se fait à partir du profil, de l'arrière, de l'avant, de loin et de près.
3. L'examen analytique implique la synthèse du développement corporel, de la conformation des animaux (en termes de conformation générale, de conformation du corps, du tronc, de la tête, des membres, de l'apparence de la peau et du pelage), de la constitution, de l'état corporel, du tempérament et du type de production.
4. La conformation de l'apparence externe des animaux représente la structure physique générale du corps et de ses parties en référence à la manière dont les régions du corps sont jointes, leur rapport, proportions et position, ainsi que l'apparence de la peau et du pelage.
5. L'état signifie l'état physiologique, l'entretien, l'entraînement et la gymnastique fonctionnelle d'un animal à un moment donné. La condition de l'animal est la mesure dans laquelle il est prêt à réaliser des productions en termes de quantité et de qualité.

Chapitre I. 5

CROISSANCE ET DÉVELOPPEMENT ANIMAUX

La croissance (accumulation de masse corporelle, augmentation de la taille, de la longueur ou de la circonférence) et le développement (différenciation qualitative et fonctionnelle - changement de composition, de structure ou de capacité) des animaux domestiques sont des processus influencés par un certain nombre de facteurs (internes ou externes) dans un contexte donné basé sur l'hérédité. La croissance et le développement sont des processus ontologiques qui peuvent être surveillés, à la fois du point de vue de la base héréditaire et du point de vue des facteurs d'influence.

Le processus de croissance et de développement corporel doit être constamment surveillé (par pesées périodiques, contrôle sanitaire, etc.), pour identifier à l'avance si les animaux se situent dans les indices de croissance de cette race (voir Partie I, Chapitre 4) et pour déterminer la valeur de développement zootechnique et économique de l'animal - voir l'établissement de la classe partielle après la croissance et le développement corporel. Le suivi de la croissance et du développement est indispensable pour pouvoir intervenir en temps réel en cas de "retards", pour soutenir les augmentations compensatoires.

5.1. La base biologique de la croissance et du développement

Les organismes vivants sont le produit de l'interaction entre la base héréditaire (génotype) et l'environnement dans lequel il s'est développé. Dans cette interaction, parfois les facteurs liés à la base héréditaire prédominent, d'autres fois les facteurs environnementaux prédominent. Depuis le début, de l'amphimixie du sperme avec l'ovule, lors de la formation de zygote, et jusqu'à la sénescence, les organismes vivants passent par des processus complexes - l'ontogenèse.

Définition:

Ontogenèse c'est le processus de croissance et de développement d'un être vivant, englobant toutes les transformations, du stade embryonnaire jusqu' à la fin de la vie.

La croissance et le développement sont les deux aspects qualitativement distincts du processus d'ontogenèse. Ceux-ci se déroulent différemment selon les facteurs qui les influencent. Théoriquement, selon le rythme et le rapport de leur développement, les situations suivantes diffèrent:

- *croissance rapide et développement lent* caractérisé par l'acquisition rapide de la masse corporelle et la lenteur des transformations qualitatives. Cette situation est souhaitée pour les animaux à viande et gras, qui peuvent atteindre des augmentations importantes s'ils sont soumis à un engraissement précoce;
- *croissance et développement rapides*, situation rencontrée chez les premiers animaux;
- *croissance lente et développement rapide* qui se produit lorsque la masse corporelle est acquise lentement et que le développement est réalisé rapidement. La situation est courante chez les races bovines laitières et chez les poules spécialisées pour la production d'œufs;
- *croissance et développement lents* - les caractéristiques des animaux tardifs (races primitives et certaines races locales), à faible efficacité économique.

5.2. Particularités de la croissance

La croissance implique l'accumulation de masse corporelle, l'augmentation de la taille, de la longueur ou de la circonférence. La croissance a lieu à la fois dans la période intra-utérine et dans la période extra-utérine, étant le résultat de trois processus majeurs: l'hyperplasie qui implique la multiplication cellulaire par division mitotique; hypertrophie, caractérisée par une augmentation du volume des cellules tissulaires et par l'accumulation progressive de substances génératrices d'expansion (accrétion).

Définition

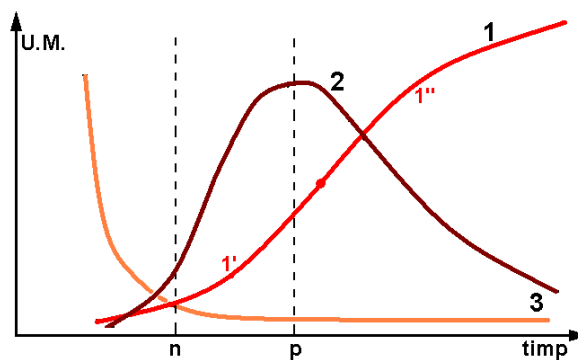
La croissance représente l'interaction coordonnée des processus biologiques et chimiques, qui commencent par la fécondation de l'œuf et se terminent à l'âge adulte, dans le but de construire le corps de l'animal.

L'évaluation de la croissance (évolution de la masse corporelle et de la conformation) est évaluée à travers plusieurs indicateurs: énergie de croissance, taux de croissance, intensité de croissance et coefficient de croissance.

Énergie de croissance: représente la capacité du corps à atteindre un certain poids corporel spécifique à l'espèce à l'âge adulte. L'énergie de croissance est influencée par l'espèce, la race, l'individualité et l'environnement ontogénétique. L'énergie de croissance est inégale; dans un premier temps, il est réduit, après quoi il augmente progressivement pour atteindre un pic maximum, suivi d'une phase de stagnation.

L'expression graphique de l'énergie de croissance se fait par la courbe de gain de poids. La courbe de croissance a une forme sigmoïde (présentée sous la forme de la lettre S - voir figure 5.1), avec deux segments distincts: le premier reflète une croissance accélérée, due à la multiplication et à l'augmentation de taille, avec le point d'inflexion à la puberté (8-9 mois chez les veaux) , lorsque 40% du poids de l'adulte est enregistré, et le second reflète le gain de poids retardé.

Taux de croissance exprime la quantité de croissance par unité de temps; il peut être absolu (augmentation journalière moyenne) ou relative (proportion d'augmentation par rapport à la masse initiale).



Graphique 5.1. Représentation graphique de la croissance

1 - courbe de croissance; 2 - courbe de taux de croissance absolue; 3 - courbe d'intensité de croissance

CROISSANCE ET DÉVELOPPEMENT ANIMAUX

Comme l'énergie de croissance, les poussées de croissance montrent la même tendance de croissance à la hausse jusqu'à la puberté. Après cette phase, la poussée de croissance a un caractère descendant.

Intensité de croissance: représente l'augmentation du poids corporel dans une certaine unité de temps. L'intensité de l'augmentation de la taille du corps varie; certaines parties anatomiques ont une intensité de croissance élevée pendant la période prénatale et plus faible pendant la période postnatale, et d'autres vice versa. Quelle que soit l'intensité, l'augmentation génère des changements irréversibles des indices corporels (voir chapitre précédent). Par exemple, chez les veaux, l'augmentation du poids corporel pendant la période intra-utérine représente 6% du poids de l'adulte, 55 à 60% de la taille et de la hauteur du corps, 40 à 50% des longueurs et 30 à 40% des largeurs. En raison de l'intensité différente de croissance des régions du corps, le veau à la naissance apparaît avec un faible poids, des hauteurs élevées, des longueurs intermédiaires et des largeurs courtes par rapport aux valeurs adultes.

5.3. Particularités du développement

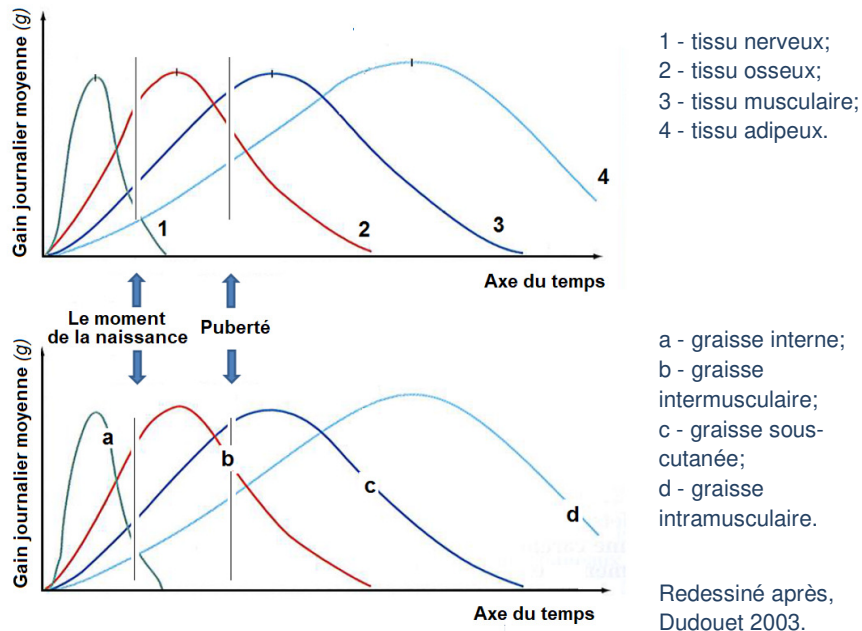
Le développement se déroule pendant deux périodes distinctes: la période intra-utérine (prénatale) et extra-utérine (postnatale), comme suit:

- *période prénatale* a les stades de zygote, d'embryon et de fœtus, c'est la période au cours de laquelle tous les organes se forment; certains commencent à fonctionner (cœur, foie, etc.) et d'autres pas (poumon). Selon les étapes de cette période, des conditions d'entretien et des niveaux d'alimentation différents des femelles gestantes sont nécessaires, de sorte que, au final, les produits résultants soient bien développés;

- *période postnatale* a les stades de la jeunesse, de l'âge adulte et de la vieillesse. Selon les espèces, au stade juvénile (jeunesse) peuvent être différenciés des stades tels que: stade du colostrum, stade de l'allaitement, stade du sevrage, stade de la puberté. Le stade adulte est caractérisé par un ralentissement de la croissance et du développement; à la fin de l'étape, le corps utilise toutes les fonctions et atteint son développement maximal.

Définition:

Le développement représente la différenciation cellulaire et la spécialisation des tissus et des organes; elle se réalise progressivement et irréversiblement vers l'âge adulte, et de manière rétrogressive vers la sénescence, conduisant à des changements dans les formes, les proportions, la composition chimique et les fonctions du corps.



Graphique 5.2. Croissance et développement des tissus

Au stade de la sénescence (vieillesse), la croissance et le développement cessent et il y a une diminution des fonctions vitales. Dans la période post-utérine, le développement est assuré par le complexe neurohormonal et les facteurs environnementaux, qui interfèrent et influencent la physiologie. Cette périodisation met également en évidence certaines spécificités: pratiquement, la formation de tous les organes a lieu pendant la période utérine (chez les mammifères) ou à l'intérieur de l'œuf (chez les oiseaux); en conséquence, la période intra-utérine est caractérisée par des conditions environnementales constantes, plus difficiles à influencer.

Dans les systèmes fonctionnels, tels que le système locomoteur, le développement peut avoir lieu en réponse directe à une augmentation de la masse corporelle. Par exemple, à mesure qu'un animal grandit, il devient nécessaire d'utiliser intensément le système musculaire pour résister à la gravité et, par conséquent, il peut y avoir des changements dans les propriétés physiologiques de la masse musculaire. Des changements fonctionnels similaires se produisent également dans le squelette, le système digestif, le système cardiovasculaire, etc.

Une fois que la croissance a cessé à l'âge adulte, les changements de développement se poursuivent à mesure que l'animal atteint la sénescence. Le développement génère des changements visant à atteindre une composition, une structure ou des compétences matures. Cependant, les changements régressifs associés à la vieillesse entraînent une diminution de la composition, de la structure et des capacités, qui sont, également changements développementaux (associés à la sénescence).

Fondamentalement, le développement et la sénescence ne sont que les premières et les dernières étapes de l'ontogenèse, représentant le cours d'un animal individuel tout au long de la vie. Bien que certains aspects de la croissance, tels que, par exemple, le dépôt de graisse, semblent réversibles, cela est rarement vrai pour les processus de développement. À mesure qu'un animal grandit, de nombreux changements de développement se produisent simultanément. Ces changements ne sont généralement pas inversés si un animal perd du poids. Par exemple, l'augmentation engendrée par une accumulation réversible de triglycérides stockés dans les cellules graisseuses peut s'accompagner d'une augmentation du nombre et de la taille des cellules graisseuses. Dans le même temps, la perte de triglycérides peut se produire dans toutes les cellules; ils libèrent modérément certains des triglycérides. Alors,

5.4. Facteurs influençant la croissance et le développement

En connaissant les facteurs qui influencent le processus de croissance et en les assurant différemment, il est possible de réaliser la croissance dirigée des organismes et de déterminer les changements de croissance qui sont utiles. Les facteurs qui influencent le processus de croissance peuvent être regroupés en deux catégories: les facteurs internes et les facteurs externes.

5.4.1. Facteurs internes

Les facteurs internes dépendent de la base héréditaire individuelle que les nouveaux organismes héritent de leurs parents et dont dépendent les limites dans lesquelles les processus de croissance ont lieu.

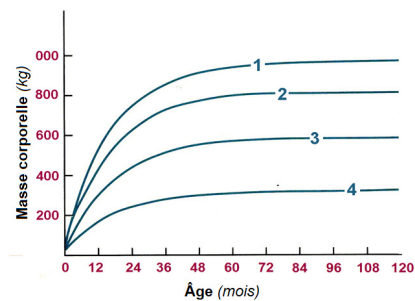
Les facteurs internes sont représentés par le génotype et le système neurohormonal, comme suit:

Le génotype intervient dans le processus de croissance et de développement corporel grâce aux nombreux gènes associés aux traits quantitatifs; Les facteurs génétiques associés au processus de croissance sont la race, les gènes associés à la résistance et à la tolérance aux maladies, ou ceux associés aux facteurs de croissance.

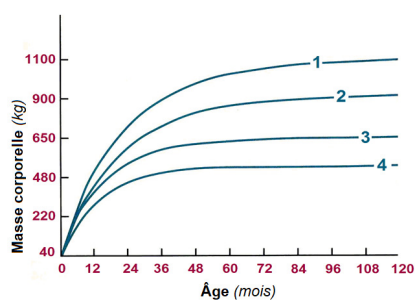
ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

Le système nerveux intervient dans le processus de croissance par une action directe, générale et locale; cependant, le système nerveux intervient également indirectement, coordonnant l'activité des glandes avec la sécrétion interne.

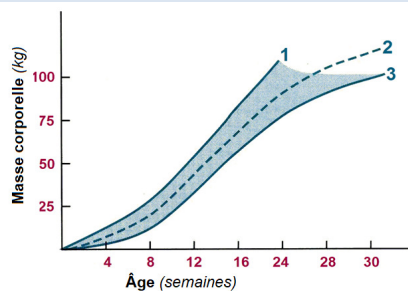
Action directe du système nerveux peut être observée en cas d'avitaminose, de lésions de la moelle épinière ou de divers nerfs, lorsque la fonction est altérée stagnation de la croissance dans les régions sous-jacentes.



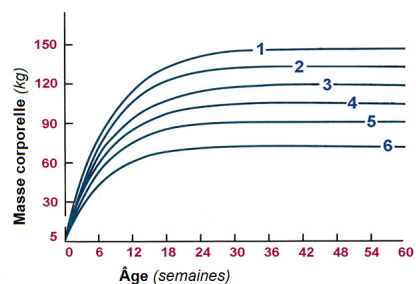
courbe de croissance chez les chevaux
1 - courses de traction lourde; 2 - courses de traction légère; 3 - races légères et 4 - races poney



courbe de croissance des bovins de boucherie
1 - taureaux, races hypermétriques 2 - taureaux, races hypométriques; 3 - femelles, races hypermétriques et 4 - femelles, races hypométriques



courbe de croissance chez les porcs
1 - des performances de croissance exceptionnelles; 2 - performance moyenne; 3 - performances médiocres



courbe de croissance chez le mouton
1-2 - béliers de race hyper et mésométriques; 3-4 - ovins, races hyper et mésométriques; 5-6 - béliers et moutons hypométriques

Graphique 5.3. Courbes de croissance théoriques pour les principales espèces animales

Traitement d'après Battaglia et Mayrose (1981) cité par Taylor, 1995

Action indirecte elle s'explique par le fait que le système nerveux coordonne l'activité du système endocrinien; les glandes à sécrétion interne qui jouent un rôle important dans la régulation des processus associés à la croissance sont: l'hypophyse, la thyroïde, la parathyroïde, le thymus et les glandes sexuelles.

Glande pituitaire influence la croissance à la fois en coordonnant l'activité d'autres glandes avec la sécrétion interne et par l'hormone de croissance ou l'hormone somatotrope. Les modifications de l'activité hypophysaire provoquent des anomalies de croissance. Ainsi, en cas d'hyperfonction, l'anomalie appelée gigantisme se produit, les animaux respectifs étant caractérisés par des dimensions beaucoup plus grandes que les normales; en cas d'hypofonction, l'anomalie appelée nanisme se produit, les animaux ayant de petites dimensions corporelles inférieures à la normale.

Thyroïde a une importance particulière dans le processus de croissance; En l'absence de thyroïde, la croissance s'arrête, retarde la maturation sexuelle (puberté) et la maturation somatique (retarde l'ossification du cartilage). L'utilisation d'hormones thyroïdiennes en grande quantité entraîne une perte de poids en raison de l'intensification du rythme des processus cataboliques.

Le thymus est la glande qui n'est présente et fonctionnelle qu'au stade juvénile, jouant un rôle majeur dans le processus de croissance corporelle et de développement des glandes sexuelles.

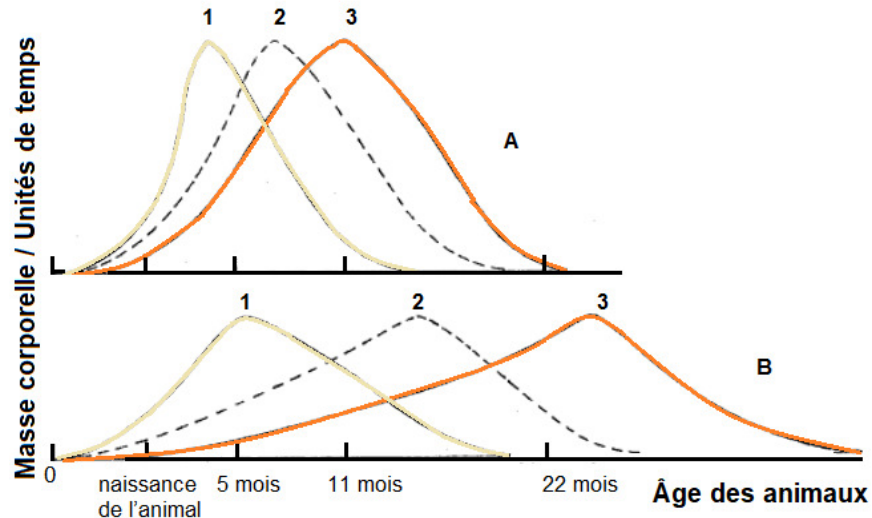
Les glandes sexuelles sécrète des hormones œstrogènes qui sont des inhibiteurs de la croissance des os longs, accélérant l'ossification du cartilage épiphysaire. Cet aspect apparaît phénotypiquement chez les animaux stérilisés, chez lesquels les os des membres sont plus longs, ils continuent à croître pendant une période plus longue, les animaux ayant un aspect mésomorphe ou dolichomorphe. L'augmentation de la sécrétion d'œstrogènes stimule la croissance et la capacité à utiliser des aliments (consommation spécifique); les carcasses d'animaux hyperœstrogènes ont une masse musculaire plus développée et une graisse réduite.

La parathyroïde influence le processus de croissance en régulant le métabolisme minéral, principalement l'équilibre phospho-calcique.

5.4.1. Facteurs externes

Facteurs externes ils ont une importance écrasante sur la croissance et le développement car ils peuvent agir beaucoup plus facilement que sur ceux qui ont un déterminisme génétique (facteurs internes).

l'alimentation, en terme de niveau et de qualité, c'est l'un des facteurs les plus importants influençant la croissance, tant au stade utérin que post-utérin.



Graphique 5.4. Taux de croissance de la masse corporelle de trois groupes de tissus dans le cas d'une alimentation optimisée (A) ou parcimonieuse (B)

Courbe 1 : crâne et jambes, os, graisse interne; **Courbe 2 :** cou, muscles et graisse sous-cutanée; **Courbe 3 :** hacher, gras, persillage. *Source: Hammond, 1950.*

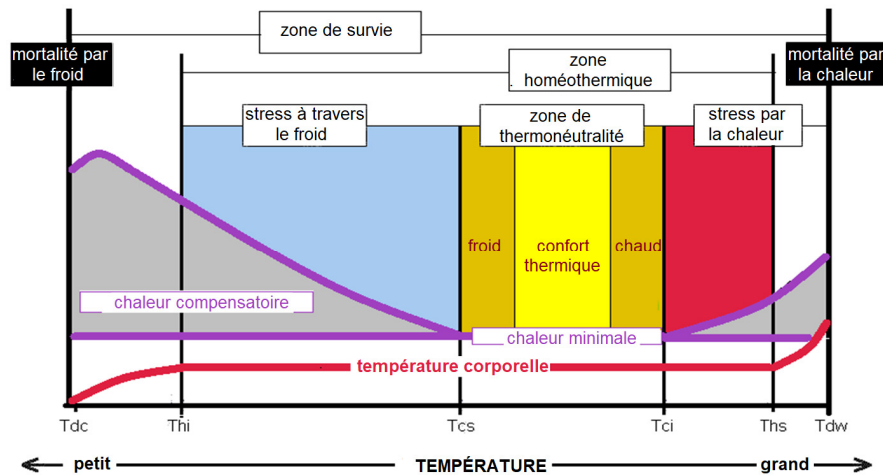
En période intra-utérine, une alimentation inadéquate de la mère dans la dernière partie de la grossesse entraîne la naissance de produits avec insuffisance pondérale, un système digestif peu développé, une fonction thermorégulatrice, une résistance organique et une faible adaptabilité, en raison d'un mauvais développement du système neurohormonal. Après la naissance, l'influence du facteur alimentaire est beaucoup plus grande; l'alimentation postnatale est administrée de manière appropriée à chaque catégorie d'animaux (rations dans lesquelles la teneur et le rapport entre les ingrédients énergétiques et protéiques, les minéraux et les vitamines sont optimisés); la ration, tant par quantité (niveau) que par structure (composition nutritionnelle) conditionne à la fois l'augmentation de la masse corporelle (figure 5.4, et le développement des fonctions et processus vitaux).

Les protéines influencent particulièrement la croissance et le développement par la présence d'acides aminés essentiels (acides aminés qui ne peuvent pas être synthétisés par l'organisme); par conséquent, des proportions optimales d'acides aminés doivent être assurées dans toutes les catégories d'animaux, mais surtout chez les jeunes. Phrase *protéine idéale* implique d'assurer des ratios optimaux d'acides aminés essentiels dans les ingrédients d'une ration pour animaux; en règle générale, le rapport est fait à l'acide aminé lysine.

CROISSANCE ET DÉVELOPPEMENT ANIMAUX

Par exemple, dans l'élevage intensif de porcs et d'oiseaux, il est nécessaire de fournir des acides aminés essentiels tels que - la lysine chez les porcs ou la lysine et la méthionine-cystéine chez les oiseaux.

Les glucides sont les ingrédients énergétiques nécessaires pour soutenir les processus métaboliques du corps. Les céréales, principale source d'énergie, sont riches en amidon. Au départ, les jeunes consomment des glucides à chaînes courtes; en conséquence, l'hydrolyse (mélange semi-liquide) ou la caramélisation de l'amidon (friture de céréales utilisées dans les aliments) est souvent utilisée.



Graphique 5.5. Régulation de la température corporelle et de la production de chaleur métabolique à différentes températures ambiantes

La légende: Température corporelle - ligne rouge. Production minimale de chaleur métabolique et production de compensation thermique - ligne violette. Tdc - la température à laquelle la mort par hypothermie se produit; Thi - température homéothermique inférieure (extrémité inférieure de la zone de thermorégulation) - une température ambiante plus basse entraînera une diminution de la température corporelle; Tci - température critique inférieure (extrémité inférieure de la zone thermoneutre); Tci - température critique élevée (extrémité supérieure de la zone thermoneutre); Ths - température homéothermique élevée (température extrême et supérieure de la zone de thermorégulation) - une température ambiante plus élevée augmentera la température corporelle; Tdw - la température à laquelle la mort par hyperthermie se produit.

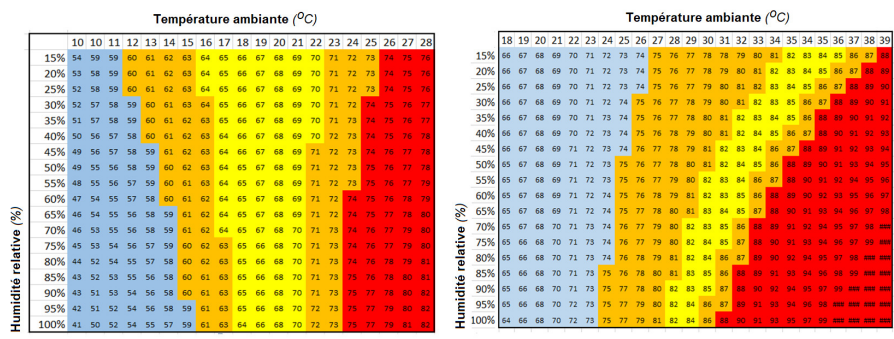
Redessiné et adapté après Dinu, 1978 et Yousef, 1985.

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

Les minéraux et oligo-éléments; le calcium et le phosphore sont les minéraux qui contribuent à la croissance et au développement du squelette. A ceux-ci s'ajoutent des micro-éléments impliqués dans le développement de la croissance, tels que: Co, Fe, Cu, Zn, Mn, Mg et autres.

Les vitamines(biocatalyseurs) conditionnent les processus biochimiques dans le corps et influencent à la fois la croissance et la santé des jeunes organismes. Les vitamines ayant un rôle particulier dans la croissance sont: A, B1, B, B, C, D et E.

La Température doit être appropriée pour chaque espèce, race, hybride et catégorie; il y a une température optimale, qui oscille entre les valeurs de température qui délimitent la zone «confort thermique» (figure 5.5). Dans le cas des jeunes (poussins, bourgeons et porcelets), dont les mécanismes homéothermiques ne sont pas complètement développés, les zones de croissance doivent être chauffées à des températures en fonction de l'âge, de la catégorie et de l'humidité (voir figure 5.6).



Truies en lactation

Porcelets dans la première semaine de vie

Graphique 5.6. Zone de thermoneutralité, stress thermique par le froid et la chaleur à différents niveaux de température et d'humidité

La légende: zones homéothermiques et thermoneutrales pour différentes catégories de porcs, avec zone de confort (zone jaune), zone d'alerte où vous avez froid ou chaud (zone orange), zone d'inconfort à basse température (zone froide, bleue) et zone inconfort à haute température (chaleur, zone rouge), classé sur la base de l'indice de température (°C) - humidité relative (HR%), selon la formule: $ITU = 1,8 \cdot T + 32 - (1 - HR\%) \cdot (T - 20)$ (Dinu, 1978).

Huțu et Onan, 2019.

La lumière, notamment le rayonnement solaire, influe sur l'augmentation à la fois par l'action physique du rayonnement infrarouge (stimulation de la circulation périphérique), qui active les échanges dans la peau, et par l'action chimique du rayonnement ultraviolet, qui transforme l'ergostérol cutané en vitamine D2, ce qui est un facteur important croissance, régulation du métabolisme du phospho-calcium. L'action optique du rayonnement lumineux influence, à travers le cortex cérébral, l'activité de l'antéro-hypophyse et donc tous les facteurs hormonaux qui influencent la croissance.

Exercice et gymnastique fonctionnelle active le métabolisme, assure la croissance harmonieuse de tous les organes et régions du corps, influençant favorablement la santé et l'endurance des animaux.

Condition de reproduction et condition corporelle influence non seulement le nombre de produits (taux d'ovulation, survie embryonnaire et nombre de zygotes), la qualité des produits, mais aussi l'intensité de leur croissance, tant en période intra-utérine qu'extra-utérine.

5.5. Manifestations phénotypiques en relation avec le milieu de vie

Les variations observées et quantifiées par les phénotypes animaux ne sont pas toujours le résultat de différences de bagage génétique (génotype), mais proviennent également de la variation générée par des facteurs environnementaux qui ont agi à différents stades et stades ontologiques (voir tableau 5.1). En pratique, selon le moment de l'action, l'environnement a une influence majeure dans la manifestation phénotypique des caractères animaux. La figure 5.4 montre les différents types d'influences que l'environnement a sur le phénotype pendant la vie d'un animal.

5.5.1 Influences dans la période intra-utérine

Chez les mammifères, les premiers stades de l'ontogenèse - le développement zygote, embryonnaire et fœtal - se déroulent dans l'utérus, la mère une influence plus ou moins continue.

Chez les oiseaux, l'influence de la mère repose principalement sur la composition du jaune et du blanc d'oeuf. Au cours de la vie intra-utérine / incubation, jusqu'à la naissance ou à l'éclosion, la progéniture rencontre certaines fenêtres dites de développement: périodes au cours desquelles certaines parties doivent se différencier, croître et se développer. Ces périodes ont des durées différentes, sont irremplaçables et irréversibles; en conséquence, le développement doit avoir lieu dans des conditions optimales, exactement dans ce laps de temps.

Tableau 5.1.

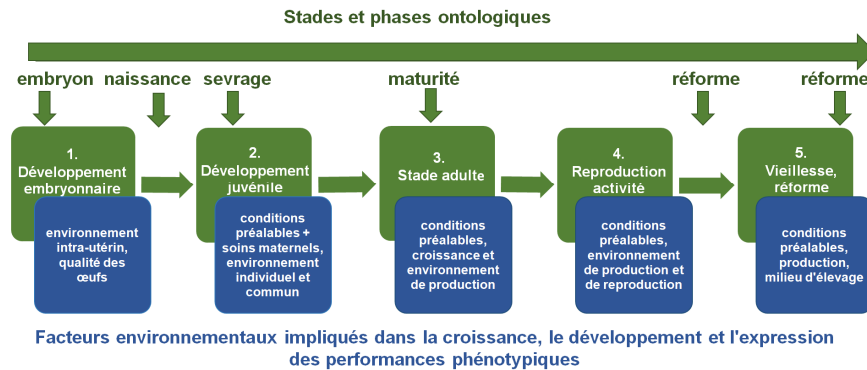
Termes nommant les animaux d'élevage en fonction de leur âge et de leur sexe

Élevage	Avicole	Bovin	Ovin	Porcin	Équin	Caprin
Terme générique d'usage courant	poule	bœuf	mouton	porc, cochon	cheval	chèvre
Terme générique de la viande de l'animal	poulet	bœuf, veau	mouton	porc	cheval	
Nom scientifique de l'espèce	Gallus gallus	Bos taurus	Ovis aries	Sus scrofa domestica	Equus caballus	Capra aegagrus hircus
Adulte femelle	poule	vache	brebis	truie, coche	jument	chèvre
Adulte mâle	coq	taureau	bélier	verrat	étalon	bouc
Jeune (terme générique)	poulet	veau	agneau	porcelet, cochonne, goret	poulain	chevreau, cabri
Jeune femelle	poulette	génisse, taure, vachette, broutarde	antenaïse	cochette	pouliche	chevrette
Jeune mâle	coquelet, cochet	taurillon, bouvillon, broutard	antenaïse	pourceau (ancien), nourrain	poulain	chevreau, bouquillon
Très jeune	œuf, poussin	veau (velle)	agneau (agnelle)	porcelet, cochon de lait	yearling, foal	cabri
Mâle châtré	chapon	bœuf	mouton	cochon	hongre	-
Jeune femelle engraisée	poularde	génisse d'embouche	-	-	-	-
Mise au monde	ponte	vêlage	agnelage	mise bas	poulinage	

La croissance prénatale et les déficiences du développement sont irréparables. Le développement intra-utérin ou dans la coquille d'œuf dépend à la fois de la génétique de l'animal et des conditions environnementales. Si les conditions environnementales ne fournissent pas le minimum nécessaire, le produit de conception sera sous-développé, faible ou non viable. Fondamentalement, l'alimentation insuffisante des femelles gravides ralentit la croissance des os longs et le développement des systèmes digestif et circulatoire, c'est ce que l'on appelle l'embryonisme.

5.5.2. Influences sur l'allaitement

S'il y a eu des déficiences dans l'utérus ou l'ovule, l'influence de l'environnement avant la naissance / l'éclosion se fait sentir, bien qu'il puisse y avoir par la suite une augmentation compensatoire.



Graphique 5.4. Stades ontogénétiques, influence environnementale et événements qui influencent la croissance, le développement et les performances phénotypiques.

La flèche verte indique les périodes de la vie d'un animal, les flèches verticales illustrent les événements importants de sa vie et le début de nouvelles étapes de la vie des animaux. Dans les cadres verts sont illustrés certaines étapes ontologiques, dans les cadres bleus, il y a des zones de texte qui indiquent le type d'influence de l'environnement et comment il agit sur l'animal à chaque étape de sa croissance et de son développement.

Cependant, dans la situation où les organes ne se sont pas développés de manière optimale, ce fait ne peut plus être corrigé par des augmentations compensatoires. La croissance et le développement se poursuivent même après la naissance, également dans une série de fenêtres de développement. Le développement post-partum implique non seulement le développement de la partie physique de l'animal, mais aussi la partie émotionnelle, de nombreuses composantes du caractère se développant dans les premières semaines après la naissance. L'environnement inapproprié qui se manifeste au cours du développement juvénile peut avoir une influence irréversible sur le développement émotionnel de l'animal. Jusqu'au sevrage, l'environnement de l'animal est influencé par les soins maternels, l'allaitement (milieu maternel commun), mais aussi par d'autres membres de l'environnement, comme les congénères (milieu social commun) - voir partie 2, chapitre 5.

5.5.3. Influences juvéniles

Après le sevrage, l'influence de l'environnement précoce sur le développement de l'animal reste irréversible. De plus, l'environnement individuel dans lequel l'animal évolue après le sevrage aura son influence.

Par exemple, l'alimentation, l'entretien et l'environnement du groupe d'animaux influencent le développement de l'individu, qui se poursuit jusqu'à la maturité et le début de l'activité reproductrice; une nutrition insuffisante détermine quantitativement et qualitativement l'infantilisme. La puberté (la première production de spermatozoïdes et le premier œstrus fertile) et parfois la première parturition surviennent avant que l'animal acquiert maturité somatique. Par conséquent, dans la figure 5.4, la durée de l'échéance est un peu trompeuse; souvent la maturité est l'âge au premier accouplement, qui coïncide avec la puberté et la diminution du taux de croissance de l'animal (la maturité somatique se produira après un intervalle à partir de la puberté (maturité sexuelle).

5.5.4. Influences environnementales après la puberté

Après la puberté, l'influence sur le phénotype de l'animal dépend de la qualité de l'environnement; comme l'animal a terminé sa croissance, les influences de l'environnement peuvent être partiellement compensées¹, étant réversible; par exemple, la masse corporelle est réversible, mais l'harmonie corporelle et l'augmentation de la taille corporelle ne peuvent être compensées. Après la puberté, grâce au développement de l'activité reproductrice, une nouvelle génération peut apparaître, sur laquelle l'influence des parents peut se manifester. Ces influences des parents de l'animal sur le phénotype de la progéniture sont appelées effets transgénérationnels. Par exemple, la privation de nourriture des femelles pendant la croissance affectera leur développement et, les mères, à leur tour, influenceront le développement de la progéniture.

Par exemple, si la croissance d'une femme a été affectée par les conditions environnementales, cela aura une influence sur le développement de l'utérus; ainsi, l'utérus peu développé affectera le développement des produits de conception de cette femelle. Une alimentation quantitative et qualitative insuffisante des jeunes (infantilisme) amène l'adulte à manifester phénotypiquement le développement d'un jeune animal, avec des muscles, des voies respiratoires, une glande mammaire et des organes sexuels peu développés.

¹ De nombreux organes du corps animal sont des organes appariés, et si l'un d'entre eux est perdu ou dysfonctionnel, l'organe restant augmente en taille, comme s'il répondait aux exigences d'une utilisation accrue. Par exemple, si l'un des deux reins est retiré, la taille de l'autre augmente. Cela s'appelle une réaction compensatoire et peut se produire soit par une légère augmentation de la taille des cellules (hypertrophie), soit par une augmentation du taux de division cellulaire (hyperplasie), ou par les deux processus. Bien que l'augmentation du nombre de cellules soit principalement responsable de la réaction compensatrice du rein, le nombre de glomérules (unités filtrantes) n'augmente pas. Par conséquent, la division cellulaire augmente la taille des glomérules, mais pas leur nombre. Un autre exemple d'augmentation de la taille des cellules chez les animaux se produit pendant la stimulation des organes endocriniens; la stimulation de la glande thyroïde entraîne une augmentation de la taille des cellules individuelles, respectivement de la glande. (Www.britanica.com).

5.5.5. Influences survenues après avoir quitté la reine

Après l'achèvement de l'activité d'élevage, selon les espèces, certains animaux domestiques peuvent continuer leur activité dans différents services. Habituellement, les animaux de ferme sont abattus après la réforme de la reproduction, après une période de reconditionnement (acquisition de l'état d'engraissement). Il convient de noter que les influences environnementales au début de la vie influenceront les valeurs phénotypiques ultérieures pendant la vie productive et reproductive. Cependant, les premières influences environnementales n'ont pas toutes un effet durable; certaines influences seront réversibles et d'autres peuvent avoir un impact insignifiant. Le processus de croissance et de développement corporel doit être constamment surveillé (pesée périodique et contrôle sanitaire),

5.6. Potentiel génétique, capacité de production et production réelle

Avec l'amphimixie des gamètes a lieu la finalisation du potentiel génétique par des combinaisons de gènes qui pourront déterminer la valeur des performances futures. Pour sa matérialisation dans une production au cours de la croissance et du développement, il faut tenir compte de toutes les influences et facteurs qui interfèrent avec ces processus biologiques.

Par la suite, il y aura une appréciation des caractères qui déterminent la **capacité productive** des animaux - aspect qui est réalisé selon les techniques de chaque production à travers leur contrôle (objet d'étude de la troisième année). Chaque optimisation ou déficience technologique enregistrée au cours de la croissance et du développement contribuera à la valeur mesurable (phénotypique) de la production réalisée. **La production réelle**, après avoir éliminé toutes les influences générées sur les facteurs auxquels l'animal a été exposé pendant l'ontogenèse jusqu'à la quantification de la valeur de production, sera la base pour évaluer la valeur d'amélioration de l'animal.

5.6. Principaux enjeux de la croissance et du développement

1. L'ontogenèse est le processus de croissance et de développement d'un être vivant, englobant toutes les transformations, du stade embryonnaire à la fin de la vie.
2. La croissance est l'interaction coordonnée de processus biologiques et chimiques, qui commencent par la fécondation de l'œuf et se terminent à l'âge adulte, dans le but de construire le corps de l'animal.
3. Le développement est la différenciation des cellules et la spécialisation des tissus et des organes; elle se réalise progressivement et irréversiblement vers l'âge adulte, et de manière rétrogressive vers la sénescence, conduisant à des changements dans les formes, les proportions, la composition chimique et les fonctions du corps.
4. Les facteurs internes qui influencent la croissance et le développement sont représentés par le génotype et le système neurohormonal: système nerveux et thymus, thyroïde, parathyroïde, hypophyse, glandes sexuelles.
5. Les facteurs externes qui influencent la croissance et le développement sont représentés par l'alimentation, la température, la lumière et le rayonnement ultraviolet; au cours des étapes ontogénétiques, il y a des influences et des événements environnementaux qui influencent la croissance, le développement et la performance des valeurs phénotypiques.

Chapitre I. 6

BIODIVERSITE ET DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

«Rendre la nature à nouveau saine est la clé de notre bien-être physique et mental et est un allié dans la lutte contre le changement climatique et les épidémies. C'est au cœur de notre stratégie de croissance, le Green Deal européen, et fait partie d'une reprise européenne qui rend plus à la planète qu'elle n'en emporte. »

Ursula von der Leyen,

Président de la Commission européenne

À travers le monde, 14 espèces animales produisent 90 % des protéines consommées par les humains. Les processus d'intensification et de standardisation de la production agricole poussent à une certaine uniformisation de ces espèces. Une spécialisation toujours plus importante de ces animaux est alors recherchée et aboutit à une grande inégalité dans l'usage de ces races : certaines populations de vaches, sélectionnées par exemple pour leur grande production laitière, sont présentes partout dans le monde alors que des populations plus locales voient leurs effectifs baisser ou disparaissent. Cet appauvrissement de la diversité génétique pourrait avoir des conséquences importantes pour le futur de la production et les services rendus par les écosystèmes pâturés par des herbivores domestiques, en l'absence d'herbivores sauvages en nombre et avec une diversité suffisante.

La diversité des populations animales correspond une diversité de systèmes et de milieux d'élevage¹. La diversité provient aussi de la manière dont les éleveurs sélectionnent des bêtes en fonction de leurs préférences qui peuvent dépendre, par exemple, de leurs objectifs de productions. Certaines races se sont ainsi mondialement répandues comme la vache Holstein, sélectionnée pour son potentiel de production laitière qui s'exprime pleinement dans des systèmes intensifs et à l'alimentation adaptée, achetée en partie à l'extérieur de l'exploitation. D'autres systèmes comme les systèmes pastoraux ont maintenu des races, moins sélectionnées et moins spécialisées, sur la base d'autres critères comme la valorisation d'une ressource alimentaire locale peu coûteuse. Ces élevages extensifs font pâturer les troupeaux sur une végétation qui pousse spontanément. Ces races sont souvent locales, c'est-à-dire liées à un territoire et un mode d'élevage donné.

Par quels critères les éleveurs choisissent ces races ?

Lors de différentes enquêtes auprès d'éleveurs de races locales, ceux-ci ont exprimé des préférences que l'on pourrait classer en trois registres:

Des critères zootechniques (relatifs à l'élevage et à la production) qui portent par exemple sur la taille, le comportement, la qualité des produits fournis par les races. Par exemple, dans les pâturages de montagne, des espèces dites plus rustiques – adaptées à un milieu contraignant – peuvent être privilégiées pour leur capacité à la marche ou encore à vivre avec des ressources alimentaires plus aléatoires.

Un souhait des éleveurs de participer au maintien de la diversité, pour des questions environnementales, patrimoniales ou de défense de la biodiversité.

Des critères esthétiques, que l'on retrouve pour la plupart des races quelle que soit l'espèce (ovins, bovins) et les types de production (laitière, à viande ou mixte). Ces critères se retrouvent dans différentes espèces et se déclinent différemment selon les projets des éleveurs. La diversité animale est donc associée à une diversité de projets humains.

¹ *Interviu cu: Anne Lauvie (cercetător în managementul teritorial al populațiilor locale de animale la INRA). Interviu de: Hugo Dugast (ofițer de comunicații FRB). Recitare: Hélène Soubelet (medic veterinar și director al FRB), Jean-François Silvain (președintele FRB), Pauline Coulomb (ofițer de comunicare la FRB). Source : <https://www.fondationbiodiversite.fr/>*

6.1. La biodiversité

La biodiversité représente la variété et la variabilité de la vie sur Terre. La biodiversité comprend la diversité des écosystèmes et la diversité génétique des espèces de ces écosystèmes. La biodiversité a deux composantes: la biodiversité végétale et la biodiversité animale.

Définition:

La biodiversité représente la variabilité des organismes dans les écosystèmes terrestres, marins, aquatiques intérieurs et les complexes écologiques; cela inclut la diversité intraspécifique et interspécifique et la diversité des écosystèmes.

Chaque espèce joue un rôle nécessaire dans son écosystème - en tant que prédateur, proie ou pollinisateur - et les pertes cumulées pourraient entraîner la perturbation des «services» importants dont nous dépendons, notamment l'eau potable, la pollinisation des cultures ou la prévention des maladies.

6.1.1. Perte de biodiversité

Des pertes de biodiversité importantes se produisent actuellement, avec de profondes conséquences pour le monde naturel et le bien-être humain. Les principales causes de ces pertes sont les modifications de l'habitat naturel. Ceux-ci sont dus aux systèmes de production agricole intensifs, à la construction, aux carrières, à la surexploitation des forêts, des océans, des rivières, des lacs et des sols, aux invasions étrangères, à la pollution et - de plus en plus - au changement climatique mondial.

L'extinction des espèces est associée à la perte d'habitat - principalement due à l'expansion humaine, suivie de la chasse et de la pêche. Même lorsque l'habitat n'est pas complètement perdu, il peut être tellement changé que les animaux ne peuvent plus s'adapter; par exemple, des clôtures fragmentent une prairie, la déforestation perturbe les couloirs de migration; la pollution rend les rivières toxiques, tuant divers organismes sans discrimination. À ces menaces locales, il faut ajouter les menaces mondiales: le commerce, qui propage les maladies, les espèces envahissantes et le changement climatique, qui affecteront à terme toutes les espèces sur Terre - des animaux vivant au sommet de la montagne à ceux du cercle polaire arctique. Tous ces aspects sont associés, directement ou indirectement, à l'activité humaine. Fondamentalement, la plupart des espèces font face à de multiples menaces; certains s'adapteront, d'autres disparaîtront ou auront déjà disparu (figure 6.1).

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

À ces menaces locales, il faut ajouter les menaces mondiales: le commerce, qui propage les maladies, les espèces envahissantes et le changement climatique, qui affecteront à terme toutes les espèces sur Terre - des animaux vivant au sommet de la montagne à ceux du cercle polaire arctique. Tous ces aspects sont associés, directement ou indirectement, à l'activité humaine. Fondamentalement, la plupart des espèces font face à de multiples menaces; certains s'adapteront, d'autres disparaîtront ou auront déjà disparu (figure 6.1). À ces menaces locales, il faut ajouter les menaces mondiales: le commerce, qui propage les maladies, les espèces envahissantes et le changement climatique, qui affecteront à terme toutes les espèces sur Terre - des animaux vivant au sommet de la montagne à ceux du cercle polaire arctique. Tous ces aspects sont associés, directement ou indirectement, à l'activité humaine. Fondamentalement, la plupart des espèces font face à de multiples menaces; certains s'adapteront, d'autres disparaîtront ou auront déjà disparu (figure 6.1). la plupart des espèces font face à de multiples menaces; certains s'adapteront, d'autres disparaîtront ou auront déjà disparu (figure 6.1). la plupart des espèces font face à de multiples menaces; certains s'adapteront, d'autres disparaîtront ou auront déjà disparu (figure 6.1).



Figure 6.1. Espèces animales éteintes ou en voie de disparition

De gauche à droite et de haut en bas: **panda rouge** - *Ailurus fulgens fulgens* (en voie de disparition), **grande tortue** à pattes jaunes (*Chelonoïdis denticulata*), une espèce vulnérable en Amérique du Sud et dans les Caraïbes, où elle est capturée comme un viande ou gibier pour la viande, **renard arctique** - *Vulpes lagopus*, **chèvre de Nubie** (vulnérable), **anguille européenne** - *Anguilla anguilla* (critique, en voie de disparition) et **orang-outan de Sumatra** - *Abeilles Pongo* (au bord de l'extinction critique).

Source: <https://www.nationalgeographic.com>

LA BIODIVERSITÉ ET LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

Nations Unies, à travers le rapport de sa Plateforme intergouvernementale sur la biodiversité et les services écosystémiques (IPBES²), l'évaluation de l'état de la biodiversité de notre planète conclut: La pollution, la déforestation et la perte d'habitat due à l'agriculture et au développement ont «déjà changé» 75% des terres et 40% du milieu marin; "Les actions humaines menacent désormais plus d'espèces d'extinction mondiale que jamais auparavant."

6.2. Diversité zootechnique

À l'échelle mondiale, au fil du temps, les humains ont domestiqué plus de 30 espèces d'animaux à des fins agricoles, dont 14 sont responsables de plus de 90% de la production animale (voir partie I, chapitre 2). Au sein de ces espèces animales, il existe de nombreuses variations, les animaux d'une espèce différant plus ou moins par un ou plusieurs caractères: en pratique, ils présentent une diversité ou une variation d'origine génétique. D'un point de vue zootechnique, la biodiversité - considérée comme diversité - peut être définie comme une mesure de la variation au niveau génétique (espèces, races, lignées, variétés et individus utilisés pour obtenir la même production) et au niveau de l'écosystème (diversité des systèmes de production, croissance et opération). La diversité au niveau des espèces comporte deux aspects:

- *diversité intraspécifique*

Il comprend la variation génétique au sein d'une seule branche taxonomique: comme, par exemple, les espèces du genre *Bos* avec: *B. taurus* (taurines), *B. indicus* (zébu, brahma), différentes sous-espèces mais appartenant à la même espèce, et ils peuvent produire, en quantités variables, la même production, respectivement la production laitière.

- *diversité interspécifique*

La diversité zootechnique interspécifique fait référence au nombre et aux types d'espèces différentes, telles que, par exemple, les espèces de la famille des bovidés (taureaux, buffles, moutons et chèvres), qui peuvent toutes assurer la production de lait.

6.2.1. Diversité inter et intra- raciale

L'évaluation de l'efficacité des programmes de sélection (voir partie 2, chapitre 14) considère la préservation de la diversité génétique intra- raciale (variation).

² Acronyme de l'angl. Plateforme intergouvernementale scientifique et politique sur la biodiversité et les services écosystémiques.

Comme ce paramètre est généralement petit, il est attendu comme une variation interrassiale³ peut être utilisé dans les programmes de sélection. En conséquence, c'est une raison suffisamment importante pour gérer soigneusement le risque d'extinction (extinction) des races. Lorsque la production animale nécessaire doit s'adapter rapidement à de nouveaux défis, la variation entre les races peut être très utile. Par conséquent, la conservation des races présentant une grande diversité de caractères doit être une approche stratégique rationnelle et importante, tenant compte des incertitudes, des conditions de production et de l'évolution future du marché.

6.2.2. L'origine des différences interrassiales

Les différences entre les races sont le résultat de l'influence combinée de quatre types de forces: dérive génétique, migration, sélection et mutation.

Dérive génétique (*dérive génétique ou jeu d'argent*) c'est un terme pour quantifier les fluctuations des fréquences alléliques dues aux processus de ségrégation aléatoire des gènes au moment de leur transmission des parents à la progéniture, étant l'un des phénomènes étroitement liés de la consanguinité, en particulier dans les petites populations. Au fil du temps, la dérive génétique augmentera les différences génétiques entre deux races extraites de la même population, mais élevées et reproduites isolément.

Migration d'individus d'une race à l'autre, elle agit contre la consanguinité, car elle réduit les différences génétiques qui existent entre les races et augmente la variation génétique au sein de la race d'accueil (la population dans laquelle elle a immigré).

En cas de sélection, les porteurs d'allèles favorables auront un avantage sélectif dans la prochaine génération. La sélection, en fonction de l'objectif de sélection utilisé dans chaque race, peut générer des convergences ou divergences inter-raciales. Chez les animaux de ferme, la sélection peut être à la fois artificielle et naturelle. En général, **mutation** se produit dans le génome augmente la différenciation génétique entre les races et crée une diversité génétique. Cependant, la mutation se produit avec une faible fréquence et, en l'absence de sélection, l'influence de la mutation ne devient mesurable qu'après un grand nombre de générations. À un moment donné, la mutation est responsable de la création de polymorphismes qui sont au cœur de toute diversité génétique.

³ Actuellement, de nombreuses fermes de vaches Holstein croisent avec des races mixtes, telles que les races suisses, Allemands, français ou scandinaves, pour améliorer la santé et la forme physique de leurs troupeaux. À l'heure actuelle, les fermes font face à une diminution de la valeur de ces caractères, un processus qui s'aggraverait si la race Holstein continue de s'améliorer dans la race pure. Les races mixtes françaises et scandinaves ont de meilleurs traits de santé et de forme physique, et dans les systèmes de croisement par rotation, les valeurs de ces caractères sont plus élevées en raison de l'effet de l'hétérosis (voir partie 2, chapitre 11).

6.2.3. L'origine des différences intra-raciales

Au sein des races (intra-raciales), la dérive génétique, la migration, la sélection et la mutation sont également des acteurs pertinents. En plus de ces forces évolutives, la variation génétique intra- raciale est le chemin par lequel la création de la race a eu lieu. Par exemple, des races de chiens (plus tard standardisées) ont été créées par croisement, souvent seulement quelques animaux d'un nombre limité de races. Leurs descendants ont été sélectionnés selon une normestric. De nombreuses races de chiens dépendent d'un nombre limité d'animaux fondateurs, c'est pourquoi la variabilité génétique est souvent réduite chez cette espèce. En outre, chez les porcs et les bovins, les races ont été développées à partir de races en abattant des animaux qui ne répondaient pas au standard de la race (ou n'avaient pas la bonne couleur ou la bonne conformation, etc.) et en encourageant l'utilisation de mâles qui correspondaient le mieux au standard de la race.

Dérive génétique (le jeu du hasard) peut être évitée lorsque les races sont maintenues en nombre suffisamment important. Dans une population avec un petit nombre d'individus, les chances que tous les allèles se rencontrent sont directement proportionnelles à la taille de la population. Par exemple, à l'intersection de deux individus hétérozygotes $Aa \times Aa$ la ségrégation est de type 25% AA , 50% Aa et 25% aa . En raison du petit nombre d'éleveurs, seuls les individus peuvent résulter aa , ce qui signifie que la fréquence des gènes change dans la direction de l'allèle de , allèle UNE être perdu de la population.

Migration Certains individus ont souvent un effet positif sur la taille de la variation génétique au sein d'une race. En termes pratiques, lorsque les dispositions du registre des races autorisent l'utilisation d'animaux non de race (conformément à certaines exigences et réglementations) au sein de la race, la variation génétique sera augmentée. Par conséquent, du point de vue de la variabilité génétique, des «registres de race ouverts» sont recommandés au lieu de «registres fermés», des registres de races dans lesquels l'immigration n'est pas autorisée.

Sélection les animaux en tant que parents pour la prochaine génération a également un impact assez important sur la diminution de la variation génétique d'une race, en particulier lorsque la sélection est très intense grâce à l'utilisation d'un petit nombre d'éleveurs. Fondamentalement, si seulement quelques parents sont utilisés, seuls ils généreront la variation génétique dans la prochaine génération.

Mutation il est, à court terme, d'une importance mineure pour la variation génétique d'une race. On estime que le taux de mutation serait si bas que dans un court laps de temps, le nombre d'animaux dans une race est trop petit pour qu'une mutation soit vraisemblable et se produise.

6.3. Plan mondial de gestion des ressources génétiques de la FAO

Dans les années 1960, les communautés scientifiques et agricoles ont attiré l'attention sur l'érosion des ressources zoogénétiques. D'un point de vue social, les agriculteurs européens quittaient les zones rurales où une diversité de races était exploitée et de nombreuses races locales ont été remplacées par plusieurs races très performantes, économiquement efficaces et bien promues. Ces races intensément sélectionnées ont également été exportées vers des pays en développement hors d'Europe et ont remplacé, en un temps relativement court, de nombreuses races locales bien adaptées à des conditions environnementales et d'exploitation très différentes de celles européennes. . En 1992, la FAO a lancé un Programme d'action spécial pour la gestion mondiale des ressources génétiques des animaux d'élevage, suivi en 2007,

Selon la FAO, les ressources zoogénétiques désignent le nombre de races dans une espèce. La situation raciale mondiale est illustrée à la figure 6.4. Une grande attention est accordée par la FAO à la définition du statut de risque des races. Pour définir le niveau de risque d'extinction d'une race, on ne tient pas seulement compte du nombre d'animaux, bien que ce soit un critère principal; les autres questions à considérer sont: le type d'élevage (de race pure ou croisée), la capacité des femelles reproductrices à se reproduire si une femelle produit des centaines de petits par an, comme des oiseaux, ou si une femelle ne produit qu'un seul produit par an , comme les chevaux et les bovins). Pour déterminer le statut de risque d'une race, la FAO utilise les classes de risque suivantes: sans risque, vulnérable, en danger et critique. Dans la figure 6.2. les classes de risque et la structure interne des races d'espèces à capacité de reproduction élevée et faible sont illustrées. Selon le schéma logique développé par la FAO, basé sur le statut et la catégorie de risque d'une race, des stratégies de gestion des risques appropriées peuvent être proposées et utilisées pour utiliser, protéger ou conserver la race (voir Figure 6.3). Dans le cas des races menacées d'extinction, la valeur de la race (par exemple, s'il s'agit d'une seule race ou qu'elle possède des traits adaptatifs particuliers), la valeur de son utilisation dans la société et sa valeur historique ou culturelle sont d'abord considérées; après cette analyse, on peut conclure quelle race mérite d'être préservée et quel programme de conservation est approprié: conservation in vivo ou in vitro (figure 6.3).

LA BIODIVERSITÉ ET LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

Capacité reproducteur	Mâles (N)	Femmes (N)						
		≤ 100	101 - 300	301 - 1000	1001 - 2000	2001 - 3000	3001 - 6000	> 6000
gros (cochon, lapin, chien et oiseaux)	≤ 5	critique	critique	critique	critique	critique	critique	critique
	6 - 20	critique	critique	critique	critique	critique	critique	critique
	21 - 35	critique	critique	critique	critique	critique	critique	critique
	> 35	critique	critique	critique	critique	critique	critique	critique
petit (chevaux, ruminants)	≤ 5	critique	critique	critique	critique	critique	critique	critique
	6 - 20	critique	critique	critique	critique	critique	critique	critique
	21 - 35	critique	critique	critique	critique	critique	critique	critique
	> 35	critique	critique	critique	critique	critique	critique	critique

critique En danger vulnérable sans risque

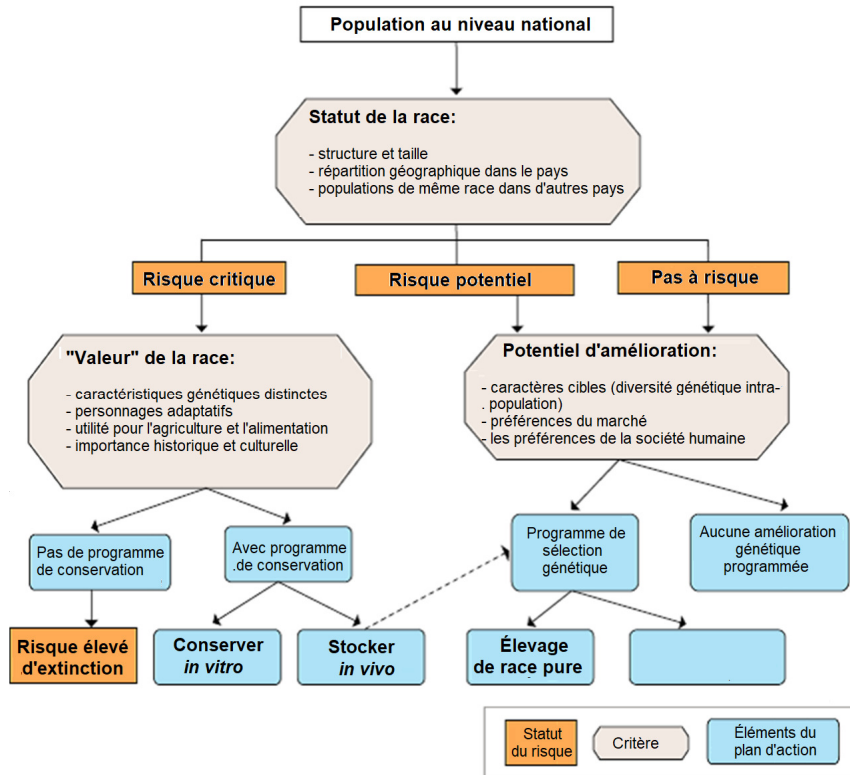
Graphique 6.2. Catégories risque dépendant de la capacité de reproduction des races d'espèces différentes

Définitions

Stockage in vivo est la conservation en maintenant les populations vivantes maintenues dans des conditions agricoles normales et / ou dans la zone dans laquelle elles ont évolué ou se trouvent normalement.

Conservation in vitro (cryoconservation) est représentée par le stockage des gamètes et des embryons dans l'azote liquide.

Pour les races qui ne sont pas à risque ou pour celles qui sont potentiellement à risque, la sélection génétique est toujours possible dans les programmes de sélection. Dans le cas des races menacées d'extinction, les possibilités sont limitées en raison du petit nombre d'animaux pouvant être utilisés pour la reproduction. Des programmes de conservation peuvent être développés pour ces races; ce sont des programmes de sélection qui donnent la priorité à la minimisation de la relation de parenté entre les parents, plutôt qu'à la maximisation de l'amélioration génétique. Comme cela sera expliqué en détail dans la deuxième partie du livre, un nombre relativement important de mâles et de femelles sont utilisés dans les programmes de conservation pour obtenir la génération suivante. En conséquence, dans les programmes de conservation, les longs intervalles entre les générations sont considérés comme normaux parce que le sperme conservé des mâles ayant un petit nombre de descendants dans la population à risque est utilisé. La conservation in vivo d'une race exposée à divers degrés de risque d'extinction nécessite un programme d'élevage bien conçu, qui nécessite la prise en compte du petit nombre d'animaux et une application stricte des mesures, ainsi qu'une évaluation fréquente des résultats.



Graphique 6.3. Schéma du plan d'action dans le cadre de la gestion nationale des ressources génétiques

Source: Rishkowsky et Pilling, FAO. 2007.

L'objectif principal du programme de conservation in vivo est de faciliter l'utilisation des races en milieu rural afin de i) gérer les ressources naturelles, ii) soutenir les productions régionales à haute valeur ajoutée et iii) maintenir les activités historico-culturelles. La conservation in vivo d'une race exposée à divers degrés de risque d'extinction nécessite un programme d'élevage bien conçu, qui nécessite la prise en compte du petit nombre d'animaux et l'application stricte de mesures, ainsi qu'une évaluation fréquente des résultats.

LA BIODIVERSITÉ 'E DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

L'objectif principal du programme de conservation in vivo est de faciliter l'utilisation des races en milieu rural afin de i) gérer les ressources naturelles, ii) soutenir les productions régionales à haute valeur ajoutée et iii) maintenir les activités historico-culturelles. La conservation in vivo d'une race exposée à divers degrés de risque d'extinction nécessite un programme d'élevage bien conçu, qui nécessite la prise en compte du petit nombre d'animaux et une application stricte des mesures, ainsi qu'une évaluation fréquente des résultats. L'objectif principal du programme de conservation in vivo est de faciliter l'utilisation des races en milieu rural afin de i) gérer les ressources naturelles, ii) soutenir les productions régionales à haute valeur ajoutée et iii) maintenir les activités historico-culturelles.

6.2.4. Actualités et tendances sur la gestion de la diversité zootechnique

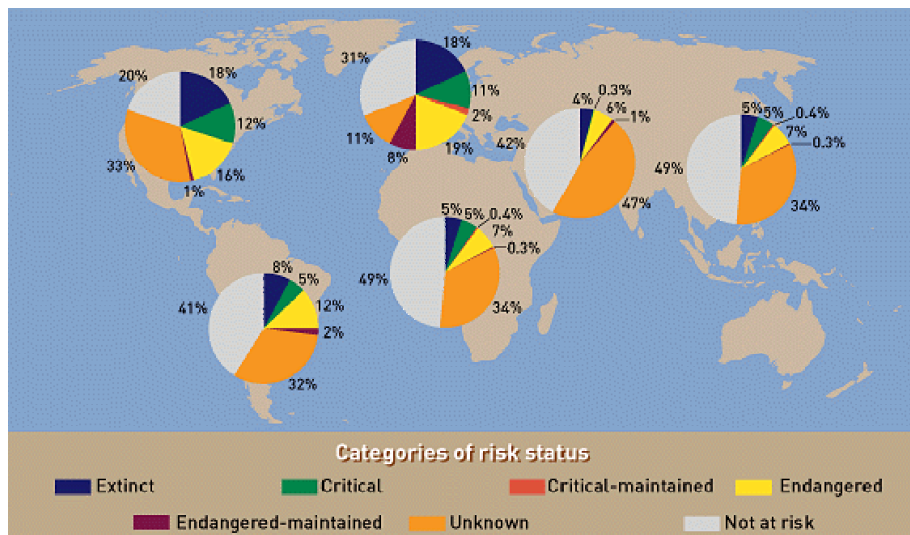
Au niveau mondial, la diversité des animaux domestiques (diversité zootechnique) présente les caractéristiques et défis suivants:

- il existe environ 8 800 races animales de 38 espèces différentes, qui offrent aux humains une variété de produits et de services;
- donne divers rôles et valeurs aux ressources zoogénétiques, notamment en ce qui concerne les moyens de subsistance des pauvres;
- conserve des caractéristiques raciales uniques qui peuvent aider à relever les défis du changement climatique;
- demande l'identification et l'évaluation continues des ressources génétiques potentielles afin que des mesures contextuelles puissent être prises;
- demande la mise en place et le soutien de programmes d'amélioration qui sont difficiles à mettre en œuvre dans de nombreux pays;
- la diversité des animaux domestiques dans le monde est menacée.

Selon les estimations de la FAO⁴, dans le monde, au XXe siècle, 10% des races domestiques ont disparu et 20% restent menacées d'extinction au XXIe siècle (voir Figure 6.4). En Europe, 18% des races existantes au début des années 1900 sont perdues, et à moins que des mesures significatives ne soient prises sur les facteurs qui réduisent la biodiversité, 40% supplémentaires sont susceptibles de disparaître dans les 20 prochaines années. Au début du troisième millénaire en Europe, 773 races locales étaient menacées d'extinction; selon le degré de risque, la répartition des races locales est la suivante:

- 172 exposés à un risque «critique»
- 302 exposés à un risque "dangereux"
- 39 exposés à la catégorie «risque maintenu de manière critique»
- 105 exposés à la catégorie «risque maintenu dangereux»
- 155 non exposés au risque, mais avec une population en baisse

⁴ Le suivi de l'état des races dans le monde est effectué grâce à une base de données de la FAO, connue sous le nom de Système d'information sur la diversité des animaux domestiques (DAD-IS).



Graphique 6.4. Le statut des races d'élevage dans le monde

Les espèces les plus menacées d'extinction sont les ovins (223 races), les chevaux (200 races) et les bovins (190 races); suivis, avec un risque intermédiaire, des porcs (79 races) et des chèvres (69 races) et, dans une moindre mesure, des ânes (12 races). La répartition des races menacées est dominée par l'Allemagne (164 races), suivie de la France (123 races) et de l'Italie (115 races). En Europe, les mesures législatives qui parviennent à réduire l'impact de l'agriculture moderne sur la biodiversité sont le règlement 2078/92 qui accompagne les mesures de réforme de la politique agricole commune et, plus récemment, le Green Deal, qui stimule l'écologisation de l'agriculture.

Causes de la diversité réduite découle de l'efficacité et homogénéisation des productions; les agriculteurs remplacent les races locales par des races à haute productivité. Cette spécialisation est soutenue par des incitations économiques et le fait que les décisions des agriculteurs sont principalement liées à l'efficacité économique. Par exemple, en Europe, plus de 60% des bovins sont issus de la race Frise Holstein, connue pour sa productivité (Drucker *et al.*, 2001). Aux États-Unis, en raison de l'inefficacité économique, les moutons ne sont presque jamais élevés, au détriment des bovins (voir Alderson, 1990; OCDE, 1996; Pearce et Moran, 1994).

6.2.5. La valeur de la diversité zootechnique

La valeur de la diversité zootechnique et la nécessité de la maintenir a été stipulé par plusieurs organismes internationaux,⁵ et les activités qui soutiennent la biodiversité sont:

- test génétique des différences et similitudes raciales;
- réexamen des similitudes raciales;
- la réaffectation des races à des groupes / types de races;
- décrivant les priorités de race dans les stratégies de conservation in situ⁶, *ex situ*⁷, *ex situ - in vivo*⁸ (Simianer et Meyer, 2003).

Le tableau 3.1 présente une comparaison de trois stratégies de conservation principales (cryoconservation, conservation in vivo et conservation in situ), indiquant celles qui sont préférables en termes d'un certain nombre d'objectifs de conservation. Les informations concernent des programmes de conservation bien conçus.

Par exemple, les programmes de conservation in situ ne seront pas pertinents pour la protection contre les maladies et les catastrophes si tous les troupeaux sont concentrés dans une zone géographique. La cryoconservation introduira effectivement une dérive génétique si le matériel génétique n'est pas collecté sur un nombre suffisamment grand d'animaux (voir partie 2, chapitre 14).

6.2.6. Les avantages de la diversité zootechnique

Les fermes du 21^e siècle sont des systèmes complexes qui se caractérisent par des intrants et des extrants importants, en utilisant des quantités importantes d'engrais, d'aliments pour animaux, de concentrés, de traitements vétérinaires prophylactiques et thérapeutiques, afin d'obtenir de grandes productions économiquement efficaces et durables, écologiquement et socialement acceptées.

⁵ La biodiversité a été et est soutenue au niveau organisationnel par les Nations Unies à travers la Convention sur la diversité biologique (1992), mais aussi à travers l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO) et la Société internationale de génétique animale (ISAG), qui avait l'initiative Maintien de la diversité des animaux domestiques (MoDAD).

⁶ La conservation in situ implique la reproduction active des populations animales pour la production alimentaire et agricole, de sorte que la diversité soit utilisée de manière optimale à court terme et maintenue à long terme.

⁷ Dans le contexte de la diversité des animaux domestiques, la conservation ex situ signifie la conservation loin de l'habitat et des systèmes de production où la ressource s'est développée. Cette catégorie comprend à la fois l'entretien d'animaux vivants et la cryoconservation.

⁸ Conservation ex situ - in vivo est la conservation ex situ dans laquelle le matériel génétique est conservé sous forme d'animaux vivants. Comme pour la conservation in situ, il est admis que l'amélioration et la sélection naturelles peuvent modifier la fréquence des gènes dans la population conservée.

Tableau 6.1.

Les objectifs de certaines stratégies de conservation

Les objectifs de la stratégie de conservation	Technique de conservation		
	criocon- servare	<i>ex situ</i> - <i>in vivo</i>	<i>in situ</i>
Flexibilité des ressources génétiques nationales face aux défis de l'avenir			
• assurance contre les changements des conditions de production	++	+	++
• garanties contre les maladies, les catastrophes, etc.	++	-	+
• opportunités de recherche	++	++	++
Facteurs génétiques			
• permet la poursuite de l'évolution de la race / adaptation génétique	-	+	++
• augmente la connaissance des caractéristiques phénotypiques de la race	+	++	+++
• minimise l'exposition à la dérive génétique	++	-	+
Durabilité d'utilisation dans les zones rurales			
• opportunité de développement rural	-	+	+++
• maintenir l'agro-écodiversité systémique	-	-	++
• préserver la diversité de la culture rurale	-	+	++

Légende: +++ activité très pertinente; ++ activité pertinente; + activité à faible pertinence; - activité sans pertinence. Le nombre de signes plus (+) indique la pertinence de la technique par rapport à l'objectif, tandis que le signe moins (-) indique que la technique a peu de pertinence.

D'après *Gandini et Oldenboek, 2007*.

Dans ce contexte, la conservation de la biodiversité (des races locales, primitives ou improductives) - en tant que source de gènes - est nécessaire; la biodiversité est une police d'assurance pour le changement circonstanciel des productions dans les conditions de l'explosion démographique, des changements climatiques, de l'apparition de nouvelles maladies, de la résistance aux préparations antimicrobiennes, etc.

En effet, la diversité zootechnique (génétique et systèmes de production) maintenue à un niveau élevé contribue de manière significative à:

- diversification des produits et des opportunités de revenus;
- accroître la productivité et l'efficacité économique;
- réduire la dépendance vis-à-vis des apports externes - réduire les risques individuels et nationaux;
- améliorer la résistance aux maladies

- préserver la structure des écosystèmes, réduire la pression de l'agriculture sur l'environnement et maximiser l'utilisation des ressources environnementales;
- améliorer la nutrition humaine dans la sécurité alimentaire
- la stabilité, la robustesse et la durabilité des systèmes d'exploitation, un facteur important de la durabilité des systèmes de production;

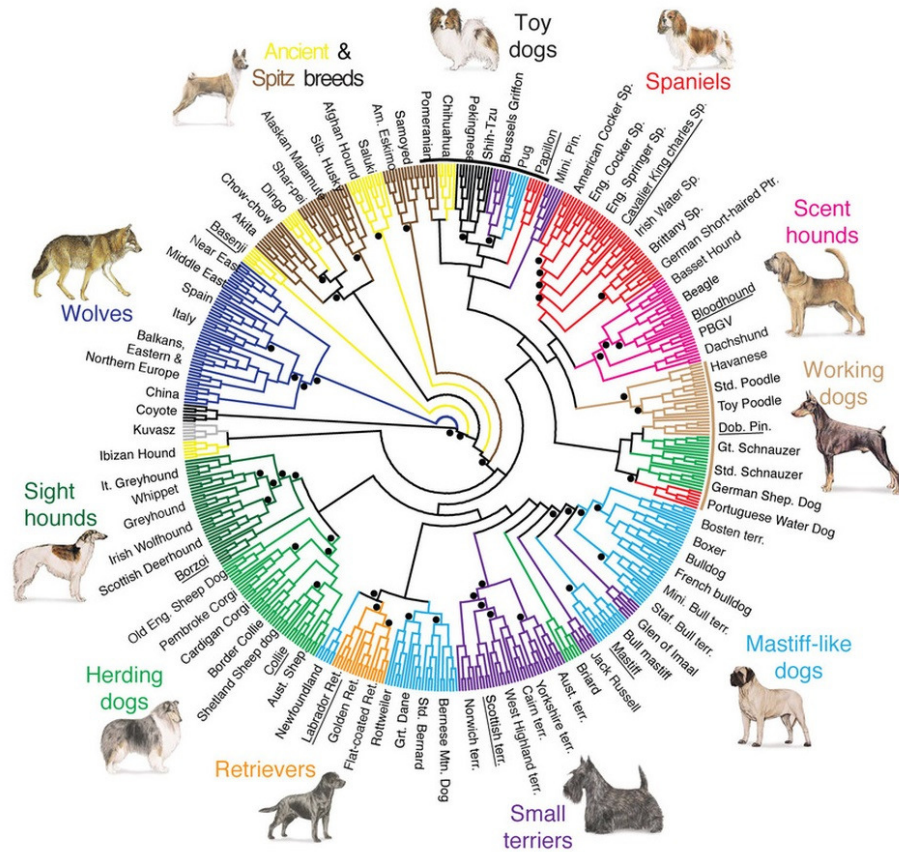
6.4. Diversité génétique des animaux d'élevage

Chez les animaux de ferme, la variation intra- raciale des performances est importante à la fois dans les activités de la ferme et au début de chaque programme d'élevage; la variabilité aide à choisir la meilleure race dans certaines circonstances du système de production et pour un certain but de l'objectif de sélection. Au cours des 50 dernières années, les différences intra- raciales, en particulier chez les bovins, les porcs et les oiseaux, ont rendu possible une sélection accrue. Ainsi, des races et des lignées spécialisées ont été créées pour intensifier l'élevage.

La spécialisation productive a permis à seulement quelques races d'être considérées comme les meilleures pour la production d'œufs, de lait, de bœuf, de porc ou de volaille. Il est possible de se concentrer sur quelques races en appliquant des programmes de sélection utilisant des technologies modernes. En fait, ces investissements ne sont rentables que lorsque l'amélioration génétique obtenue peut être largement diffusée, lorsque des quantités importantes de matériel génétique peuvent être commercialisées et lorsque le progrès génétique devient rentable, se manifestant chez de nombreux descendants. D'autre part, la focalisation mondiale sur un nombre limité de races spécialisées signifie qu'un nombre croissant de races locales sont considérées comme non rentables et, par conséquent, menacées d'extinction.

6.4. Diversité génétique chez le chien

L'espèce de chien illustre le concept de diversité génétique. L'humanité a domestiqué le loup et, après la domestication, des «chiens communautaires» appartenant à des races primitives, développés par sélection naturelle, adaptés à l'environnement local dans lequel ils vivaient, ont été gardés (figure 6.5). De cette manière, parmi les races locales, des différences de traits se sont développées en fonction des différences d'ADN. Au cours des 200 dernières années, il y a eu des races standardisées, qui diffèrent phénotypiquement d'un point de vue conformationnel (les races ont des différences de masse corporelle, avec des variations de 1 à 100 kg), en termes de fourrure, de couleur de pelage ou de comportement.



Graphique 6.5. La parenté des races de chiens et leur ascendance du loup

Schéma de la parenté génétique - comme on le voit dans toutes les races de chiens a évolué à partir des loups sauvages. Les races de chiens domestiques ont dans leur génotype un mélange de gènes de loups sauvages du monde entier.

La source: <https://weebly.com>,

Fondamentalement, parce que les traits conformationnels et l'apparence des chiens sont générés par des gènes avec plusieurs allèles, il a été possible de développer, développer et consolider des centaines de races standardisées. Cependant, les chiens ont un ADN similaire, car ils ont tous le loup comme ancêtre commun et appartiennent à l'espèce du chien, mais la fréquence des allèles diffère pour certains gènes, ce qui crée une diversité inter- raciale; évidemment, la diversité raciale est présente mais, comparée à l'inter- raciale, elle est beaucoup plus petite.

6.6. Pratique néerlandaise dans la conservation des races indigènes

La conservation des races d'animaux de compagnie doit être une préoccupation permanente. *La race indigène* ou indigène est cette race qui est présente, élevée et exploitée localement pendant une période de temps définie. En fait, dans de nombreux pays européens, la conservation des races est un défi permanent, qui a des solutions et des résultats acceptables. Les exemples des Pays-Bas, de la France ou du Royaume-Uni peuvent être considérés comme bien gérés et avec des résultats acceptables.

Définition:

La race indigène ou indigène est la race actuelle, élevée et exploitée localement, sans discontinuités pendant plus de six générations ou pendant une période d'au moins 40 ans.

Par exemple, la pratique de la conservation des races aux Pays-Bas est la suivante:

In vivo. Fondation néerlandaise pour les races rares⁹ stimule la conservation in vivo des races domestiques néerlandaises. Aux Pays-Bas, il existe plus de 70 associations de races liées à la SZH, mais le nombre de races soumises à conservation est assez limité: il existe sept races de bovins, deux races de porcs, quatre races de chevaux, huit races de moutons, trois races de chèvres, neuf races de chiens et sept races de lapins. A celles énumérées s'ajoutent de nombreuses races indigènes d'oiseaux (par exemple: poulets, oies, pigeons, etc.). La Fondation néerlandaise pour les races rares (SZH) fournit des services aux organisations d'élevage et aux éleveurs, offrant:

- suivi, élaboration et évaluation des programmes d'amélioration des races;
- créer du matériel éducatif et prendre conscience de l'importance des races indigènes;
- stimuler l'utilisation de races locales rares dans la gestion des ressources naturelles et dans la production de produits régionaux pour des marchés de niche.

Le principal problème génétique des races locales est la parenté entre les individus appartenant à cette population; ce sont généralement des populations numériquement petites, menacées de consanguinité.

⁹ Avec le nom d'origine en néerlandais: Stichting Zeldzame Huisdierrassen, acronyme SZH.



Graphique 6.6. Collection SGN Netherlands Gene Bank, 2013.

En étroite collaboration avec le Centre pour les ressources génétiques (CGN), les associations de race aux Pays-Bas reçoivent des conseils pour gérer et éviter l'augmentation de la consanguinité. Ainsi, le sperme de mâles de races rares est conservé aux Pays-Bas et, dans le cas de plusieurs races, le programme de sélection est soutenu par l'utilisation du sperme de la "banque de gènes" - voir Figure 6.6.

In vitro. Le Centre des ressources génétiques des Pays-Bas (CGN) est responsable de la conservation in vitro de la diversité génétique des races d'animaux d'élevage dans ce pays. En fait, la conservation in vitro a lieu pour les races largement utilisées, pour les lignées d'élevage et pour les races indigènes rares. CGN dispose d'une banque de gènes dans laquelle le sperme est stocké dans de l'azote liquide à -196°C .

Pour les taureaux utilisés de manière intensive pour l'élevage, 25 doses de sperme de chaque taureau actif dans le programme d'élevage sont conservées. Pour les taureaux de races rares, s'ils étaient utilisés pour le service d'élevage naturel, 400 doses sont conservées. Chez les porcs, une fois tous les 10 ans, le sperme est récolté dans les stations d'IA de tous les verrats de différentes lignées zootechniques et des deux races locales rares. Des oiseaux commerciaux et des races rares, le sperme des mâles est conservé. Le sperme rare des chiens est également congelé.

La figure 6.5 montre un aperçu de la collection de matériel génétique stocké dans la banque de gènes du CGN: la figure montre le nombre d'espèces, de races, de mâles et le nombre de paillettes congelées. Les banques de gènes peuvent jouer un rôle important dans la gestion des races numériquement réduites, contribuant à leur vitalité. Ceci peut être illustré par l'exemple de la frise hollandaise blanche et rouge.

6.5.1. Préservation des races à taches blanches et rouges

Vers 1800, le cheptel bovin de la province de Frise se composait principalement de bovins tachetés de blanc et de rouge. Les ancêtres de cette population ont été importés du Danemark et d'Allemagne, après des épidémies de "peste bovine". Depuis 1879, le livre Register of the Friesian Breed enregistre les animaux rouges et blancs. Plus tard, sous l'influence des exigences du marché, les animaux tachetés en noir et blanc sont devenus plus communs que les animaux tachetés en blanc et rouge.

À cette époque, obtenir des veaux tachetés de blanc et de rouge était une perte, ce qui a provoqué l'abandon d'un taureau qui transmettait cette couleur aux produits (appelés «Foundling») par l'éleveur de vaches tachetées de noir et de blanc. La White and Red Friesian Cattlemen's Association a été fondée en 1970, étant fondée par seulement 50 agriculteurs qui possédaient 2500 animaux. Puis, après une courte période de spécialisation et d'intensification de la production laitière (1970-1990) et l'importation de la race Red Holstein des USA et du Canada, il ne restait en 1993 que 21 animaux de race pure: 17 femelles et 4 mâles. Dans ce contexte, un groupe de propriétaires a fondé la Fondation pour les taureaux indigènes Frise blanche et rouge. Cette fondation a contacté l'Animal Gene Bank, qui vient de voir le jour. Ainsi, avec les éleveurs, un programme d'amélioration a été développé dans lequel des inséminations ont été effectuées sur la base de contrats, avec du sperme de taureaux (anciens ancêtres) stocké dans la banque de gènes. Les taureaux nés par la suite ont été élevés par des éleveurs, stimulés par des subventions de la banque de gènes qui collectaient et conservaient leur sperme pour une utilisation dans d'autres contrats d'insémination.

En suivant cette voie, la population a augmenté numériquement, enregistrant en 2004 un nombre de 256 vaches et 12 taureaux. Au fil du temps, 11 780 doses de sperme ont été récoltées sur 43 taureaux, qui sont stockées par la banque de gènes et disponibles pour l'insémination. Seules quelques femelles sont encore utilisées pour la production de lait et leur lait est utilisé pour la production de fromage. La plupart des femelles sont élevées par des passionnés comme vaches allaitantes.

6.7. Aspects clés de la biodiversité

1. La biodiversité représente la variabilité des organismes dans les écosystèmes aquatiques terrestres, marins, continentaux et les complexes écologiques; cela inclut la diversité intraspécifique et interspécifique et la diversité des écosystèmes
2. D'un point de vue zootechnique, la biodiversité - considérée comme diversité ou diversité zootechnique - peut être définie comme une mesure de variation au niveau génétique (espèces, races, lignées, variétés et individus utilisés pour obtenir la même production) et au niveau de l'écosystème (diversité des systèmes de production, croissance et exploitation).
3. Chez les animaux d'élevage, la variation entre les races performantes est importante pour les programmes d'élevage; Dans le monde entier, l'accent mis sur un nombre limité de races économiquement efficaces signifie qu'un nombre croissant de races sont considérées comme non rentables et donc menacées d'extinction. L'extinction des races entraîne la réduction de la variabilité inter- raciale.
4. La variation raciale est le résultat de la dérive génétique, de la migration, de la sélection et de la mutation. Des races standardisées ont été créées à partir de races locales et de lignées spécialisées issues de races standardisées grâce à des activités de croisement et de sélection.
5. **La race indigène** ou indigène est la race actuelle, élevée et exploitée localement, sans discontinuités pendant plus de six générations ou pendant une période d'au moins 40 ans.
6. En fonction du nombre de mâles et de femelles utilisés pour la reproduction et en fonction de la capacité de reproduction des races de chaque espèce, différentes catégories de risque d'extinction peuvent être estimées: races exposées à un risque critique d'extinction, races menacées, races vulnérables et races sans risque d'extinction.
7. La conservation «in vivo» est la conservation en maintenant les populations vivantes maintenues dans des conditions normales de ferme et / ou dans la zone dans laquelle elles ont évolué ou se trouvent normalement.
8. La conservation in vitro (cryoconservation) est le stockage des gamètes et des embryons dans l'azote liquide.
9. Les banques de gènes peuvent jouer un rôle important dans la gestion de petites populations et peuvent contribuer à la revitalisation de ces races.

2^{-nde} Partie

L'AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DES ANIMAUX

Qu'est-ce que a l'amélioration génétique des animaux?

Le sujet de ce livre est l'élevage des animaux/l'amélioration génétique. Ce terme suggère qu'un processus sélectif sera appliqué. Seuls les mâles et les femelles qui ont satisfait à certains critères de qualité sont autorisés à se reproduire. L'objectif prédéfini est d'améliorer génétiquement la population dans une certaine direction. Les éleveurs sélectionnent les animaux selon une liste prédéfinie de caractéristiques (de traits). Seuls les animaux présentant ces caractéristiques sont autorisés à produire la génération suivante. Comme cela, la progéniture aura une meilleure moyenne que les parents. En d'autres termes: l'élevage sélectif entraîne un déplacement (une augmentation) de la moyenne de la population d'une génération à l'autre. L'élevage des animaux ne se préoccupe pas de garder les animaux et d'assurer leur productivité. En outre, il ne traite pas de l'optimisation des techniques de reproduction et d'autres sujets connexes..

Définition

L'élevage (amélioration génétique) d'animaux implique l'élevage sélectif d'animaux domestiques avec l'intention d'améliorer les qualités souhaitables (et héritables) de la prochaine génération

Structure de ce livre

Le livre commence par une explication des concepts de la génétique. Il s'agit de connaissances fondamentales pour comprendre les processus génétiques utilisés dans l'élevage animal. Sur cette base, les chapitres suivants « plongeront dans les profondeurs », emmenant le lecteur dans un voyage à travers toutes les étapes qui doivent être suivies afin de développer et d'exécuter un programme d'élevage réussi (voir schéma ci-dessous).

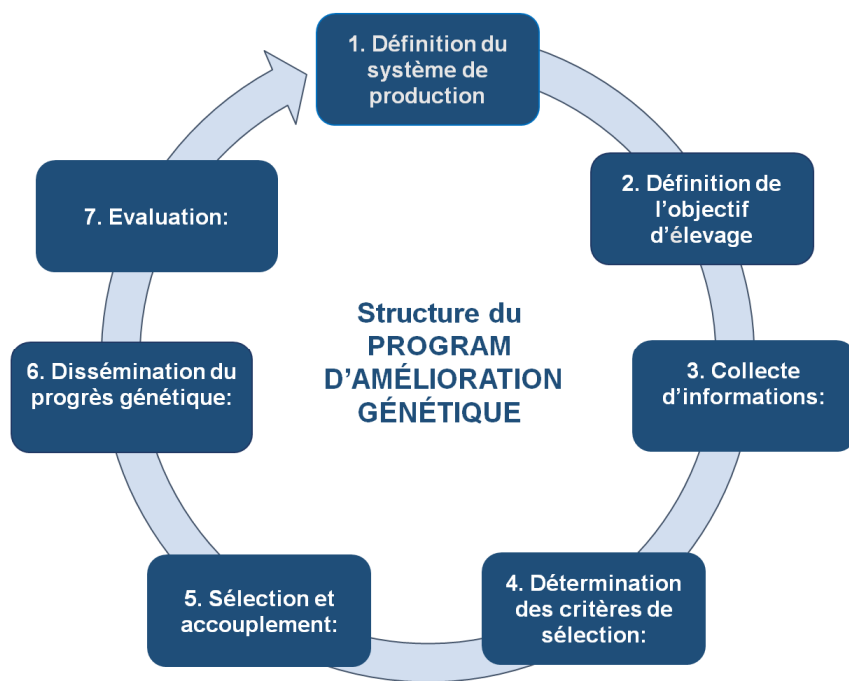


Schéma d'un programme d'amélioration génétique

Certains sujets sont repris dans plusieurs chapitres car ils sont liés à un certain nombre d'étapes et nécessitent une attention particulière dans chacune d'elles. Un exemple serait le rôle des relations génétiques.

INTRODUCTION

En parcourant le livre, le lecteur a un aperçu de la manière dont les programmes de sélection devraient être organisés, des points critiques et des conséquences de certaines décisions de sélection.

Chaque chapitre commence par une description générale du sujet, de son rôle dans un programme de sélection et de quelques questions importantes à considérer. Ensuite, des outils (formules) sont introduits qui aideront à effectuer l'étape avec précision, à effectuer des calculs de base et à améliorer les résultats.

Chapitre 1:

INTRODUCTION À L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Dans ce premier chapitre, l'histoire de l'élevage est présentée. L'importance de la sélection par la nature et les principaux aspects du processus de domestication seront décrits. L'humanité a commencé à créer des races par une sélection artificielle il y a 250 ans.

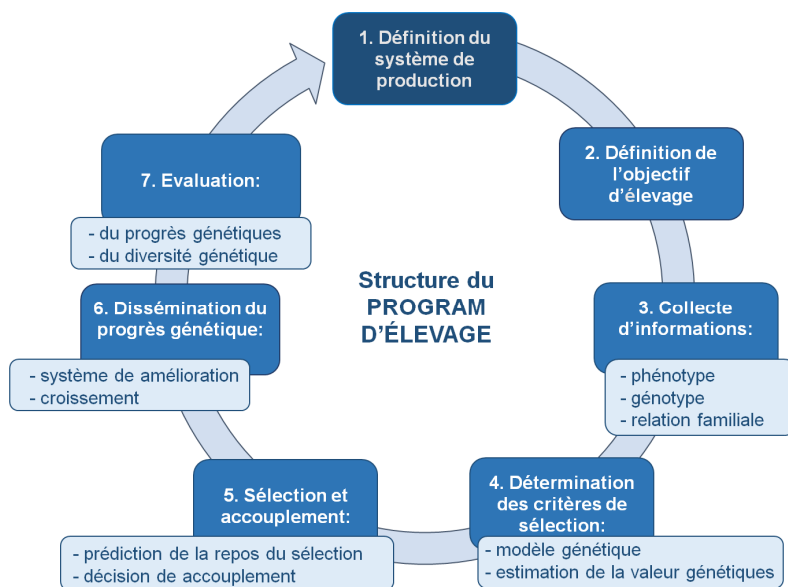


Schéma d'un programme d'amélioration

INTRODUCTION

De nos jours, l'amélioration génétique des animaux de ferme très productifs, comme le bétail, les porcs et la volaille, est contrôlée par des sociétés multinationales qui investissent beaucoup d'argent dans des programmes d'élevage de pointe. L'élevage de moutons, de chèvres, de chevaux et d'animaux de compagnie, par exemple des chiens, est soit basé sur des éleveurs individuels collaborant à l'établissement d'un livre généalogique, soit sur une association d'éleveurs. L'élevage vise à améliorer les animaux en modifiant leurs capacités génétiques pour développer des traits importants. Ces traits sont déterminés par les exigences et les souhaits de la société qui peuvent changer avec le temps.

La sélection animale est fortement influencée par la recherche et les derniers développements en génétique des populations (quantitatif et moléculaire). On observe parfois des effets négatifs inattendus de l'amélioration génétique des animaux qui nécessitent des corrections adéquates. Dans le contexte de ce livre, un programme d'élevage sera décrit comme une activité circulaire. À chaque génération, le programme commence par la formulation de l'objectif de sélection et se termine par un examen critique des résultats obtenus dans la génération suivante. L'évaluation pourrait conduire à une reconsidération de l'objectif de sélection pour le prochain cycle de sélection.

1.1. Eléments de l'élevage: science et application

5 aspects très importants doivent être pris en compte dans l'élevage:

1. Tout d'abord, le plus important pour que l'élevage sélectif réussisse, c'est que le caractère sélectionné soit héréditaire (par exemple, la vitesse de défilement ou la production de lait ou la couleur du pelage).

2. Les animaux doivent avoir des antécédents génétiques différents pour permettre la sélection.

3. La direction de la sélection est définie par les éleveurs qui décident quels animaux sont autorisés à s'accoupler et à produire des membres de la génération suivante.

4. Le succès de l'élevage peut être jugé en observant un changement du phénotype moyen de la population d'une génération à l'autre. L'élevage des animaux fonctionne au niveau de la population, pas automatiquement au niveau individuel.

5. Le succès de la sélection animale peut être mesuré comme le résultat cumulatif de plusieurs générations de sélection. Les décisions d'élevage sont basées sur une perspective à long terme.

Définitions

Un trait est "une caractéristique phénotypique distinctive, appartenant typiquement à un individu". Cela comprend tout ce qui peut être enregistré ou mesuré sur un individu.

Un phénotype est ce qui peut être observé ou mesuré sur un animal pour un certain trait. Cela peut dépendre à la fois de son patrimoine génétique (à condition qu'il soit héréditaire) ou de circonstances externes telles que le niveau de nutrition.

Traits héréditaires. Être capable de prédire le succès de la reproduction animale repose sur un facteur très important: pourquoi les performances de la progéniture ressemblent-elles à celles des parents? La sélection sélective ne réussira que si le caractère sélectionné est héréditaire. Seule une fraction des animaux est sélectionnée pour la reproduction et autorisée à produire une progéniture, et si le trait est héréditaire, la performance de la progéniture ressemblera à celle des parents. Seuls les meilleurs parents sont donc utilisés pour l'élevage et la moyenne de la génération suivante sera meilleure que celle de l'actuelle. Un trait est héréditaire si la performance de ce trait dépend au moins en partie de la constitution génétique (ADN) d'un animal.

INTRODUCTION

Les différences de performance entre les animaux peuvent (en partie) s'expliquer par des différences génétiques entre les animaux. Plus de détails sur ce qu'implique cette héritabilité suivront plus loin dans ce livre.

En résumé, l'amélioration génétique des animaux se rapporte à la sélection intentionnelle par les humains basée sur les performances des animaux dans un certain environnement pour des traits héréditaires prédéfinis. Dans la plupart des programmes d'élevage d'animaux pratiques, la sélection se fera sur plus d'un trait simultanément. Les animaux qui sont supérieurs dans cette combinaison de caractères seront sélectionnés comme reproducteurs. En général, cette combinaison de caractères comprend des traits liés à la performance (par exemple, la production de lait, le nombre d'œufs, la croissance et la performance sportive), la santé et la reproduction. La théorie derrière la sélection d'une combinaison de traits devient facilement très complexe. Ce livre se concentre donc sur l'explication de la sélection de caractères uniques.

Les chapitres suivants décrivent brièvement l'histoire de l'élevage. Partant de zéro (c'est-à-dire de la domestication), ils montrent comment les développements de l'élevage des animaux sont allés de pair avec les changements de société. Ensuite, la situation actuelle et les principaux défis sont abordés. La dernière section traite des aspects futurs, comme les développements attendus dans la société et leur influence sur les décisions d'élevage.

1.2. Sélection naturelle et artificielle

Il semble que l'amélioration génétique des animaux soit entièrement contrôlée par les humains. Par rapport aux populations naturelles, c'est effectivement le cas. Les humains décident quels animaux sont autorisés à produire une progéniture et lesquels ne le sont pas: Elevage sélectif ou, en d'autres termes, sélection artificielle. Cependant, comme dans les populations naturelles, il existe une autre force qui joue un rôle important: la sélection naturelle.

Dans la sélection naturelle, l'environnement détermine la survie et le succès reproducteur des animaux. Par conséquent, les animaux qui ont été choisis comme parents doivent encore atteindre l'âge de reproduction et doivent également être capables de se reproduire avec succès. Comme on peut l'imaginer, la sélection naturelle entraîne également un changement de direction de la moyenne de la population. Les animaux s'adaptent à leur environnement et ceux qui le peuvent seront ceux qui réussissent le mieux à survivre et à se reproduire. En d'autres termes: dans la sélection naturelle, le sens de la sélection dépend de l'adaptation à l'environnement.

Définition

La sélection naturelle est le processus par lequel les animaux mieux adaptés à leur environnement ont un changement plus important pour survivre et produire plus de descendants que les animaux moins adaptés. Ainsi, la prochaine génération sera plus adaptée que la génération actuelle.

Même si l'élevage est défini comme une sélection intentionnelle par l'homme, la sélection naturelle joue également un rôle. Parfois, la sélection naturelle fonctionnera même dans le sens opposé de la sélection sélective. Dans de tels cas, les animaux ayant les qualités souhaitées auraient moins de succès à survivre et / ou à produire une progéniture sans intervention humaine.

Un exemple est le compromis entre une production laitière élevée et des capacités de reproduction chez de nombreuses vaches. Sans intervention de l'agriculteur, un seul des objectifs pourrait être atteint. En outre, les vaches à très haut rendement ont souvent des problèmes de santé indiquant que leurs chances de produire une progéniture sont réduites par rapport à leurs «sœurs» productrices plus moyennes. L'élevage sélectif est souvent en concurrence avec la sélection naturelle.

Le fait que certains des meilleurs animaux d'une race aient besoin d'aide pour certains aspects de la survie et / ou de la reproduction est devenu si familier qu'il est presque considéré comme normal. Les animaux domestiques sont «créés» par les humains et certains inconvénients sont donc acceptés. Mais jusqu'où ce processus doit-il aller? Certaines races de chiens et de bovins de boucherie ont été sélectionnées de manière à développer des têtes et / ou des épaules excessivement larges. Mais être large épaule (ou grosse tête) crée des problèmes de naissance. Sans intervention humaine telle que l'assistance lors de l'accouchement, ou même la césarienne, la mère et la progéniture mourraient. Il est important de garder un œil sur les conséquences indésirables de l'élevage sélectif.

1.3. Origine de l'élevage: une histoire de la science

1.3.1. Le début du XVIIIe siècle

Jusqu'aux années 1700 environ, l'élevage sélectif n'était pas connu dans l'industrie de l'élevage. Bien sûr, les gens ont accouplé leurs animaux avec les animaux dans le quartier qu'ils aimaient. Mais il n'existait pas de méthode systématique de sélection des animaux pour la reproduction, basée sur des caractéristiques prédéfinies qui ne changeaient pas d'un accouplement à un autre accouplement, mais qui restaient similaires au fil du temps.

INTRODUCTION

En Europe, l'origine de l'élevage se situe au Royaume-Uni. C'est Sir Robert Bakewell (1725 - 1795) qui a introduit la tenue de registres précis des performances des animaux. Comme cette sélection objective est devenue possible. Il a utilisé la consanguinité (accouplement d'animaux apparentés avec des traits similaires) pour fixer certaines caractéristiques chez les animaux et il a également introduit des tests sur la descendance:

Méthode d'évaluation des performances du premier petit groupe de progéniture et l'utilisation de ces informations pour sélectionner le meilleur père de la future progéniture. Il a promu l'idée de « multiplier les meilleurs avec les meilleurs». Bakewell a développé le mouton New Leicester à partir de l'ancienne race Lincolnshire. Le mouton New Leicester avait une musculature de bonne qualité et une bonne épaule grasse qui était populaire à cette époque. Sir Bakewell a également remarqué que les bovins Longhorn s'engraissaient bien et nécessitaient moins d'aliments que les autres bovins. Il a développé ces qualités afin de cultiver efficacement de plus grandes quantités de viande. C'est incroyable qu'il ait fait cela sans rien savoir de la génétique.

1.3.2. Etablissement des livres généalogiques

Au fil du temps, le nombre de personnes qui utilisaient l'approche de sélection sélective introduite par Sir Bakewell a augmenté. Avec le nombre croissant de générations d'élevage sélectif, il est devenu de plus en plus difficile de se souvenir des relations entre les animaux, surtout plus en arrière dans la généalogie. C'était la raison pour laquelle on commençait à enregistrer le pedigree sur papier, pour conserver des données correctes et pour pouvoir prouver qu'un animal spécifique appartenait à une certaine race.

Le premier livre généalogique était destiné au cheval pur-sang et fut introduit en Angleterre en 1791. Ce livre ne contenait pas tous les pedigrees, mais seulement ceux des chevaux qui gagnaient des courses importantes. Après les chevaux de course, le livre généalogique suivant a été destiné aux bovins Shorthorn (1822). Dans le reste de l'Europe, seuls les livres généalogiques ont été établis à partir de 1826 pour les chevaux (en France), et à partir de 1855 pour les bovins (également en France). Le premier livre généalogique international a été créé pour les porcs américains du Berkshire en 1876.

Aux Pays-Bas, le premier chien a été enregistré par le Koninklijke Nederlandsche Jachtvereniging Nimrod (prédécesseur du Raad van Beheer op Kynologisch Gebied aux Pays-Bas) en 1874. Après le début du siècle, l'élevage d'animaux dans le cadre du livre généalogique est devenu la norme.

1.3.3. Création de races

Avec les établissements de livres généalogiques, des races se sont formées. Il y a encore un débat sur la définition exacte du terme « race ». Ceci est bien illustré dans l'élevage canin par le fait que la Fédération Cynologique Internationale (FCI), la Fédération internationale des Kennel clubs, qui représente les organisations nationales à travers les livres généalogiques, reconnaît 339 races différentes, tandis que le Kennel club (anglais) ne reconnaît que 210 races, et l'American Kennel club seulement 162.

Il est intéressant de constater que ces livres généalogiques ont été établis sans aucune connaissance de la génétique. Les éleveurs avaient un sentiment d'héritage et cela était suffisant pour commencer une sélection sélective.

1.3.4 Elevage au 19ème siècle

En 1859, Charles Darwin (1809-1882) publie son livre « Sur l'origine des espèces », basé sur les découvertes recueillies lors de son voyage sur « Le Beagle ». Il a découvert les forces de la sélection naturelle. L'une de ses conclusions est que les individus qui s'intègrent le mieux à leur environnement ont les meilleures chances de survivre et de se reproduire: ce sont eux les plus aptes. Par conséquent, différents environnements entraînent différentes directions de pression de sélection. Il a fondé cette règle sur les résultats de ses recherches effectuées sur les îles Galapagos: les pinsons sur une île étaient différents des pinsons sur la suivante. Sa conclusion était que les variations des sources de nourriture, la présence de prédateurs et d'autres conditions de vie entre les îles avaient fait évoluer les pinsons différemment sur de très nombreuses générations. Ils se sont adaptés à leurs environnements spécifiques.

Darwin a également appliqué ses découvertes aux espèces domestiquées: "Nous ne pouvons pas supposer que toutes les races ont été soudainement produites aussi parfaites et aussi utiles que nous les voyons maintenant ; en effet, dans plusieurs cas, nous savons que cela n'a pas été leur histoire. La clé est le pouvoir de sélection cumulative de l'homme: la nature donne des variations successives; l'homme les additionne dans certaines directions qui lui sont utiles. En ce sens, on peut dire qu'il se fait des races utiles. C. Darwin. Sur l'origine des espèces (1859, p.30) Pourtant, Darwin ne connaissait pas les lois fondamentales de l'héritage. C'est le moine Gregor Mendel, qui publia en 1865, les résultats de ses études sur l'héritage génétique des pois de jardin. Il a montré que le matériel génétique est hérité des deux parents, indépendamment l'un de l'autre. Et aussi, que chaque individu (diploïde) porte ainsi 2 copies du même gène, dont 1 seule est transmise à la progéniture.

INTRODUCTION

Celui qui réussit est le fruit du hasard (assortiment indépendant). Il a également montré que ces copies de gènes (allèles) peuvent être dominantes (une seule copie détermine l'expression du gène), récessives (2 copies sont nécessaires pour l'expression) ou additives (une copie des deux allèles aboutit à une expression intermédiaire à celle d'avoir 2 copies de l'un ou l'autre des allèles). Ces résultats n'ont eu aucun impact immédiat sur l'élevage et n'ont été reconnus comme importants qu'en 1900

1.3.5. L'amélioration génétique des animaux au 20ème siècle

La plupart des théories sur l'élevage d'animaux qui sont à la base des travaux, remontent aujourd'hui à la première moitié du 20e siècle.

Le statisticien *R. A. Fisher* (1890 - 1962) a montré que la diversité d'expression d'un trait pouvait dépendre de l'implication d'un grand nombre de facteurs dits mendéliens (gènes). Il a publié de nombreux articles liés aux statistiques et à l'élevage d'animaux, son article principal est sorti en 1918. *Fisher*, avec *Sewall Wright* (1889 - 1988) et *J.B.S. Haldane*, étaient les fondateurs de la génétique théorique des populations.

Thomas Hunt Morgan (1866-1945) et ses collègues ont relié la théorie de l'hérédité chromosomique au travail effectué par *Mendel*. Mendel a créé une théorie où les chromosomes des cellules étaient censés porter le matériel héréditaire réel. Morgan a remporté le prix Nobel pour ces découvertes en 1933.



Robert Bakewell



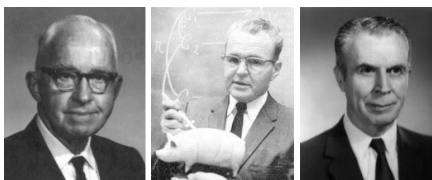
Georg Mendel

Fondateur d'élevage L'héritage mendélien



RA Fisher S. Wright JBS Haldane

Génétique quantitative



JL Lush

Père de l'élevage

LN Hazel

Théorie de l'indice de sélection

CR Henderson

Modèle animal BLUP



T. Meuwissen

M. Goddard

Sélection génomique

Figure 1.1 Galerie des personnalités de l'élevage d'animaux

Dans la première moitié du 20^e siècle, l'Université d'État de l'Iowa à Ames, dans l'Iowa, aux États-Unis, était l'endroit idéal. Il abritait *Jay L. Lush* (1896 - 1982), connu comme le père moderne de l'élevage. Il a préconisé qu'au lieu de se baser sur une apparence subjective, l'élevage des animaux devrait se baser sur une combinaison de statistiques quantitatives et d'informations génétiques. Son livre 'Animal Breeding Plans' qui a été publié en 1937 a grandement influencé l'élevage dans le monde entier.

Lanoy Nelson Hazel (1911-1992) s'est inspiré du livre de Lush et a commencé à travailler pour lui, également à Ames. Il a obtenu son doctorat en 1941. Dans sa thèse de doctorat, il a développé la théorie de l'indice de sélection, une méthode utilisée pendant des décennies pour déterminer les pondérations à attribuer aux différents caractères sélectionnés. Au cours du processus de développement de cette méthode, il a également proposé un concept sur la façon d'estimer les corrélations génétiques. Ceci est essentiel pour attribuer le poids approprié aux traits de sélection.

Hazel a également développé une méthode utilisant les moindres carrés, une technique statistique, pour des données plus complexes avec des nombres inégaux de sous-classes comme cela se produit souvent dans les données animales. Jusque-là, les techniques statistiques de Hazel étaient utilisées pour optimiser la pesée des performances des différents caractères chez les animaux afin de sélectionner ceux avec la combinaison la plus optimale.

La valeur d'élevage estimée (EBV) n'a été développée que plus tard par le statisticien *CR Henderson* (1911 - 1989), qui était un élève de *Hazel* à Ames. L'EBV a permis de classer les animaux en fonction de leur potentiel génétique estimé (l'EBV), ce qui a abouti à des résultats de sélection plus précis et donc à une amélioration génétique plus rapide d'une génération à l'autre. *Henderson* a encore amélioré la précision de l'EBV en dérivant la meilleure prédiction linéaire non biaisée (BLUP) de l'EBV en 1950.

Cependant, ce terme n'est utilisé que depuis 1960. Il a également suggéré d'intégrer le pedigree complet de la population pour inclure les relations génétiques entre individus. De cette façon, les performances des parents pourraient également être utilisées pour estimer la valeur de reproduction d'un individu. Le soi-disant modèle animal est né. Malheureusement, à cette époque, la puissance de l'ordinateur était trop limitée pour permettre le calcul des valeurs d'élevage en utilisant le modèle animal. La mise en œuvre pratique a dû attendre la fin des années 1980. *Theo Meuwissen* (actuellement professeur à Ås, Norvège) et *Mike Goddard* (actuellement professeur à Melbourne, Australie).

1.3.6. Introduction de l'ADN dans l'élevage animal

Jusqu'en 1953, les scientifiques utilisaient des statistiques et des mécanismes présumés pour faire des prédictions sur l'héritage. Personne ne connaissait exactement le mécanisme derrière cela. Mais en 1953, Watson et Crick, en utilisant les résultats des recherches de Wilkins et Franklin, ont découvert la structure en double hélice de l'ADN. Ensemble, ils ont remporté le prix Nobel pour leur découverte.

Depuis la découverte de la structure de l'ADN, de nombreuses choses se sont produites. Au début, l'étude de l'ADN demandait beaucoup de travail et était donc très coûteuse. De nos jours, les robots peuvent effectuer un génotypage à grande échelle, par exemple plus de 60 000 marqueurs génétiques sur des milliers d'individus en très peu de temps. Un marqueur génétique peut être considéré comme une sorte de «drapeau» sur le génome. Son emplacement et sa composition («apparence») sont connus. Ces marqueurs génétiques peuvent, par exemple, être utilisés pour comparer des animaux en fonction de l'apparence des différents drapeaux.

L'idée principale derrière la sélection génomique est que l'association entre la composition de l'ADN et les performances des animaux peut ajouter à l'EBV, ou même le remplacer. Parce qu'il n'est pas nécessaire d'attendre que le phénotype puisse être mesuré sur les animaux. Étant donné que les informations ADN associées sont disponibles, les animaux peuvent déjà être sélectionnés à un très jeune âge et il n'est pas nécessaire d'attendre qu'ils deviennent adultes. Cette technique peut par exemple également être utilisée sur des traits liés à la maladie qui sont autrement difficiles à mesurer.

L'objectif est de prévenir les maladies du plus grand nombre d'animaux possible. Il serait hautement souhaitable que seul un nombre limité d'animaux soient infectés et que leur réponse à l'infection, une fois liée à leur ADN, permette de prédire la sensibilité d'autres animaux non infectés à la même maladie. Plus d'informations sur la sélection génomique plus loin dans ce livre.

Meuwissen et Goddard (et leurs collègues) vont même plus loin et travaillent déjà sur des méthodes pour incorporer des séquences génomiques complètes (tout l'ADN d'un individu) dans l'estimation des valeurs de reproduction génomique. Mais la disponibilité de séquences complètes à grande échelle est encore dans le futur, car elle est actuellement trop chère. Cependant, les développements vont vite et ce scénario futur pourrait bientôt devenir réalité.

1.4. Elevage: lien avec les exigences sociétales

1.4.1. Élevage d'animaux et degré de développement du pays

Aux Pays-Bas et dans d'autres pays développés, l'élevage d'animaux, et en particulier l'élevage d'animaux de ferme, est devenu une industrie professionnelle avec des technologies modernes, une collecte et une analyse de données à grande échelle. Cela a abouti à des programmes d'élevage très efficaces et efficaces, produisant plusieurs milliers d'animaux génétiquement améliorés pour différentes parties du monde. Cependant, cet élevage d'animaux à grande échelle nécessite d'énormes investissements en infrastructures, combinés à une collecte de données de haute qualité, une grande capacité de calcul et des personnes hautement qualifiées pour gérer le programme d'élevage. Ce niveau d'organisation n'est pas (encore) disponible dans toutes les régions du monde.

Surtout dans les pays en développement, la situation est similaire à celle en Europe avant la révolution industrielle (qui a commencé vers 1750). Dans les pays en développement, les animaux sont élevés à des fins multiples: pour produire de la nourriture, pour le travail (force de traction), la chaleur ou pour leur peau et / ou leur laine. Leur fumier est utilisé comme engrais pour la terre et comme source d'énergie. Ils constituent une sorte de compte d'épargne (vendez un animal en cas de besoin) et augmentent également le statut social des propriétaires (plus c'est mieux). Le surplus d'animaux ou de produits animaux est vendu sur le marché. Dans les pays en développement, des efforts sont également faits pour améliorer la productivité des animaux afin d'augmenter le bien-être de leurs propriétaires généralement pauvres et de l'ensemble de la population. Pour les éleveurs du monde occidental, il est évident que les animaux d'une certaine race sont uniformes en type et en performance, que l'élevage sélectif est généralement bien organisé et structuré et que l'infrastructure requise est présente. Dans de nombreux pays en développement, ce n'est pas (encore) le cas. Cependant, un nombre croissant de programmes d'élevage sélectif a été mis au point dans un large éventail de pays, dont beaucoup ont eu beaucoup de succès. L'augmentation du niveau d'éducation dans ces pays est un facteur important de ce succès.

1.4.2. Développements qui affectent l'amélioration génétique des animaux

De nombreux changements au cours du XXe siècle ont eu une influence sur l'élevage. La révolution industrielle a considérablement changé la société. Les gens ont déménagé des fermes aux villes pour travailler dans les usines, le nombre d'agriculteurs disponibles pour la production alimentaire est devenu plus petit.

Une production accrue par ferme était nécessaire. Simultanément, les développements techniques ont été rapides. Le chemin de fer a été introduit à la fin des années 1800, la voiture au début des années 1900 et l'avion peu de temps après. L'utilisation de tracteurs dans les fermes est devenue plus courante dans les années 1950. Vers la Seconde Guerre mondiale, l'insémination artificielle a été lancée chez les bovins, ce qui a permis de produire plus de descendants par un seul père. Dès que la technique de stockage du sperme dans l'azote liquide était disponible, les possibilités d'utiliser largement un seul père dans une (très) grande surface devenait encore plus grande. Ces développements techniques ont naturellement eu un impact important sur l'utilisation des animaux, en particulier pour les bœufs et les chevaux. Auparavant, étant la principale source de travail pour cultiver la terre, l'introduction du tracteur rendait ces animaux superflus. Les bœufs n'étaient plus conservés, mais abattus à un plus jeune âge.

Les chevaux ont traversé des moments difficiles, car ils ne leur servaient plus beaucoup. Il a fallu attendre les années 1960 pour que les chevaux de sport deviennent populaires. Dans le passé, le sport n'était pratiqué que par des officiers de l'armée et des hommes riches. Lorsque l'équitation est devenue enfin plus populaire chez les femmes, et surtout lorsqu'elle est devenue accessible à plus de personnes que juste les très riches, le nombre de chevaux a de nouveau augmenté.

1.4.3. Espèces impliquées dans la production alimentaire

Après la Seconde Guerre mondiale, il était clair que la production alimentaire avait une très haute priorité. Des aliments de qualité et en quantité suffisantes devaient être mis à la disposition de tous à un prix abordable. Il était donc nécessaire d'augmenter les niveaux de productivité des animaux. Ceci pourrait être réalisé par une sélection sélective, mais aussi en ajustant la gestion. Les porcs et les poulets ont été maintenus dans des conditions contrôlées, leur alimentation était de qualité égale.

L'apport alimentaire pourrait désormais être attribué à la production, et non à d'autres problèmes nécessitant de l'énergie comme le maintien au chaud ou la lutte contre les infections. Par conséquent, les animaux ont été maintenus dans des conditions très efficaces et contrôlées, c'est-à-dire confinés et à l'intérieur. Les exploitations se sont spécialisées, soit dans la production de cultures (quelques types seulement), soit dans les animaux. Un facteur facilitant cette spécialisation était qu'il devenait plus facile de transporter de grandes quantités de marchandises sur de longues distances, en particulier par voie maritime.

Les Pays-Bas, par exemple, pourraient désormais importer de grandes quantités de cultures tropicales comme le tapioca et le soja. Ces produits relativement bon marché ont été utilisés pour remplacer les céréales (coûteuses) servant de matière première pour la production de concentrés. Dans les élevages où les porcs, capables de digérer beaucoup de restes, étaient élevés en combinaison avec d'autres types d'élevage, la disponibilité de ces concentrés a permis de démarrer des élevages porcins spécialisés. Les élevages avicoles ont suivi la même ligne de développement. Les bœufs n'étaient plus nécessaires, les cultiver au poids d'abattage était assez coûteux. Les veaux qui n'étaient pas utilisés pour le remplacement dans l'industrie laitière sont donc devenus superflus. Certains éleveurs se sont spécialisés dans l'hébergement de ces veaux et leur vente à un âge assez jeune. Une nouvelle branche est née: l'élevage de veaux de boucherie.

1.5. Organisation d'activités d'élevage

1.5.1. Début de l'organisation des activités d'élevage

Des livres généalogiques sur les porcs, les chevaux et les bovins ont été organisés au niveau régional. Les propriétaires de mâles reproducteurs potentiels ont amené ces animaux à des expositions où ils étaient jugés sur leur apparence et les propriétaires d'animaux femelles pouvaient les voir et décider avec qui se reproduire. Les éleveurs de porcs ont été les premiers à cesser de montrer leurs verrats en public à la fin des années 1960, suivis par les éleveurs de bovins laitiers et leurs taureaux dans les années 1970. Les principales raisons étaient d'empêcher la propagation des maladies infectieuses et le fait que les chiffres de production étaient devenus plus importants que l'apparence. Pour l'exportation (également de sperme), il est important de prouver que les animaux n'ont jamais été en contact avec certains agents pathogènes. Les étalons sont toujours présentés dans les expositions, et également utilisés dans les compétitions d'équitation. De nos jours, tous les chevaux participants aux expositions et / ou compétitions doivent être vaccinés. Chez les chevaux, chaque race a son propre livre généalogique. Il y a quelques exceptions, notamment dans l'élevage de chevaux de sport, où ce n'est pas tant la race, mais plutôt le type de cheval qui est observé.

Le sang chaud néerlandais (KWPN), par exemple, est passé d'un registre généalogique de chevaux d'origine hollandais à un registre de chevaux élevé aux Pays-Bas. Il vise à élever des chevaux de sport très performants. Ce livre généalogique est ouvert et axé sur le marché, plutôt que sur la sélection pure. L'utilisation d'étalons d'autres pays est autorisée, à condition qu'ils aient été approuvés par le KWPN.

INTRODUCTION

1.5.2. Organisation de l'élevage de nos jours

Dans l'élevage commercial des animaux d'élevage, la situation a radicalement changé. Des agriculteurs qui possèdent à la fois des mâles et des femelles, aux entreprises d'insémination artificielle (IA) possédant les mâles (chez les bovins) et plus tard également les femelles reproductrices (chez les porcs). Le nombre de propriétaires de livres généalogiques a considérablement diminué au cours des dernières décennies, passant de nombreux livres généalogiques régionaux à un seul livre généalogique national (chez les bovins) ou à des sociétés internationales de sélection (chez les porcs). Au début, les livres généalogiques ont été fusionnés pour combiner leurs forces, mais plus tard aussi parce que les grandes entreprises ont repris les plus petites. Les éleveurs de volailles ont commencé à se spécialiser complètement dans l'élevage de poules pondeuses ou de poulets de chair. Les animaux sont vendus comme produits, plutôt que comme œufs ou viande. Ils ont développé leur propre système d'enregistrement de pedigree. Dans l'élevage bovin, les mâles appartiennent à une entreprise, mais la plupart des femelles appartiennent à des investisseurs privés. L'entreprise d'élevage vend du sperme comme produit principal, et non pas des animaux. De cette manière, ils vendent la moitié du produit final: le veau, l'autre moitié, l'ovocyte (c'est-à-dire la vache), qui devient une propriété privée. La situation est très différente pour les entreprises d'élevage de porcs et de volailles. Leurs produits finaux sont des animaux. Cela signifie que, si les concurrents s'emparent de leurs animaux d'origine, ils pourraient dupliquer le produit et n'auraient pas les investissements pour le développement. C'est une raison importante pour laquelle les entreprises d'élevage de porcs et de volailles ne vendent pas d'animaux de race pure. S'ils le faisaient, ils donneraient leur génétique



Figure 1.2. "Bull parade" - BVN, Semtest Târgul Mureș, RO, 2015.

En vendant des animaux croisés ou du sperme d'animaux croisés, ils gardent leurs races pures et personne ne peut reproduire le produit final. Les entreprises commerciales gèrent souvent plusieurs races ou lignées en parallèle. Les entreprises d'élevage de porcs et de volailles conservent plusieurs gammes pour les combiner en produits finaux. Ils conservent également plusieurs enregistrements de pedigree. Un éleveur qui achète ses produits ne recevra jamais d'informations spécifiques sur son pedigree. Les enregistrements généalogiques sont uniquement destinés à la propre utilisation de la société d'élevage dans l'élevage sélectif. Aux Pays-Bas, actuellement, deux sociétés élèvent des porcs: TOPIGS et Hypor (Hendrix-Genetics). Chez les poules pondeuses (ISA) et la Turquie (hybride), Hendrix-Genetics est également propriétaire. L'élevage de poulets de chair est entre les mains d'une société américaine appelée Cobb, et la division aux Pays-Bas appartient à Cobb Europe.

Au niveau mondial, le nombre d'entreprises d'élevage diminue, en particulier dans l'élevage de volailles. Chez les poules pondeuses et les poulets de chair, il ne reste que 2 grandes entreprises d'élevage. Chez les porcs, il y en a encore plus sur le marché, mais seulement 5 d'entre eux appartiennent aux plus gros. Chez les bovins, il existe un fort échange international de sperme pour de nombreuses races. Dans la pratique, en particulier dans le Holstein Friesian, cette population en fait partie, mais avec des registres qui se chevauchent. En résumé: l'amélioration génétique des animaux d'élevage est une industrie de plus en plus mondiale. L'amélioration génétique des animaux de ferme est très différente de l'élevage de chevaux et d'animaux de compagnie. En particulier, les stud-books d'élevage de chevaux de sport qui fonctionnent de plus en plus au niveau international et compétitif.

Aux Pays-Bas, le plus grand stud-book d'élevage de chevaux de sport est le KWPN. Ils connaissent un succès international dans l'élevage de chevaux de dressage et de saut d'obstacle. Les étalons sont approuvés par le stud-book après avoir passé des critères de sélection stricts. Le KWPN est un stud-book ouvert, ce qui signifie qu'il ne se limite pas aux chevaux nés et élevés aux Pays-Bas. Il approuve également les étalons d'autres stud-books, à condition qu'ils satisfassent les critères de sélection

1.6. Élevage d'animaux et société moderne

Quel est le statut actuel ? Les changements survenus dans le domaine de l'élevage ont toujours été liés à des changements de société. Ils résultaient d'une combinaison de la disponibilité des techniques et de la demande du marché.

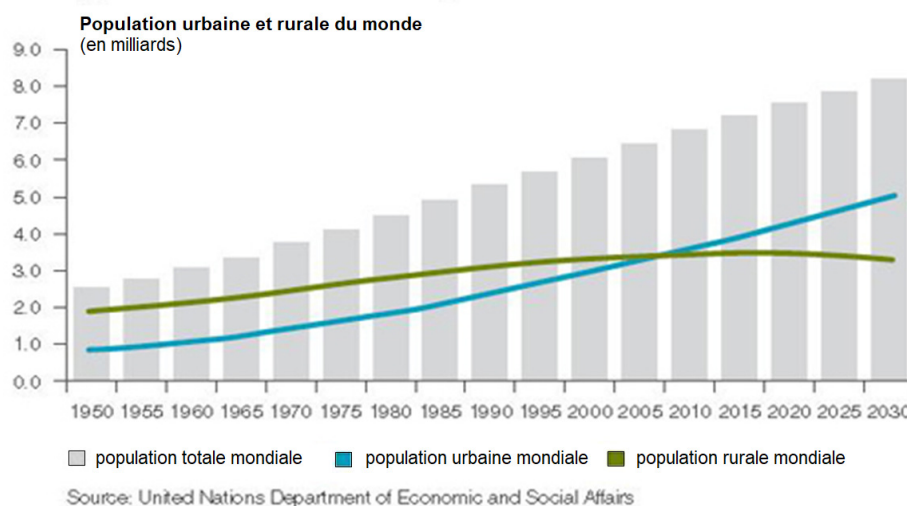
INTRODUCTION

Alors, quels sont les changements actuels qui peuvent avoir une influence sur l'élevage ? Une grande différence dans le monde développé d'aujourd'hui par rapport à il y a 30 ans, est que les gens sont relativement riches et / ou que la nourriture est devenue relativement bon marché. Le pourcentage du revenu moyen consacré à la nourriture aux Pays-Bas est passé de 24% en 1980 à seulement 9,8% en 2010. En moyenne, les habitants des pays européens consacrent environ 12% de leur revenu à la nourriture, alors qu'en Russie, ce pourcentage est de 31%. , en Inde 36% et dans certains pays d'Afrique de l'Est même plus de 50% (données FAO). Une alimentation bon marché signifie que les consommateurs peuvent en avoir plus pour leur argent. Dans le monde occidental, les gens sont de plus en plus préoccupés par la façon dont leur nourriture a été produite. Elle doit être saine et naturelle et produite localement. En outre, les produits animaux devraient également être produits d'une manière qui respecte les normes de bien-être animal. Dans les cultures des pays plus développés, cela est considéré comme normal. Cependant, c'est un signe certain de richesse dont les gens peuvent se permettre de se soucier de ces problèmes. Dans les régions les plus pauvres du monde, la principale préoccupation est d'avoir suffisamment de nourriture de qualité suffisante, la façon dont elle a été produite n'est pas une priorité.

1.6.1. Les défis de l'élevage pour l'avenir

La population mondiale croît rapidement, en particulier dans les zones urbaines (voir figure). Tous ces gens ont besoin d'être nourris. Actuellement, deux fois plus de ressources qui pourraient être utilisées pour assurer la survie de la planète Terre à long terme sont consommées. Dans le même temps, environ 20% de la nourriture produite est gaspillée dans les pays développés, alors que la pénurie alimentaire persiste dans les pays en développement. Les défis pour l'avenir sont de réduire les déchets dans le monde développé, d'augmenter la disponibilité alimentaire dans le monde en développement, d'atteindre les deux objectifs avec une empreinte carbone réduite. Le remplacement des combustibles fossiles par des biocarburants pose un problème supplémentaire. Une grande quantité de cultures comme le blé ou la canne à sucre est utilisée pour la production de biocarburants au détriment de la production alimentaire.

En résumé, il existe un certain nombre de tendances dans la société et les marchés que l'industrie de l'élevage doit anticiper. Étant donné que l'élevage d'animaux de ferme est devenu une industrie mondiale, les entreprises d'élevage doivent développer des produits adaptés aux différents marchés. Aux Pays-Bas, le groupe de clients préférant dépenser de l'argent pour des produits qui accordent une attention particulière aux processus de production respectueux de l'environnement et des animaux augmente.



Graphique 1.3: Croissance de la population urbaine

Dans d'autres parties du monde, la principale préoccupation reste de nourrir la famille et le client se concentre davantage sur le prix que sur les méthodes de production. Les sociétés de sélection animale approvisionnent les deux marchés. Ils ont également l'obligation morale de prendre en compte l'empreinte carbone qui reste lorsque l'élevage est réalisé pour répondre aux exigences d'un marché spécifique. Par exemple, des recherches sont en cours pour voir si les porcs et les poulets peuvent fonctionner avec des aliments contenant des déchets de l'industrie des biocarburants. Et dans l'élevage bovin, des méthodes de réduction des émissions de méthane grâce à l'élevage sélectif sont en cours de développement.

1.7. Résultats de l'amélioration génétique des animaux

L'élevage sélectif a déjà près de 300 ans d'histoire. Beaucoup a été accompli depuis. Des résultats évidents ont été obtenus dans le domaine de l'élevage canin. L'élevage sélectif a permis de produire des chiens très grands comme l'Irish Wolfhound (> 71 cm), des chiens très lourds, comme le Boerboel (50-80 kg), de très petits chiens comme le Chihuahua (20 cm), des chiens très rapides comme le Greyhound (17,5 m / sec), et bien d'autres races, toutes avec des styles différents et à des fins différentes. L'ampleur de l'amélioration génétique de génération en génération dépend de la technique utilisée pour sélectionner les animaux d'élevage.

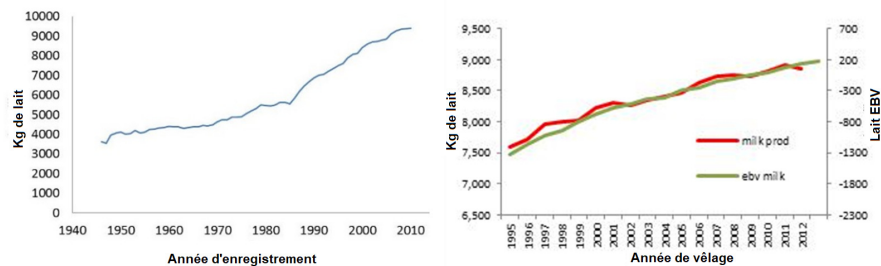
INTRODUCTION

L'introduction de nouvelles techniques de sélection a permis de sélectionner les meilleurs animaux pour une reproduction plus précise et efficace. Notamment l'introduction de techniques de reproduction comme l'insémination artificielle (IA), qui ont permis d'avoir (un très) grand nombre de descendants par le père et de ne sélectionner que les meilleurs mâles pour la reproduction, sans diminuer la taille de la population.

Il n'existe pas de techniques ayant un effet similaire sur le nombre de descendants par parent pour la reproduction féminine. Cependant, aussi chez les femelles, des techniques telles que la transplantation d'embryons (ET) ou le ramassage d'ovules ont permis de produire un nombre beaucoup plus élevé de descendants par d'excellentes femelles dans des espèces où normalement une ou quelques descendants par an sont possibles, par rapport aux techniques de reproduction normales.

1.7.1. Résultats obtenus en élevage bovin

La figure 1.3 à gauche montre l'augmentation de la production laitière aux Pays-Bas entre 1945 et 2000. Depuis le début jusqu'en 1970, la courbe est beaucoup plus plate que la ligne raide à partir de 1990.



Graphique 1.4. La tendance de l'élevage dans la race laitière Holstein

La partie gauche de la figure 1.4. montre la tendance phénotypique de la production laitière des bovins laitiers noirs et blancs néerlandais au cours de la période 1945-2010. Sur la droite se trouve la tendance phénotypique (rouge) par rapport à la tendance génétique estimée (verte) pour la production laitière en néerlandais noir et - bovins laitiers blancs de la période 1995 - 2013. EBV = valeur d'élevage estimée

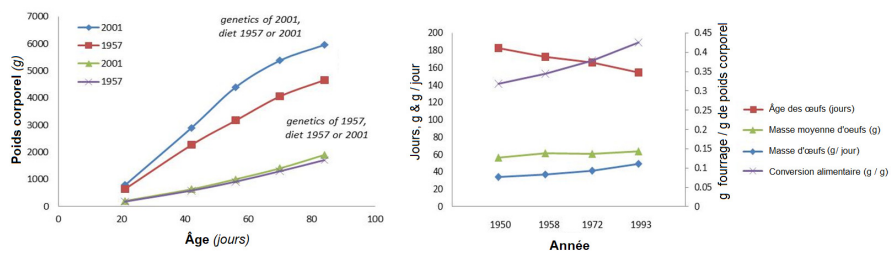
Source: CRV, Pays-Bas.

Il existe de nombreuses raisons à ce développement, la plus importante étant la forte augmentation de l'IA qui a rendu possible une meilleure sélection des taureaux, l'introduction de techniques plus précises pour estimer les valeurs d'élevage, l'introduction de la traite automatique, la stalle libre au lieu de la stalle liée, et nutrition de meilleure qualité. Le graphique de droite compare la tendance phénotypique à la tendance génétique au cours de la période 1995-2013.

Il montre que l'augmentation de la production de lait phénotypique (= réalisée) au cours de cette période est très similaire à l'augmentation estimée du potentiel génétique pour la production de lait: dans les deux cas, environ 1500 kg. Cela indique que des améliorations systématiques de l'environnement telles que la traite automatique, la stabulation libre et la qualité du régime ont des effets similaires sur toutes les vaches.

1.7.2. Résultats obtenus en élevage avicole

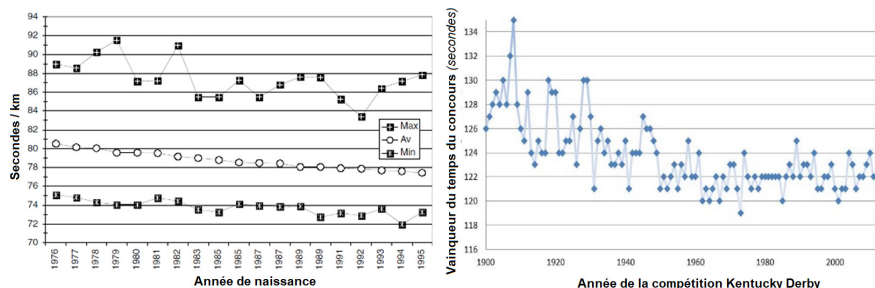
Le graphique 1.5 donne des exemples de performances en matière d'élevage de poulets de chair et de poules pondeuses depuis les années 1950. La partie gauche de la figure montre que même si l'effet d'une amélioration de la nutrition est présent chez les poulets de chair, l'élevage sélectif est la raison la plus importante de la forte augmentation du poids corporel à six semaines. C'est un grand succès, l'élevage sélectif a permis d'augmenter le poids corporel à 84 jours, en passant de 1907 g en 1957 à 5958 g en 2001, avec le même régime.



Graphique 1.5. Tendances des performances et de la production de la volaille

La partie gauche montre l'effet de l'amélioration génétique et nutritionnelle sur le poids à des âges fixes en 2001 par rapport à 1957 chez les poules de chair (d'après *Havenstein* et al. 2003). À droite, l'effet de l'élevage sélectif chez les poules pondeuses à l'âge de leur premier œuf, le poids de l'œuf et la masse, et l'efficacité de l'alimentation dans la période de 1950 à 1993 est démontré (d'après *Jones* et al, 2001).

INTRODUCTION



Graphique 1.7. Amélioration animale chez le cheval

La partie gauche montre les tendances phénotypiques de la vitesse de course chez les trotteurs mâles Standardbred suédois au cours de la période 1976 à 1996 (source: Arnasson, 2001). Le graphique à droite donne les tendances phénotypiques des temps de victoire des chevaux pur-sang pendant le Kentucky Derby dans la période 1900-2013

Source: <http://www.horsehats.com/KentuckyDerbyWinners.html>.

Le poids total a plus que triplé ! Chez les poules pondeuses, l'effet de l'élevage sélectif n'est pas aussi important. Cependant, on remarque qu'après 43 ans d'élevage sélectif, les poules commencent à pondre 28 jours (=15%) plus tôt, les œufs sont 7g (=12,5%) plus lourds, elles pondent plus d'œufs et utilisent environ 10% moins d'aliments pour le faire ! Ces chiffres remontent à 1993 et la sélection s'est poursuivie depuis. Le poids corporel des poules pondeuses est resté à peu près le même.

1.7.3. Résultats obtenus en élevage de chevaux

Chez les trotteurs, l'élevage sélectif a entraîné une diminution linéaire du temps par kilomètre (vitesse de course) d'environ 1 seconde en 20 ans (voir graphique 1.7).



Graphique 1.6. Secrétariat des étalons au Kentucky Derby, 1973

L'étalon PSE est le détenteur du record de vitesse de 1 ¼ mile (2012 m) - 1: 59,40 secondes. Le Kentucky Derby est une course de chevaux PSE de trois ans organisée chaque année le premier samedi de mai à Louisville, Kentucky (USA).

Rien n'indique que ce taux d'amélioration va ralentir. Chez les chevaux, l'histoire est également très prometteuse. L'élevage sélectif a rendu les chevaux plus rapides. Cependant, pour les chevaux de course, la réussite semble s'arrêter au début des années 50. Le record du Kentucky Derby, dont les temps gagnant sont reportés dans la figure 1.6, date de 1973 ! Même si l'élevage sélectif a fait l'objet de techniques avancées, les animaux ne sont plus devenus plus rapides. On ne sait pas trop ce qu'il s'est passé, car il existe des preuves de variations génétiques, ce qui signifie que certains animaux sont génétiquement supérieurs à d'autres, et qu'une sélection pour des qualités de course est faite. La personne qui trouvera la manière d'augmenter la vitesse des chevaux de course à nouveau va être très riche.

1.7.4. Résultats obtenus en élevage porcin

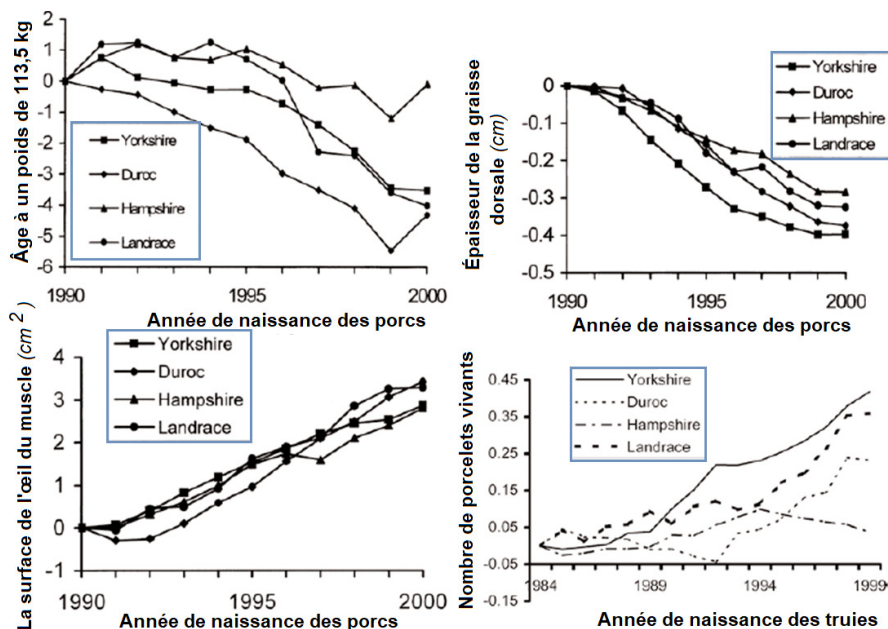
Une histoire similaire peut être racontée dans l'élevage porcin. La figure 1.6 (?) montre les résultats de 10 ans d'élevage sélectif sur la croissance, la longe (le filet) (la partie la plus chère de la viande), la maigreur (épaisseur du gras dorsal) et la performance de reproduction (nombre de nés vivants). Il y a aussi une nette augmentation des caractères générateurs de revenus (muscle de la longe et porcelets vivants), et une diminution des facteurs de coût en argent tels que la graisse et les jours avant l'abattage.

1.8. Les effets négatifs de l'élevage animal

Les pratiques d'élevage d'animaux ne donnent pas toujours un résultat positif. Ci-dessous sont présentés des exemples montrant que la pratique de sélection des animaux est allée trop loin.

Dans certains cas l'élevage sélectif a, à la fois, amélioré certaines performances, mais a également détérioré involontairement d'autres caractéristiques qui ne faisaient pas parties de la sélection. Elles sont appelées de ce fait: réponses négativement corrélées. Les deux types de réponses négatives à l'élevage sélectif sont difficiles à prédire et ne sont généralement remarquées qu'après.

Cela est dû au fait qu'il faut du temps pour se rendre compte que les effets négatifs structurels ne sont pas une coïncidence, et qu'ils se produisent à une fréquence accrue au sein de la population. Il est parfois nécessaire de prendre du recul pour réaliser ces conséquences négatives. Les changements vont lentement, les éleveurs pourraient être aveuglés par la routine.



Graphique 1.8. Tendances phénotypiques chez le porc

Tendances phénotypiques pour les jours jusqu'à 113,5 kg, l'épaisseur du gras dorsal, la zone des yeux de la longe et le nombre de nés vivants chez quatre races de porcs dans des troupeaux enregistrés aux États-Unis entre 1990 et 2000.

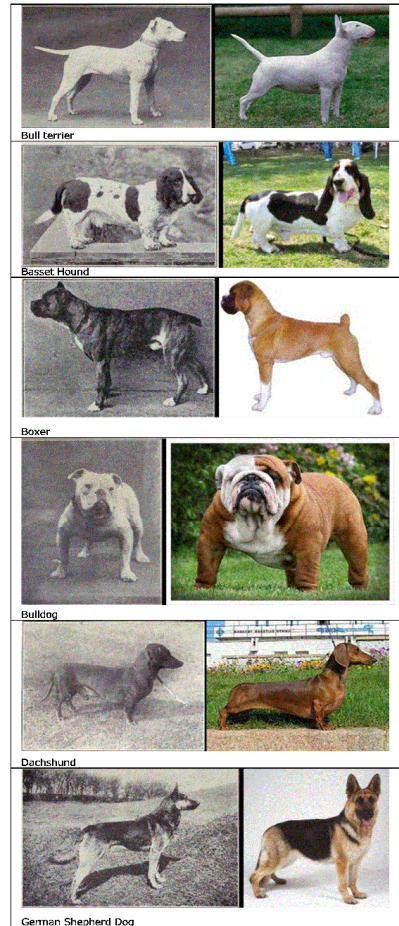
Source: Chen et al, 2002, 2003.

1.8.1. Les effets négatifs dans l'élevage de chiens

Quelques exemples clairs de sélections qui sont allées trop loin peuvent être trouvés dans l'élevage de chiens. C'est en partie parce que l'élevage sélectif chez les chiens a une longue histoire, mais la raison principale est que, pour certaines races de chiens, la sélection se fait principalement sur des critères physiques. Les apparences les plus extrêmes ont tendance à être considérées comme les meilleures, c'est pourquoi la sélection dans ces races a toujours été faite sur ce critère (pour certains exemples, voir la figure 1.9). Les exemples de cette sélection sont: Les races où la forme du crâne rend difficile pour l'individu de manger de la nourriture normale parce que la mâchoire supérieure est beaucoup plus courte que la mâchoire inférieure.

C'est le cas des Boxers ou des Bulldogs. Toutes les races avec une mâchoire supérieure courte entraînant un visage plat ont des difficultés respiratoires. Certaines races ne peuvent même plus donner naissance ou s'accoupler sans intervention médicale (par exemple, Bulldog). Chez les races comme le Pékinois ou le Chihuahua, où le crâne est trop petit pour les yeux, il y a un risque que les yeux sortent des orbites. La plupart de ces exemples ne concernent que le crâne.

D'autres caractéristiques des races qui n'augmentent pas le bien-être du chien sont par exemple des oreilles trop longues qui entraînent des infections fréquentes (ex: Basset Hound). Un dos et un cou longs rendent les chiens sujets aux maladies des disques intervertébraux (par exemple, le teckel). Trop de plis de peau peut provoquer la stagnation des bactéries et entraîner une inflammation et une infection entre les plis (par exemple, Bulldog). Les berges allemand peuvent avoir des problèmes de hanches liés à leur race. Tous les exemples concernent l'élevage sélectif et le choix de critères de race de plus en plus extrêmes. Ce sont les extrêmes qui sont les plus attractifs. Ce n'est qu'en regardant en arrière que l'on peut se rendre compte que la sélection est allée trop loin. Et cette idée ne vient que très lentement parce que les gens s'habituent aux animaux présentant certaines caractéristiques. Ils ne les ont pas considérés anormaux pendant très longtemps. Il est important de savoir que ces effets peuvent être inversés en faisant des sélections dans la direction opposée.



Graphique 1.9. Exemples représentants de races de chiens

Dans "Chiens de toutes les nations" (Mason, 1915) et en 2012. Respectivement le Bull Carrier, le Basset Hound, le Boxer, le Bulldog, le Teckel et le Berger Allemand.

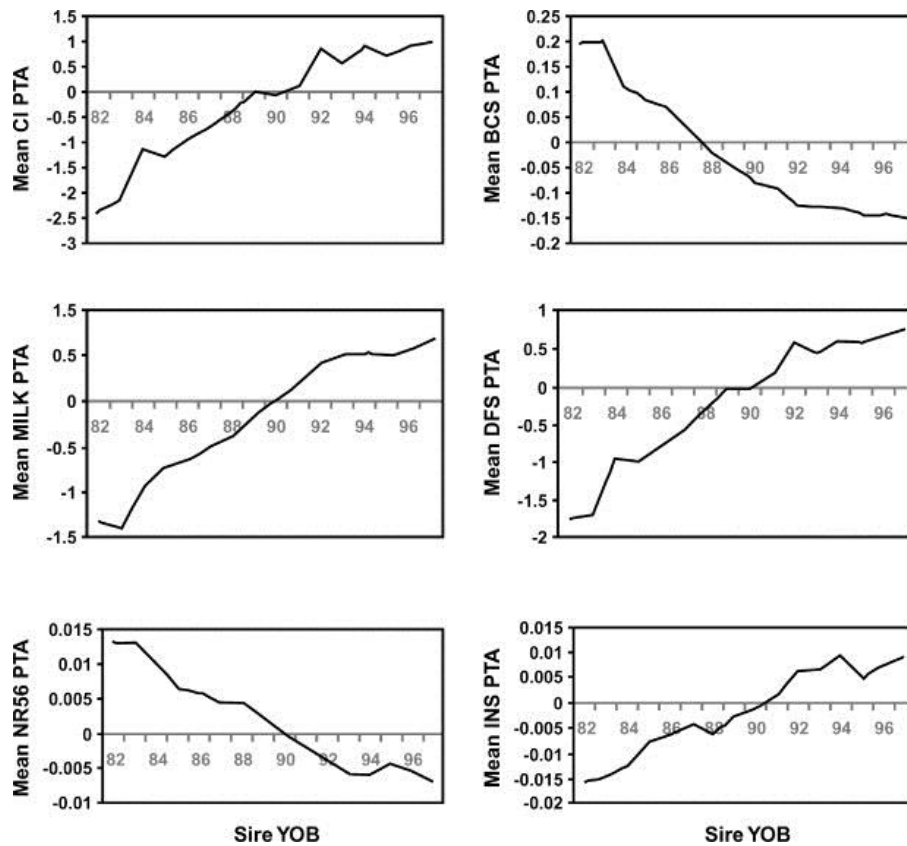
<https://dogbehaviorscience.wordpress.com/2012/09/29/100-years-of-race-amélioration/>

1.8.2. Les effets négatifs de l'élevage chez les animaux de ferme

Il n'y a pas que chez les chiens où l'élevage sélectif est allé trop loin. La sélection pour les grands ruminants et autres animaux de fermes a abouti à un pourcentage élevé de naissances difficiles, nécessitant parfois des césariennes comme chez les moutons Texel. Dans les races bovines de boucherie, les bovins blancs et bleus belges et chez les bovins rouges et blancs améliorés néerlandais, c'est presque le mode de naissance standard. Chez les moutons Texel, la sélection contre les naissances difficiles a entraîné une diminution du pourcentage de naissances nécessitant une assistance. Dans ce cas, le processus pourrait être inversé. Mais chez les bovins blancs, bleus belges et hollandais, la situation est plus problématique, le processus pour remédier aux erreurs précédentes prendra plusieurs générations.

Les problèmes à la naissance ne sont pas la seule conséquence négative involontaire de l'élevage sélectif des animaux de ferme. L'intention était de produire de grandes quantités de nourriture bon marché pour les rendre accessibles à tous. Cela a abouti à des systèmes d'élevage intensifs, comme dans l'élevage de porcs et de volailles, où les produits animaux devraient être produits avec le moins de coûts possible. L'accent avait été mis sur une croissance rapide ou un nombre croissant d'œufs avec le moins d'aliments possible. Cela s'est très bien passé pendant de nombreuses années et les sélectionneurs pensaient vraiment qu'il n'y aurait pas de limites aux améliorations génétiques car la production augmentait de manière linéaire.

Malheureusement, dans les années 80, il est devenu plus clair qu'il y avait aussi des conséquences négatives liées à une forte sélection des caractères de performance. Les poulets de chair, par exemple, ont commencé à présenter des problèmes de santé métabolique en raison de la croissance rapide, les fractures osseuses chez les poules pondeuses ont augmenté parce qu'elles ne pouvaient pas gérer un apport suffisant en calcium pour se déposer dans les os. Les vaches laitières et les truies ont commencé à montrer une fertilité réduite pendant la période de forte production (figure 1.8). Ceci est illustré dans la figure 1.6, où les tendances de l'intervalle entre les vêlages, du score de l'état corporel, de la production de lait, des jours avant la première insémination, du taux de non-retour et du nombre moyen d'inséminations nécessaires par grossesse sont représentées comme des capacités de transmission prédites (PTA). Ces PTA sont particulièrement utilisés au Royaume-Uni pour indiquer quelle partie de la valeur d'élevage est transmise à la progéniture. Depuis que ces problèmes sont apparus, la pression de sélection est passée d'une approche principalement basée sur la performance à des processus de sélection qui placent davantage la santé animale au premier plan et les performances de reproduction au second.



Graphique 1.10. Tendances génétiques d'un certain nombre de caractères liés à la fertilité chez les bovins laitiers au Royaume-Uni.

Valeurs exprimées comme les capacités de transmission prédites (PTA) par année de naissance du père (YOB), pour l'intervalle de vêlage (IC), le score de l'état corporel (BCS), le lait, les jours avant le premier service (DFS), le non-retour à 56 jours (NR56) et le nombre d'inséminations (INS). Un PTA équivaut à la moitié de la valeur d'élevage estimée: la partie transmise à la progéniture. Source: *Wall et al., 2003*

Ce changement d'orientation de la sélection a été la tendance chez toutes les espèces d'animaux d'élevage. Dans la figure montrant l'exemple des bovins laitiers, le début des années 90 peut être identifié comme point de départ car les graphiques se stabilisent.

1.9. Principaux enjeux de l'élevage

1. Dans l'élevage, les gens choisissent des animaux qui produiront la prochaine génération d'animaux qui sont en moyenne supérieurs à la génération actuelle.
2. La sélection par nature, la sélection naturelle, est très importante pour que les animaux s'adaptent aux conditions dans lesquelles ils sont gardés.
3. Une condition préalable importante pour le succès de l'élevage est que les caractères soient héréditaires, ce qui implique que la capacité du caractère est transmise des parents à la descendance.
4. La domestication des animaux a commencé avec le chien. Plus tard, les animaux de la ferme ont été domestiqués. La domestication d'une espèce nécessite des traits spécifiques. Au sein des espèces domestiquées, le processus est toujours en cours en raison de nouvelles exigences causées par des circonstances changeantes.
5. L'élevage sélectif des animaux a commencé il y a 250 ans avec la formation des races et des livres de troupeaux. La base scientifique de l'élevage animal a été développée au 20ème siècle. L'application des progrès scientifiques en matière de reproduction au cours des 50 dernières années a rendu l'élevage animal plus efficace. Récemment, il a également reçu de fortes impulsions des développements de la génétique moléculaire.
6. Les activités d'élevage sont directement influencées et liées à l'évolution de la société: la production alimentaire nécessaire et les besoins de l'humanité avec les animaux à des fins de compagnonnage et de loisirs.
7. Les programmes d'élevage avec des bovins, des porcs et de la volaille ont donné lieu à de fortes augmentations de la quantité de lait, de viande ou d'œufs. Les capacités des chevaux se sont également grandement améliorées.
8. L'élevage d'animaux a non seulement conduit à des résultats positifs: chez les chiens, la consanguinité et la sélection unilatérale des caractères de conformation ont abouti à des chiens avec plus de problèmes de santé et moins de bien-être. Chez les animaux d'élevage, la sélection pour le rendement implique un risque de détérioration des caractères de qualité et de forme physique.

Chapitre II. 2

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Programme d'élevage d'animaux

L'élevage (amélioration génétique) est basé sur le fait que les traits des parents se reflètent plus ou moins dans leur progéniture. La raison en est que les traits sont dans une certaine mesure héréditaire et que 50% de l'ADN, comprenant la capacité héréditaire pour les traits d'un animal, est transmise d'un parent à sa progéniture.

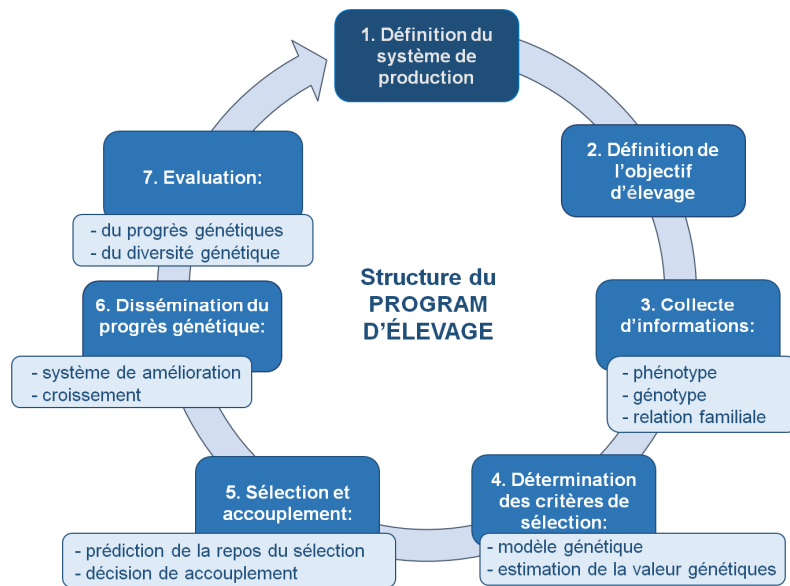


Schéma d'un programme d'amélioration: *définition du système de production*

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Dans l'élevage d'animaux, les parents potentiels sont sélectionnés pour certains traits et seuls les meilleurs sont utilisés comme parents. De cette façon, la prochaine génération sera génétiquement améliorée pour les caractères souhaités. Sur une longue période, les activités de sélection sont menées étape par étape suivant un programme de sélection, comme illustré dans le schéma ci-dessous:

Le point de départ pour un éleveur d'animaux est toujours une définition claire de l'objectif d'élevage. Cela signifie que les sélectionneurs/éleveurs doivent identifier les caractéristiques qui devraient être améliorées dans une certaine population. Des informations sur les performances des animaux et leurs relations génétiques doivent être collectées et les animaux qui présentent le meilleur potentiel génétique doivent être identifiés. Ensuite, la proportion nécessaire de la population qui doit être incluse dans le programme de sélection pour réaliser un certain gain génétique dans la génération suivante est déterminée. Les animaux sont sélectionnés et accouplés. La dernière étape consiste à cartographier la progéniture obtenue par rapport à l'objectif de reproduction initialement défini.

Chaque génération qui est élevée suit ce cercle d'étapes. Ainsi, à chaque fois, un ajustement des paramètres peut être effectué dans une certaine mesure. Cependant, l'objectif global de sélection ne doit pas être changé à chaque génération car une seule génération ne permettra pas une amélioration génétique importante. La reproduction concerne davantage le succès cumulatif de plusieurs générations. Les objectifs peuvent être modifiés, en réponse aux changements sur les marchés ou pour ajuster le programme de sélection proprement dit pour contrer un changement génétique indésirable dans la population. Les adaptations doivent être faites lorsque cela est opportun pour éviter les effets cumulatifs d'une réponse indésirable à la sélection.

Presque chaque chapitre se concentrera sur une étape spécifique du programme de sélection. L'objectif principal de chaque étape sera expliqué ainsi que les défis et les moyens de les maîtriser.

2.1. Mise en place d'un programme d'amélioration génétique

2.1.1. Système de production

La première étape de la configuration est une description du système de production (1). Cela comprend l'analyse de la façon dont les animaux sont gardés et à quel but ils serviront. Pour un petit chien élevé uniquement comme animal de compagnie dans une maison confortable, le comportement et la santé sont importants. Pour les moutons de bruyère élevés dans des conditions difficiles toute l'année, les caractéristiques de santé et le comportement au pâturage sont plus pertinents. Dans l'industrie des poulets de chair, avec ses systèmes intensifs et ses coûts de production élevés, les taux de croissance quotidiens sont de la plus haute importance.

2.1.2. Objectif d'élevage

Deuxièmement, il faut répondre à la question de savoir quels traits devraient être améliorés au cours des prochaines générations. Quel sera le (s) but (s) de l'élevage (2) ? Cette question est étroitement liée aux raisons pour lesquelles les animaux sont gardés. Ce processus nécessite une étude approfondie et une perspective à long terme car l'élevage n'est efficace que lorsqu'un objectif d'élevage est par conséquent maintenu pendant de nombreuses générations. Des exemples d'objectifs de sélection sont des améliorations définies des traits de production, de la qualité du produit, des traits de santé et de bien-être, des traits de conformation, des performances sportives, de la fertilité, etc.

2.1.3. Collecte d'informations

Dans une troisième étape, toutes les informations pertinentes pour l'objectif d'élevage défini doivent être collectées (3), telles que les traits d'animaux (appelés phénotypes) qui peuvent aider à établir la valeur d'un animal par rapport à l'objectif d'élevage. Si la performance en saut est un trait d'objectif d'élevage chez les chevaux, des données sur le saut sont collectées. Si la fertilité des porcs fait partie de l'objectif de reproduction, les caractéristiques de la portée sont enregistrées. D'autres informations pertinentes sont le pedigree des animaux. L'élevage d'animaux consiste à transmettre des capacités génétiques d'une génération à l'autre. Lorsque les éleveurs veulent tracer ou influencer ce processus de transmission de caractères héréditaires, il est crucial d'enregistrer les relations parent-progéniture, c'est-à-dire que les pedigrees des animaux doivent être conservés. Aujourd'hui, l'analyse ADN est également possible et déjà pratiquée dans l'élevage.

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Elles peuvent être utilisées pour tracer ou influencer le processus de transmission des capacités génétiques des traits.

2.1.4. Estimation de la valeur d'amélioration génétique et critères de sélection

Quatrièmement, connaissant l'objectif d'élevage et après avoir enregistré les traits pertinents des parents potentiels, la population d'animaux est divisée en 2 groupes: les animaux susceptibles d'être utilisés dans l'élevage comme futurs parents (4) et les animaux qui seront exclus de la reproduction. Sur la base d'un modèle génétique, c'est-à-dire d'un modèle statistique comprenant des informations généalogiques, une valeur de reproduction pour un caractère est estimée. Etant donné qu'aujourd'hui les informations ADN des animaux sont disponibles, ces informations peuvent également être utilisées pour estimer les valeurs d'élevage. La valeur d'amélioration génétique estimée indique la valeur d'un animal spécifique par rapport à l'objectif d'élevage: les valeurs les plus basses auront un effet négatif sur les caractères de l'objectif d'élevage, les valeurs les plus élevées les amélioreront.

2.1.5. Sélection et accouplement

Cinquièmement, étant donné les valeurs d'élevage estimées des mâles et femelles, la sélection effective des parents doit avoir lieu (5). Les parents dont la valeur de reproduction estimée est supérieure à la moyenne amélioreront les caractères de l'objectif de sélection dans la prochaine dans la prochaine génération. Lorsque, par exemple, un groupe de taureaux laitiers avec la valeur d'élevage la plus élevée pour la production de lait est sélectionné comme taureaux pour les générations suivantes, leurs filles produiront plus de lait que la génération actuelle de vaches laitières. Une bonne sélection des parents conduit à une réponse de sélection positive dans les générations suivantes. La sélection crée des progrès dans les traits d'objectifs de sélection. Après la sélection des parents, un autre choix doit être fait: quel père doit être accouplé avec quelle mère ? Le choix peut être fait sur la base des informations du pedigree disponibles ou sur les caractéristiques des mâles et femelles.

2.1.6. Diffusion du gain génétique

La sixième étape du programme de sélection est la diffusion du gain génétique. Dans de nombreux programmes d'élevage, le nombre d'animaux à partir desquels les caractères sont enregistrés est plutôt faible par rapport à la population d'animaux utilisés à des fins humaines. La diffusion de la réponse de sélection dépend de la structure des programmes de sélection. Dans les

programmes commerciaux de porc et de volaille, la sélection a lieu dans le haut du programme d'élevage et via quelques «générations en multiplication», la réponse de sélection obtenue dans le haut est diffusée aux animaux produisant de la viande ou des œufs. Dans l'élevage bovin, les techniques de reproduction artificielle, en particulier les techniques d'IA, ont la possibilité de produire un grand nombre de descendants, diffusant ainsi largement les gènes des animaux supérieurs.

La sélection d'un petit nombre d'animaux peut avoir un impact important sur les traits d'une population. Dans les programmes de sélection commerciale, par ex. pour la volaille et les porcs, des lignes spécialisées sont croisées. Ces lignes sont sélectionnées pour des traits spécifiques et croisées dans les phases de multiplication. La descendance croisée est obtenue avec les traits d'objectif de sélection en combinant les traits de chacune des lignées.

2.1.7. Évaluation des résultats

Septièmement, le programme d'élevage doit être évalué régulièrement (7). La première question à laquelle il faut répondre est de savoir si les objectifs de sélection ont été atteints. La nouvelle génération d'animaux est-elle meilleure en ce qui concerne les caractéristiques des objectifs d'élevage ? Y a-t-il des effets indésirables de la sélection ? Par exemple, a-t-on obtenu une meilleure croissance des animaux producteurs de viande sur le coût de plus de problèmes de pattes par rapport à la génération parentale ? La deuxième question est la suivante: qu'est-il arrivé à la parenté entre les animaux de la nouvelle génération ? Sont-ils plus apparentés les uns aux autres que leurs parents, du fait que la sélection n'a été effectuée que sur quelques animaux fortement apparentés comme parents pour cette génération ? La diversité génétique de la population a-t-elle diminué ?

À la suite de ces évaluations, le cercle d'élevage recommence avec un examen critique des changements dans le système de production. Les questions auxquelles il faut répondre sont les suivantes: les exigences du marché changent-elles, par exemple pour la viande de porc d'une qualité différente ? Les conditions de production changent-elles, par exemple les quotas de production de lait pour les exploitations laitières doivent-ils être supprimés dans un avenir proche?

2.2. Base génétique de l'élevage animal

L'ADN est le vecteur de l'information génétique transmise à la génération suivante. Les éleveurs veulent transférer le meilleur matériel génétique disponible à la prochaine génération d'animaux.

Ce matériel génétique est stocké dans les chromosomes (tables 2.1), présents dans le noyau de chaque cellule des animaux qui pourront être sélectionnés comme parents pour la prochaine génération. Le processus a lieu lorsque les chromosomes contenant les gènes sont transférés via les spermatozoïdes et les

La combinaison d'un spermatozoïde et d'un ovocyte donne un zygote qui est le point de départ d'un nouvel animal avec une composition génétique unique. Dans le transfert des chromosomes des parents à la progéniture, la méiose joue un rôle important. Elle veille à ce que le transfert suive dans une certaine mesure les lois, reconnues par Mendel, et que des processus aléatoires interviennent également.

Les lois relient les parents génétiquement par exemple, les parents et leur progéniture.

Les parents partagent chacun à part égale, soit 50%, les mêmes chromosomes, le même ADN et donc la même valeur génétique qu'eux avec leur progéniture. Par conséquent les traits phénotypiques des parents, peuvent être trouvés dans les traits phénotypiques de leur progéniture, basés sur les gènes qu'ils ont obtenus de leurs parents. La conclusion est que la progéniture et les parents partagent une partie de leur ADN, ils ont une relation génétique. Cette relation est plus élevée chez les animaux généralement apparentés.

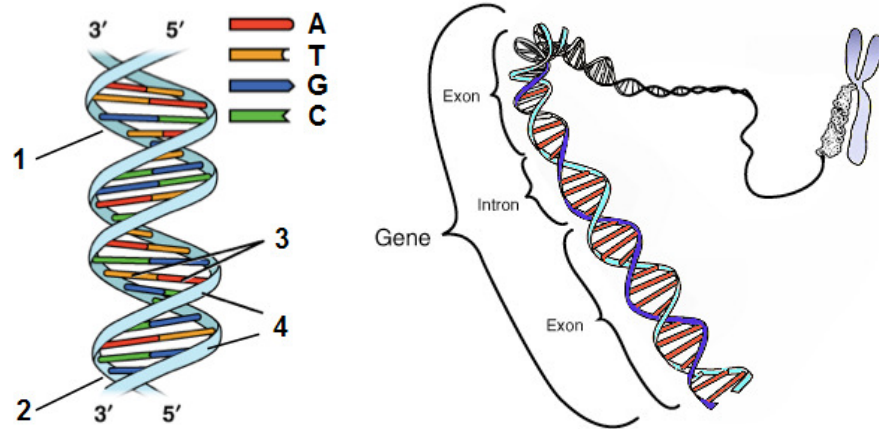
Tableau 2.1

Nombre de paires de chromosomes pour différentes espèces

Espèce	Nombre de paires de chromosomes
Homme	23
Bovins	30
Cheval	32
Cochon	19
Mouton	27
Chèvre	30
Lapin	22
Poulet	39
Canard	40

2.2.1. Structure et composition des chromosomes

Les chromosomes sont des unités d'ADN. Les cellules corporelles des mammifères et des oiseaux ont un noyau où se trouvent des paires de chromosomes (unités d'ADN – figure 2.1). Chaque espèce possède un nombre spécifique de chromosomes comme illustré dans le tableau ci-dessous. Le nombre différent de chromosomes empêche la production de croisements entre les espèces. Lorsqu'un zygote se forme à partir d'un spermatozoïde et d'un ovocyte, leurs chromosomes uniques sont regroupés en paires. Ce processus échoue si le nombre de chromosomes des espèces appariées n'est pas égal, c'est-à-dire lorsque les spermatozoïdes et les ovocytes proviennent d'espèces différentes avec un nombre différent de chromosomes.



Graphique 2.1. Structure de l'ADN (*la gauche*), forme et gène du chromosome (*droite*).

Gauche: Chaîne principale (1), chaîne mineure (2), bases azotées (A - adénine, T - thymine, G - guanine et C - cytosine) qui forment des paires de bases (3) sur le squelette phosphate-désoxyribose (4). L'ADN a 5% de régions qui codent pour différents caractères. On suppose que les 95% restants des régions n'ont aucun rôle dans le codage des processus ou des caractères. À droite: un gène, lié à la structure en double hélice de l'ADN et d'un chromosome. Le chromosome a la forme de la lettre «X» car il est en division. Les introns sont des régions souvent présentes dans les cellules eucaryotes qui sont éliminées par le processus de dimensionnement (après la transcription de l'ADN en ARN). Les exons sont les seules régions qui codent pour la synthèse des protéines. Image modifiée après "Structure de l'ADN et séquençage: Figure 3" par Open Stax College, Biology (à gauche) et Wikipedia (à droite).

Les chromosomes sont des hélices à double brin, constituées de deux polymères longs composés d'unités plus simples appelées nucléotides. Chaque nucléotide est composé d'une nucléobase (guanine, adénine, thymine et cytosine), représenté par les lettres G, A, T et C, ainsi que d'un squelette constituée de sucres (désoxyribose) et de groupes phosphates (liés à l'acide phosphorique). Les nucléobases (G, A, T, C) sont attachées aux sucres. Au sein d'une espèce et aussi au sein d'une race, les nucléotides et les nucléobases sont placés dans une séquence fixe.

2.2.2. Le transfert des chromosomes et des gènes du parent à la progéniture

Pour comprendre les relations génétiques entre les animaux apparentés, il est nécessaire de savoir ce qui se passe lors de la création des spermatozoïdes, des ovocytes et des zygotes en tant que point de départ d'un nouvel animal.

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Chez les mammifères et les oiseaux, toutes les cellules corporelles d'un individu sont diploïdes: tous les chromosomes du noyau d'une cellule sont présents par paires.

Définitions

Un chromosome est un bloc distinct d'ADN et est l'une des structures de base du génome. Tout l'ADN nucléaire est organisé en chromosomes, le nombre variant entre les espèces animales. Les gènes sur un chromosome sont liés et ont tendance à être hérités.

L'ADN est l'acide désoxyribonucléique, qui est une macromolécule sous la forme d'une hélice double brin qui transporte l'information génétique dans toutes les cellules des organismes supérieurs

Un gène est l'unité héréditaire, une région d'ADN sur un chromosome contenant des informations génétiques qui est transcrite en ARN et est traduite en une chaîne polypeptidique avec une fonction physiologique. Un gène peut être représenté en diverses formes appelées allèles

Un allèle est une version de la séquence de nucléotides d'ADN à un locus. Tous les individus ne portent pas exactement la même séquence de nucléotides d'ADN au même locus. Cette variation allélique est à l'origine de la variation génétique

Un locus est une position, par exemple d'un gènes, sur un chromosome. Le pluriel est loci

Illustration des définitions ci-dessus: Le locus MC1R (gène du récepteur de la mélanocortine 1) a été identifié sur le chromosome 5 chez le chien. A partir de ce gène, 2 allèles *E* et *e* sont connus. L'allèle original, dit de type sauvage *E* (allèle non muté) provoque la couleur noire chez le chien, l'allèle *e*, créé par mutation, provoque la perte de la fonction du gène et est responsable de la couleur du pelage rouge ou jaune vif dans le génotype *e / e*.

2.2.3. L'expression des gènes, de leurs allèles, dans le phénotype

Dans toutes les cellules du corps, les chromosomes sont présents en paire: l'un provient du père et l'autre de la mère. Par conséquent, tous les gènes sont également présents en double. Ces gènes peuvent être identiques: l'allèle provenant du père est identique à celui de la mère. Dans ce cas, un animal est homozygote pour ce gène. Cela implique que la progéniture de cet animal obtient toujours cet allèle de ce parent. Cependant, les allèles provenant du père et de la mère peuvent être différents, ce qui rend l'animal hétérozygote pour ce gène. La descendance de cet animal pourrait obtenir l'un des deux allèles différents de son parent.

Définition

Homozygote: individu portant deux copies du même allèle à un locus, par exemple *ee* ou *EE*.

Hétérozygote: individu portant deux allèles distincts à un locus, par exemple *Ee*..

Pour un certain gène, trois génotypes différents peuvent être distingués, par exemple: *EE*, *Ee* ou *ee*. Ces combinaisons d'allèles peuvent provoquer des phénotypes différents. Supposons que *E* est responsable de la production de la l'eumélanine, une protéine retrouvée dans les cellules cutanées des chiens qui donne une pigmentation noire de la peau et *e* est responsable de la production de la phaéomélanine dans les cellules cutanées des chiens qui donne une pigmentation rouge. Il est évident que les animaux porteurs de la combinaison allélique *EE* seront noirs et ceux avec la combinaison *ee* seront rouges. Mais quelle sera la couleur du chiens si il est hétérozygote, soit *Ee*? Ils sont également noirs ! Ce phénomène s'appelle la dominance: l'allèle *e* chez les hétérozygotes n'est pas exprimée dans leur phénotype. L'allèle *E* est dominant sur *e* ou l'inverse, *e* est récessif par rapport à *E*.

Définitions

Un allèle dominant est un allèle qui a un effet sur le phénotype non seulement lorsqu'il est homozygote mais également lorsqu'il est hétérozygote. Lorsque l'allèle E est dominant sur e, EE et Ee ont la même valeur phénotypique.

Un allèle récessif est un allèle qui n'a d'effet sur le phénotype que lorsqu'il est homozygote. Par conséquent, si l'allèle e est récessif, ee donne un phénotype différent de Ee et EE, qui ont le même phénotype..

Dans les cas où un gène est impliqué dans l'expression d'un caractère quantitatif, par exemple le poids corporel d'une chèvre mature, les allèles peuvent avoir une expression différente conduisant à de petites différences de poids corporel mature. Les deux exemples suivants expliquent cela plus en détail.

1. Les animaux *GG* pèsent 40 kg, les animaux *Gg* 38 kg et les animaux *gg* 36 kg. Le poids corporel de l'animal hétérozygote est exactement la moyenne des deux animaux homozygotes. Les deux allèles ont un effet additif. C'est ce qu'on appelle la co-dominance.
2. Les animaux *GG* pèsent 40 kg, les animaux *Gg* 42 kg et les animaux *gg* 36 kg. Le poids corporel de l'animal hétérozygote est supérieur à la moyenne des deux animaux homozygotes et même supérieur à la valeur du parent homozygote le plus élevé. C'est ce qu'on appelle la surdominance

Définitions

Co-dominance: situation dans laquelle un hétérozygote montre également les effets phénotypiques des deux allèles. Voir «Additivité».

L'**Additivité** est l'hypothèse que chaque allèle influençant un trait le fait indépendamment de l'autre allèle présent sur ce même locus ainsi que par rapport à tous les autres allèles présents sur des loci différents. Par exemple, si les allèles **G** et **g** valent respectivement 1 et -1 alors l'additivité suppose que **GG** vaut 2, **Gg** vaut 0 et **gg** vaut -2.

Surdominance survient lorsque l'hétérozygote a une valeur génotypique supérieure à celle de l'un ou l'autre des parents.

En plus des effets de différents allèles d'un gène à un seul locus, les allèles de différents gènes à différents loci peuvent influencer l'activité d'un gène voisin. Cela pourrait s'exprimer dans le phénotype du trait qu'ils influencent. Il y a deux possibilités. 1): Les effets de différents allèles à différents locus sont additifs: l'effet est la somme de l'effet de chaque allèle. 2): Lorsque ces effets ne sont pas additifs, on parle d'épistasie.

Définition

Épistasie c'est quand les effets de gènes sur des loci spécifiques ne sont pas additifs. La valeur génotypique d'un locus sur un trait dépend des génotypes à d'autres loci ou d'une situation dans laquelle l'expression phénotypique différentielle d'un génotype dépend du génotype à un autre locus.

Exemple d'épistasie (Minkema 1966). Le modèle de plumage chez le poulet est parmi d'autres gènes, déterminé par l'interaction des allèles de deux loci différents: le gène **E** et le gène **S**. Le gène **E** a deux allèles **E** et **e +**; le gène **S**: **S** et **s**. **E** est dominant sur **e +** et provoque un plumage noir uniforme. Dans la combinaison allélique **e + / e +**, les animaux ont uniquement certaines régions des plumes de couleur noire.

Dans les parties du plumage qui ne sont pas noires, la combinaison **SS** ou **Ss** induisent à des endroits un plumage avec une couleur argentée, tandis que la combinaison **ss** donne un plumage doré. Ainsi, la couleur dorée ou argentée n'est exprimée que dans la combinaison **e + / e +**: la couleur noire portée par l'allèle **E** est dominant sur l'or et l'argent déterminés par les allèles du gène **S**.

2.2.4. Différences entre les descendants apparentés

Dans les spermatozoïdes et les ovocytes, les chromosomes ne sont plus présents en paires. Dans ces cellules, tous les chromosomes existent en une unique copie. Dans le testicule et dans l'ovaire, les paires de chromosomes de la cellule diploïde se divisent aléatoirement pour obtenir un seul chromosome dans chaque spermatozoïde ou ovocyte (figure 2.2). Ce processus s'appelle la méiose et est illustré ci-dessous avec trois paires de chromosomes d'un mâle:



Figure 2.2. Combinaisons de chromosomes

La paire de chromosomes 1 comprend les chromosomes A et B, la paire 2 de C et D et la paire 3 de E et F. Dans la méiose, les paires de chromosomes se séparent et vont par hasard vers un spermatozoïde. De cette façon, les spermatozoïdes sont créés avec 8 (2³) combinaisons différentes de chromosomes: ACE, ACF, BCE, BCF, ADE, ADF, BDE et BDF. Lorsqu'une espèce a n chromosomes, les parents créent 2n spermatozoïdes ou ovocytes différents.

Définitions

Méiose: processus effectué dans les cellules germinales par lequel les gamètes se forment. Chez les diploïdes, cela implique la création de cellules haploïdes (spermatozoïdes, ovocytes) à partir des cellules progénitrices diploïdes

Échantillonnage mendélien: échantillonnage aléatoire des gènes parentaux causé par la ségrégation et l'assortiment indépendant de gènes pendant la formation des cellules germinales, et par la sélection aléatoire de gamètes dans la formation de l'embryon.

2.2.5. Relation entre parents partageant un ADN similaire

Suite à la méiose, un spermatozoïde et un ovocyte contiennent 50% de l'ADN du parent (loi naturelle de transmission de l'ADN des parents à la progéniture) et expriment une combinaison unique de chromosomes du parent (processus aléatoire dans la transmission de l'ADN entre les générations). Après la fécondation d'un ovocyte avec un spermatozoïde, le noyau du zygote contient à nouveau des chromosomes en deux groupés par paires.

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Cela implique que chaque animal reçoit la moitié de ses chromosomes issus du patrimoine génétique du père et l'autre moitié issu du patrimoine génétique de la mère. Ainsi, la relation génétique entre un animal et chacun de ses parents est de 0,5. C'est ce qu'on appelle la relation génétique additive. Mais chaque spermatozoïde et chaque ovocyte d'un parent contient une combinaison unique des chromosomes de ce parent. C'est la raison pour laquelle la progéniture, tout en ayant la même combinaison d'un père et d'une mère, présente toujours des différences de traits. La relation génétique additive des frères et sœurs de plein droit est de 0,5, car ils partagent en moyenne 50% de l'ADN de leurs parents (tableau 2.2).

Tableau 2.2.

Quelques relations génétiques additives sont présentées ci-dessous

Relation	Pourcentage d'ADN similaire qu'ils partagent
Parent-fils ou fille	50
Grand-parent-petit-enfant	25
Arrière-grands-parents-arrière-petit-enfant	12,5
Frère (s) propre (s) - sœur (s) propre (s)	50
Demi-frère (s) - demi-sœur (s)	25

Définition

La relation génétique additive entre deux animaux est la quantité d'ADN qu'ils partagent en raison du fait qu'ils sont liés

Ainsi, les parents partagent un ADN similaire. Le pourcentage moyen qu'ils partagent est évident, mais sans autre connaissance de leur ADN (génotypes) ou de leurs phénotypes, on ne sait pas quelle partie de l'ADN, quels allèles ils partagent.

2.3. Systèmes de production l'élevage

L'élevage représente pour l'économie de tout pays, la branche qui assure la survie à long terme, y compris la prospérité, les besoins alimentaires de la population, la capitalisation supérieure des ressources alimentaires, l'utilisation rationnelle de la main-d'œuvre, l'utilisation efficace des nutriments du fumier et bien d'autres facteurs.

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

Au fil du temps, l'élevage a été le secteur le plus dynamique, étant la branche dans laquelle les processus de concentration et de spécialisation de la production se sont matérialisés le plus tôt. Des technologies industrielles modernes ont été introduites. Les ressources qui sont liées à cette branche de l'agriculture appartiennent à différentes catégories d'entrepreneurs: exploitations familiales, entreprises agricoles de différentes sortes, etc. Indépendamment de la propriété et du niveau d'organisation des processus, les principaux systèmes de production dans l'élevage peuvent être considérés comme suit:

- le système de production (S.P.) de lait de vache
- S. P. bovins de boucherie,
- S. P. de laine, S.P. de viande et S.P de peaux de mouton ;
- S. P. de porc ;
- S. P. d'œufs et S.P. de viande de volaille ;
- S. P. de miel et de sous-produits de l'abeille ;
- S. P. de poissons dans les piscicultures et les systèmes de recirculation d'eau ;
- S. P. de beignets de papillons en soie ;
- S. P. de productions de chevaux de race pure ;
- S. P. d'animaux reproducteurs
- S. P. écologique, etc.

Les divers systèmes de production énumérés ci-dessus comprennent différentes approches de la sélection et de l'exploitation des espèces, c'est-à-dire des races à partir desquelles des productions peuvent être obtenues..

Définition:

***Le système de production** représente un ensemble de décisions et d'activités par lesquelles l'amélioration de la reproduction, l'entretien, l'élevage et l'alimentation des animaux sont organisés et menés, leur santé est assurée, les formes d'organisation des éleveurs sont conçues. Tout cela en corrélation avec les exigences biologiques et de production, en termes d'efficacité économique, de durabilité environnementale et d'acceptation sociale.*

2.4. Caractéristiques qui font l'objet de la sélection animale

Chaque production est le résultat d'un ensemble de caractéristiques complexes, qui elles-mêmes sont basées sur un groupe de caractéristiques plus simples. Celles-ci étant déterminées par un certain nombre de gènes. Chez les animaux d'élevage, quelle que soit l'espèce, les caractéristiques susceptibles d'être améliorées peuvent être classées en quatre grandes catégories:

Les *traits ou caractéristiques de production*:

- production de lait ;
- production de viande ;
- production de laine ;
- vitesse de déplacement ou de traite ;

Caractéristiques *de reproduction*:

- fécondité ;
- naissance ;
- prolificité ;
- les caractères *influentes de la fécondité*

Caractéristiques de *résistance/traits* à:

- aux maladies héréditaires
- les maladies causées par des facteurs environnementaux
- les maladies causées par des agents pathogènes

Caractéristiques *conformationnelles*:

- caractéristiques esthétiques (animaux de loisir) - caractéristiques externes transformées en production (peau d'animaux à fourrure ou agneaux Karakul)
- caractéristiques externes corrélées positivement avec certaines productions (caractéristiques de la carcasse).

L'amélioration de ces caractéristiques d'une génération à l'autre dépend de la base génétique qui détermine leur valeur phénotypique. De toute évidence, les éleveurs souhaitent transférer le meilleur matériel génétique des meilleurs animaux à la génération suivante.

2.8. Questions clés dans les bases de l'élevage animal

1. Un programme d'élevage se caractérise par une série d'activités: définition de l'objectif de reproduction, enregistrement des phénotypes, des génotypes et des pedigrees, estimation des valeurs de reproduction pour la mise en place de traits de sélection selon un modèle génétique, la sélection des parents pour la prochaine génération en fonction des valeurs de reproduction estimées, accouplement des parents et diffusion de la supériorité génétique envers les animaux de production et évaluation du programme en ce qui concerne la diversité génétique maintenue et la réponse de sélection réalisée.
2. Les animaux peuvent être élevés et exploités dans différents systèmes de production, systèmes d'élevage et d'exploitation, selon les exigences des différentes technologies. Étant donné que toutes les composantes sont dynamiques, les systèmes doivent permettre une production viable.
3. Les cellules corporelles des mammifères et des oiseaux ont un noyau où l'on trouve des paires de chromosomes. Le nombre différent de chromosomes entre les espèces entrave la mise en place de croisements entre les espèces. Les chromosomes sont composés de chaînes d'ADN, macromolécule sous la forme d'une hélice à double brin qui transporte l'information génétique dans toutes les cellules des organismes supérieurs.
4. Un gène est l'unité héréditaire, une région d'ADN sur un chromosome contenant des informations génétiques. Un gène peut muter sous diverses formes, appelées allèles.
5. Les allèles peuvent être dominants ou récessifs (interaction entre deux allèles à un locus). Les effets peuvent être additifs: la co-dominance (un individu porte deux allèles différents d'un gène, les deux s'expriment à la fois pour générer un phénotype intermédiaire entre ceux qui auraient été obtenus si les deux allèles avaient été identiques) ou dominance (le phénotype des individus *hétérozygotes* est déterminé intégralement par l'un des allèles, sans contribution du second).
6. Les allèles d'un gène peuvent également interagir avec les allèles d'un autre gène: l'épistasie.
7. Après la fécondation d'un ovocyte avec un spermatozoïde, le noyau du zygote contient à nouveau des chromosomes en paires. Cela implique que chaque animal reçoit la moitié de ses chromosomes, dont la moitié de sa valeur génétique, de son père et l'autre moitié de mère. Ainsi, la relation génétique entre un animal et chacun de ses parents est de 0,5. C'est ce qu'on appelle la relation génétique additive.

Chapitre II. 3

L'OBJECTIF D'AMELIORATION GÉNÉTIQUE

Il existe de nombreuses raisons de garder des animaux ou une race spécifique (bloc 1). Le sujet principal de ce chapitre est d'expliquer comment un objectif d'élevage (bloc 2) est établi.

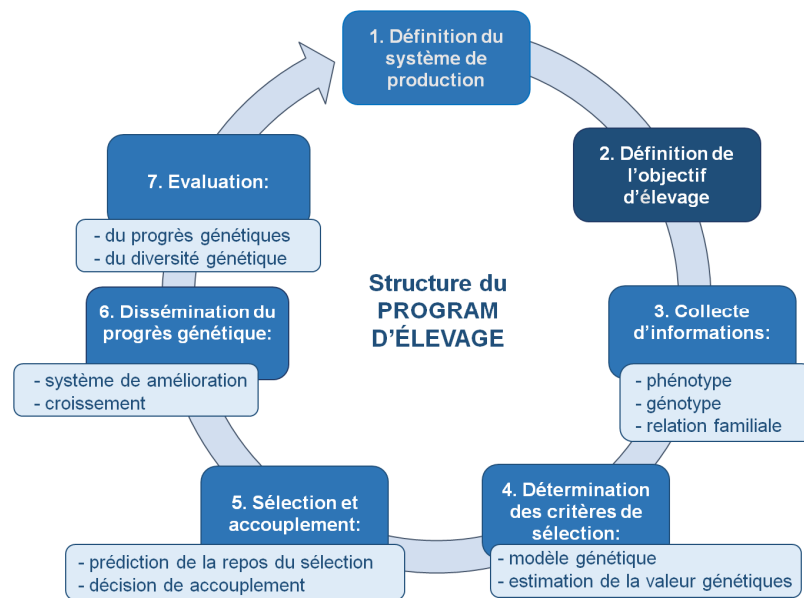


Schéma d'un programme d'amélioration: *définition de l'objectif d'amélioration génétique*

Le chapitre présente les aspects relatifs à l'établissement de l'objectif d'amélioration et de la valeur d'amélioration.

Définitions:

La valeur d'amélioration (A) est la valeur génétique moyenne d'un parent pour un caractère particulier.

L'objectif d'amélioration (H) est la liste des traits (exprimés en valeurs d'amélioration - A) qui doivent être améliorés (améliorés), où chaque personnage a un poids (ou une valeur symbolisée par v) qui reflète son importance dans le système de production, la direction souhaitée du changement.

$$H = v_1A_1 + v_2A_2 + \dots + v_nA_n$$

Thèmes qui seront abordés:

- Les défis de l'élevage (d'amélioration génétique des animaux)
- Définition d'un objectif d'élevage
- Mesure des caractères des objectifs de sélection
- Évaluer les différents traits de l'objectif d'élevage

3.1. Défis pour l'élevage

Le défi majeur pour la production alimentaire dans l'agriculture est la croissance continue de la population humaine vers 9 milliards en 2050 (Objectifs de développement des Nations Unies, 2005).

3.1.1. Défis pour les besoins de la société humaine

Les systèmes d'élevage jouent un rôle important dans l'agriculture en produisant des aliments de haute qualité. Dans les pays en développement, les animaux fournissent non seulement de la viande, du lait et des œufs, mais aussi des fibres, des engrais pour les cultures, du fumier comme combustible et de la force de traction. Pour ces pays, la productivité et les caractéristiques de forme physique sont les principaux défis de l'élevage. Ils rendent la production alimentaire et l'approvisionnement alimentaire des consommateurs efficaces. Dans les pays développés qui gèrent des systèmes de production animale intensifs, les caractéristiques de santé et de bien-être sont devenues un nouveau défi pour les éleveurs.

Les activités d'élevage sont influencées par un large éventail de facteurs. Les besoins et les priorités de plusieurs groupes d'intérêt doivent être équilibrés: les propriétaires d'animaux, les consommateurs de produits d'origine animale, l'industrie alimentaire et, de plus en plus, le grand public. Il s'agit d'un processus continu où les développements futurs doivent être anticipés et la planification doit être faite avec soin pour établir des programmes de sélection efficaces.

3.1.2 Les défis de l'élevage en fonction du système de production

Outre la production alimentaire, les animaux remplissent diverses fonctions pour l'humanité: ils fournissent du travail, sont détenus comme animaux de compagnie, participent à des activités de loisirs, à des événements culturels et jouent également un rôle dans la gestion de la nature. L'utilisation d'animaux et les exigences des utilisateurs déterminent dans une large mesure l'objectif d'élevage et les programmes d'élevage.

Si les programmes d'élevage ont un autre objectif que la production alimentaire, certains traits supplémentaires deviennent importants en plus de ceux qui sont évidents pour tout caractère d'objectif d'élevage sélectif comme: la santé et le bien-être des animaux, l'adaptation à des aliments de qualité inférieure et les climats extrêmes pour être en mesure de produire et reproduire.

La première diapositive à droite montre le rôle de l'élevage dans les pays en développement. La deuxième image montre la valeur socioculturelle du bétail indonésien Madura.

Avant de définir l'objectif de sélection, il faut répondre à de nombreuses questions concernant le système de production. Pour quelle raison les animaux sont-ils gardés? Quels sont les canaux de distribution? Quels sont les aspects importants de l'alimentation et de la gestion? Les éleveurs sont-ils organisés? Y a-t-il déjà un programme de sélection en place? Quels traits peuvent être enregistrés? La reproduction artificielle est-elle applicable? Par conséquent, ces aspects des systèmes de production déterminent les possibilités de programmes de sélection et de sélection des caractères d'objectif de sélection.

3.1.3. Les défis de l'élevage en petites populations

Dans les petites populations, une quantité de nourriture limitée limite les possibilités de reproduction. Dans ces populations, presque tous les animaux, du moins les femelles, doivent être utilisés comme parents pour que la génération suivante ait suffisamment de progéniture. Cela ne donne aucune possibilité de sélectionner des caractères liés à la production alimentaire. Dans les petites populations, la principale préoccupation est de maintenir la population en conservant la diversité génétique et de gérer la consanguinité. Ceci est important car la consanguinité entraîne des niveaux de forme physique inférieurs et augmente l'incidence de défauts génétiques récessifs. Dans les populations où presque tous les mâles et les femelles doivent produire une progéniture, la sélection des caractères d'objectif de reproduction ne peut pas être effectuée.

La première étape du lancement d'un programme de sélection est le choix de la race la plus appropriée, compte tenu de l'environnement ou du système de production donné. La performance adaptative d'une race est également un facteur de décision important. Il existe de nombreux exemples d'animaux de races hautement productives (par exemple, la vache laitière Holstein Friesian) qui ont été importés dans les pays tropicaux sans succès. Les animaux ne sont pas adaptés à la température élevée, ils se reproduisent à peine et le stress thermique empêche des niveaux de production élevés. En outre, de nombreuses maladies tropicales entraînent une mortalité élevée.

Dans tous les systèmes de production alimentaire, l'adaptation des animaux aux conditions du système est importante. Lorsque cela est ignoré, les niveaux de forme physique des animaux seront réduits. La forme adaptative est caractérisée par des traits liés à la survie, à la santé et à la reproduction. Dans les régions plus chaudes et les zones tropicales, les agents pathogènes et les maladies épidémiques sont répandus, les conditions climatiques sont stressantes, les aliments et l'eau sont rares.

L'OBJECTIF ELEVAGE

Dans ces conditions, les races autochtones adaptées localement ont un niveau de résistance beaucoup plus élevé. Leurs racines évolutives s'intègrent mieux dans l'environnement par rapport aux races importées.

3.2 L'objectif d'élevage

La première étape est toujours la définition d'un objectif d'élevage. Après cela, un programme de sélection doit être mis en place qui assure un progrès génétique conforme à l'objectif. Les principales composantes des programmes d'élevage structurés avec les caractéristiques pertinentes sont la collecte de données de performance, l'analyse des données pour identifier les animaux supérieurs et l'utilisation d'animaux supérieurs pour produire la prochaine génération.

Définitions

*Un **objectif de sélection** est la spécification des caractères à améliorer, y compris l'accent mis sur chaque caractère. Il donne la direction dans laquelle la population devrait s'améliorer.*

*Un **programme d'élevage** est un programme visant à définir des objectifs d'élevage pour la production d'une prochaine génération d'animaux. C'est la combinaison de l'enregistrement des caractères sélectionnés, de l'estimation des valeurs d'élevage, de la sélection des parents potentiels et d'un programme d'accouplement pour les parents sélectionnés, y compris des méthodes de reproduction (artificielles) appropriées.*

Voir schéma au début de ce chapitre.

Une remarque: des traits avec une valeur optimale

Pour la plupart des traits, le but ultime est une amélioration continue, mais pour certains traits, l'obtention de valeurs intermédiaires est également pertinente. Le poids des œufs est un exemple de ces caractéristiques: il existe un marché pour les œufs de table pesant entre 55 et 70 grammes. La taille corporelle mature est positivement liée aux rendements à l'abattage mais négativement à l'efficacité alimentaire.

L'objectif de production est une valeur de carcasse élevée en combinaison avec un faible coût de l'alimentation. Ainsi, dans de nombreux systèmes de production de viande, le poids corporel mature des animaux a un optimum.

3.2.1. La mesure, la valeur et l'orientation des caractères sont incluses dans les objectifs de sélection

Dans la situation idéale, l'objectif d'élevage consiste en un seul critère qui facilite le classement des animaux conformément à cet objectif. L'objectif d'élevage vise l'avenir. En réalité, il ne s'agit souvent pas d'un seul trait mais d'une combinaison de traits, spécifiés en fonction de leur importance relative. L'objectif de sélection implique généralement l'amélioration de plusieurs caractères simultanément. Il doit être formulé avec soin et non modifié pendant de nombreuses générations pour assurer le succès de la reproduction. Chaque nouvelle génération est un petit pas vers le but ultime.

Le succès de l'élevage deviendra visible comme la somme (l'accumulation) de tous ces petits pas. Les changements dans les caractères des objectifs de sélection d'une génération à l'autre ne contribuent pas à un succès cumulatif visible (chapitre 1). Un caractère doit être inclus dans l'objectif de sélection en fonction de sa valeur économique et de son héritabilité. Un exemple montrant la production laitière hollandaise chez les bovins est donné à la fin de ce chapitre. Les objectifs de sélection peuvent être exprimés en termes de facteurs de pondération des caractères en fonction de leur valeur économique ou en fonction des améliorations génétiques souhaitées pour chaque caractère. Les caractères d'objectif de sélection pourraient être limités aux préférences individuelles de l'obteneur et / ou aux exigences de production et de transformation. Ils pourraient être étendus pour inclure le comportement des consommateurs concernant les préférences d'origine animale ou les souhaits de la société. Cependant, plus il y a de traits inclus, moins il y aura de progrès dans chaque trait par génération.

Le résultat d'un programme de sélection n'est souvent réalisé que plusieurs années après que les décisions de sélection ont été prises. Cela souligne la nécessité d'anticiper les demandes futures lors de la définition des objectifs de sélection et nécessite une attention particulière au retour sur investissement. La plupart des objectifs de sélection ne sont atteints qu'après plusieurs générations de sélection. Cela oblige les éleveurs à être persistants car des changements fréquents empêchent les progrès.

3.2.3. La complexité des objectifs de sélection

Indépendamment de l'espèce, l'objectif de sélection pour la production alimentaire vise à: amélioration de l'efficacité brute (quantité de produit divisée par la quantité d'aliments consommés) en: 1) améliorant la productivité (rendement plus élevé et rendements financiers, 2) améliorant la conversion alimentaire (moins d'aliments par kg de produit et moins de coûts) et 3) améliorer la reproduction, la santé et la survie (moins d'animaux de remplacement nécessaires et moins de coûts).

L'OBJECTIF ELEVAGE

Des normes plus élevées de bien-être animal, une réduction de l'impact environnemental pourrait être des caractéristiques supplémentaires des objectifs de sélection. Les programmes de sélection commerciale pour les bovins laitiers, les porcs et la volaille exécutent aujourd'hui des programmes de sélection sophistiqués avec des objectifs de sélection complexes. Les programmes de sélection pour d'autres espèces sont moins compliqués, le nombre de caractères d'objectif de sélection est plus faible. Par exemple, dans le monde pour les petits ruminants (ovins et caprins) destinés à la production de viande avec des programmes de sélection moins complexes, la croissance a évidemment la plus grande importance.

Dans l'élevage commercial de porcs et de volailles, des lignées spéciales avec des objectifs d'élevage différents ont été développées. Les lignes ont été croisées pour obtenir l'œuf final ou l'animal producteur de viande avec la combinaison optimale d'objectifs sur les lignes. En raison du nombre limité de caractères d'objectif de sélection dans une lignée spécialisée, des progrès considérables peuvent être réalisés dans chaque lignée. En croisant les lignes, les objectifs d'élevage, qui ont atteint un niveau élevé dans chaque ligne, sont combinés. Cela s'est avéré plus rentable que la sélection pour tous les caractères importants des objectifs de sélection au sein d'une lignée ou d'une race.

Un exemple simplifié de l'utilisation de lignées spéciales est un croisement à trois voies souvent appliqué dans l'élevage porcin: tout d'abord, les truies d'une lignée sélectionnée pour le nombre de porcelets sont croisées avec un verrat d'une lignée sélectionnée pour la croissance. Deuxièmement, les truies croisées sont ensuite croisées avec des verrats d'une lignée sélectionnée pour la qualité de la carcasse. Le résultat est un nombre élevé de porcelets nés avec une bonne croissance et une bonne qualité de carcasse.

Vers 1970, lors d'un essai d'élevage ovin, des brebis de race Landrace finlandaise (une race avec une portée élevée) ont été accouplées à un bélier de race Ile de France (race qui peut être élevée quelle que soit la saison). Cela a donné des brebis croisées avec un nombre élevé d'agneaux en raison de trois agnelages en deux ans. Le père des agneaux était un bélier de la race Texel réputé pour sa croissance et sa qualité d'abattage. L'enregistrement des caractéristiques des objectifs de sélection soulève de nombreuses questions:

- Que peut-on mesurer or qui ou quoi mesure le trait?
- À quelle fréquence le trait peut-il ou doit-il être mesuré?
- Quels animaux peuvent ou devraient être impliqués?
- À quel âge et Comment détaillé?
- Quelle est la précision de la mesure?
- Les effets systématiques jouent-ils un rôle sur le résultat de la mesure?

3.2.4. Les catégories d'objectif d'élevage

Les traits d'objectif de reproduction peuvent être quantitatifs. La production de lait, de viande ou d'œufs, les mesures corporelles ou les expressions de performance sont des exemples de traits quantitatifs. Ils se mesurent en unités: en kg ou simplement en nombre: kg de lait, grammes de croissance et nombre d'œufs. Les objectifs d'élevage peuvent également être qualitatifs, par exemple la qualité d'un produit ou un trait important du standard de la race. Les caractéristiques des produits, les scores des traits corporels, les incidences de maladies ou les impressions de performance sont des exemples de traits qualitatifs. Ils sont mesurés en classes: par exemple un 1 (bon), 2 (moyen) ou 3 (mauvais) pour la qualité de la viande ou simplement 0 (non présent chez l'animal) ou 1 (présent).

Certains traits d'objectifs de sélection ne peuvent pas être mesurés au moment où ils sont pertinents. Dans la production de viande, par exemple, la qualité de la viande est un trait important des objectifs de sélection. Cependant, la composition de la carcasse d'un jeune veau, d'un porcelet ou d'un agneau ne peut pas être mesurée au moment où il est envisagé d'utiliser l'animal pour la reproduction. Il ne peut être mesuré qu'après l'abattage, puis la reproduction avec cet animal est impossible. Les caractères indicateurs, obtenus en analysant la composition corporelle des animaux vivants avant de prendre des décisions d'élevage, peuvent aider à prédire la composition de la carcasse.

Les traits d'objectif de reproduction peuvent être compliqués car il existe de nombreux traits sous-jacents. Par exemple, dans presque toutes les espèces productrices d'aliments, la capacité de reproduction fait partie de l'objectif de sélection. La capacité de reproduction globale résulte des traits de reproduction mâles et femelles. Chez les mâles, la qualité du sperme et les résultats de l'insémination font partie de leur capacité de reproduction. Chez les femelles en âge de puberté, l'intervalle entre les portées, le nombre de descendants élevés par an sont des exemples de traits sous-jacents.

Chez les chevaux de saut, la conformation des chevaux et la démarche sont des traits très importants pour les objectifs de reproduction. Pour les chiens de travail, la capacité d'entraînement est un trait important en plus de la santé, du comportement et de la conformation. Les trois derniers traits sont d'une grande importance pour toutes les espèces utilisées à des fins de compagnonnage. Le tableau suivant (tableau 3.1) donne les mesures pertinentes pour certaines espèces.

Tableau 3.1.

Mesures, unités de mesure utilisées pour quantifier les caractères de l'élevage.

Espèce	La mesure	Unité	Enregistreur
Vaches laitières	La production de lait	kg	contrôleur / agriculteur / robot
	% De matière grasse dans le lait	%	laboratoire
	Hauteur pelvienne	cm	inspecteur du livre généalogique
	Forme de la mamelle	but	inspecteur du livre généalogique
	Mastite	incidence	agriculteur / vétérinaire
Chevaux sauteurs	Conformation	but	inspecteur / juge
	Comportement	but	inspecteur / juge
	Technique de saut	but	inspecteur / juge
	Mouvement	but	inspecteur / juge
Chiens	Dysplasie de la hanche	but	rayons x
	Conformation	but	inspecteur / juge
	Comportement	but	testeur
	Défauts génétiques	incidence	vétérinaire

3.2.5. Pesée des caractères dans l'objectif de sélection

Les objectifs de reproduction peuvent être simples ou complexes. Dans les programmes d'élevage commercial, de nombreux caractères sont enregistrés et ont une influence sur le profit réalisé par la production d'animaux. Dans des conditions de petits élevages ou d'élevages amateurs, seuls quelques caractères importants sont enregistrés et des objectifs de sélection plus simples qui ne consistent qu'en quelques caractères sont utilisés.

Pour pouvoir classer les individus qui sont candidats pour les caractères de sélection, les valeurs de ces caractères doivent être consolidées en un seul critère de sélection. La valeur de ce critère peut être obtenue en additionnant la valeur d'élevage pour chaque caractère multipliée par un facteur de pondération exprimant la pertinence de ce caractère dans l'objectif d'élevage. La pertinence peut être basée sur la valeur économique relative du trait.

La formule utilisée est indiquée ci-dessous.

$$H = v_1A_1 + v_2A_2 + \dots \quad 3.1$$

où:

H - l'objectif de l'élevage, qui comprend généralement plusieurs caractères en fonction de leur importance et de leur héritabilité;

v_1 = valeur (économique) du caractère 1,

A_1 = valeur d'élevage pour l'objectif 1,

v_2 = valeur (économique) de l'objectif 2,

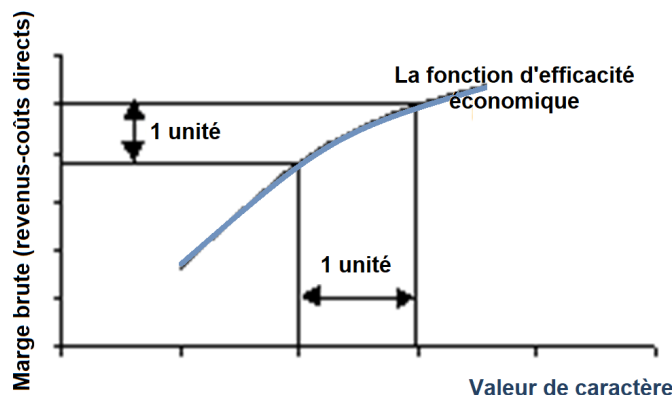
A_2 = valeur d'élevage de l'objectif 2... et ainsi de suite.

Définition

*La **valeur d'élevage** est la valeur génétique moyenne d'un individu en tant que parent d'un trait. Elle est estimée à deux fois la supériorité moyenne de la descendance de l'individu par rapport à toutes les autres descendances dans des conditions d'accouplement aléatoire*

La valeur économique d'un animal repose sur de nombreux traits ayant des effets différents: production, qualité (composition) du produit, problèmes de maladies, fertilités et facilités de manipulation et de gestion. Les objectifs de reproduction doivent pondérer les valeurs marchandes et non marchandes, ce qui peut être fait par diverses procédures. Dans ces procédures, les animaux sont considérés comme faisant partie intégrante d'un système de production (au niveau de la ferme). Les valeurs économiques et les fréquences d'expression du gain génétique obtenu sont les critères les plus souvent utilisés. La méthodologie pour peser les traits par rapport à l'efficacité des ressources et à l'économie est bien développée. Un exemple illustratif du calcul de la valeur nette d'une augmentation d'une unité dans un caractère d'objectif d'élevage est donné dans le graphique ci-dessous (figure 3.2):

La composition des caractères affecte la structure d'un programme de sélection. Les traits de l'objectif de sélection déterminent à partir de quels traits d'animaux doivent être mesurés: des parents des candidats à la sélection, des candidats eux-mêmes, de leurs frères ou de leur progéniture? Lorsque les registres des frères et sœurs ou de la descendance sont nécessaires, il est nécessaire de reproduire un nombre suffisant de descendants pour obtenir des informations précises sur la valeur reproductrice du candidat. La descendance des animaux sélectionnés produit à différents moments. Par conséquent, il est nécessaire de relier les revenus futurs aux coûts actuels de sélection.



Graphique 3.2. Dérivation du gain génétique (exprimé en valeur de caractère) en fonction de l'efficacité économique (exprimée en marge brute).

Le graphique montre l'efficacité économique (marge brute = revenu - dépenses directes) en fonction du gain génétique, respectivement l'augmentation de la valeur de caractère d'une unité (kg de lait, g d'augmentation journalière moyenne, vitesse km / heure, etc.).

Les systèmes de production durables ont besoin de solutions à long terme et équitables, mettent l'accent sur l'utilisation efficace des ressources, la rentabilité, la productivité, la qualité des produits, le respect de l'environnement, la biodiversité, la viabilité sociale et les aspects éthiques. L'accent doit être mis sur des objectifs de reproduction à long terme, biologiquement, écologiquement et sociologiquement sains. L'amélioration du rendement laitier des bovins laitiers a un impact favorable sur les émissions de gaz à effet de serre, car il faut moins de vaches pour atteindre le même niveau de production dans une ferme. L'amélioration de la durée de vie moyenne des vaches laitières d'un an a un impact très favorable sur les émissions de gaz à effet de serre. Le rendement laitier annuel prévu par vache a augmenté lorsque les poids de l'indice de sélection ont été déplacés des poids économiques actuels aux poids environnementaux.

3.4. Définition des objectifs de sélection à différents niveaux

Les traits d'objectif de reproduction peuvent être considérés à différents niveaux:

1) Niveau individuel de l'animal: comment l'amélioration d'un trait affecte-t-elle la rentabilité d'un animal?

2) Niveau du système d'élevage (croisé): quel est l'effet de la sélection chez les grands-parents sur la rentabilité du petits-enfants croisé dans la production du produit final et

3) Niveau de l'exploitation: quel est l'effet sur le revenu par exploitation

4) Niveau de la chaîne de production: quel est l'effet sur le niveau de production et de transformation?

Chaque niveau génère des effets différents. Lorsqu'un producteur de bœuf a un contrat avec un abattoir pour livrer annuellement un nombre fixe de carcasses, la sélection en fonction du gain quotidien se traduira par des carcasses plus lourdes et moins de carcasses vendues par le producteur par an. Lorsqu'il élève par la suite un plus petit nombre d'animaux, il risque d'être confronté à un surplus de fourrage dans sa ferme qu'il ne peut pas transférer en carcasses de valeur. Ensuite, le profit d'un gain quotidien plus élevé est plus faible au niveau de l'exploitation. Lorsqu'un programme d'élevage de bovins laitiers sélectionne des variantes de protéines du lait, cela peut conduire à un rendement en fromage plus élevé. Si un producteur de lait n'est pas payé pour les variantes de protéines dans le lait, le plein bénéfice de la sélection des variantes de lait va à la fromagerie.

Annexe II. Objectifs d'élevage chez les races laitières

En néerlandais, dans l'élevage bovin, l'indice de production laitière est appelé INET (<http://www.gesfokwaarden.eu>). Dans le monde de l'élevage bovin, la sélection basée sur les caractères de production laitière joue un rôle important. Les outils utilisés pour faciliter la procédure de sélection sont les index des vaches et des taureaux pour le lait, les matières grasses et les protéines. Les valeurs d'élevage pour le kg de lait, le kg de matière grasse et le kg de protéines sont combinées pour créer un seul chiffre: l'indice de production néerlandais ou INET. La manière dont ces valeurs d'élevage sont combinées pour créer la notation INET est telle que la sélection basée sur INET conduit à une rentabilité accrue de la production laitière par vache. La valeur INET est calculée selon la formule suivante:

$$INET_{2012} = -0,03 * BV_{kg \text{ de lait}} + 2,2 * BV_{kg \text{ de matières grasses}} + 5,0 * BV_{kg \text{ de protéines}} \quad II.1$$

BV représente la valeur d'élevage dans la formule. Les facteurs -0.03. 2.2 et 5.0 sont appelés les facteurs INET. Par exemple: imaginez qu'un taureau a les valeurs d'élevage +1000, +35 et +30 respectivement pour kg de lait, kg de matières grasses et kg de protéines. L'INET de ce taureau est égal à $-0,03 * 1000 + 2,2 * 34 + 5,0 * 30 = 195$ euros. La même formule est appliquée aux vaches.

Importance d'INET

L'objectif central de l'élevage est de produire des vaches plus productives et plus rentables grâce à la sélection. La note INET indique ce que l'on peut attendre de la descendance en rendements nets supplémentaires par lactation si une certaine vache est accouplée avec un certain taureau. Pour donner un exemple, nous allons accoupler un taureau avec un INET de 400 euros avec une vache qui a un INET de 200 euros. Un veau issu de ce match devrait avoir un INET de 300 euros, soit 100 euros de plus que sa mère. En d'autres termes: le veau devrait générer un revenu net de production laitière par lactation d'environ 100 euros de plus que sa mère. Les facteurs INET indiquent le rendement net par kg de lait, kg de matières grasses et kg de protéines à condition que, grâce à la sélection, la production par lactation de lait, de matières grasses ou de protéines soit augmentée d'un kg. Une production plus élevée d'un kg de lait par lactation grâce à l'élevage, sans augmentation similaire de la production de matières grasses et de protéines, coûtera 3 centimes. L'élevage sélectif qui se traduit par une production accrue d'un kg de matière grasse rapportera 2,20 €, avec 5,00 € pour un kg de protéines.

Modèle de calcul

Les facteurs de pondération économiques sont déterminés par le calcul de la différence de revenu agricole s'il y a une augmentation marginale de la production par vache en supposant que toutes les autres conditions restent inchangées. La prévision sur huit à dix ans de la situation future (prix du lait) est prise comme hypothèse de base dans ce calcul. L'augmentation marginale de la production par vache est le résultat de l'augmentation marginale de la capacité génétique de la vache pour une production plus élevée. Que représente une augmentation de la valeur d'élevage d'une vache d'un kg de lait, de matières grasses ou de protéines dans une ferme laitière?

Coûts de l'énergie et des personnes déplacées

Le modèle statistique calcule l'énergie et les protéines nécessaires pour le lait, les matières grasses et les protéines. Pour produire uniquement du lait ou de la graisse, il faut de l'énergie. La production de protéines nécessite de l'énergie et des protéines. Les coûts de l'alimentation par kg de lait, de matière grasse ou de protéines sont calculés comme suit: (besoin énergétique) * prix de l'énergie) + (besoin en protéines / IDP) * (prix de / IDV). Par kg de lait, de matières grasses et de protéines, 0,11, 5,9 et 3,0 kFUM (= kVEM) sont nécessaires en énergie. 1 kg de protéines consomme 1,56 kIDV = (kVRE). Pour calculer les coûts d'alimentation, un prix pour les granulés A à prix moyen de 18 euros / 100 kg est supposé et un rapport de prix de 6 entre kIDV et kFUM: 1. Il en résulte un prix de 1 kFUM de 0,107 € et un prix de 1 kIDV de 0,639 €.

Prix du lait à l'avenir

Compte tenu des tendances futures, les points suivants ont été retenus dans le calcul des facteurs INET:

- le prix du lait est de 32 centimes d'euro par kg de lait, avec 4,2% de matières grasses et 3,4% de protéines
- le prix foncier négatif pour 1 kg de lait est de -0,015 € par kg de lait
- le rapport prix protéines / matières grasses est de 2,25: 1
- il en résulte un prix pour 1 kg de matières grasses de 2,85 € et 6,35 € pour 1 kg de protéines.

Résultats

Sur la base de la consommation d'énergie et de la demande en protéines sur les aliments pour produire du lait, des matières grasses et des protéines, les coûts de l'alimentation sont de 0,012, 0,63 et 1,32 euro par kg de lait (porteur), kg de matières grasses et kg de protéines.

Tableau II.1.

Calcul des termes INEL aux Pays-Bas

Spécification	Lait (kg)	Matières grasses (kg)	Protéines (kg)
Le revenu	-0,015	+2,85	+6,35
Coûts d'alimentation	-0,012	-0,63	-1,32
Valeur du coefficient INET	-0,027	+2,22	+5,03

Le rendement par kg de lait (support), kg de matières grasses et kg de protéines est de -0,015, 2,85 et 6,35 euros respectivement. Si les coûts sont soustraits des rendements, le rendement net est laissé en tenant compte des coûts d'alimentation:

$$INET = -0,027 * BV \text{ kg de lait} + 2,22 * BV \text{ kg de matières grasses} + 5,03 * BV \text{ kg de protéines} \quad II.2$$

Après avoir arrondi les facteurs de pondération, l'INET aux Pays-Bas et en Flandre en avril 2012 est le suivant:

$$INET_{2012} = -0,03 * BV \text{ kg de lait} + 2,2 * BV \text{ kg de matières grasses} + 5,0 * BV \text{ kg de protéines} \quad II.3$$

Annexe. III. Objectifs d'élevage de porcs

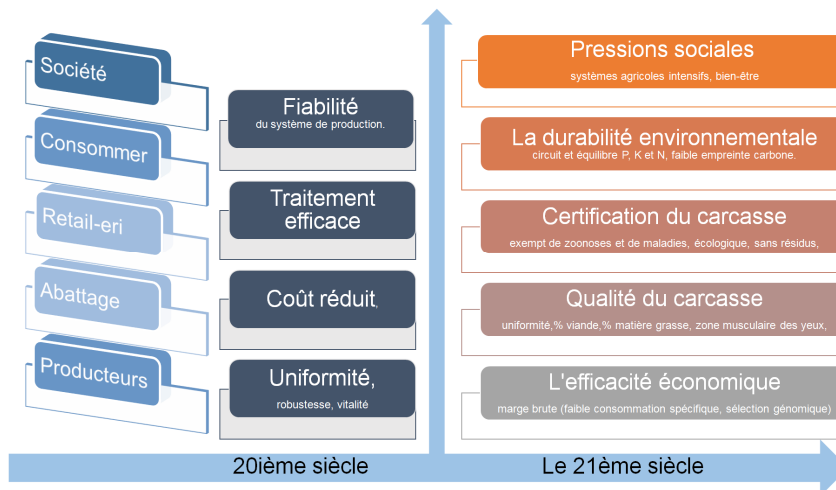
Influencé par l'évolution des attentes des consommateurs, des opinions de la société et des développements technologiques (Merks, JWM et al, 2012). Les tendances génétiques chez les porcs peuvent être rapides, mais il faut environ 3 à 5 ans pour que les changements se matérialisent réellement dans les troupeaux de production et pour que les consommateurs en ressentent les avantages. Les programmes actuels d'élevage de porcs ont des objectifs de sélection, y compris des traits d'intérêt, la signification relative de ces traits et la direction de l'amélioration. Les traits d'intérêt dépendent des besoins attendus du marché de la viande de porc qui sont fixés par les attentes des consommateurs et la volonté de la société d'accepter également les méthodes de production.

Par conséquent, une bonne prédiction des tendances futures est nécessaire. Le développement de la filière porcine, combiné à la technologie de l'information, facilite l'échantillonnage des phénotypes (traits) associés aux objectifs de sélection de manière rentable. Comme montré dans la figure 3,3 ces intérêts actuels des agriculteurs, de la population, des gouvernements représentant la société et l'industrie alimentaire exigent de nouveaux «phénotypes»: vitalité, uniformité, robustesse, bien-être et santé et caractéristiques pour réduire l'empreinte carbone alimentaire de la production porcine. En même temps, l'efficacité de la production et la qualité des produits doivent être maintenues élevées.

L'amélioration de la vitalité se traduit par une meilleure survie des porcelets pendant la période prénatale. Moins de porcelets sont morts nés, il n'y aura pas de porcs morts ou malades à l'allaitement, à la nurserie et à l'engraissement. Moins de truies doivent être abattues après la première parité, les taux de maladie et de mortalité des truies plus âgées diminuent. L'amélioration de l'homogénéité à différents niveaux de la chaîne de production a un effet positif sur la gestion des animaux et sur la transformation. L'uniformité du poids à la naissance d'une portée diminue la mortalité, en particulier celle des petits porcelets.

L'uniformité des dépôts de protéines conduit à une plus grande uniformité de la croissance et de l'âge auquel le poids d'abattage requis est atteint. Cela permet une utilisation plus efficace des protéines alimentaires. L'uniformité du poids à l'abattage et de la longueur de la carcasse augmente l'efficacité des abattoirs. Uniformité des côtelettes de porc, couleur de la viande.

L'OBJECTIF ELEVAGE



Graphique 3.3. Modification des objectifs d'élevage en fonction des exigences des différents acteurs de la filière porcine

L'augmentation de la robustesse des animaux améliorera la capacité des porcs à s'adapter aux différents facteurs de stress auxquels ils peuvent être confrontés au cours de leur vie: problèmes de maladie, températures extrêmement chaudes ou froides, alimentation de mauvaise qualité ou changements dans le logement et la gestion, par exemple par passage d'un individu à un groupe logement. La réduction de l'empreinte carbone de la production porcine peut être réalisée par des améliorations de l'efficacité digestive et des réductions des besoins d'entretien. Dans la production porcine, les mâles étaient castrés. Cela doit être fait, car les mâles intacts produisent parfois une très mauvaise odeur qui est perceptible après la friture de la côte de porc. Dans de nombreux pays, la castration est considérée comme une interférence douloureuse dans la vie des jeunes porcelets qui doit être évitée. Sur la base de marqueurs génétiques, une option de sélection contre l'odeur de sanglier a été récemment identifiée, ce qui rend la castration des verrats inutile. C'est une demande de la société qui existait déjà depuis longtemps.

La sélection génomique sera d'une grande aide pour sélectionner les nouveaux «phénotypes» et les nouveaux objectifs de sélection plus complexes. Les processus d'automatisation pour l'identification des animaux et des carcasses et l'enregistrement de leurs caractéristiques dans différentes parties de la chaîne de production aboutiront à des bases de données très informatives qui fournissent des profils ADN et des phénotypes à utiliser dans la sélection.

Annexe IV: Objectifs d'élevage des chevaux

Définition de l'objectif d'élevage du KWPN

Le but du KWPN (<http://www.kwpn.org/>) est l'élevage de chevaux capables de performer au niveau Grand Prix de dressage ou de saut d'obstacles. Pour atteindre cet objectif, un cheval doit avoir une bonne constitution, une conformation / apparence fonctionnelle et de préférence attrayante, un mouvement correct et un caractère agréable. Une bonne constitution parle d'elle-même: entraîner un cheval au niveau Grand Prix est un projet intensif et à long terme qui prend des années. Un cheval qui fait ses débuts en Grand Prix avant l'âge de huit ans est rare. Une bonne constitution, c'est-à-dire une bonne condition physique, est très importante. Plus le cheval est en bonne santé, plus il a de chances d'atteindre le niveau ultime du Grand Prix et de pouvoir être maintenu pendant une longue période.

Pour la même raison, la conformation, ou la construction d'un cheval, doit être alignée autant que possible avec la fonctionnalité pour le sport. Pour encore mieux répondre à la demande des éleveurs, des propriétaires et des cavaliers, le KWPN a développé deux directions d'élevage au sein du type "Cheval d'équitation" depuis 2006. L'objectif général d'élevage pour ces directions n'a pas changé mais s'est élargi.



Figure IV.1. Cheval de dressage et cheval d'obstacle

Wynton (Jazz x Matador II x Rubenstein); monté par Madeleine Witte Vrees (ci-dessus) et Jugement ISF (Consul x Faletta, Star, Pref par Akteur), monté par Beezie Madden.

Source: <https://kwpn-na.org/>

L'OBJECTIF ELEVAGE

Depuis 2006, les chevaux d'équitation sont enregistrés et évalués en tant que chevaux de dressage ou sauteurs. Les chances de succès d'un cheval «construit» pour son travail sont plus grandes que celles d'un cheval dont la carrure joue contre lui. Des objectifs d'élevage spécifiques comparables existent également pour les types d'élevage des harnais et des hongres.



Figure IV.2. cheval de harnais (d'attelage) et cheval de Gelders

Globe-trotter (Cizandro keur x Lilonka ster pref par Harald - haut) et Henkie (Alexandro P x Beaujamanda - bas).

Sursa: <https://kwpn-na.org>

(85-90%). Les deux autres possibilités d'élevage sont les chevaux attelés et les chevaux Gelders. Chaque type d'élevage a ses propres objectifs supplémentaires, mais en premier lieu, tous les chevaux relèvent de l'objectif général d'élevage KWP, qui vise à:

Le troisième facteur de succès est le mouvement naturel: le cheval a-t-il un appareil locomoteur correct, qui permet d'exécuter le mouvement avec tact, rythme et équilibre ainsi qu'une puissance, une souplesse et une capacité athlétique suffisantes? Et enfin, le plus insaisissable de tous ces facteurs: un caractère volontaire. Le cheval après tout n'est pas un véhicule, un outil ou un instrument, mais un athlète avec son propre caractère. Dans la perspective d'un parcours d'entraînement intensif et prolongé, un coéquipier facile à manier, facile à piloter, intelligent et assidu, est probablement le critère le plus important dans la poursuite du plus haut niveau sportif possible.

Directions d'élevage

Depuis 2006, le KWP a distingué quatre directions d'élevage.

Les chevaux d'équitation, qui sont subdivisés en disciplines de dressage et de saut d'obstacles, constituent le groupe le plus important

Élevage d'un cheval de compétition qui peut performer au niveau Grand Prix;

- avec une constitution qui permet une longue utilité;
- avec un caractère qui soutient la volonté de performer et d'être amical envers les gens;
- avec une conformation fonctionnelle et un mécanisme de mouvement correct qui permet de bonnes performances;
- avec un extérieur attrayant qui est de préférence attrayant, avec raffinement, noblesse et qualité.

Spécialisation du cheval de dressage. Pour la discipline de dressage, le KWPN vise également les objectifs d'élevage suivants:

- le cheval de dressage a un modèle long, généreux et correct avec des proportions équilibrées et une apparence attrayante;
- le cheval de dressage se déplace correctement, est léger, en équilibre avec souplesse, puissance de portage, impulsion et bonne tenue de soi;
- Le cheval de dressage est facile à manier, facile à monter et intelligent, avec un caractère volontaire et travailleur.

Spécialisation des chevaux sauteurs. Selon KWPN, les chevaux sauteurs doivent remplir des objectifs d'élevage similaires avec quelques qualités supplémentaires en plus:

- le cheval sauteur a un modèle long, généreux et correct avec des proportions équilibrées et une apparence attrayante;
- le cheval sauteur se déplace correctement, en équilibre avec souplesse, puissance de portage et impulsion;
- le cheval sauteur est facile à manipuler, facile à monter et intelligent, avec un caractère volontaire et travailleur;
- le cheval sauteur a du courage, saute avec des réflexes rapides, est prudent, a une bonne technique et a une grande portée.

Spécialisation pour les chevaux attelés. Pour le cheval d'attelage KWPN, ce qui suit s'applique:

- le cheval attelé doit être capable de soutenir la compétition aux plus hauts niveaux du sport;
- le cheval harnais se déplace correctement, en équilibre avec souplesse, puissance de portage et impulsion;
- le cheval de harnais est facile à manipuler, facile à conduire et intelligent, avec un caractère volontaire et travailleur;

L'OBJECTIF ELEVAGE

- le cheval de harnais a un auto-port fier combiné avec des caractéristiques de trot spécifiques: une bonne suspension, une patte avant qui se déplace bien avec une action élevée du genou et une patte arrière qui vient sous le corps avec puissance.

Spécialisation pour les chevaux hongres. L'objectif d'élevage du cheval Gelders vise spécifiquement:

- un cheval polyvalent qui peut être utilisé aussi bien pour la conduite que sous la selle et qui se distingue par une apparence joyeuse et est fiable avec un caractère volontaire;
- le cheval Gelders se déplace correctement, en équilibre avec souplesse, puissance porteuse et impulsion;
- au trot et au galop, le cheval Gelders montre une action claire du genou dans la patte antérieure et une utilisation puissante de la patte arrière, une bonne utilisation du jarret et beaucoup d'auto-port;
- le cheval Gelders saute volontiers avec une bonne technique et est prudent.

Annexe V. Objectifs d'élevage pour l'agriculture villageoise en Éthiopie

Élevage de volailles dans les zones rurales (Nigussie et al, 2010).

En Éthiopie, les systèmes agricoles villageois avec des races indigènes contribuent à plus de 90% de la production nationale de viande de poulet et d'œufs. Ce système se caractérise par un petit troupeau par ménage, des oiseaux maintenus dans des enclos dans les arrière-cours, sans alimentation supplémentaire ni abris séparés sauf pour les enclos de nuit dans la maison familiale et le manque de soins de santé. Dans une enquête, les traits socio-économiques du système de production sont étudiés pour identifier et hiérarchiser les objectifs de sélection ainsi que les préférences de caractère des producteurs villageois.

Les producteurs accordent la priorité à une première bonne adaptabilité (tolérance aux maladies et au stress, capacité de vol à échapper aux prédateurs, vigueur, capacité de récupération), à la croissance du poids vif et à la production d'œufs et à la deuxième capacité de reproduction (couaison, éclosabilité des œufs) et à la conformation, y compris la taille et la couleur. En outre, l'étude révèle que les éleveurs de volailles villageoises préfèrent leurs races locales aux races modernes pour leur tolérance aux maladies et au stress, leur capacité à échapper aux prédateurs, le niveau de gestion requise, le comportement de récupération, l'éclosion des œufs et le goût des œufs et de la viande. Les résultats ont conduit au développement d'un programme de sélection avec un système de sélection de masse pour les caractères de production, la sélection des mâles et des femelles en fonction de leurs propres caractères de production.



Figure V.1. Écotype des oiseaux indigènes et conditions environnementales à Horro, Éthiopie

Sursa: Gains génétiques du poulet africain - <https://africacgg.net/2019/05/10/acgg-business-case-2/>

Tableau V.1.

Résultats d'élevage dans la race locale Horro, Ethiopie

Caractère	Valeur de base	Les valeurs de la 5e génération
Survie à 26 semaines	<50%	97%
Âge à la première ponte (jours)	223	150
Masse corporelle à 16 semaines	550	788
Production d'œufs jusqu'à 45 semaines	24	65

Il a considérablement amélioré la productivité sur cinq générations. Les coqs ont été sélectionnés sur le poids net à 16 semaines et les poules, sur leur poids net à l'âge du premier œuf pondu et à la production d'œufs jusqu'à 45 semaines. Cette approche prouve qu'un programme de sélection n'a pas besoin d'être «sophistiqué». Il suffit de s'adapter aux conditions locales (petits exploitants) et de l'ajouter à la chaîne de valeur.

Annexe VI. Méthodes d'élevage des meilleurs éleveurs de chiens

Méthodes d'élevage chez les chiens (*Hannula et Nygaard, 2011*). En Europe, en Australie et aux États-Unis, 22 grands éleveurs de chiens ont été interrogés sur leurs méthodes d'élevage. Dans leur pays d'origine, ces éleveurs étaient reconnus pour leur succès à long terme dans l'élevage de chiens champions lors d'expositions: de beaux chiens en bonne santé avec un bon comportement. Tous les éleveurs se sont mis d'accord sur le même ensemble de traits importants pour les objectifs de sélection: 1) une bonne santé, 2) le comportement souhaité et 3) une bonne conformation.

Lors du démarrage de l'entreprise d'élevage, ils ont acheté des chiens selon ces critères et ont pondéré la santé plus haut que le comportement et la conformation. Ils sont toujours restés avec cet objectif d'élevage et n'ont jamais été élevés avec des chiens qui n'étaient pas en bonne santé ou étaient porteurs d'un défaut génétique. Parfois, ils pratiquaient une consanguinité modérée (élevage de parents proches) immédiatement suivie d'un croisement (élevage de chiens moins apparentés). Cette méthode de sélection et cette priorisation des caractères dans l'objectif de sélection ont été la clé de leur succès en tant que meilleurs sélectionneurs.

3.5. Les principaux problèmes liés aux raisons de garder les animaux déterminent l'objectif d'élevage

1. Les défis d'élevage ont un impact important sur l'objectif d'élevage. Ils sont déterminés par les besoins et les priorités des propriétaires d'animaux, des consommateurs de produits animaux, de l'industrie alimentaire et, de plus en plus, du grand public. Trouver le juste équilibre entre les différentes demandes est un processus continu, qui nécessite une anticipation des conditions futures et une planification minutieuse pour établir des programmes de sélection efficaces.
2. Un objectif de sélection est la spécification des caractères à améliorer, y compris l'accent mis sur chaque caractère. Il indique la direction dans laquelle la population doit être développée. La plupart des objectifs de sélection ne sont atteints qu'après plusieurs générations de sélection. Cela nécessite la persévérance des éleveurs impliqués.
3. Dans les petites populations, presque tous les mâles et les femelles doivent produire une progéniture. La sélection des caractères n'est guère possible.
4. En plus de l'élevage sélectif pour les traits évidents de sélection, certains traits supplémentaires jouent également un rôle important dans les programmes d'élevage: santé et bien-être des animaux, et adaptation à des aliments de qualité inférieure et aux climats extrêmes pour être capables de produire et de se reproduire.
5. La sélection de la race la plus appropriée à utiliser dans un environnement ou un système de production donné devrait être la première étape lors du lancement d'un programme de sélection. Une attention particulière doit également être accordée à la performance adaptative d'une race, sinon la forme physique des animaux sera réduite. La forme adaptative est caractérisée par des traits liés à la survie, à la santé et à la reproduction.
6. Dans les programmes de sélection commerciale pour les bovins laitiers, les porcs et la volaille, des programmes de sélection sophistiqués avec des objectifs de sélection complexes sont en place. Pour les autres espèces, les programmes de sélection sont moins compliqués, le nombre de traits d'objectif de sélection est limité. Les traits d'objectif de reproduction sont des traits héréditaires qui peuvent être mesurés facilement et avec précision.

Chapitre II. 4

COLLECTE D'INFORMATIONS POUR LES DÉCISIONS D'ÉLEVAGE

Une fois l'objectif de sélection fixé, des informations pertinentes doivent être collectées pour prendre des décisions de sélection. Les caractéristiques des animaux (appelées phénotypes) qui peuvent aider à établir la valeur d'un animal compte tenu de l'objectif d'élevage sont pertinentes à cet égard.

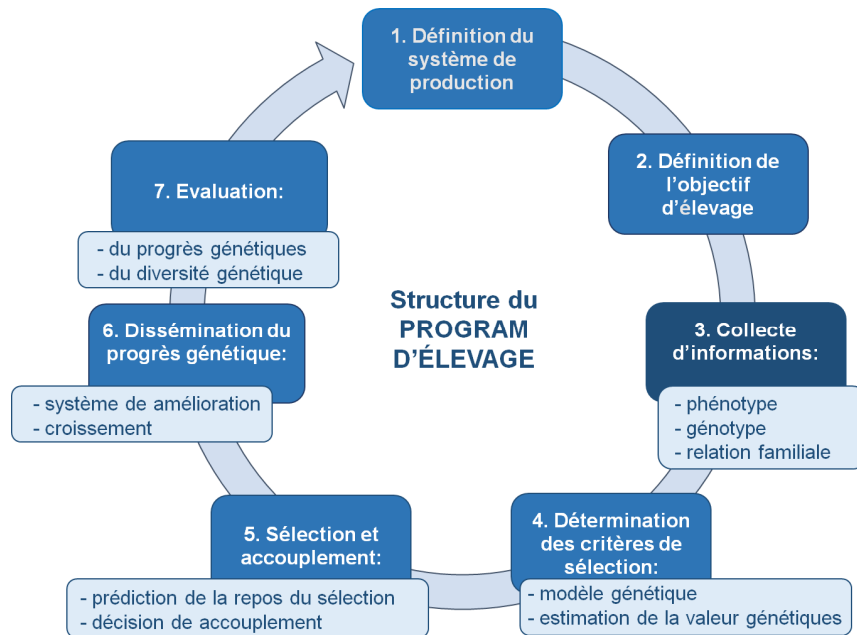


Schéma d'un programme d'amélioration: *collecte d'informationse*

Lorsque la performance de saut est un trait d'objectif d'élevage chez les chevaux, des données sur le saut sont collectées. Lorsque la fertilité des porcs est dans l'objectif de reproduction, les traits de la laitière sont enregistrés. Le pedigree des animaux est également une information essentielle. L'élevage d'animaux consiste à transmettre les capacités génétiques d'une génération à l'autre. Lorsque ce processus doit être retracé ou influencé, il est essentiel de documenter les relations parent-progéniture dans un arbre généalogique. De nos jours, l'analyse de l'ADN est possible et pratiquée chez les animaux et peut également être utilisée pour retracer ou influencer le processus de passage des capacités génétiques pour les traits.

4.1. Collecter des informations à partir du pedigree en élevage animal

La méiose fait qu'un spermatozoïde et un ovocyte contiennent 50% de l'ADN de l'animal produisant le spermatozoïde ou l'ovocyte (un fait important dans la transmission de l'ADN des parents à la progéniture). Ces 50% de l'ADN sont compris dans une combinaison unique de chromosomes de l'animal (processus aléatoire dans la transmission de l'ADN entre les générations). Après la fécondation d'un ovocyte avec un spermatozoïde, le noyau du zygote contient à nouveau des chromosomes en double groupés par paires. Ce processus implique que chaque animal reçoit la moitié de ses chromosomes (ou la moitié de sa valeur génétique) de son père et la moitié de sa mère. Ainsi, la relation génétique entre un animal et chacun de ses parents est de 0,5. C'est ce qu'on appelle la relation génétique additive (voir 2^{ème} partie, chapitre 2, tableau 2.2).

Définition

La relation génétique additive entre deux animaux est la quantité d'ADN qu'ils partagent en raison du fait qu'ils sont liés

Il est important de souligner que chaque spermatozoïde et chaque ovocyte d'un parent contiennent une combinaison unique des chromosomes du parent. C'est la raison pour laquelle les descendants de la même combinaison d'un père et d'une mère (frères et sœurs complets) présentent toujours des différences de caractères, en raison de l'effet d'échantillonnage mendélien. La relation génétique additive des frères et sœurs pleines (frères et sœurs pleins) est de 0,5, car ils partagent en moyenne 50% de l'ADN de leurs parents.

La relation génétique additive entre deux animaux apparentés est d'une grande importance dans l'élevage animal. Comme la relation génétique additive entre un père et une fille est de 0,5, ils partagent 50% de leur ADN. Cela signifie que les traits d'un père ont une valeur prédictive pour les traits d'une fille.

L'inverse est également vrai: les traits de la fille peuvent être utilisés pour calculer la valeur d'élevage de son père. L'héritabilité des caractères joue bien entendu un rôle crucial. Pour les caractères à héritabilité élevée, la relation génétique additive entre deux animaux a plus d'impact sur la reproduction que pour les caractères à faible héritabilité. Par exemple, la hauteur du garrot (avec une héritabilité élevée de 0,6) d'une jument est un bon indicateur de la hauteur du garrot de sa fille. Cependant, le succès de l'insémination a une faible héritabilité de 0,1. Cela signifie que la valeur prédictive du succès d'insémination de la jument pour le succès d'insémination de sa fille est faible, bien que la relation additive entre la jument et sa fille soit de 0,5. Pour cette raison, le pedigree d'un animal est très instructif.

Définition

Un pedigree est l'ensemble des relations parents-progéniture connues dans une population, souvent affichées sous forme de diagramme d'arbre généalogique. Cela peut être utilisé pour dériver les relations entre les animaux d'une population

L'image ci-dessous montre un exemple de pedigree d'une jument. Il s'agit d'une copie d'un stud-book officiel en tant que certificat du Dutch Studbook for horse (KWPN).

4.1.2 Un système d'identification unique pour les animaux est essentiel

Un pedigree n'a une valeur prédictive que lorsqu'un système d'identification unique et fiable est utilisé dans un programme de sélection. À la naissance, chaque animal doit recevoir un numéro d'identification unique et ses parents doivent être connus sans aucun doute. Dans de nombreux programmes de sélection, le pedigree est vérifié avec des marqueurs génétiques (voir l'exemple dans ce chapitre).

Une deuxième exigence est que les mesures (phénotypes) sur les animaux (par exemple la hauteur du garrot, la production de lait, etc.) soient combinées avec le numéro d'identification correct. Les erreurs dans un pedigree et les erreurs dans les attachements de données aux animaux dans le système d'enregistrement sont désastreuses pour la valeur prédictive des pedigrees. Les parents d'un animal ont une relation génétique additive de 0,5 et les grands-parents de 0,25. Plus la distance entre un ancêtre et l'animal lui-même est courte, plus les traits de l'ancêtre sont précieux pour prédire les traits de l'animal en jeu. Dans le passé, les livres généalogiques commençaient par l'enregistrement et la vérification des généalogies pour garantir aux acheteurs de matériel d'élevage que les traits d'un animal peuvent être dérivés des traits de ses ancêtres.

En plus de la relation génétique additive avec les ancêtres, des relations génétiques plus additives entre les animaux peuvent être utilisées dans l'élevage. Un animal peut avoir des frères pleins avec des traits enregistrés: la relation génétique additive entre les frères complets est de 0,5. En moyenne, ils partagent 50 pour cent de leur ADN fourni par leurs parents. Les demi-frères partagent en moyenne 0,25 de leur ADN (ils ont la même mère ou le même père) et cette relation génétique additive de 0,25 avec ces demi-frères pourrait également être utile pour prédire les traits d'un (jeune) demi-frère.

L'OBJECTIF ELEVAGE

<p>NAAM: WIJREDA LEVENSNUMMER: 529003 03 01031 PREDIKAAT: KLEUR: BRUIN AFTEKENINGEN: HOOFD: ONREGELMATIGE KOL. R.V.: L.V.: WITTE VLEK BINNENZIJDE KROONRAND, R.A.: WITVLEET. OVERIGE: . . . FOKKER: 5026, S. DANIELS, LAWICKSE ALLEE 224, 6709 DC WAGENINGEN</p>	<p>INGESCHREVEN IN: VB GEBORTE DATUM: 03-03-2003 GESLACHT: VROUWELIJK TYPE: TP STOKMAAT: 528210002381772 TRANSPONDERNUMMER: 528210002381772</p>	<p>KWPN Koninklijke Vereniging Warmbloed Paardensamband Nederland</p>	
<p>V. MANNO 94.813 STB TP DONKERE VOS 1.68 M</p>	<p>FABRICIUS 87.2469 STB PREFERENT VOS 1.68 M</p>	<p>RENOVO 245STB-H PREFERENT VORATIENA 79.3019 KEUR</p>	<p>V. CAMBRIDGE COLE S974 M. LINDA STER, PREFERENT V. PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER V. PROLOOG PREFERENT M. KEUR, PREFERENT V. INDIAAN PREFERENT M. SILFIA STER V. CAMBRIDGE COLE S974 M. LINDA STER, PREFERENT V. PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER V. RENOVO 80.3475 PREFERENT, KROON V. HOOGHEID PREFERENT M. WILHELMUS STER</p>
<p>M. OREDIA 96.02119 STB TP BRUIN 1.63 M</p>	<p>GILVIA 81.955 STB STER, PREFERENT BRUIN 1.73 M</p>	<p>RENOVO 245STB-H PREFERENT VORATIENA 79.3019 KEUR WILHELMUS 80.3475 PREFERENT, KROON TEREDA 25261STB-H KEUR, PREFERENT BRUIN 1.68 M</p>	<p>V. CAMBRIDGE COLE S974 M. LINDA STER, PREFERENT V. PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER V. PROLOOG PREFERENT M. KEUR, PREFERENT V. INDIAAN PREFERENT M. SILFIA STER V. CAMBRIDGE COLE S974 M. LINDA STER, PREFERENT V. PROLOOG PREFERENT M. ORATINA STER V. RENOVO 80.3475 PREFERENT, KROON V. HOOGHEID PREFERENT M. WILHELMUS STER</p>

Graphique 4.1. Exemple de pedigree d'une jument Wirena

Les frères et sœurs pleins ou demi ont une relation génétique additive de 0,5 avec leur parent commun et sont souvent utilisés pour établir la valeur reproductrice de l'un de ces parents. Même les descendants des générations ultérieures, les petites-filles et les petits-fils avec une relation additive de 0,25, sont utilisés pour établir les valeurs de reproduction de leurs grands-parents. En conclusion: il est intéressant et très instructif d'étendre le pedigree d'un animal dans un schéma où, en plus des ancêtres, se trouvent également des frères et sœurs complets et demi et des descendants. Cela donne une image complète de tous les parents qui pourraient fournir des informations pour l'estimation de la valeur d'élevage de l'animal en jeu.

4.2. Collecte de phénotypes, de caractères monogéniques et polygéniques

Certains traits d'animaux n'ont pas besoin de beaucoup de connaissances ou d'expérience pour être enregistrés. La couleur des animaux est un bon exemple: par exemple, dans une race de lapins, les animaux sont noirs ou bruns. Vous pouvez l'enregistrer sur un ordinateur comme 0 pour le noir et 1 pour le marron ou 1 pour le noir et 2 pour le marron. En termes génétiques, ces traits sont monogéniques: l'expression est déterminée par les allèles d'un seul gène.

Comme la couleur, certains traits sont basés sur un nombre très limité de gènes, et seul un nombre limité de classes peut être enregistré. De nombreux défauts récessifs chez les animaux sont monogéniques: les allèles d'un gène déterminent le phénotype: sain ou atteint. En termes statistiques, ce sont des variables discrètes, enregistrées dans un nombre limité de classes. En décrivant les caractéristiques de la race de lapins, on peut calculer que x% des animaux sont noirs et y% des animaux sont bruns.

Cependant, de nombreux traits d'animaux sont polygéniques, causés par les effets de nombreux gènes. Les traits polygéniques sont souvent quantitatifs et continus et peuvent être mesurés en unités métriques telles que kg, l, mm, etc. Certains traits sont continus, mais mesurés en catégories se rapprochant d'une échelle linéaire. Les traits comme la conformation des animaux ou les performances évaluées par les juges ou les inspecteurs appartiennent à ce groupe. Ils notent les caractéristiques des animaux sur une échelle de 1 à 5 ou de 1 à 10 ou similaire. Certains traits polygéniques comme l'apparition de maladies sont enregistrés sur des échelles binaires: malade (par exemple 1) ou non (par exemple 0).

L'OBJECTIF ELEVAGE

4.2.1. Moyenne, variation, écart type et coefficient de variation

En termes statistiques, les variables continues sont décrites par une moyenne et des mesures de variation. Pour décrire la variation, l'écart type, la variance et le coefficient de variation peuvent être utilisés.

la moyenne est calculée comme suit:

La «moyenne» d'un échantillon est la somme des valeurs échantillonnées divisée par le nombre d'éléments de l'échantillon (4.1):

$$\bar{x} = \frac{x_1 + x_2 + \dots + x_n}{n} \quad 4.1$$

Par exemple, la moyenne arithmétique de cinq valeurs: 4, 36, 45, 50, 75 est

$$\frac{4 + 36 + 45 + 50 + 75}{5} = \frac{210}{5} = 42.$$

le **variance** se calcule comme suit (4.2):

$$S^2 = \sum (X_i - \bar{X}) / (N-1) \quad 4.2$$

le l'écart type est calculé comme suit (4.3):

$$s_N = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2} \quad 4.3$$

Compte tenu des valeurs de l'exemple ci-dessus, l'écart type est la racine carrée de la variance de 4, 36, 45, 50, 75 (tableau 4.2). Il est calculé comme suit:

$N= 5$ et la moyenne pour $x = 42$

Tableau 4.1.

Exemple numérique de calcul de la variabilité

X_i	$X_i - \bar{X}$	$(X_i - \bar{X})^2$
4	-38	1444
36	-6	36
45	3	9
50	8	64
75	33	1089
$\sum X_i = 210$	$\sum X_i - \bar{X} = 0$	$\sum (X_i - \bar{X})^2 = 2642$

Dans ce cas, la variance est $2642/4 = 660,5$ et l'écart type est $\sqrt{2642/5} = 32,5$.

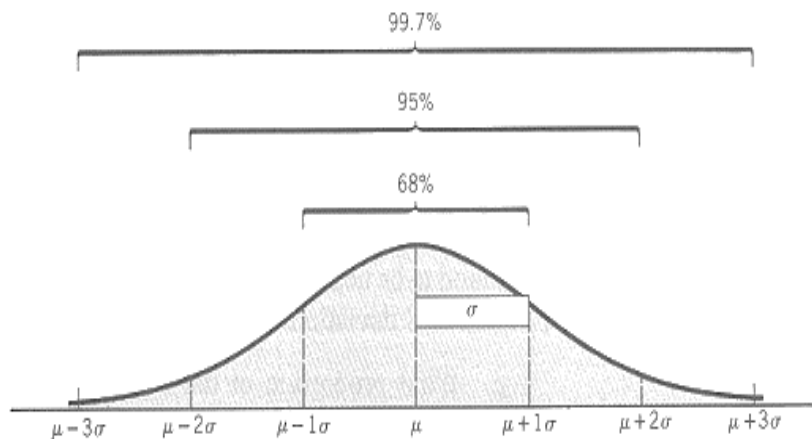
Le **coefficient de variation** est l'écart type divisé par la moyenne et est calculé comme suit (4.4):

$$c_v = \frac{\sigma}{\mu} \quad 4.4$$

En utilisant à nouveau les données d'exemple ci-dessus, μ est l'indication de la moyenne et le coefficient de variation est: $32,5 / 42 = 0,77$. Cela signifie que l'écart est de 77% par rapport à la valeur moyenne. Cela implique beaucoup de variation chez les animaux lorsque les cinq valeurs ci-dessus sont la valeur d'un trait de cinq animaux.

4.2.2. Distribution normale des mesures

De nombreux traits d'animaux montrent une distribution normale. La distribution est symétrique et peut être caractérisée par une moyenne et une variance. Au-dessous et au-dessus de cette valeur moyenne, le nombre d'animaux est égal. Plus haut ou plus bas dans la moyenne, le nombre d'animaux avec cette unité mesurée diminue. Graphiquement, il peut être exprimé comme:



Graphique 4.2. Distribution normale des mesures

L'OBJECTIF ELEVAGE

Dans une telle distribution normale, 68 pour cent des animaux ont une valeur pour ce caractère à un écart-type de la moyenne; 95% à moins de deux écarts-types de la moyenne et 99,7% à moins de trois écarts-types de la valeur moyenne.

4.2.3. Covariance et corrélation

Deux traits peuvent être liés l'un à l'autre. Par exemple, lorsque la valeur du caractère un est élevée, le caractère deux a également une valeur élevée (voir la figure ci-dessous, la relation entre la circonférence du cœur et le poids vif chez les vaches). Ou, au contraire, lorsque le caractère un est élevé, le caractère deux a une valeur faible (voir la figure ci-dessous, la relation entre le poids vif et la conversion alimentaire chez les porcs). La relation peut également être faible (voir la figure ci-dessous, la faible relation entre le poids vif et le prix de vente des bovins). La raison en est peut-être que ces traits sont (en partie) basés sur les fonctions des mêmes gènes. Dans la covariance de l'élevage animal, la corrélation ou la régression est fréquemment utilisée comme description statistique de telles relations entre les caractères.

En termes statistiques, les égalités de covariance pour:

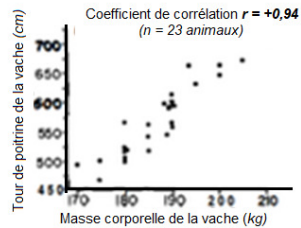
$$\text{cov}(x, y) = E(xy) - E(x) * E(y) \quad 4.5.$$

Où E représente l'espérance, qui peut être calculée comme la somme divisée par le nombre d'observations. La relation entre deux caractères dans l'élevage animal est le plus souvent décrite comme la corrélation entre les caractères x et y.

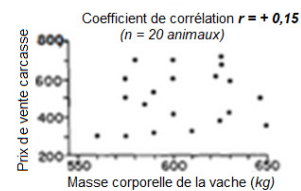
En termes statistiques, la **corrélation estimée** est:

$$r(x, y) = \text{cov}(x, y) / (\text{var } x * \text{var } y) \quad 4,6$$

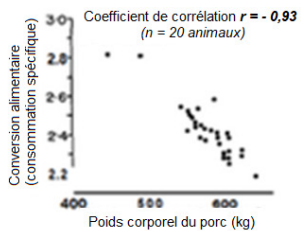
La corrélation est généralement notée r et a une valeur comprise entre -1 et + 1. Un + signifie que deux traits sont positivement corrélés: les valeurs élevées du trait x sont corrélées dans la plupart des cas avec des valeurs élevées de y (dans le cas où r = +1 toujours). Un signe négatif signifie que des valeurs élevées de x impliquent des valeurs faibles de y. La figure 4.3 illustre dans des diagrammes de parcelles les relations (corrélations) entre deux traits dans trois cas différents. Il est très important de comprendre que la corrélation n'indique pas la cause et la conséquence ou le résultat. Un poids vif chez les porcs n'est pas directement la cause d'un faible taux de conversion alimentaire chez les porcs (troisième exemple dans le schéma ci-dessus) ou l'inverse.



**Corrélation
périmètre
thoracique -
masse
corporelle**
($r = +0,94$)



**Corrélation
masse
corporelle -
prix de vente**
($r = +0,15$)



**Corrélation de
masse corporelle
- conversion
alimentaire**
($r = -0,93$)

Graphique 4.3. Coefficients de corrélation entre le poids vif et la ceinture du cœur (en haut), le prix de vente (au milieu) et la conversion alimentaire (en baisse).

La corrélation indique seulement qu'il existe une relation entre les deux traits. Lorsqu'elle est basée sur la fonction des mêmes gènes, cette relation peut être utilisée en sélection.

4.2.4. Régression des valeurs phénotypiques

Dans le cas d'une corrélation assez élevée, la question se pose, beaucoup de changement de y sera observé avec un changement d'unité de x. Cette information est donnée par le coefficient de régression: une mesure de la relation entre x et y, mais exprimée en proportion de la variance de x. Il est généralement désigné par b.

En termes statistiques (4.7):

$$(x, y) = cov(x, y) / (var x) \quad 4.7$$

L'OBJECTIF ELEVAGE

En mots: $b(x, y)$ = est le changement de la valeur de y lorsque x est supérieur d'une unité. Le calcul peut également être fait en sens inverse, c'est-à-dire changement de x si y est supérieur d'une unité.

Le coefficient de régression peut être calculé comme ci-après :

$$b(y, x) = \text{cov}(x, y) / (\text{var } y)^2 \quad 4,8$$

Le coefficient de régression peut être positif ou négatif selon le signe de la corrélation (covariance) entre les traits. Le coefficient de régression, par exemple celui de la production de lait de la fille sur la production de lait de la mère, peut être utilisé pour estimer l'héritabilité de la production de lait.

4.2.5. Erreurs de mesure

Le résultat d'une mesure sur un animal est appelé phénotype. Les mesures doivent toujours être effectuées très soigneusement et examinées de manière critique. Les erreurs de mesure déterminent la précision des phénotypes.

Définition

Un phénotype est la valeur observée d'un trait. C'est une conséquence de toutes les influences et interactions génétiques et environnementales affectant le trait, y compris les erreurs de mesures

Les erreurs de mesure peuvent avoir un caractère systématique et / ou aléatoire. Des erreurs systématiques sont causées par des animaux non homogènes dans l'échantillon: composition du régime alimentaire, âge lors de la mesure, entraînement et autres facteurs. Des erreurs aléatoires peuvent entraîner une faible répétabilité d'un trait. Si la mesure de la longueur d'un animal est répétée plus souvent (par exemple dix fois), les résultats montreront des variations assez importantes. La raison est que l'animal ne reste jamais complètement immobile et fait de petits mouvements pendant le processus. Lorsque la hauteur pelvienne est mesurée, les résultats ne varient que légèrement. Deux facteurs déterminent la précision de la mesure: la répétabilité et la reproductibilité, tous deux sont des corrélations entre des mesures sur un même animal.

Définition

La répétabilité est définie comme la mesure dans laquelle les mesures sur le même objet dans des conditions similaires correspondent les unes aux autres. Il indique la précision avec laquelle un trait peut être établi. Il n'est influencé que par les erreurs de mesure et les effets du temps.

Lorsque la répétabilité est faible pour un caractère, l'héritabilité sera également faible. Cela signifie qu'il est difficile d'améliorer ce trait spécifique dans un programme de sélection.

Définition

La reproductibilité est définie ici comme la relation entre des mesures à différents endroits et / ou par différentes personnes. Outre les erreurs de mesure et les effets du temps, il est également influencé par des effets systématiques, par exemple des classificateurs ou des techniciens.

Lorsque la répétabilité d'un phénotype est élevée et que la reproductibilité est faible, des efforts doivent être faits pour normaliser la mesure du phénotype et former des classificateurs ou des techniciens. A titre d'exemple, un calendrier strictement standardisé de pondération des porcs permettrait de calculer le gain journalier pendant la période d'engraissement sans produire d'erreurs systématiques. Les mesures doivent être prises à des points de contrôle fixes et toujours en même temps: au sevrage, en cas de séparation de la truie, et le jour du transport vers l'abattoir après une heure normalisée de restriction alimentaire. Lors de l'évaluation des traits corporels des chevaux, il est fortement recommandé de commencer par une séance de formation pour les inspecteurs et de répéter ces séances à intervalles réguliers. Sinon, deux juges pourraient donner (systématiquement) des scores différents pour le même trait du même animal, conduisant à une faible reproductibilité du trait malgré sa grande répétabilité.

4.2.6. Fréquence des mesures

La fréquence de mesure d'un phénotype dépend de nombreux facteurs. Un robot de traite enregistre la production de lait de vaches individuelles à chaque traite. La conformation des animaux établie par un inspecteur nécessite une visite coûteuse dans une ferme et ne se fait que quelques fois par an. L'incidence d'une maladie n'est enregistrée que lorsqu'un vétérinaire est appelé par un agriculteur. La performance d'un cheval est établie lors d'un test-spectacle.

La conformation d'un chien est enregistrée lors d'expositions spéciales. En général, le nombre d'enregistrements par animal augmente lorsqu'une tendance existe dans un trait. Les courbes de production laitière des vaches, ovins et caprins peuvent différer au cours de la période de lactation: production du haut (kg et jours de lactation) et persistance (forme de la courbe: baisse plate ou forte après le sommet). Pour obtenir une estimation fiable du rendement en lactation (le caractère de l'objectif d'élevage), l'enregistrement du lait doit être effectué au moins une fois toutes les six semaines.

L'OBJECTIF ELEVAGE

Dans de nombreuses exploitations laitières, le premier argument en faveur de l'enregistrement du lait est de soutenir une bonne gestion de l'alimentation et le deuxième argument est d'identifier les meilleurs animaux pour la production laitière.

4.2.7. Mesures phénotypiques directes et indirectes

Le choix des animaux pour enregistrés les phénotypes, dépend fortement des traits de caractère: la croissance peut être mesurée chez les mâles et les femelles de la naissance à la mort; la production de lait ne peut être mesurée chez les femelles qu'après la première mise bas de la progéniture; les œufs peuvent être comptés après le début de la période de ponte. Les traits de la carcasse seront connus après l'abattage. La résistance aux maladies ne s'exprime qu'en présence d'agents pathogènes. La longévité peut être pleinement établie à la fin de la vie d'un animal. Différentes sources d'informations sont utilisées pour les catégories de caractères afin de se faire une idée du génotype de l'animal à utiliser pour la sélection.

Les sources d'informations suivantes sont utiles car elles sont liées à l'animal utilisé .

- Informations sur les parents (pedigree): production laitière, fertilité, longévité
- Informations sur les frères et sœurs ou demi-frères et demi-sœurs: production laitière, caractéristiques de la carcasse, fertilité, longévité ou maladie
- Descendance: production laitière, caractéristiques de la carcasse, fertilité, santé

L'enregistrement des traits ne peut se faire sans dépenser de l'argent. L'organisation de spectacles pour chiens et chevaux est coûteuse, des inspecteurs doivent être embauchés et payés. Pour évaluer la conformation des animaux d'élevage, les inspecteurs doivent effectuer des visites sur place. D'autres espèces sont scannées par des machines coûteuses qui scannent les animaux vivants ou enregistrent automatiquement les caractères importants dans les abattoirs. Des méthodes peu coûteuses facilitent l'enregistrement des caractères sur un grand nombre d'animaux. Cependant, des techniques coûteuses telles que l'échographie d'animaux vivants ne sont utilisées que sur des animaux ayant un impact élevé dans un programme d'élevage.

Les phénotypes sont enregistrés par diverses organisations. Cela nécessite des efforts supplémentaires pour combiner les phénotypes d'un animal avant que les caractères puissent être utilisés pour calculer sa valeur de reproduction pour tous les caractères de l'objectif de sélection.

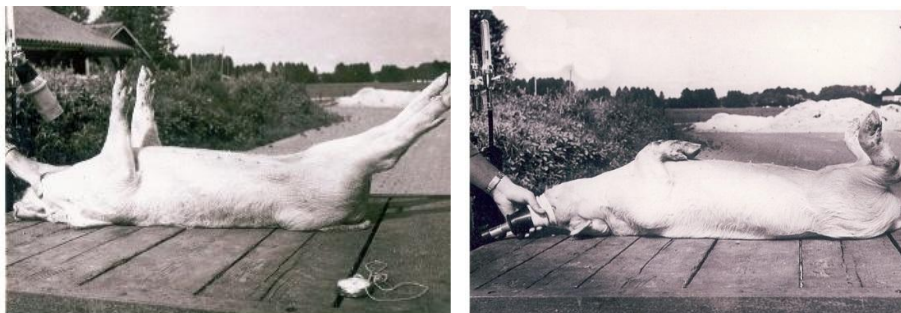
4.2.8. Valeur des traits indicateurs

Pour les traits importants qui sont difficiles à mesurer ou qui sont exprimés plus tard dans la vie ou à la fin de la vie, les traits indicateurs peuvent être utiles. Si chez les chevaux, une bonne relation (corrélation) existe entre le score de la qualité des jambes et la longévité, le score de la qualité des jambes peut être utilisé comme un prédicteur de la longévité. Dans ce cas, la qualité des pattes peut être utilisée comme critère de sélection chez les chevaux pour améliorer la longévité du caractère de l'objectif d'élevage. Chez les porcs, un test d'halothane a été mis au point. Il consiste à une anesthésie des jeunes porcs avec de l'halothane. Les différentes réactions que les porcs ont montrées face gaz étaient un bon indicateur de leur sensibilité au stress (Graphique 4.4).

Le stress au moment de l'abattage a un effet dégradant sur la qualité de la viande. Le résultat du test à l'halothane est utilisé comme trait indicateur afin de diminuer la sensibilité au stress et par conséquent améliorer la qualité du porc.

4.3. Valeur des informations des proches

La collecte d'informations phénotypiques corroborées avec le degré de parenté entre les animaux permet d'estimer la valeur de l'élevage avec une assez grande précision. Dès que la valeur du trait de l'animal est en cours d'amélioration, la valeur de l'information de ses ancêtres devient moins utile.



porcs sensibles au stress

porcs résistants au stress

Graphique 4.4. Sensibilité au stress: des porcs

Animal sensible au stress (à gauche) et animaux résistants au stress (à droite). D'un point de vue génotypique, les animaux sont **NN**, **Ns** et **ss** (génotypes sensibles au stress qui montrent des contractions musculaires, une augmentation de la température corporelle et des difficultés respiratoires). Les animaux sensibles au stress (génotype récessif **ss**) ont une viande de mauvaise qualité, de type PSE (abréviation PSE de l'anglais pâle, exsudatif doux).

4.3.1. Information des ancêtres

Lorsqu'un animal naît, ou même lorsqu'un embryon est disponible, un éleveur souhaite connaître la valeur de cet individu pour la reproduction. Ce jeune animal est-il uniquement capable d'accomplir le travail, la production, les activités de loisirs ou l'entreprise prévus ou peut-il également être utilisé comme parent pour la prochaine génération? Peut-il être utilisé pour améliorer les générations futures? La première étape est d'étudier le pedigree et de collecter toutes les informations des ancêtres dans le document. L'information des parents est très précieuse puisque la relation génétique additive entre les parents et sa progéniture est de 0,5. Les informations sur les grands-parents et les ancêtres des générations précédentes n'ont de valeur que lorsque les informations des parents sont absentes ou limitées.

Les allèles qui ne sont pas transmis d'un grand-parent à un parent ne peuvent pas être présents chez l'enfant. Les informations sur la généalogie sont très utiles lorsque les traits ou les performances d'un animal ne peuvent pas (encore) être établis. C'est par exemple le cas pour les mâles, qui doivent être sélectionnés sur des caractères exprimés uniquement chez les femelles ou des caractères exprimés uniquement après la puberté (production de lait et d'œufs, fertilité), après l'abattage (traits de carcasse) ou tard dans la vie (défauts liés à l'âge, longévité).

4.3.2. Information sur l'animal lui-même

Dès qu'un trait peut être mesuré directement sur l'animal, la valeur de l'information de ses ancêtres diminue. La valeur génétique de l'animal est exprimée et il devient clair que 50% de la valeur génétique du père et de la mère est transmise à leur enfant. Les informations sur l'animal sont très précieuses lorsqu'un trait a une héritabilité élevée. Par conséquent, les erreurs de mesure ou les effets environnementaux pour ce caractère sont très limités.

4.3.3. Information des frères et sœurs - groupes demi-frères ou complets

Chez certaines espèces (volailles et porcs) il existe des familles fraternelles complètes. Chez la volaille, les poules et les coqs peuvent se reproduire et donner naissance à des frères pleins. Chez les porcs, une portée moyenne donne 14 porcelets qui sont des frères pleins. La relation génétique additive entre les frères pleins est de 0,5. Cela signifie que les données complètes sur la fratrie donnent des informations sur la valeur reproductrice d'une seule fratrie complète. Dans le

cas où des frères pleins naissent sur une période plus longue, des frères pleins plus âgés (donc nés plus tôt dans l'année) pourraient être informatifs pour la valeur reproductrice d'un plus jeune.

Une application de la sélection des frères et sœurs est observée chez les porcs où les données issues de la viande d'un frère entier abattu sont utilisées comme informations pour les caractéristiques de la viande d'un frère entier à sélectionner pour la reproduction. Chez les chiens, une fratrie complète formée comme chien d'aveugle peut donner des informations pour qu'une fratrie complète soit sélectionnée pour un programme d'élevage de chiens d'aveugle. Chez la plupart des espèces, les taureaux s'accouplent avec plusieurs femelles, de cette manière, des groupes de demi-frères sont créés. La relation génétique additive entre les demi-frères n'est pas si élevée (0,25). L'information d'une seule demi-fratrie a une valeur plutôt faible pour une demi-fratrie individuelle à sélectionner. Cette information ne devient précieuse que si un nombre élevé de demi-frères est disponible.

Chez la plupart des espèces, les taureaux ont des groupes de demi-frères relativement importants. L'exemple le plus évident est celui des taureaux laitiers utilisés dans les programmes d'insémination artificielle. Dans les programmes traditionnels d'élevage de bovins laitiers, les jeunes taureaux produisent un premier groupe de filles. Le premier groupe de filles se compose souvent de plus de 50 animaux avec une relation génétique additive avec le père de 0,5. Cela donne un groupe de demi-frères très instructif. Chez certaines espèces de porcs, de volailles, de chiens ou de poissons, des frères pleins naissent. Les individus d'une portée ont tous une relation génétique additive de 0,5 avec leur mère et avec leur père. Les groupes fraternels complets peuvent être une source d'information très précieuse.

4.3.4. Combinaison de sources d'informations

Dans les programmes d'élevage, les données des animaux sont échantillonnées et stockées en permanence dans des bases de données. Ces bases de données contiennent des traits d'ancêtres, d'animaux reproducteurs vivants à sélectionner, de leurs frères et de leurs descendants.

Pour les animaux vivants, à sélectionner pour l'élevage, toutes ces données peuvent être utilisées dans des méthodes statistiques pour estimer leur valeur d'élevage. Le nombre de générations entre l'animal à sélectionner, et l'animal à partir duquel des données intéressantes sont stockées, détermine la relation additive et l'utilité dans l'estimation de la valeur d'élevage de l'animal à sélectionner. La valeur de l'information dépend également du type de l'individu (sexe limité, quand peut-on la mesurer dans la vie, etc.). Il est également important de savoir combien d'ensembles de données sur les parents existent:

4.4. Les possibilités de l'analyse ADN

Outre les phénotypes, les informations issues de l'ADN peuvent être collectées à diverses fins. L'ADN se trouve dans les chromosomes et stocke les différences génétiques entre les animaux. Ces différences génétiques dans l'ADN sont principalement causées par des différences dans les nucléobases.

Parfois, une nucléobase dans un chromosome est remplacée par une autre nucléobase: il s'agit d'une mutation ponctuelle, variation génétique qui est fréquente et retrouvée dans la composition de l'ADN chez les animaux et qui peut être établie avec des méthodes de génétique moléculaire. Une séquence de nucléobases constitue un gène responsable de la production d'une protéine. Une mutation (ponctuelle), la substitution d'une ou de quelques nucléobases, aboutissent à un autre nucléotide et peut conduire à la production d'une nouvelle protéine ou à l'absence ou au dysfonctionnement de la protéine.

Presque tous les traits d'un animal sont déterminés par de nombreux gènes. Lorsqu'un de ces gènes a été soumis à des mutations dans le passé et lorsqu'il a un impact mesurable sur l'un des traits, il est appelé un locus de trait quantitatif (QTL).

Définition

Une mutation est un événement qui crée un changement dans la séquence d'ADN sur un chromosome d'un individu de sorte que la séquence ne soit pas la même que celle héritée du père ou de la mère. En génétique, cela a le plus d'impact lorsque la mutation se produit dans les cellules germinales afin qu'elle soit transmise à la progéniture. Les événements de mutation sont causés par des irrégularités dans les processus cellulaires, et lorsque la mutation modifie la fonction de la séquence dans laquelle elle se produit, elle peut introduire une nouvelle variation génétique dans la population.

Définition

Un QTL est un locus de trait quantitatif, un petit segment d'ADN discret qui a un effet substantiel sur un trait. Seuls quelques QTL avec des effets importants ont été trouvés. Les traits les plus complexes tels que le poids corporel et la production de lait semblent être régulés par de nombreux gènes, qui se rapprochent efficacement de l'hypothèse de la plupart des théories génétiques quantitatives selon lesquelles les traits sont affectés par un nombre infini de gènes, chacun avec un petit effet.

4.5. Utilisation / application de marqueurs ADN

Ce n'est qu'à partir de quelques pourcentages de l'ADN que la fonction est connue: ce sont des gènes responsables de la production de protéines. À partir d'une grande partie de l'ADN, située entre les gènes, la fonction n'est toujours pas claire. Néanmoins, les différences dans la composition de l'ADN peuvent être établies en laboratoire. Plusieurs techniques de génétique moléculaire sont utilisées pour trouver des marqueurs génétiques sur les chromosomes.

Définition

Un marqueur génétique est une séquence d'ADN spécifique et identifiable

Parfois, un marqueur génétique est un allèle d'un gène, produisant une protéine. C'est ce qu'on appelle un marqueur fonctionnel qui affecte directement la fonction de la protéine. Cependant, dans la plupart des cas, le marqueur génétique est un morceau d'ADN dont la fonction n'est pas connue. Il est situé sur un chromosome proche d'un gène et donc lié à l'un des allèles de ce gène. Depuis le début des travaux de génétique moléculaire chez les animaux, les généticiens en **science animale** ont fait beaucoup d'**études** pour trouver des marqueurs génétiques.

Avant **ces** études, ils savaient seulement qu'un père et une mère avaient transmis l'un de leurs deux allèles à leur progéniture, mais ils ne savaient pas lequel. Avec les marqueurs génétiques, il est possible de retracer quel allèle d'un père et quel allèle d'une mère est transféré à la progéniture.

4.5.1 Contrôle de la filiation

Les marqueurs génétiques offrent des applications importantes en élevage animal. Le premier est le contrôle de la filiation. Il est basé sur le fait qu'un père et une mère transmettent l'un des deux allèles marqué génétiquement à sa progéniture. Ainsi, parmi les deux allèles établis chez un fils ou une fille, l'un doit être présent chez le père et l'autre chez la mère (voir exemple). Les erreurs généalogiques peuvent être causées par des mauvaises manipulations du sperme lors de l'accouplement, des accouplements passés inaperçus, des échanges de jeunes animaux peu après la naissance ou des erreurs administratives. D'après les expériences de contrôle parental, on sait que 2 à 10 pour cent des animaux ont un mauvais pedigree.

L'OBJECTIF ELEVAGE

Dans les programmes d'élevage à coût élevé, le contrôle de la filiation est fortement recommandé, en particulier lorsque les animaux sont élevés en grand nombre dans une unité d'élevage où des erreurs peuvent se produire facilement.

Exemple: contrôle de la filiation avec 18 microsattellites chez les chiens. Deux chiennes nommées Marjolein et Martha sont nées le même jour dans le même chenil. Le propriétaire du chenil considérait Marjolein comme la fille de la chienne Lianne et du chien mâle Boris. Selon lui, Martha a pour parents la chienne Lieneke et le chien mâle Bart. Les deux mâles, Boris et Bart, appartiennent à un éleveur voisin. Lianne a été accouplée à Boris le même jour que Lieneke a été accouplé à Bart. Comme d'habitude, avant d'imprimer le pedigree officiel, un contrôle de filiation avec 18 marqueurs micro-satellites a été effectué pour vérifier le pedigree (tableau 4.2).

Marjolein a pour microsattellite 1 (AHT 121) l'allèle 102 en double. Cet allèle est également présent chez à Lianne et Borus. Pour le microsattellite 2 (AHT 137) Marjolein a les allèles 149 et 151. L'allèle 151 peut être retracé jusqu'à sa mère Lianne, mais son père Borus n'a pas l'allèle 149. Pour le microsattellite 3 (AHTH 171), Marjolein a les allèles 219 et 225, comme sa mère Lianne, mais son père Borus a les allèles 212 et 233.

Lorsque tous les allèles des 18 microsattellites présents dans les six animaux sont vérifiés, on peut conclure que Boris ne peut pas être le père de Marjolein sur la base des microsattellites 2, 3, 5, 6, 7, 13. Sur la base des allèles de Bart pour le 18 microsattellites, il est très probable que Bart soit le père de Marjolein. Compte tenu des allèles de Martha et Lieneke, on peut conclure qu'elles sont mère et fille. Mais Bart ne peut pas être le père de Martha sur la base des allèles des microsattellites 2, 3, 5, 11, 13 et 16.

Une comparaison des allèles de Marjolein avec les allèles de Lianne et Bart indique que Marjolein est probablement née d'un accouplement entre Lianne et Bart et que Martha est née d'un accouplement entre Lieneke et Boris. Apparemment, quelque chose s'est mal passé pendant les accouplements.

4.5.2 Sélection génomique et assistée par marqueurs

Sélection assistée par marqueurs

La deuxième application d'un marqueur génétique est le traçage d'allèles avec un effet favorable dans la sélection assistée par marqueurs. De nombreux marqueurs génétiques ont été trouvés chez les animaux d'élevage qui étaient étroitement liés à un QTL avec un effet favorable sur de nombreux caractères. Seuls quelques QTL ont été trouvés.

Tableau 4.2.

La recherche ADN des six chiens est présentée ci-dessous avec pour chaque microsatellite le nombre des deux allèles établis:

Microsatellite	Marjolein	Lianne	Borus	Martha	Lieneke	Bart
1 AHT 121	102/102	102/102	97/102	97/102	97/102	102/102
2 AHT 137	149/151	147/151	128/147	147/149	149/151	149/151
3 AHTH 171	219/225	219/225	212/233	227/233	227/229	219/219
4 AHTH 260	254/252	254/246	252/250	252/244	244/244	252/244
5 AHTK 211	93/93	93/95	91/95	91/93	93/93	93/97
6 AHTK 253	284/288	288/290	288/288	288/288	286/288	284/288
7 CXX 279	126/126	126/128	124/128	124/128	126/128	124/126
8 FH 2054	152/152	152/164	152/156	156/160	152/160	152/156
9 FH 2848	230/234	234/234	230/230	230/230	230/230	230/234
10 INRA 21	97/101	97/101	95/101	95/101	95/97	95/101
11 INU 005	126/126	126/126	126/128	132/128	132/126	130/126
12 INU 030	144/144	144/150	144/144	144/144	144/150	144/144
13 INU 055	210/214	210/218	210/212	210/216	212/216	214/216
14 REN162C04	202/204	200/202	200/204	202/204	200/202	200/204
15 REN169D01	212/218	212/212	218/218	214/218	214/218	216/218
16 REN169O18	162/164	162/162	164/170	164/170	164/168	164/168
17 247M23	268/268	268/270	268/272	268/268	268/274	268/274
18 54P11	226/226	226/236	226/232	226/226	226/232	226/234

Source: «Het fokken van rashonden», Kor Oldenbroek et Jack Windig, Raad van Beheer op Kynologisch gebied en Nederland

L'utilisation de marqueurs dans la sélection a donc été limitée jusqu'à l'introduction de la sélection génomique. La troisième application d'un marqueur génétique est le traçage d'allèles à effet défavorable. Les exemples les plus importants sont les défauts génétiques monogéniques récessifs qui sont présents dans toutes les espèces. Le tableau suivant donne un aperçu du nombre total de défauts génétiques enregistrés par espèce, des troubles étant des traits monogéniques récessifs (trait mendélien), des troubles dont la mutation dans l'ADN est connue et pour lesquels un marqueur génétique disponible et le nombre de défauts génétiques pouvant être utilisés pour étudier les maladies humaines (tableau 4.3).

Tableau 4.3.

Allèles récessifs avec effets indésirables chez les principales espèces animales

Spécification	Chien	Bétail	Chat	Porc	Mouton	Cheval	Poule	Autres	Total
Total des traits / troubles	767	543	354	279	253	239	220	851	3595
Traits / troubles de Mendélien	347	252	108	85	108	59	129	334	1487
Trait / troubles Mendélien, mutation clé connue	279	160	74	39	53	46	49	161	877
Modèles potentiels de maladies humaines	454	217	219	125	113	131	49	456	1797

Traitement après OMNIA (acronyme angl. Online Mendelian Inheritance in Animals), <https://omia.org/home/>

Les marqueurs génétiques des traits monogéniques récessifs sont très précieux, car ils peuvent être utilisés pour détecter les porteurs hétérozygotes de l'allèle. Les animaux hétérozygotes sont des animaux qui ne présentent aucun signe de défaut génétique mais le transmettent à 50% de leur progéniture. L'accouplement de deux animaux hétérozygotes se traduit par une probabilité de 25% chez les descendants qui présentent les signes de défaut génétique.

4.5.4. Sélection génomique

La quatrième application des marqueurs génétiques est la sélection génomique. La sélection génomique est une forme de sélection assistée par marqueurs dans laquelle un très grand nombre de marqueurs génétiques couvrant l'ensemble du génome est utilisé. Dans ce cas, tous les locus de caractères quantitatifs (QTL) sont étroitement liés au niveau des chromosomes avec au moins un marqueur.

Le grand nombre de marqueurs est obtenu par des puces utilisant des polymorphes nucléotidiques simples (SNP), une mutation ponctuelle d'un seul nucléotide. La sélection génomique est basée sur l'analyse de 10 000 à 800 000 SNP. Ce nombre élevé de marqueurs génétiques est utilisé comme entrant dans une formule de prédiction génomique qui prédit la valeur d'élevage d'un animal. En élevage animal, les marqueurs génétiques ont la plus grande valeur pour l'amélioration des caractères à faible héritabilité et pour les caractères qui ne peuvent être établis que chez un sexe, tard dans la vie ou après l'abattage.

Définitions

Sélection génomique est la sélection d'un caractère d'intérêt avec un très grand nombre de marqueurs génétiques couvrant la plupart des locus QTL liés au trait.

Un SNP est un polymorphisme d'un seul nucléotide causé par une mutation d'un seul nucléotide.

Le facteur de complication est la recombinaison entre les SNP et les QTL. Cela signifie que la valeur des animaux dans la population de référence diminue lorsque le nombre de générations entre eux et la population test augmente (plus de chances d'événements de recombinaison). Et cela implique qu'il est fortement recommandé de continuer l'enregistrement des données phénotypiques des générations futures.

4.5.5. Séquençage du génome entier

Récemment, le séquençage du génome entier a été introduit. Le séquençage du génome entier (également appelé séquençage complet du génome) est un processus de laboratoire qui détermine l'ADN séquence d'un organisme génome à la fois. Cela implique de séquencer tous les ADN chromosomiques ainsi que l'ADN contenu dans les mitochondries. Pour l'instant, cette technique n'est utilisée que dans le cadre de la recherche. Une utilisation pratique future dans la sélection ouvrira la possibilité de sélectionner directement les allèles favorables des QTL.

4.6. Questions clés dans la collecte d'informations pour les décisions de sélection

1. L'enregistrement généalogique est une colonne vertébrale de l'élevage d'animaux car il peut être utilisé pour établir la relation additive entre les animaux. Cette relation additive est la quantité d'ADN que ces animaux partagent parce qu'ils sont liés.
2. Un pedigree n'a alors une valeur prédictive que lorsqu'un système d'identification unique et fiable est utilisé dans un programme de sélection.
3. À la naissance, chaque animal doit recevoir un numéro d'identification unique et ses parents doivent être connus sans aucun doute. Une autre exigence est que les mesures (phénotypes) sur les animaux (par exemple hauteur du garrot, production de lait, etc.) soient combinées avec le numéro d'identification correct.
4. Les caractères monogéniques peuvent être enregistrés en classes et notés comme 0 ou 1 (dans le cas de deux classes) ou 1, 2, 3, 4 ... n, dans le cas de n classes.
5. Les traits polygéniques peuvent être enregistrés sur une échelle numérique. La valeur moyenne de ces caractères dans une population est présentée comme la moyenne et la variation entre les animaux comme l'écart type. Le coefficient de variation est l'écart type divisé par la moyenne.
6. Le lien entre deux traits polygéniques peut être décrit par la covariance entre les traits, la corrélation et la régression.
7. Les traits de sélection doivent de préférence être mesurés sur les candidats à la sélection. Pour les traits importants qui sont difficiles à mesurer ou qui sont exprimés plus tard, ou même en fin de vie, les traits indicateurs peuvent être utiles.
8. Les traits de sélection peuvent également être mesurés, en raison de l'existence de relations additives, sur les ancêtres, les frères ou demi-frères ou sur la descendance.
9. Les marqueurs ADN peuvent être utilisés pour le contrôle de la filiation, la sélection assistée par marqueurs pour les caractères positifs (par exemple les caractères de qualité du produit), la sélection assistée par marqueurs contre les caractères négatifs (par exemple les défauts génétiques) et la sélection génomique.

Chapitre II. 5

LA CONSANGUINITE ET RELATION GENETIQUE ADDITIVE

La définition d'un objectif de sélection et l'enregistrement des phénotypes et du pedigree sont des aspects importants lors de la mise en place d'un programme de sélection. Un enregistrement précis de la généalogie est essentiel pour estimer les valeurs de reproduction.

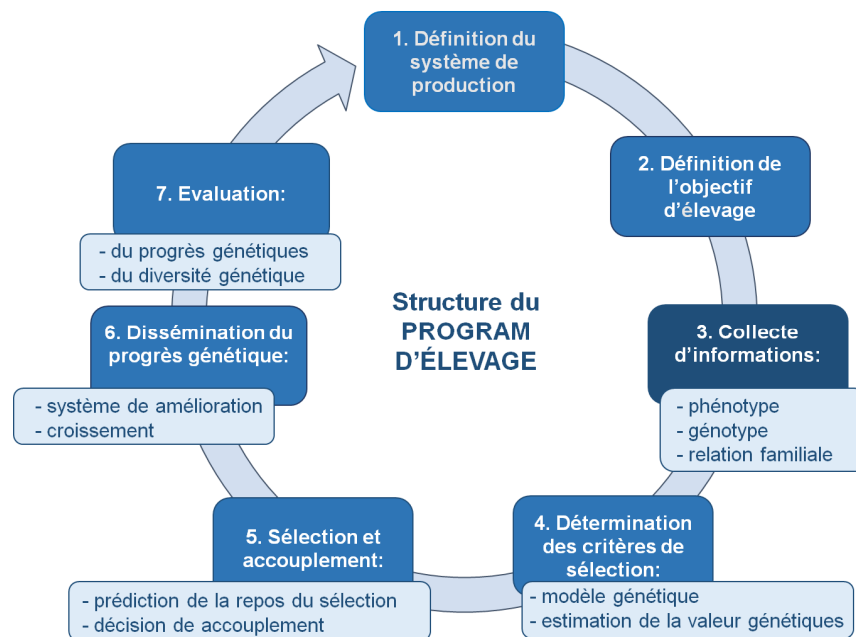


Schéma d'un programme d'amélioration: *collecte d'informations*

LA CONSANGUINITE

Cela a déjà été expliqué dans le chapitre sur la collecte d'informations. L'enregistrement généalogique peut également être utilisé pour surveiller la relation génétique entre les animaux.

Pour la gestion de la diversité génétique dans une population, il est très utile de connaître la relation entre les animaux. La diversité génétique est une mesure des différences génétiques entre les animaux d'une population (c.-à-d. La variation génétique). Pour assurer la viabilité future d'un programme de sélection, il est essentiel de surveiller et de maintenir la diversité génétique. La diversité génétique permet la sélection d'animaux supérieurs pour la reproduction. S'il manque, c'est-à-dire si tous les animaux sont génétiquement identiques, la sélection n'améliorera pas la génération suivante et les programmes de sélection ne sont d'aucune utilité. La diversité génétique est également liée à la consanguinité. La consanguinité résulte de l'accouplement d'individus apparentés et a des effets négatifs sur la santé et la reproduction.

Le chapitre suivant traite toujours de l'étape 3, le processus de collecte d'informations. Il met l'accent sur le rôle des relations familiales dans la diversité génétique. Le chapitre est divisé en deux parties: la première partie est une introduction à la théorie, suivie de la seconde partie, une boîte à outils qui peut être utilisée pour l'évaluation de la diversité génétique et la prise de décision liée à la sélection et à l'accouplement. Certaines des applications des outils feront l'objet de chapitres ultérieurs.

Pour introduire la théorie de la diversité génétique, une approche descendante est adoptée: de la diversité génétique entre les populations à la diversité au sein d'une population spécifique jusqu'à la diversité génétique au sein d'un animal individuel. Différents mécanismes qui influencent la diversité génétique et leur rôle dans l'amélioration génétique sont abordés, les conséquences de la consanguinité sont présentées.

La boîte à outils de la deuxième partie du chapitre comprend des outils permettant de déterminer la relation génétique entre les animaux en fonction de leur pedigree et du coefficient de consanguinité d'un animal individuel. Les outils aideront également à juger le niveau et le taux de consanguinité au niveau de la population. Ils sont pertinents à de nombreuses étapes du programme de sélection.

5.1. Qu'est-ce que la diversité génétique?

La diversité est un autre mot pour la variation: la présence de différences entre tout ce qui est considéré. Liée à la génétique, c'est le plus évidemment la diversité génétique entre les populations. Différentes races ont des caractéristiques déterminées génétiquement. Il existe des différences de taille ou de couleur, mais aussi à des fins d'utilisation telles que le bœuf par rapport aux bovins laitiers ou la chasse par rapport aux chiens de garde.

La diversité génétique existe également au sein d'une population et est liée aux différences génétiques entre les animaux de cette population. Il est possible, mais très rare, qu'il n'y ait pas de variation génétique dans une population. Ce serait le cas dans les populations entièrement consanguines: les animaux sont génétiquement identiques les uns aux autres. Mais comme mentionné, c'est une situation très rare. Cela peut se produire dans des lignées génétiques d'animaux de laboratoire spécialement développés à cet effet. Le but de ces populations est de fournir des animaux aussi génétiquement égaux que possible afin que les différences génétiques ne soient pas une cause de variation dans les séries de tests, par exemple lors des tests de nouveaux médicaments. Une population de clones serait encore meilleure du point de vue d'avoir des animaux génétiquement égaux.

Définition

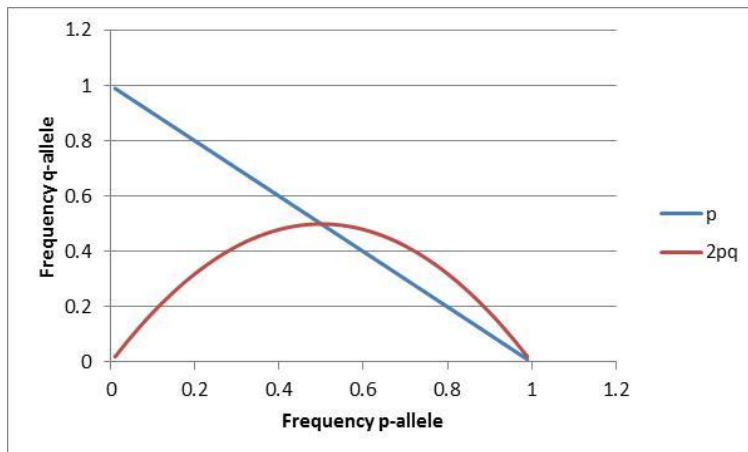
Clone (animal) est un individu génétiquement identique à un autre ou un groupe d'individus génétiquement identiques l'un à l'autre

Une telle population n'aurait aucune variation génétique. Cependant, aux Pays-Bas, l'utilisation de clones est interdite.

Définition

Diversité génétique représente la présence de différences génétiques entre les animaux au sein des espèces, à la fois entre et au sein des populations

Le nombre d'allèles présents dans une population sert de mesure de la diversité génétique. Plus il y a d'allèles, plus la diversité génétique est grande. La fréquence à laquelle ces allèles apparaissent dans la population a également une influence sur l'étendue de la diversité génétique. Plus les fréquences alléliques sont égales, plus la diversité est grande. Ce principe est illustré sur la figure 1 pour un gène à deux allèles.



Graphique 5.1. La relation entre les fréquences de deux allèles (*bleu, ligne droite*), et la consanguinité pour l'hétérozygotie dans la population (*ligne courbe*).

On peut observer que l'hétérozygotie devient maximale lorsque la fréquence des allèles est égale: $p = q = 0,5$. Selon la figure, la fréquence de l'allèle q est de 1, la fréquence de l'allèle p est de 0 et vice versa. Une fréquence élevée d'un allèle coïncide toujours avec une fréquence basse de l'autre allèle. La fréquence des génotypes hétérozygotes, calculée après le rapport $2pq$, dépend des deux fréquences. L'hétérozygotie maximale (diversité génétique maximale) est atteinte lorsque les deux allèles ont une fréquence aussi élevée que possible, mais égale, c'est-à-dire 0,5.

Si la fréquence de l'allèle q est 1, la fréquence de l'allèle p est 0, et vice versa. Une fréquence élevée d'un allèle coïncide toujours avec une fréquence basse de l'autre allèle. La fréquence des hétérozygotes, calculée comme $2pq$, dépend des deux fréquences. La fréquence allélique maximale est atteinte lorsque les deux allèles ont une fréquence aussi élevée que possible, compte tenu de l'autre fréquence. C'est le cas lorsque les deux allèles sont à fréquence égale. Pour les gènes avec plus d'allèles, le principe est le même: hétérozygotie maximale à fréquences alléliques égales. La diversité génétique dépend de la présence d'un grand nombre d'allèles, mais aussi de la fréquence de ces allèles dans la population. Pour un animal spécifique, la diversité génétique peut être définie comme si un animal est homozygote ou hétérozygote pour un certain gène ou des parties du génome.

5.2. Forces qui influencent la diversité génétique

Un certain nombre de forces influencent la diversité génétique. Certains peuvent être influencés de l'extérieur, par l'éleveur, d'autres se produisent par

hasard. Au niveau de la population, il existe des facteurs qui augmentent la diversité génétique, d'autres la diminuent (tableau 5.1).

Les **mutations** sont des événements où de nouveaux allèles sont créés. Lorsque cela se produit dans les cellules germinales, la diversité génétique augmente.

La **migration** a un effet croissant s'il s'agit d'immigration (nouveaux animaux entrant dans la population).

L'**émigration** (les animaux quittant la population) diminue généralement la diversité génétique, en particulier lorsque la taille de la population est petite. De plus, la sélection diminue la diversité génétique. Seuls les animaux ayant une constitution génétique spécifique sont autorisés à se reproduire, au détriment des autres. Cela aura un impact sur les fréquences alléliques, elles ne seront plus égales.

Enfin, la diversité génétique diminue par coïncidence (dérive génétique), la consanguinité qui y est liée. La dérive génétique ne peut pas être directement influencée par les décisions de sélection. Plus d'explications sur la dérive génétique sont données dans le paragraphe suivant.

5.3. Changement de diversité: consanguinité

La consanguinité est le résultat de l'accouplement de deux individus apparentés. Les individus apparentés sont génétiquement plus semblables que les individus non apparentés car ils partagent des allèles. C'est parce qu'ils ont un ancêtre en commun. L'ancêtre commun a transmis les mêmes allèles à plusieurs descendants, qui les ont transmis à nouveau, aboutissant finalement aux deux animaux apparentés. L'accouplement de ces animaux permet à tous les deux de transmettre les mêmes allèles à leur progéniture, ce qui entraîne une homozygotie chez la progéniture. Le niveau de consanguinité chez un animal dépend du niveau de parenté entre ses parents, et donc de la probabilité que les deux transmettent le même allèle à leur progéniture.

Le niveau de consanguinité chez un animal peut être exprimé par le coefficient de consanguinité. Ce coefficient indique la probabilité qu'un individu reçoive le même allèle de ses deux parents, car ses parents sont apparentés. La consanguinité est le résultat de l'accouplement d'individus liés.

Le coefficient de consanguinité prend des valeurs comprises entre 0 (0% ou non consanguinité) et 1 (100% ou entièrement consanguine). Il est important de garder à l'esprit que la consanguinité augmente l'homozygotie (et diminue la diversité génétique).

Définition:

Niveau de consanguinité, ou coefficient de consanguinité, indique la probabilité qu'un animal reçoive le même allèle des deux parents parce qu'ils sont apparentés.

5.3.1. Causes de la consanguinité

Il existe deux causes de consanguinité: la dérive génétique et l'accouplement non aléatoire. Le précédent est dû au hasard, inévitable, ce dernier est fait exprès, c'est-à-dire évitable de la consanguinité.

La dérive génétique provoque une réduction de la diversité génétique due à la perte d'allèles, ce qui conduit à une augmentation de l'homozygotie. Elle est également appelée consanguinité inévitable. À un moment de l'histoire, une mutation s'est produite. On peut supposer que cette mutation ne s'est produite que chez un seul animal, car il est peu probable que la même mutation se soit également produite chez un autre animal.

La conclusion de ceci est que les animaux qui portent l'allèle spécifique aujourd'hui doivent être liés. Ils ont cet animal d'origine comme ancêtre commun. Ceci est vrai pour toutes les mutations, même si l'animal dans lequel la mutation s'est produite a vécu TRÈS longtemps. Étant donné la définition selon laquelle la consanguinité est le résultat d'individus liés à l'accouplement, les animaux homozygotes pour l'allèle doivent être consanguins. L'homozygotie dans une population est une indication du nombre de fréquences alléliques. Si tous les animaux sont homozygotes, le ou les autres allèles sont perdus de la population. La consanguinité due à la dérive génétique entraîne une perte permanente de diversité génétique car les allèles sont perdus à jamais.

L'accouplement non aléatoire peut provoquer la consanguinité, mais cela est évitable. L'accouplement intentionnel d'animaux étroitement apparentés, comme les accouplements frère et sœur ou père et fille, augmente la probabilité que la progéniture de l'accouplement reçoive le même allèle des deux parents. Cela augmente l'homozygotie, et donc la consanguinité. Cependant, ce n'est qu'une perte temporaire de diversité génétique. Si l'accouplement non aléatoire est arrêté et l'accouplement aléatoire réintroduit, cette cause de consanguinité disparaît.

5.3.2. Consanguinité volontaire et consanguinité forcée

Les causes de la consanguinité se manifestent sous deux types: la consanguinité par coïncidence (consanguinité inévitable) et la consanguinité intentionnelle (consanguinité évitable). Dans une population, la consanguinité peut se produire de différentes manières:

1) la consanguinité volontaire, lorsque les éleveurs accouplent intentionnellement des individus qui ont un degré de parenté plus élevé que la moyenne de la population.

2) la consanguinité contrainte ou inévitable, qui se produit lorsque les éleveurs doivent accoupler des mâles avec des femelles apparentées, en raison du fait que tous les animaux de la population sont liés les uns aux autres. Ce type de consanguinité est surveillé dans la population. La consanguinité forcée se produit principalement dans de petites populations fermées.

Avec chaque génération qui passe, le nombre d'ancêtres généalogiques augmente de façon exponentielle. Par exemple, à la 10^e génération, un animal a 2^{10} ou 1024 ancêtres. Dans la plupart des races, il y avait moins de 1024 éleveurs lorsque les ancêtres de la 10^e génération étaient actifs. Les animaux apparentés apparaissent dans le pedigree des parents, ce qui entraîne une probabilité que la progéniture ait certains degrés de consanguinité. La consanguinité (contrainte) étant un problème courant dans l'amélioration génétique canine, la plupart des exemples présentés ci-dessous concerneront cette espèce.

Consanguinité inévitable. La consanguinité due à la dérive génétique ne peut être totalement évitée car la dérive se produit toujours dans une population. L'exemple suivant permet de comprendre ce problème : tout le monde a deux parents, ce qui fait quatre grands-parents, 16 arrière-grands-parents, etc. Ce chiffre devient très important en seulement un nombre limité de générations, ce qui signifie que les parents doivent être apparentés et que l'enfant est consanguin. Il est maintenant plus facile de comprendre que la dérive se produit dans toutes les populations, mais surtout dans les plus petites. Plus la population est grande, plus la probabilité que des individus apparentés s'accouplent par coïncidence est faible. La diversité génétique est à son maximum lorsque tous les animaux sont hétérozygotes. Une homozygotie accrue signifie une réduction de la diversité génétique. L'accouplement des individus apparentés augmente l'homozygotie et diminue la diversité génétique. L'accouplement d'individus apparentés, car il ne peut être évité, entraîne une perte d'allèles due à la dérive génétique. L'accouplement intentionnel d'individus apparentés crée également des animaux homozygotes mais n'entraîne pas nécessairement une perte d'allèles car les familles ne sont plus mélangées.

Les allèles sont fixés, mais différents allèles peuvent être fixés dans différentes familles. Au niveau de la population, cela n'influence pas les fréquences alléliques.

5.4.3. Dépression de consanguinité

La consanguinité entraîne une homozygotie accrue et des récessifs plus homozygotes. Le résultat négatif peut être exprimé comme la performance des animaux consanguins, par rapport aux animaux non consanguins, ou comme le changement de phénotype étant donné une augmentation de 1% du niveau de consanguinité. Une étude sur les étalons néerlandais Shetland pony a montré par exemple un effet clair du niveau de consanguinité sur les caractéristiques de qualité du sperme. Au sein de la fraction vivante, la consanguinité a eu un effet décroissant sur le pourcentage de spermatozoïdes normaux et un effet croissant sur le pourcentage de spermatozoïdes anormaux (van Eldik et al., 2006. *Theriogenology* 65: 1159-1170). Aucune étude n'a été réalisée sur l'effet de la qualité du sperme sur les résultats de la fécondation, mais il est probable qu'une certaine qualité minimale soit requise pour une reproduction réussie.

Un autre exemple est lié au niveau de consanguinité chez les bovins laitiers Holstein Friesian. Les résultats du tableau 2 montrent l'effet potentiel d'un accouplement entre un grand-père et sa petite-fille. C'est un niveau assez extrême de consanguinité, mais pas rare. Les résultats montrent un effet négatif de la consanguinité sur les caractères liés à la reproduction et à la production laitière. Les animaux consanguins sont plus âgés au premier vêlage, ont une lactation plus courte, ont des périodes plus longues entre les vêlages suivants et produisent moins de lait.

Tableau 5.2.

Effet de 12,5% de consanguinité (par exemple, résultat de l'accouplement grand-père/petite-fille) sur un certain nombre de caractères chez les bovins laitiers Holstein Friesian

Trait	Pertes dues à 12,5% de consanguinité
Lactation d'une vache consanguine (jours)	-129
Âge au premier vêlage (jours)	+5
Premier intervalle de vêlage (jours)	+3,3
Lait total de première lactation (kg)	-464
Matières grasses totales de première lactation (kg)	-15
Protéine totale de première lactation (kg)	-15

De Smith et al., 1998.

5.4. Relation entre consanguinité et diversité génétique

Il a été clairement établi ce qui implique la diversité génétique et comment la consanguinité y est liée. Mais pourquoi la diversité génétique est-elle importante? Il y a trois raisons principales à cela :

1. Premièrement, et c'est le plus important, la diversité génétique permet la flexibilité d'une population. Si les circonstances changent, différents génotypes peuvent être plus appropriés et la pression de sélection changera. Si les allèles nécessaires pour s'adapter aux nouvelles circonstances ne sont plus présents, ou seulement à très basse fréquence, alors l'adaptation de la population sera très difficile. Potentiellement avec des conséquences dévastatrices.

2. La consanguinité (augmentation de l'homozygotie) provoque une dépression de consanguinité. Les animaux consanguins ont tendance à être moins en bonne santé, à vivre moins longtemps et à avoir une capacité de reproduction réduite.

3. Lié au numéro 2 : une diversité génétique réduite entraîne une homozygotie accrue, également des allèles qui ont des effets délétères. Plus d'animaux consanguins signifie que plus d'animaux souffriront de troubles monogéniques récessifs.

5.5. Calcul de la consanguinité

La consanguinité est le résultat de l'accouplement d'animaux liés. Si la relation entre les animaux est connue, les niveaux de consanguinité pourraient être prédits et, dans une certaine mesure, contrôlés dans la prochaine génération. Si les pedigrees des animaux sont connus, il est possible de calculer le niveau de parenté et le niveau de consanguinité chez un animal individuel. La manière de construire les modèles statistiques pour cela est expliquée ci-dessous.

Deux animaux sont liés lorsqu'ils ont un (ou plusieurs) ancêtres en commun. Par exemple, la personne A est liée à son cousin. A et son cousin ont les mêmes grands-parents, ils sont les ancêtres communs des deux. Pour cette raison, les deux auront une partie de leurs allèles en commun. Le problème clé est que les individus apparentés ont des allèles en commun.

Donc:

Les individus apparentés ont des allèles similaires

La figure 5.2 montre deux pedigrees simples.

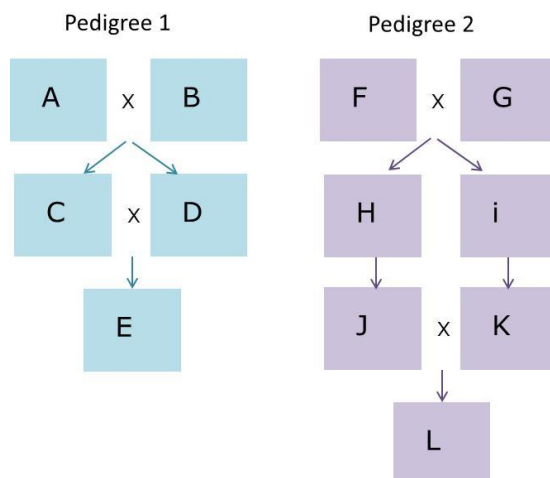


Figure 5.2. Exemples de deux pedigrees simples

Dans le pedigree 1, les animaux A et B sont les parents des animaux C et D. En d'autres termes: A et B sont des ancêtres communs de C et D, qui sont donc frère et sœur. Les animaux C et D se sont accouplés et ont eu une progéniture E. Parce que C et D sont apparentés, E est consanguin. Dans le pedigree 2, les animaux F et G sont parents de H et I. Les animaux H et I se sont accouplés à des animaux non apparentés et ont eu les progénitures J et K. Ceux-ci se sont accouplés et ont eu une progéniture L. Les animaux J et K sont apparentés parce qu'ils ont les ancêtres F et G en commun. L'animal L est donc consanguin, mais moins que l'animal E, car J et K sont moins apparentés que C et D.

Plus il y a de générations vers l'ancêtre commun, moins les deux animaux sont liés. Si les animaux qui se sont accouplés sont moins apparentés, la probabilité que le même allèle soit transmis à leur progéniture diminue, ce qui rend la progéniture moins consanguine.

Donc:

Le niveau de consanguinité diminue avec la diminution de la relation entre les parents

5.6. Relation génétique additive

La relation génétique additive reflète la proportion de leur ADN (allèles) que partagent deux animaux parce qu'ils ont des ancêtres communs. Elles peuvent être calculées à partir du pedigree. Les parents transmettent la moitié de leurs allèles à leur progéniture. La progéniture reçoit la moitié de ses allèles du père et l'autre moitié de la mère, de sorte que leur génome est un mélange de gènes provenant des deux parents. Lorsque ces descendants ont eux-mêmes une progéniture, à nouveau, ils transmettent la moitié des allèles à leur progéniture. La moitié des allèles transmis à la progéniture est un processus aléatoire (échantillonnage mendélien). Par conséquent, la proportion d'allèles qu'un grand-parent et sa petite-progéniture ont en commun est de $\frac{1}{2}$ (allèles transmis à leur progéniture) fois $\frac{1}{2}$ (allèles transmis de leur progéniture à leur grand-progéniture) est de $\frac{1}{4}$.

Définition

La relation génétique additive est une estimation de la proportion d'allèles que deux individus ont en commun parce qu'ils ont un ou plusieurs ancêtres communs

5.6.1. Calcul des relations additives

Il y a une règle de calcul importante lorsque l'on travaille avec des probabilités: si "ET" qui sont tous les deux supposés se produire, les probabilités doivent être multipliées. Par exemple, dans la situation où le même allèle est transmis à la progéniture ET à la petite progéniture. Si "OU" qui est censé se produire, les probabilités sont additionnées, c'est-à-dire lorsque l'allèle 1 OU l'allèle 2 d'un gène est transmis à la progéniture.

L'exemple ci-dessous explique cette règle plus en détail :

La relation génétique additive (indiquée par un «a») entre deux individus dépend du nombre d'ancêtres communs et du nombre de générations de chaque ancêtre commun.

La relation génétique additive entre deux animaux sera calculée étape par étape.

L'exemple est basé sur le pedigree 2 de la figure 5.2.

Question: Quelle est la relation génétique additive entre les animaux J et K?

Répondez en trois étapes:

LA CONSANGUINITE

Étape 1: Trouvez les ancêtres communs. Les ancêtres communs de *J* et *K* sont *F* et *G*.

Étape 2: Combien de générations (méiose) y a-t-il pour chacun des ancêtres communs?

Ancêtre 1: *F*. Le nombre de générations de *J* à *F* vaut 2, et de *K* à *F* est également 2.

Ancêtre 2: *g*. Le nombre de générations de *J* à *g* vaut 2, et de *K* à *G* vaut également 2.

Étape 3: Calculer la relation génétique additive entre les animaux.

Par ancêtre commun 1:

La probabilité que J et K ont des allèles en commun qui proviennent de l'ancêtre commun F est égale à la probabilité que les mêmes allèles soient transmis par F à H et de H à J et de F à moi et de je à K.

*Les probabilités que chacun égale 1/2 doivent être multipliées: 1/2 * 1/2 * 1/2 * 1/2 = 1/24 = 0,0625*

On peut faire la même chose pour l'ancêtre commun 2:

La probabilité que J et K ont des allèles en commun qui proviennent d'un ancêtre commun g est également égal à 1/24 = 0,0625.

Ces deux probabilités peuvent être additionnées, car les animaux sont liés. Ils partagent des allèles de l'ancêtre commun 1 et / ou de l'ancêtre commun 2.

Les deux probabilités sont indépendantes l'une de l'autre. La relation génétique additive entre J et K devient ainsi 0,0625 + 0,0625 = 0,125 ou a J, K = 0,125.

La relation génétique additive peut être décrite dans une formule comme:
5.1

$$a_{X,Y} = \sum_{i=1}^m \left(\frac{1}{2}\right)^{(n_i+p_i)}$$

5.1

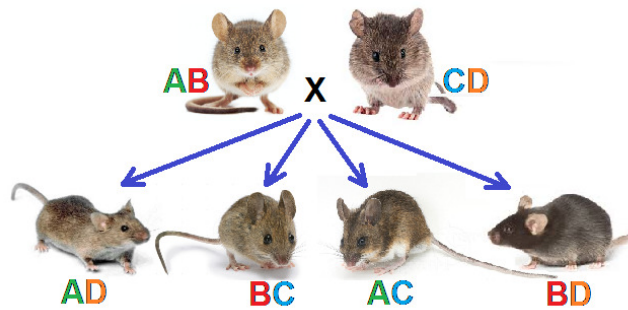
X et *Y* sont les animaux dont la relation génétique additive doit être déterminée, *m* est le nombre d'ancêtres communs et pour chaque ancêtre commun *n* est le nombre de générations de l'animal *X* à l'ancêtre commun et *p* le nombre de générations entre l'animal *Y* et l'ancêtre commun.

Par ancêtre commun, les probabilités de partage d'allèles sont multipliées à travers les générations. Tous doivent se produire, les probabilités sont accumulées entre les ancêtres communs, car ils sont indépendants les uns des autres.

5.6.2. Calcul de la relation génétique additive à l'aide d'informations génomiques

La relation génétique additive est estimée à l'aide du pedigree. Mais à quel point est-ce exact? On sait que les parents transmettent exactement la moitié de leur génétique à leur progéniture. Cependant, on sait aussi que deux frères pleins peuvent avoir reçu des allèles différents des mêmes parents.

En moyenne, ils partagent la moitié de leurs gènes. Cependant, cela pourrait être la moitié, cela pourrait être un peu plus et cela pourrait être un peu moins. Si un seul gène est considéré, deux frères pleins peuvent même ne partager aucun allèle en raison de l'échantillonnage mendélien. Ceci est illustré à la figure 5.3, sur un pedigree de souris. Bien sûr, les animaux ont non seulement un, mais de très nombreux gènes.



Graphique 5.3. Exemple de différences entre frères pleins dus à l'échantillonnage mendélien dans un pedigree de souris.

La mère a les allèles A et B, et le père a les allèles C et D. Chacun des quatre descendants a reçu un allèle du père et un de la mère. Dans cet exemple, chacune des souris a reçu une combinaison différente de ces deux allèles. En moyenne, on pourrait s'attendre à ce que ces souris partagent la moitié de leurs gènes, car chacune d'elles a obtenu la moitié des mêmes parents. Mais si deux des quatre souris sont comparées, elles peuvent partager un allèle ou n'en partager aucun. Donc, au lieu de $a = \frac{1}{2}$ ces souris auraient $a = 0$, au moins pour ce gène spécifique.

5.7. Relation additive réalisée

Dans la pratique, les relations génétiques additives peuvent être estimées à l'aide de pedigree ou d'informations génomiques. Si des informations génomiques sont utilisées (par exemple des marqueurs SNP), on peut imaginer que plus il y a de marqueurs génotypés par animal, plus il sera précis d'estimer la part du génome que deux animaux ont en commun. C'est ce qu'on appelle la relation génétique additive réalisée. À l'avenir, lorsque des séquences génomiques complètes seront disponibles pour les animaux, la relation génétique additive exacte pourra être déterminée. En raison de limitations financières, cela n'est pas encore possible.

Dans la plupart des cas, les relations généalogiques sont utilisées pour estimer la relation génétique additive. Parfois, comme dans la sélection génomique, les animaux sont génotypés pour un grand nombre de marqueurs génétiques. Cela permet une estimation plus précise de la relation génétique additive parce que l'information génomique est utilisée.

5.8. Coefficient de consanguinité et relation additive

Un animal n'est consanguin que si ses parents sont apparentés. Le niveau de consanguinité indique la probabilité qu'un animal reçoive le même allèle des deux parents. Il indique la probabilité qu'un animal devienne homozygote pour un allèle que les deux parents partagent parce qu'ils ont un ancêtre commun. Le niveau de consanguinité d'un animal individuel est également appelé le coefficient de consanguinité et peut être calculé comme suit (5.2):

$$F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{entre parents}} \quad 5.2$$

Cette formule simple indique qu'il est facile de calculer le coefficient de consanguinité de tous les animaux d'une population, tant que la relation génétique additive entre leurs parents est connue. La relation génétique additive entre un propre frère et une sœur est de 0,5. S'ils sont accouplés et ont une progéniture, cette progéniture sera consanguine. Leur coefficient de consanguinité serait de $\frac{1}{2} * 0,5 = 0,25$. Cela signifie que pour chaque locus, la progéniture aura une probabilité de 25% d'être homozygote car ses parents ont reçu les mêmes allèles de leur ancêtre commun. Plus cet ancêtre commun vivait il y a plusieurs générations, moins les parents sont liés, plus le coefficient de consanguinité est bas.

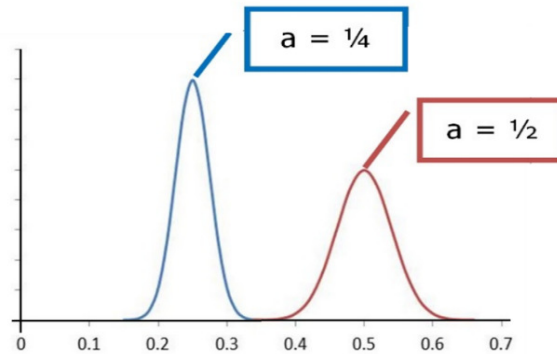


Figura 5.4. La distribution des vraies relations génétiques additives autour d'une estimation basée sur un pedigree de $\frac{1}{4}$ (*demi-frère*) ou $\frac{1}{2}$ (*pleine fratrie*).

En moyenne, parmi tous les gènes, deux frères pleins partagent la moitié de leurs gènes. Cependant, il y a une certaine variation autour de la moyenne, certains partagent un peu plus de la moitié et d'autres un peu moins. De même, la moitié des frères et sœurs partagent en moyenne $\frac{1}{4}$ de leurs gènes. Ici aussi, certains partagent un peu plus et d'autres un peu moins. La variation est la moitié de celle des frères et sœurs complets, car les demi-frères ne partagent qu'un seul parent au lieu de deux.

Donc:

Important: Un animal est consanguin si et seulement si ses parents sont apparentés!

$$F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{entre parents}}$$

INTERMEZZO: Pourquoi $F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{entre parents}}$?

Le coefficient de consanguinité d'un animal indique la probabilité que l'animal devienne homozygote car il hérite du même allèle du père et de la mère. Pour que l'animal devienne homozygote, les deux parents doivent avoir le même allèle en premier lieu ($a_{\text{entre les parents}}$). Et les deux parents doivent le transmettre à leur progéniture. Cela se traduit par

$$F_{\text{animal}} = a_{\text{entre parents}} * \frac{1}{2} * \frac{1}{2}. \quad 5.3$$

Cela est vrai pour les organismes haploïdes. Cependant, les animaux sont diploïdes: ils ont chacun deux allèles par locus.

LA CONSANGUINITE

Les parents ont donc deux chances de partager un allèle. La probabilité que leur progéniture devienne homozygote, exprimée en coefficient de consanguinité, est:

$$F_{\text{animal}} = 2 * a_{\text{entre parents}} * \frac{1}{2} * \frac{1}{2}$$

$$F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{entre parents}} \quad 5.4$$

5.9. Relation génétique additive lorsque l'ancêtre commun est consanguin

Les animaux consanguins sont homozygotes pour plus de locus (gènes) que les animaux qui ne sont pas consanguins. Par conséquent, la probabilité qu'ils transmettent le même allèle à deux de leurs descendants est plus grande que chez les animaux non consanguins. Plus un animal est consanguin, plus la probabilité qu'il soit homozygote est grande. Ainsi, plus la probabilité qu'il transmette le même allèle à deux de ses descendants est grande. Un ancêtre commun consanguin entraîne une relation génétique additive plus élevée entre deux animaux. Plus haute de combien ? Proportionnellement à la probabilité que l'ancêtre commun transmette le même allèle à la progéniture, ce qui est égal au niveau de consanguinité.

Voici la même formule (5.1) pour la relation génétique additive entre X et Y comme avant, mais maintenant en incluant le niveau de consanguinité (F) de l'ancêtre commun. F indique combien il est plus probable que le même allèle soit transmis à deux descendants.

$$a_{X,Y} = \sum_{i=1}^m \left(\frac{1}{2}\right)^{(n_i+p_i)} (1 + F_{w_i})$$

5.5

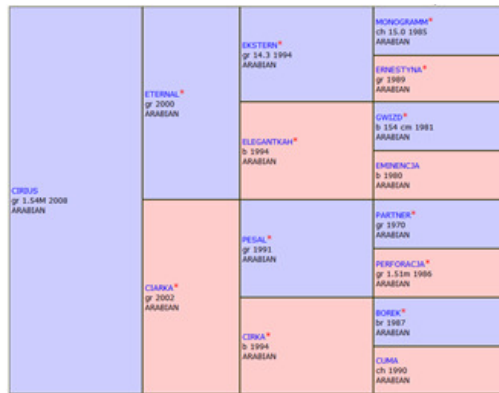
Revenons à l'exemple de la figure 5.2; Le pedigree 2 ne donne aucune information sur la consanguinité des animaux F et G .

La relation additive entre J et K est de 0,125 dans le cas où F et G ne sont pas consanguins. La question est: quelle serait la différence pour la relation génétique additive entre J et K si G était consanguin ? Supposons que le coefficient de consanguinité de $G = 0,23$, donc $FG = 0,23$. Cela implique que la probabilité que H et moi recevions le même allèle de G est 23% plus grande qu'avant. La probabilité que le même allèle soit transmis à J et K est 23% plus grande qu'avant. Auparavant, il était $\frac{1}{4} * 1 = 0,0625$, maintenant il devient $\frac{1}{4} * (1 + 0,23) = 0,0769$. Si F n'était pas consanguin, la relation génétique additive entre J et K devient $\frac{1}{4} + \frac{1}{4} * 1,23 = 0,0625 + 0,0769 = 0,139$. Les animaux J et K sont plus apparentés parce que leur ancêtre commun G était consanguin.

Importance du nombre de générations pour les calculs de consanguinité

Les conclusions quant à savoir si un animal est consanguin ou non doivent toujours être faites en se référant au nombre de générations de généalogie qui ont été prises en compte.

A titre d'illustration, le premier schéma montre le pedigree de Cirius (figure 5.5 supérieur) sur trois générations. C'est un cheval arabe, élevé à partir de lignées polonaises. En remontant trois générations dans son pedigree, on pourrait conclure que Cirius n'est pas consanguin: ses parents Eternal et Ciarka n'ont pas d'ancêtres communs.



CIRIUS gr 1.54M 2008 ARABIAN	ETERNAL gr 2000 ARABIAN	EKSTERN [*] gr 14.3 1994 ARABIAN	MONOGARAMA [*] ch 15.0 1985 ARABIAN	NEGATRAZ [*] b 1971	BASK [*] b 1956	
			ERNESTYNA [*] gr 1989 ARABIAN	MONOGARAMA [*] ch 14.3 1963	NEGOTKA [*] gr 1967	
			GWIZD [*] b 154 ch 1981 ARABIAN	ERWINA [*] gr 1984	KNIPPEL [*] ch 15.1 1954	
		ELEGANTKAH [*] b 1994 ARABIAN	EMINENCJA b 1980 ARABIAN	PROBAT [*] b 1975	MONOPOLJA [*] b 15.0 1956	
			PARTNER [*] gr 1979 ARABIAN	GWIAZDA b 1971	BANAT [*] b 1967	
			PERFORACJA [*] gr 1.51m 1986 ARABIAN	ALGOMES [*] b 1979	PERLEJA gr 1974	
	CIARKA [*] gr 2002 ARABIAN	PEGAL [*] gr 1991 ARABIAN	CIRKA [*] b 1994 ARABIAN	BOREK [*] br 1987 ARABIAN	ELI [*] gr 1963	ELI [*] gr 1963
				CIRA ch 1990 ARABIAN	ELONGA b 1968	CELESTE [*] b 1949
				ERVAL [*] gr 1.46m 1975	ELIORKA [*] b 1950	ALGORITHM [*] b 1961
		RENTOGA [*] b 1978	ELIORKA [*] b 1950	ALMIFAR [*] b 1960		
		FAVOR [*] br 1.53m 1981	ELIORKA [*] b 1950	ELIORKA [*] b 1950		
		BOROWINA [*] b 1979	ELIORKA [*] b 1950	ELIORKA [*] b 1950		
DUKALPIUS [*] gr 15.0 1974	ELIORKA [*] b 1950	ELIORKA [*] b 1950				
CIRPAGA [*] gr 1984	ELIORKA [*] b 1950	ELIORKA [*] b 1950				
			ELIORKA [*] b 1950	ELIORKA [*] b 1950	ELIORKA [*] b 1950	

Graphique 5.5. Pedigree de Cirius

LA CONSANGUINITE

Cependant, deux autres générations (le deuxième schéma) sont incluses, il devient évident qu' Eternal et Ciarka sont liés par trois ancêtres communs: Probat, Banat et Palas. Si la relation génétique additive entre Eternal et Ciarka est calculée, les contributions de Probat, Banat et Palas doivent être prises en compte. Sur la base de ce pedigree, on pourrait conclure qu'aucun des ancêtres communs n'est consanguin. Regardons d'abord la contribution de Probat à la relation génétique additive entre Eternal et Ciarka. L'homologation a vécu trois générations plus tôt qu' Eternal et quatre générations plus tôt que Ciarka. Eternal est donc plus susceptible de partager des allèles avec Probat que Ciarka.

La probabilité que Eternal et Ciarka partagent les allèles de Probat est $\frac{1}{2} \times \frac{1}{2} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{8} = 0,0078125$. Palas a vécu quatre générations plus tôt qu' Eternal et Ciarka, ce qui donne une probabilité qu'ils partagent des allèles de Palas de $\frac{1}{2} \times (\frac{1}{2} + \frac{1}{2}) = 0,00390625$. Banat a également vécu quatre générations plus tôt qu' Eternal et Ciarka, ce qui entraîne également une probabilité qu'ils partagent des allèles de Banat de $0,00390625$. La combinaison de ces résultats pour les trois ancêtres communs aboutit à une probabilité globale qu'Éternal et Ciarka partagent des allèles d'ancêtres communs de $0,0078125 + 0,00390625 + 0,00390625 = 0,015625 = 1,5625\%$.

Il s'agit d'une faible relation génétique additive entre Eternal et Ciarka, ce qui entraîne un coefficient de consanguinité très faible de 0,78% (ou 0,0078125) pour Cirius. Plus il y aura de générations (figure 5.5. Vers le bas), plus la relation génétique additive entre Eternal et Ciarka sera élevée, et avec cela, plus le coefficient de consanguinité de Cirius augmente.

Donc:

Les relations génétiques additives et les coefficients de consanguinité ne sont qu'indicatifs étant donné le nombre de générations de généalogie considérées.

Le conseil est d'utiliser au moins cinq générations de pedigree afin de calculer le coefficient de consanguinité standard.

5.10. Consanguinité au niveau de la population: le taux de consanguinité

Le niveau de consanguinité dans une population spécifique peut être considéré comme le coefficient de consanguinité moyen pour tous les animaux de la population à un moment donné. Comme démontré ci-dessus, tous les animaux d'une population sont apparentés, même si ce n'est que très peu. Par conséquent, si le coefficient de consanguinité moyen entre les générations est comparé, il augmentera toujours. Cette augmentation est appelée le taux de consanguinité ou ΔF .

En fonction du taux de consanguinité ou de l'augmentation moyenne de la consanguinité d'une génération à l'autre, il existe plusieurs types de consanguinité:

- consanguinité incestueuse, lorsque $\Delta F = 12-25\%$
- proche consanguinité, lorsque $\Delta F = 6-12\%$
- consanguinité modérée, lorsque $\Delta F = 1-6\%$
- consanguinité à distance, lorsque $\Delta F < 1\%$

La vitesse d'augmentation dépend de la parenté entre les animaux de la population. Plus les animaux sont apparentés, plus leur progéniture sera consanguine et plus le taux de consanguinité augmente. Le pourcentage de consanguinité donne une indication :

- le risque de dépression de consanguinité
- la diminution de la diversité génétique (et donc de la place pour la capacité d'adaptation des animaux en réponse à un changement de l'environnement).

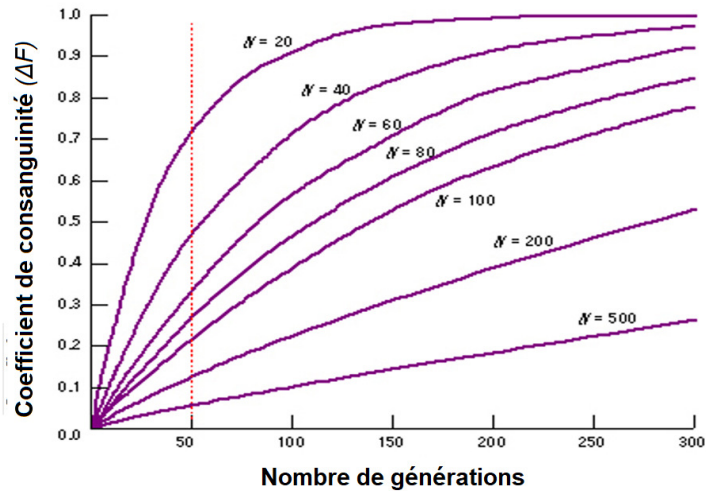
Le taux de consanguinité par génération peut être calculé rétrospectivement à partir de la consanguinité moyenne de la génération actuelle par rapport à celle de la précédente, par rapport à ce qui reste à 100% consanguinité:

$$\Delta F = (F_t + 1 - F_t) / (1 - F_t) \quad 5.6$$

Par exemple, si le niveau moyen de consanguinité dans la génération 5 est de 3,5% et dans la génération 6 il est de 3,9%, alors le taux de consanguinité est de $(0,039 - 0,035) / (1 - 0,035) = 0,0041 = 0,41\%$. S'il est calculé en% F_t doit être soustrait de 100 au lieu de 1.

Si l'on ne regarde qu'une seule génération, alors c'est une bonne approximation de simplement considérer la différence entre les deux générations. Cependant, pour les évaluations sur plusieurs générations, il est plus précis de diviser par la différence pour déterminer la consanguinité, car l'augmentation du niveau de consanguinité d'une génération à l'autre n'est pas linéaire. Le niveau maximal de consanguinité est de 1 (entièrement consanguins) et une augmentation supplémentaire n'est pas possible dans les populations d'animaux vertébrés. Une augmentation du niveau de consanguinité indique une augmentation de la probabilité qu'un animal devienne homozygote pour un locus sur le génome. Plus un animal devient consanguin, plus la probabilité que les loci restants soient homozygotes chez la progéniture en raison de l'accouplement avec un animal apparenté est faible.

Ces animaux apparentés sont eux-mêmes consanguins, et donc homozygotes pour une partie de leurs loci. La progéniture sera également homozygote pour ces loci, mais ce n'est pas une augmentation de l'homozygotie car les deux parents étaient déjà homozygotes.



Graphique 5.6. La relation entre le changement non linéaire du niveau de consanguinité d'une génération à l'autre dans une population et la taille de la population.

Selon le nombre d'individus dans la population, en supposant des accouplements aléatoires d'individus, le niveau de consanguinité augmente plus rapidement, en particulier dans les petites populations. La ligne rouge pointillée indique que jusqu'à ce niveau peut être considéré comme une augmentation linéaire du niveau de consanguinité au cours des cinq premières générations depuis la fondation de la population. En réalité, les populations existent déjà depuis de nombreuses générations, de sorte que la valeur initiale du coefficient de consanguinité dans la première génération considérée ne sera jamais nulle.

Reproduit, avec permission, de McDonald, 2004.

La progéniture est toujours très consanguine, le niveau de consanguinité augmente à chaque génération jusqu'à ce que tous les animaux soient pleinement consanguins. La vitesse à laquelle cela se produit, par rapport à la consanguinité totale, diminue lorsque les niveaux moyens de consanguinité deviennent élevés.

La figure 5.6 montre la relation entre le niveau de consanguinité moyen dans une population à travers les générations et la taille de la population, en supposant un accouplement aléatoire parmi les individus. De toute évidence, le niveau de consanguinité augmente le plus rapidement dans la plus petite population. La ligne rouge en pointillé indique que pour ces tailles de population, il est acceptable de supposer une augmentation linéaire du niveau de consanguinité pour les cinq premières générations à partir du moment où la population a été fondée.

En réalité, les populations existent généralement déjà depuis de nombreuses générations, la valeur initiale du coefficient de consanguinité dans la première génération considérée ne sera pas de 0. En gardant à l'esprit qu'il est toujours sage d'exprimer le taux de consanguinité par rapport à ce qu'il en reste. à la consanguinité complète.

Définition

Le taux de consanguinité exprime l'augmentation du niveau moyen de consanguinité dans une population d'une génération à l'autre.

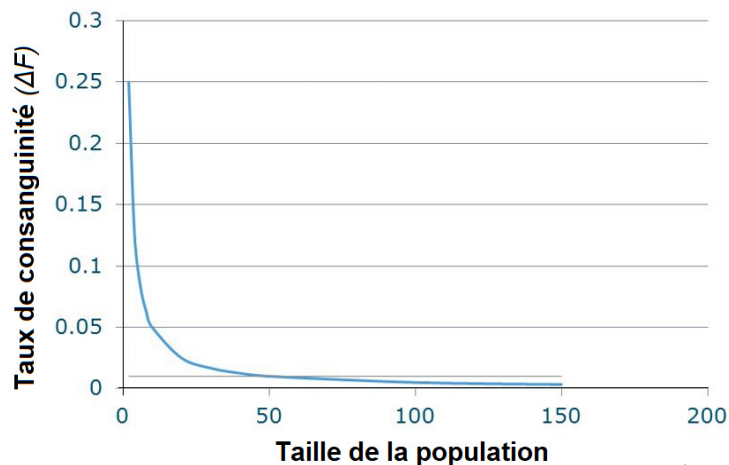
Étant donné que l'augmentation de la consanguinité n'est pas linéaire, le taux de consanguinité est exprimé par rapport à la proportion de la population éloignée de la consanguinité totale. Par exemple, si le niveau moyen de consanguinité dans une population est de 0,23 et qu'il était de 0,21 dans la génération précédente, alors le taux de consanguinité est de $(0,23 - 0,21) / (1 - 0,21) = 0,0253$. C'est plus de $0,23 - 0,21 = 0,02$, ce qui montre que la situation de la consanguinité est sous-estimée si l'augmentation non linéaire du niveau de consanguinité n'est pas prise en compte.

5.11. Relation entre le taux de consanguinité et la taille de la population

Le taux de consanguinité dépend de la taille de la population. Il est important de comprendre que cela fait référence à la population reproductrice active et non à la population totale. Pour pouvoir prédire le taux de consanguinité à la génération suivante, il faut savoir combien de mâles et combien de femelles participent à la reproduction.

La figure 5.7 montre la relation entre la taille de la population et le taux de consanguinité dans une population reproductrice équilibrée, c'est-à-dire un nombre égal de mâles et de femelles reproducteurs. Le taux de consanguinité augmente très rapidement avec la diminution de la taille de la population lorsque la taille de la population tombe en dessous de 50, si 25 mâles et 25 femelles sont utilisés comme parents pour la génération suivante, et qu'ils sont accouplés au hasard.

Le fait que les animaux soient accouplés au hasard est tout à fait essentiel dans l'exemple donné. L'accouplement non aléatoire peut influencer le taux de consanguinité. Un animal est consanguin si et seulement si ses parents sont apparentés. Afin d'éviter la consanguinité, des animaux non apparentés peuvent être accouplés. Cela fonctionnerait, mais ce n'est qu'une solution temporaire. Finalement, tous les animaux sont à nouveau liés et les animaux liés à l'accouplement ne peuvent plus être évités.



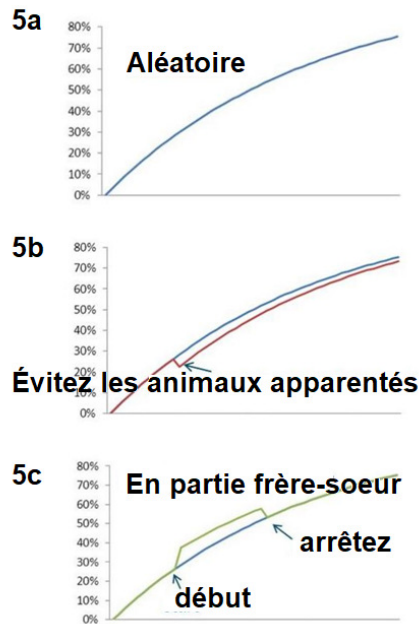
Graphique 5.7. La relation entre la taille de la population et le taux de consanguinité pour une situation équilibrée: nombre égal de mâles et de femelles reproducteurs.

Le taux de consanguinité devient le même que dans le cas où l'accouplement aléatoire est appliqué. Les conséquences de la consanguinité sont reportées, pas évitées. Graphique 5.8.b. illustre très bien cela.

5.12. Systèmes d'accouplement et consanguinité

La consanguinité peut également être effectuée exprès. Par exemple, en accouplant un père à sa fille, puis aussi à sa petite-fille. C'est ce qu'on appelle l'amélioration génétique en ligne. Certains éleveurs effectuent des reproductions en ligne parce qu'ils veulent fixer les allèles positifs d'un certain mâle supérieur. En théorie, ce n'est pas une mauvaise idée. La consanguinité augmente l'homozygotie, cela implique également les allèles positifs. Malheureusement, il existe deux faits principaux contre la reproduction en ligne.

Tout d'abord, avec la lignée, les animaux reproducteurs deviennent consanguins, et donc homozygotes, pour de nombreux et finalement la plupart des allèles de cet animal ancêtre supérieur. Cependant, tous ses allèles ne sont pas également souhaitables. L'animal ancêtre pourrait être porteur d'un certain nombre de troubles récessifs qui pourraient devenir homozygotes chez les descendants consanguins. L'animal supérieur ne souffre pas de ces troubles car il est hétérozygote, quelle que soit sa descendance consanguine, donc homozygote.



Graphique 5.8. Effet des systèmes d'accouplement sur la consanguinité

Graphique 5.8.a illustre l'augmentation de la consanguinité d'une génération à l'autre lorsque l'accouplement aléatoire est appliqué.

Dans la figure 5.8.b, l'effet d'éviter les animaux liés à l'accouplement est indiqué. Le niveau de consanguinité diminue immédiatement, mais se rapproche lentement de la situation sous accouplement aléatoire.

Dans la figure 5.8.c l'augmentation de la consanguinité due à l'accouplement volontaire d'animaux apparentés est illustrée. Cet effet peut être inversé en revenant à l'accouplement aléatoire.

Deuxièmement, la sélection en ligne (comme toute consanguinité), a un effet décroissant sérieux sur la variation génétique de la population si elle est fréquemment appliquée par de nombreux éleveurs. Cela réduira la capacité de la population à s'adapter à l'avenir à un environnement changeant. L'augmentation du niveau de consanguinité due aux décisions d'accouplement peut être inversée en supprimant les restrictions d'accouplement et en introduisant un accouplement aléatoire. Ceci est illustré sur la figure 5.8.c. Les exemples de la figure 5.8 montrent qu'à long terme, le taux de consanguinité dépend de la relation génétique additive moyenne entre les animaux de la population. La consanguinité peut être évitée ou augmentée en ajustant les stratégies d'accouplement. Cependant, à la fin, le taux de consanguinité sera toujours déterminé par la parenté génétique moyenne entre les animaux.

Donc:

*Le **taux de consanguinité (ΔF)** est déterminé par la parenté moyenne entre les animaux de la population. Elle peut être temporairement diminuée en évitant l'accouplement d'animaux apparentés, ou augmentée en accouplant volontairement des animaux apparentés.*

5.12.1. Outcross pour réduire la consanguinité

La consanguinité a lieu lorsque des animaux apparentés, un père et une mère, sont accouplés. Ensuite, leur progéniture est consanguine. Lorsque les deux, le père et la mère sont consanguins, mais ne partagent pas d'ancêtres communs, ils ne sont pas liés. Ainsi, leur progéniture n'est pas consanguine car la consanguinité n'est pas héréditaire. Lorsqu'un mâle d'une autre race est utilisé dans une population, ce mâle n'a aucun ancêtre commun avec aucune des femelles de la race en question. Même lorsque cette race a un coefficient moyen de consanguinité élevé, tous les descendants du père «étrangé» ont un coefficient de consanguinité nul. Un croisement est très efficace pour réduire la consanguinité et pour réduire les problèmes de consanguinité. Ci-dessous, un exemple de croisement est donné avec le pedigree d'un animal individuel où le père et la mère ne sont pas apparentés.

Dans le pedigree de Naen, le père Ferdinand est consanguin: ses parents Tsjalling et Crisje partagent Ritske P et Bouke P comme ancêtres communs. La mère Truus est consanguine: ses parents Kerst et Klasine partagent Ynte comme ancêtre commun. Sur la base des 5 générations de ce pedigree, le fils Naen de Ferdinand et Truus n'est pas consanguin car Ferdinand et Truus ne sont pas liés: ils ne partagent pas un ancêtre commun. Un tel accouplement au sein d'une race est souvent appelé un «croisement».

5.13. Prédire le taux de consanguinité

Jusqu'à présent, le taux de consanguinité a été évalué rétrospectivement. Cependant, comme il fournit une indication de l'augmentation attendue de la dépression de consanguinité, il serait intéressant d'estimer le taux de consanguinité dans les générations à venir. Pour les données futures, seules des approximations peuvent être faites. Une formule simple pour avoir des idées sur les effets des décisions de sélection par rapport au nombre d'animaux reproducteurs est:

$$\Delta F = \frac{1}{8N_m} + \frac{1}{8N_f} \quad 5.7$$

Si le nombre de mâles et de femelles utilisés pour la reproduction est connu, le taux de consanguinité peut être prédit. Naturellement, le taux exact de consanguinité dépendra des relations génétiques entre animaux qui ne sont pas prises en compte dans cette formule. Quoi qu'il en soit, comme le montrent les figures 5 et 6, le taux de consanguinité dépend plus de la taille de la population que de la stratégie d'accouplement.

Cette formule fournit une approximation, en supposant que ces nombres représentent la taille de la population, qu'aucune sélection n'est faite, et aussi que la taille des familles n'est ni extrêmement petite ni grande par rapport à la taille des autres familles.

Par exemple: Une population de 3000 animaux est donnée. Sur ce nombre, seuls 20 mâles et 300 femelles participent à la reproduction. Chaque femelle a 10 descendants. Quel est le taux de consanguinité dans cette population?

*Réponse: Même si la population est de 3000 animaux, seuls 320 d'entre eux participent à l'amélioration génétique: 20 mâles et 300 femelles. Remplir cela dans la formule donne un taux de consanguinité prévu de $1 / (8 * 20) + 1 / (8 * 300) = 0,0067 = 0,67\%$.*

20 mâles et 300 femelles, soit 320 reproducteurs, donnent un taux de consanguinité de 0,67%. La répartition de ces 320 animaux entre mâles et femelles importait-elle? Et si 160 mâles et 160 femelles étaient utilisés? Et s'il n'y avait que 2 mâles accouplés avec 318 femelles? En utilisant la formule ci-dessus, il devient clair que plus la proportion de mâles reproducteurs par rapport aux femelles est asymétrique, plus le taux de consanguinité est élevé. Et la taille de la population? Cela importe-t-il? Et si seulement un mâle et une femelle sont utilisés pour la reproduction? Et comment le taux de consanguinité changerait-il si ce nombre passait à 10 mâles et 10 femelles? Ou 100 mâles et 100 femelles? Dans les très petites populations reproductrices, le taux de consanguinité ne peut être contrôlé en utilisant un nombre égal de mâles et de femelles pour la reproduction.

Jusqu'à présent, la taille de la famille, c'est-à-dire le nombre de descendants chez les mâles et les femelles, a été supposée égale pour toutes les familles. Dans la vraie vie, ce n'est pas vrai. La famille la plus nombreuse a la plus grande influence sur le taux de consanguinité, car elle aura la plus grande proportion dans la ou les générations suivantes. On a également supposé que la taille de la population reste constante d'une génération à l'autre. Cela pourrait également être différent en réalité. Il y a plusieurs raisons pour lesquelles les populations peuvent diminuer en taille, une diminution de la popularité ou une épidémie d'une maladie n'est que deux exemples.

Donc:

Le taux de consanguinité dépend d'une combinaison de la proportion de mâles reproducteurs par rapport aux femelles

- *le nombre de mâles et de femelles reproducteurs*
- *variation de la taille de la famille*
- *fluctuation de la taille de la population*

LA CONSANGUINITE

Leur nombre pourrait également augmenter car la popularité augmente, les taux de mortalité inférieurs aux prévisions, etc.

Exemple: *taux de consanguinité chez le Frison Holstein*¹

Même si la population de bovins Holstein Friesian est très importante, la relation génétique additive moyenne entre ces animaux est également élevée. En raison de l'utilisation de l'IA, le nombre de descendants par père est souvent très important. Certains taureaux sont beaucoup plus utilisés pour la reproduction que d'autres, ce qui se traduit par une taille de famille très inégale.

¹ *Même si les Frisons Holstein du monde entier sont liés les uns aux autres, il existe un certain degré de sous-populations dans les différents pays. Au Danemark, par exemple, le taux de consanguinité est estimé à 1%, en Irlande à 0,7% et aux États-Unis à 1,3%. Ce sont des valeurs très élevées, compte tenu du fait que des millions de vaches sont utilisées pour la reproduction et que des centaines de taureaux sont disponibles. Cependant, seul un nombre limité est utilisé pour l'élevage, et sur un très grand nombre de vaches. Ceci est un exemple clair de l'effet d'une taille de famille très inégale (certains taureaux en utilisaient beaucoup plus que d'autres) sur le taux de consanguinité.*

5.14. Questions clés sur la diversité génétique et la consanguinité

1. La diversité génétique représente la présence de différences génétiques au sein d'une espèce entre les animaux, à la fois entre et au sein des populations.
2. La diversité génétique est importante pour maintenir la flexibilité dans une population, pour prévenir la dépression de consanguinité, pour empêcher l'augmentation de la fréquence des animaux souffrant de troubles monogénétiques récessifs.
3. La diversité génétique est influencée par la dérive génétique et la consanguinité, la sélection, la migration et la mutation.
4. La consanguinité indique la probabilité qu'un animal reçoive la même allèle des deux parents parce qu'ils sont apparentés.
5. La relation génétique additive est une estimation de la proportion d'allèles que deux individus ont en commun parce qu'ils sont liés. La relation génétique additive réelle peut différer de celle estimée en raison de l'échantillonnage mendélien.
6. Les coefficients de consanguinité et les relations génétiques additives ne sont qu'indicatifs étant donné le nombre de générations de généalogie considérées (minimum 5).
7. Le taux de consanguinité est non linéaire et exprime l'augmentation du niveau moyen de consanguinité dans une population d'une génération à l'autre.
8. Le taux de consanguinité dépend d'une combinaison de la proportion de mâles reproducteurs par rapport aux femelles, du nombre de mâles et de femelles reproducteurs, de la variation de la taille de la famille et de la fluctuation de la taille de la population.
9. La FAO conseille de limiter le taux de consanguinité à 0,5 à 1%

Chapitre II. 7

HÉRITAGE DES CARACTÈRE MONOGÈNES

Comme nous l'avons appris auparavant, les traits des animaux peuvent avoir un fond monogénique ou polygénique. Nous pouvons sélectionner des animaux pour les caractères polygéniques sur la base des valeurs d'élevage estimées comme expliqué dans le chapitre précédent.

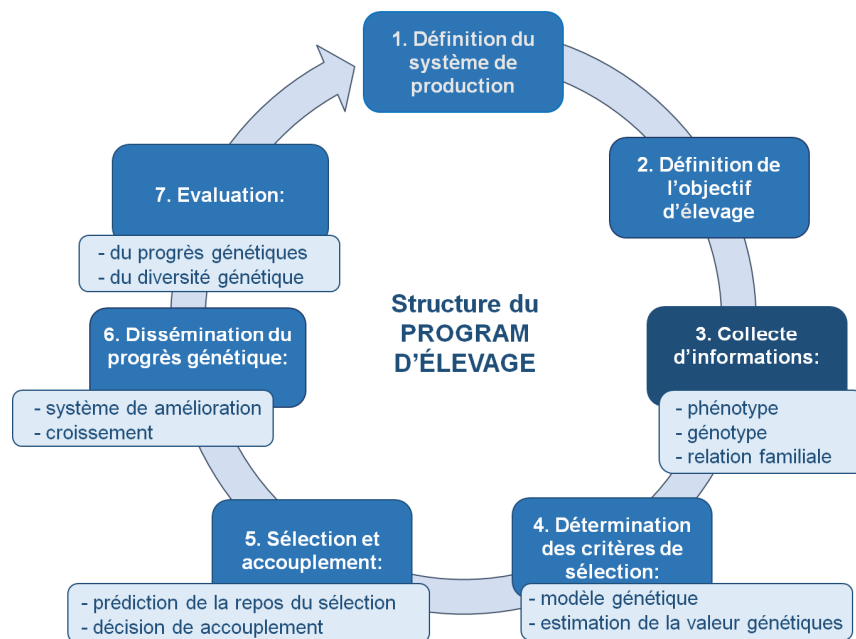


Schéma d'un programme d'amélioration: *héritage des caractère monogènes*

Des exemples de traits monogéniques sont: la couleur des animaux, le nanisme, une musculature extrême, des malformations ou des troubles de santé graves. Les allèles déterminant l'expression des caractères monogéniques peuvent être dominants, intermédiaires ou récessifs. Pour les allèles de caractères monogéniques, les fréquences d'allèles peuvent être calculées. Les caractéristiques des caractères monogéniques seront d'abord expliquées, puis les aspects de sélection des caractères monogéniques avec les effets positifs souhaités seront discutés et enfin la manière dont le monogénétique avec des effets négatifs indésirables (défauts génétiques) peut être traité dont les programmes de sélection seront décrits.

La raison pour laquelle il faut accorder beaucoup d'attention aux traits monogénétiques est que beaucoup sont déterminés par des allèles récessifs / dominants. Il est alors impossible de distinguer les hétérozygotes des porteurs homozygotes des allèles dominants. Ensuite, vous ne pouvez pas déterminer la valeur génétique de tous les animaux pour de tels traits monogéniques. C'est un problème, qu'il s'agit d'aspects positifs ou négatifs des allèles.

Caractéristiques des caractères monogéniques

Pour répéter brièvement: les loci d'un caractère monogénique peuvent contenir des allèles identiques: l'animal est homozygote pour ce caractère. Il a obtenu un allèle identique du père et de la mère. Un loci peut également contenir deux allèles différents: l'animal est hétérozygote pour ce caractère. Il a obtenu un allèle du père et un non-identique de la mère. Homozygote implique que tous les descendants d'un animal homozygote obtiendront un allèle similaire de cet animal lorsqu'il est utilisé pour la reproduction et hétérozygote implique que les descendants obtiendront l'un des deux allèles avec une chance de 50%. Chez les animaux hétérozygotes, nous pouvons être préoccupés par l'hérédité intermédiaire (la valeur du trait d'hétérozygote se situe juste entre les valeurs des deux formes homozygotes) ou par la dominance / récessivité. Alors l'animal hétérozygote ne peut pas être distingué de l'une des formes homozygotes sur la base de leurs phénotypes; ils ne sont pas différents.

HERITAGE DES CARACTÈRE MONOGÉNIQUE

6.1. Calcul des fréquences alléliques

Dans une population d'animaux, nous pouvons calculer les fréquences alléliques et les fréquences génotypiques pour un caractère monogénique. Ceci est utile lorsque vous avez un animal avec des allèles connus pour un certain caractère monogénique et que vous souhaitez calculer les chances de trouver un autre animal (pour l'accouplement) avec un génotype souhaité pour ce caractère. Supposons qu'un trait monogénique a deux allèles Z et z . Ensuite, les animaux auront un des trois génotypes possibles: Z/Z , Z/z ou z/z . Exemple: dans une population de 630 animaux on compte 375 animaux avec le génotype Z/Z , 218 avec le génotype Z/z et 37 avec le génotype z/z . La fréquence des trois génotypes dans la population est: $375/630 = 0,595$; $218/630 = 0,346$ et $37/630 = 0,059$. Les fréquences alléliques peuvent être calculées comme suit: Z/Z les animaux ont 2 allèles Z ; Z/z les animaux ont 1 Allèle Z et z/z ont 0 allèles Z . Ainsi, la fréquence de l'allèle Z est: $0,595 + 0,5 * 0,346 = 0,768$. le Z/z les animaux ont 1 allèle z et le z/z les animaux en ont deux allèles z . Ainsi, la fréquence de la z l'allèle est: $0,5 * 0,346 + 0,059 = 0,232$. En génétique des populations, la fréquence des allèles est notée comme la fréquence de p et la fréquence de q . Dans ce cas $p = 0,768$ et q est égal à $0,232$. La somme de p et q est toujours égal à 1 (dans cet exemple: $0,768 + 0,232$).

6.2. Equilibrium de Hardy et Weinberg

Les fréquences des génotypes et des allèles ont une relation. Lorsque les fréquences alléliques sont connues, les fréquences génotypiques peuvent être calculées. Cette relation est connue en génétique des populations sous le nom de loi de Hardy et Weinberg - figure 6.1. Cette loi est valable dans une population stable (par exemple pas de migration) au fil des générations. Dans une population aussi stable, l'équilibre Hardy et Weinberg est en jeu.

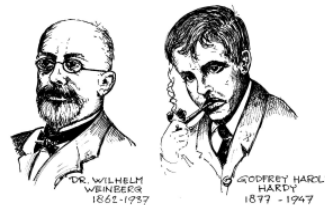


Figure. 6.1. Hardy et Weinberg

Définition

Équilibre de Hardy et de Weinberg implique que dans les grandes populations avec accouplement aléatoire entre les parents, et en l'absence de sélection, de migration, de mutation et de dérive aléatoire, les fréquences du génotype et des allèles sont constantes (ne changent pas de génération en génération) et les fréquences du génotype peuvent être calculées à partir du fréquences allèles

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

L'équilibre de Hardy et Weinberg indique la stabilité d'une population au fil des générations (voir tableau 6.1). La fréquence du génotype $Z/Z = p * p$, $Z/Z = p^2$, car ils proviennent d'une combinaison de spermatozoïdes et d'ovocytes portant l'allèle Z chacun avec une fréquence de p . La fréquence du génotype $z/z = q * q$, $z/z = q^2$, car ils proviennent d'une combinaison de spermatozoïdes et d'ovocytes portant l'allèle z chacun avec une fréquence de q . Le génotype Z/z est créé de deux manières: par combinaison d'un spermatozoïde avec l'allèle Z (fréquence p) et d'un ovocyte avec l'allèle z (fréquence q) et par combinaison d'un spermatozoïde avec l'allèle z (fréquence q) et un ovocyte avec l'allèle Z (fréquence p). Donc la fréquence du génotype $Z/z = 2 * p * q = 2pq$.

Les fréquences des allèles et des génotypes dans une population déterminent la proportion d'animaux avec des phénotypes différents pour les caractères monogéniques. L'effet de la sélection pour les caractères monogéniques souhaités ou contre les caractères monogéniques indésirables dépend en partie des fréquences d'allèles sous-jacentes. C'est la raison pour laquelle il faut prêter attention aux fréquences des allèles et des génotypes ici.

Dans les populations d'animaux reproducteurs, l'accouplement des parents n'est souvent pas aléatoire et les parents sont sélectionnés en fonction des caractères d'objectif de reproduction. Parfois, l'immigration d'animaux provenant d'autres populations est en jeu et, dans de petites populations, la dérive aléatoire peut entraîner des changements dans la fréquence des allèles. Par conséquent, dans la plupart des populations reproductrices, la présence de l'équilibre de Hardy et de Weinberg est douteuse.

Tableau 6.1.

Les fréquences des allèles et des génotypes lorsque les animaux sont accouplés dans une population en équilibre de Hardy et Weinberg

Ovocyte	Allèle	La fréquence	Allèle	La fréquence
Spermatozoïde	Z	p	z	q
Allèle Z	ZZ		Zz	
La fréquence p		p^2		pq
Allèle z	Zz		zz	
La fréquence q		pq		q^2
$(pZ + qz)^2 = 1$ ou $p^2 (ZZ) + 2pq (Zz) + q^2 (zz) = 1$				

HERITAGE DES CARACTÈRE MONOGÉNIQUE

Néanmoins, il est utile de prédire les fréquences génotypiques à partir des fréquences alléliques connues pour les caractères monogéniques non sélectionnés.

6.3. Effets aléatoires dans les accouplements

Lorsque les génotypes des parents sont connus, vous savez à quels génotypes vous pouvez vous attendre chez la progéniture. Ces attentes sont basées sur les lois mendéliennes, mais en raison d'effets aléatoires, le monde réel peut s'écarter des attentes.

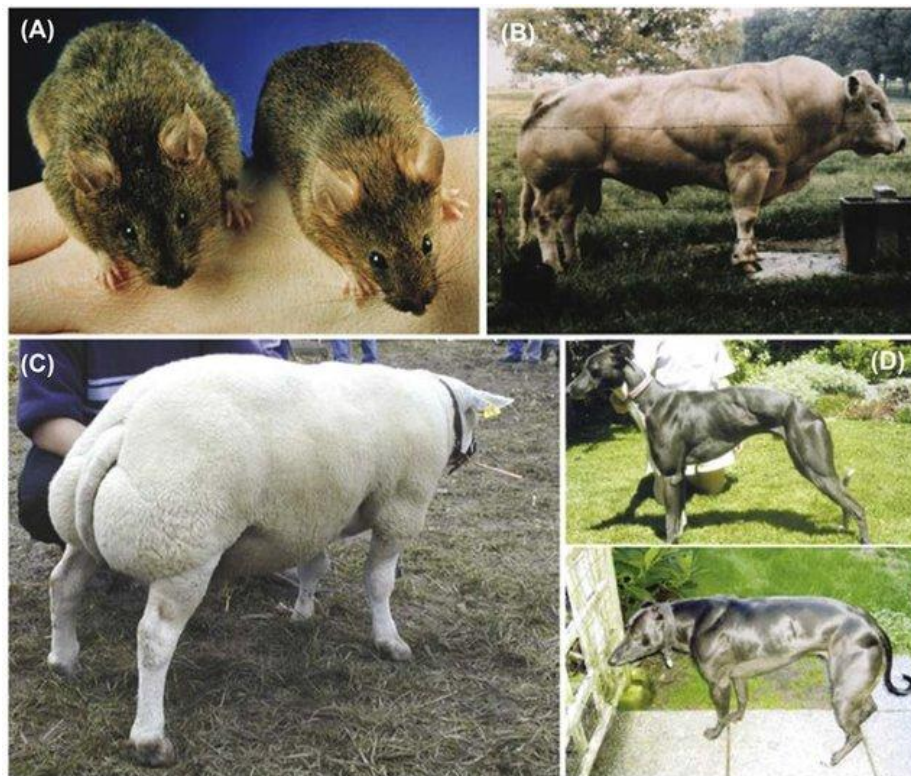
Par exemple, lorsque vous accouplez deux chiens parents, dont un avec le génotype Z/Z et l'autre avec Z/z vous obtiendrez une progéniture dont en moyenne 50% a le génotype Z/Z et 50% le génotype Z/z . Mais dans une portée de 4, vous pouvez même avoir 4 chiots avec : Z/Z et 0 avec Z/z . La raison en est que par la création d'un embryon à chaque fois la chance pour le génotype Z/Z est aussi élevé que pour le Z/z génotype (chacun 50%). C'est une conséquence de l'échantillonnage mendélien: chaque progéniture reçoit 50% du paquet génétique d'un parent, mais vous ne savez pas quelle moitié. Ainsi, il est toujours possible de calculer l'espérance moyenne pour les génotypes de la progéniture lorsque vous accouplez deux parents avec des génotypes connus, mais les effets aléatoires provoquent des écarts par rapport à l'attente moyenne.

6.4. Aspects de la reproduction des gènes avec des effets (positifs) importants

La recherche en génétique moléculaire augmente le nombre de gènes ayant un effet marqué (gènes majeurs) sur la qualité des produits animaux et affectant la fertilité de plusieurs espèces.

6.4.1. Double gène musclé

Par exemple, dans de nombreuses espèces (par exemple bovins, ovins, porcins, chevaux, chiens et humains), le gène de la myostatine est connu (figure 6.2). Ce locus a un allèle récessif qui, chez les animaux homozygotes, donne naissance au double schéma musculaire. Une race à laquelle la fixation de cet allèle est visée est la race bovine Belge Blanc Bleu. La race est célèbre pour les carcasses lourdes, les muscles épais et le pourcentage élevé de viande dans la carcasse. Cependant, un pourcentage élevé de femelles homozygotes pour le double allèle musculaire du gène de la myostatine ne peut pas donner naissance de manière naturelle. Ces veaux sont nés par césarienne, ce qui a conduit à une discussion éthique sévère dans de nombreux pays.



Graphique 6.2. Images d'espèces animales avec hyperplasie musculaire

En l'absence de myostatine (dans les génotypes récessifs), une hyperplasie musculaire exagérée se produit. (A) Souris sans myostatine vs souris normale; (B) Taureau et (C) bélier avec hyperplasie musculaire; et (D) chien normal contre chien sans myostatine.

Source: Lee 2007.

Chez d'autres espèces, les animaux homozygotes pour le gène de la myostatine posent des problèmes similaires lorsqu'ils accouchent et qu'une césarienne est nécessaire.

6.4.2. Gènes de protéines de lait

Un autre exemple de gène ayant un effet majeur connu se produit chez les bovins laitiers. Chez les bovins laitiers, on connaît un certain nombre de gènes de protéines du lait dont les allèles ont un effet différent sur le rendement en fromage. Par exemple, les allèles bêta-lactoglobulines (gène situé au chromosome 11) ont un effet marqué sur l'efficacité de la production de fromage.

HERITAGE DES CARACTÈRE MONOGÉNIQUE

Les vaches avec le BB-allèle sont les préférées pour la production de fromage. Les allèles du *DGAT 1* (gène situé sur le chromosome 14) influencent le pourcentage de matière grasse dans le lait et la composition en matière grasse du lait. L'allèle *K* augmente le pourcentage de matières grasses et de protéines et le rendement en matières grasses, tout en diminuant le rendement en lait et en protéines. Et surtout, la composition en matières grasses du lait des vaches avec l'allèles *K* est différente: ils produisent plus d'acides gras considérés comme moins favorables à la santé humaine.

6.4.3. Gène de qualité de la viande

Chez les porcs, le gène halothane (situé sur le chromosome 6) est connu pour influencer la sensibilité au stress et la qualité de la viande. Les recherches se concentrent sur le chromosome 6 chez les porcs où sont localisés des gènes qui influencent la production d'androsténone chez les verrats. L'androsténone est responsable d'une (horrible) odeur de sanglier dans la viande de verrats intacts. Jusqu'à présent, les verrats sont castrés pour éviter cette souillure de sanglier, mais la sélection contre l'odeur de sanglier est une meilleure approche pour le bien-être des verrats.

6.4.4. Gènes de fertilité

Chez le mouton, plusieurs gènes sont décrits comme ayant une influence sur la taille de la portée. On peut donner l'exemple du gène Booroola présent dans le mérinos australien ayant un effet marqué: le porteur hétérozygote produit un agneau de plus et le porteur homozygote deux agneaux de plus par portée. Cette allèle est maintenant également présente dans la race néerlandaise Texel, en croisant des béliers mérinos porteurs de l'allèle avec des brebis Texel et en recroisant les croisements avec des moutons Texel.

6.5. Gènes de couleur

Dans toutes les espèces, une grande attention est accordée à l'héritage de la couleur du pelage. La couleur du pelage est un trait important dans la reconnaissance des races. Les associations de races ont souvent des règles strictes pour le motif de couleur requis. Chez les animaux de compagnie et les animaux utilisés à des fins de loisirs, les éleveurs accordent une grande attention à l'héritage de la couleur et de la race pour les phénotypes spéciaux. Dans le passé, de nombreux gènes et allèles sont décrits comme étant impliqués dans l'héritage de la couleur. Tout d'abord, nous commençons à décrire quelques gènes jouant un rôle dans la couleur du pelage chez les ruminants, puis nous mentionnons par espèce des détails supplémentaires.

6.4.1 Gènes de couleur chez les chevaux

L'hérédité de la couleur chez les chevaux est une histoire complexe avec au moins 11 gènes différents impliqués. Deux gènes sont responsables de l'hérédité des trois couleurs de base: le noir, le marron et le rouge (tableau 6.2 et figure 6.3).

Le premier gène est le gène Extension qui détermine le pigment noir ou rouge. Le deuxième gène est le gène Agouti qui transforme le pigment noir en brun. Le *E-allèle* du gène Extension est dominant et donc un cheval n'a besoin que d'un *E-allèle* pour être noir.

L' *allèle A* du gène Agouti est également dominant: un *allèle A* suffit à changer la couleur noire en marron. Il en résulte le schéma suivant pour les combinaisons des allèles de ces deux gènes:



Graphique 6.3. Couleurs du pelage et dilution des couleurs de base chez le cheval

Couleurs de base (en haut) chez les chevaux: noir (à gauche), marron (au milieu) et rouge (à droite) et exemples de dilutions de couleurs de base de la robe (en bas): noir laiteux (dilution du noir par le gène champagne), palomino ou «isabel »(Dilution de la couleur rouge par le gène crème), peau de daim (dilution de la couleur sur la couleur de la baie et effet du gène des dunes - on observe des marques primitives telles que la ligne de l'âne, des lignes horizontales et des rayures sur les membres et au niveau du dos).



Graphique 6.4a. Taureau au phénotype sauvage



Graphique 6.4b. Vache de Bucegi Montagne avec motif agouti



Graphique 6.4c: Vache grise avec le motif roan



Figure 6.4d. Un veau gris blanc de la race Heath importé aux Pays-Bas (à gauche) et un «Witrik »(Côté couleur) vache avec le motif gris foncé.

6.4.2. Gènes de couleur chez les ruminants

Chez les ruminants, comme chez tous les mammifères, 4 gènes déterminent la couleur du pelage: le gène Extension, Agouti, Roan et le gène de dilution. Le gène d'extension détermine la couleur du pigment d'un animal. L'allèle dominant *E* est responsable de la production d'eumélanine dans les cellules du pelage des animaux noirs et de l'allèle récessif de la phaéomélanine responsable de la couleur rouge chez les animaux. Un troisième allèle est responsable du phénotype sauvage (rouge avec un léger backline figure 6.4a).

Le gène agouti est exprimé à la *Locus E* au moins un allèle sauvage est présent. C'est un exemple d'épistatis: le génotype sur le locus d'extension détermine l'expression des allèles sur le locus agouti. Les allèles agouti donnent un motif de rayures noir et rouge (figure 6.4b). Un allèle dominant au locus roan est responsable de la présence de poils blancs et colorés les uns à côté des autres. Cela conduit à une couleur grise des animaux. Le gène de dilution dilue, lorsque l'allèle dominant est homozygote, la couleur de base beaucoup. Dans le cas d'un animal noir (figure 6.4c), les animaux homozygotes donnent des motifs gris clair. Les animaux hétérozygotes ont des motifs gris foncé. Chez les bovins, ovins et caprins, des taches blanches peuvent être présentes en raison de plusieurs locus connus: les locus de taches, de flammes, de ceintures, de couleur et de

brockling.

6.4.3 Gènes de couleur chez les porcs

Chez les porcs, le gène détermine également la couleur de base. De plus, de nombreux gènes sont connus, comme chez les ruminants, qui donnent lieu à des motifs de couleur différents. Un allèle dominant au locus roan est responsable des porcs blancs complets que nous avons actuellement dans de nombreux programmes d'élevage de porcs commerciaux.

6.4.4 Couleurs de robe chez les chiens

Chez les chiens, il existe un autre allèle au locus d'extension qui est dominant sur le *E* allèle et c'est le *E (m)*, provoquant un masque noir à la tête. De plus, il y a un récessif *e* allèle, lorsqu'il est homozygote, provoquant des pelages brillants, jaunes ou rouges. Le brun est le lieu de la dilution de l'eumélanine et est un trait récessif.

Quand homozygote *bb*, l'eumélanine se diluera en une couleur de foie, brune ou chocolatée. Rien ne se passera quand un l'allèle *B* est présent. Le processus de dilution est épistatique récessif dépendant de deux allèles, *e* et *e*. L'épistatique récessive signifie que lorsque le locus est homozygote pour l'allèle *d*, la dilution est épistatique, surpassant la couleur de base, provoquant le bleuissement du noir (gris ardoise). La dilution n'a qu'un effet sur l'eumélanine, cela diffère des bovins et des chevaux *DD* et *Dd* n'ont aucun effet.

Tableau 6.2.

L'héritage de la couleur chez les chevaux

Cheval de couleur de base	Génotype E-gène (facteur rouge / noir)	Génotype A-gène (aguti)	Possible combinaisons
Noir	<i>EE ou Ee</i>	<i>aa</i>	<i>EEaa</i> <i>Eeaa</i>
Brown ou Bay	<i>EE ou Ee</i>	<i>AA ou Aa</i>	<i>EEAA</i> <i>EEAa</i> <i>EeAA</i> <i>EeAa</i>
châtaigne	<i>ee</i>	<i>AA ou Aa ou aa</i>	<i>eeAA</i> <i>eeAa</i> <i>eeaa</i>

<https://www.animalgenetics.us/equine/ccalculator1.asp>. Pour en savoir plus, voir: La génétique du cheval, 2000. AT Bowling et A. Ruvinsky

HERITAGE DES CARACTÈRE MONOGÉNIQUE

Le gène chinchilla est capable de diluer la phéomélanine. *CC* ou *Cc* sont nécessaires pour former la tyrosinase, qui est une enzyme essentielle pour la production de mélanine. Lorsque le *c* récessif est homozygote, l'animal est incapable de produire du pigment et sera un albinos le *c (cc)*, L'allèle chinchilla fait fondre encore plus les parties brunes claires d'Agouti et de Brindle jusqu'à presque blanches, mais n'affecte pas l'eumélanine noire. Cela peut également provoquer le phénotype blanc étendu, ce qui fait que les animaux noirs ont un phénotype blanc avec le nez, les pieds, les yeux et les lèvres noirs.

6.4.5 Gènes de couleur chez la volaille

Dans l'élevage de volailles, en particulier dans le travail des éleveurs amateurs, un très large spectre de couleurs de plumage est produit. Le locus d'extension a beaucoup d'allèles avec une expression différente. On sait également que les principaux locus de couleur du plumage interagissent les uns avec les autres: l'épistasie est souvent en jeu. Le plumage blanc est préféré dans les pays développés car la peau des carcasses est également blanche.

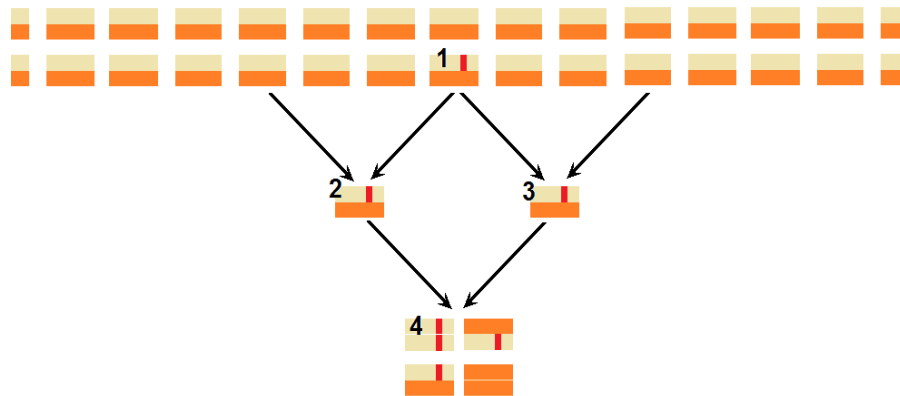
En Asie, les peaux de carcasses noires sont préférées. Une application commerciale de l'héritage de la couleur du plumage est pratiquée dans la production de couches où les coqs sont rejetés. Un locus lié au sexe pour la couleur du plumage donne la possibilité de distinguer au jour 1 de la vie, si un poussin est un mâle ou une femelle. Chez le mâle, un seul allèle du locus concerné est présent et chez la femelle deux. Deux allèles chez la femelle hétérozygote (croisée) donnent un autre motif de plumage qu'un allèle chez le mâle (croisé). Pour plus d'informations, voir par exemple <http://kippenjungle.nl/Overzicht.htm#kippengenen> il s'agit d'un site Web bilingue (néerlandais et anglais) qui fournit également des connaissances sur l'héritage de la couleur du plumage d'autres espèces.

6.5. Aspects reproductifs des caractères monogéniques ayant des effets négatifs

Dans l'élevage d'animaux de toutes les espèces et de toutes les races, les défauts génétiques causés par des mutations nécessitent une attention continue. En raison de mutations au cours de la méiose, chaque individu (même les hommes!) Porte des mutations aux effets négatifs. Lorsqu'un tel allèle muté est dominant, il aura un effet visible ou mesurable dans le support et le support n'est pas viable ou ne sera pas utilisé pour la reproduction. L'allèle muté ne se propage pas dans la population: il sera purgé. Mais lorsqu'un allèle muté est récessif, il n'aura pas d'effet pour le porteur et il ne sera pas reconnu. Il se propage dans la population lorsque le porteur est largement utilisé pour la reproduction.

L'effet de l'allèle muté sera reconnu de nombreuses générations plus tard lorsque, souvent par accident, deux descendants du porteur seront accouplés l'un à l'autre. Ensuite, avec une chance de 25% un porteur homozygote de l'allèle muté est né. Il peut ne pas être viable, mal formé ou souffrir d'un grave problème de santé tôt ou tard dans la vie. Les animaux homozygotes souffrant de défauts génétiques monogéniques apparaissent dans les populations où, dans le passé, un taureau avait un grand nombre de descendants, beaucoup plus gros que les autres taureaux utilisés au même moment. Ce fait est illustré dans la figure 6.5 ci-dessous:

De ce fait, on peut apprendre que dans l'élevage d'animaux, il n'est pas sage de créer un grand nombre de descendants d'un parent sélectionné. Dans les populations bien contrôlées, cela peut être facilement réalisé, mais dans les populations moins contrôlées, cela est très difficile. Une directive stipule que chaque parent d'une génération doit produire moins de 5% des animaux de la population suivante. Ainsi, comme tous les individus portent des allèles pour des défauts génétiques, il est impossible de rejeter tous ces allèles dans une population.



Graphique 6.5. L'apparition et la manifestation d'un allèle récessif dans une population.

Un allèle récessif chez un ancêtre devient une victime homozygote d'un défaut génétique dans une génération ultérieure lorsque les animaux sont accouplés liés à cet ancêtre. A mutation de l'allèle apparaît dans le génotype d'un ancêtre (zone rouge en 1) et se manifeste lorsqu'elle devient homozygote récessive (4), à la suite du croisement (2x3) et de la ségrégation des caractères des descendants de l'ancêtre ayant subi la mutation.

HERITAGE DES CARACTÈRE MONOGÉNIQUE

Et une fois qu'un allèle s'est propagé dans une population, il est possible de réduire sa fréquence à un faible niveau, mais sans marqueurs génétiques, il ne peut jamais être écarté. Même avec une fréquence allélique très faible (par exemple 0,05) pour le défaut génétique, vous avez toujours (attente de Hardy et Weinberg: $2pq = 2 * 0,95 * 0,05 = 0,10$) beaucoup (10% dans cet exemple) de porteurs dans la population.

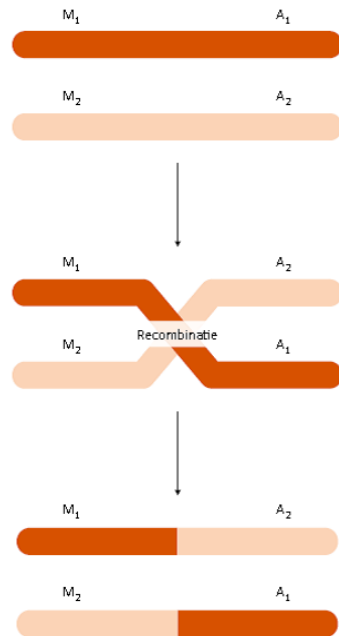
6.6. Test des parents pour les caractères monogéniques quand aucun marqueur génétique n'est disponible

En génétique moléculaire, de nombreux locus de caractères qualitatifs (monogéniques) sont détectés et les allèles sont caractérisés. Ce dernier a donné un grand nombre de marqueurs génétiques disponibles pour tester la présence d'allèles pour les traits d'animaux qui sont considérés pour la reproduction. Mais souvent, un marqueur génétique n'est pas disponible. Ensuite, il faut effectuer des accouplements «test».



Graphique 6.6. Taureaux Groninger Blaarkop, Pays-Bas

Supposons que vous vouliez accoupler votre chienne brune, avec un mâle noir et que vous vouliez savoir quelle sera le pourcentage de chance d'avoir des chiots noirs. Vous savez que l'allèle noir est dominant sur l'allèle brun. Cela signifie que vous voulez connaître la fréquence qu'un chien noir choisi au hasard soit hétérozygote. Dans la race, la fréquence allélique de l'allèle brun est de 0,1 et celle de l'allèle noir de 0,9. Cela signifie que (en supposant que la population se trouve à Hardy Weinberg équilibre) la fraction d'animaux noirs homozygotes est de $0,9^2 = 0,81$ et la fraction d'animaux hétérozygotes est de $2 * 0,9 * 0,1 = 0,18$. Ainsi, la chance pour un chien noir d'être hétérozygote est de $0,18 / (0,81 + 0,18) = 0,18$. Environ 1 mâle noir sur 5 est hétérozygote et donnera 50% de chiots noirs et 50% de bruns lorsqu'il est accouplé à votre chienne brune. Dans la figure 6.6, on considère la race bovine hollandaise Groninger Blaarkop (figure 6.6), la fréquence de l'allèle blaze dominant est de 0,95. L'allèle homozygote récessif aboutit à un animal tacheté indésirable. Comment savoir avec une précision de 95% qu'un père est homozygote pour l'allèle blaze? Malgré une incertitude de 5%, le meilleur moyen est de croiser le père avec des vaches tachetées frisonnes.



Graphique 6.7. Les effets de la recombinaison sur les marqueurs

La recombinaison perturbe la relation entre le marqueur M1 et l'allèle A1 et entre le marqueur M2 et l'allèle A2

Un père homozygote obtiendra une progéniture avec 100% des motifs de la femelle dans le croisement avec des animaux tachetés. Combien de tests d'accouplement faut-il effectuer? Chaque veau né d'un testcross a une chance de 0,5 d'être repéré lorsque le père est hétérozygote. Avec deux veaux, la chance est de $0,5 * 0,5 = 0,25$. Avec 5 veaux, la chance est de $0,5^5 = 0,0325$ et inférieure à 0,05. Avec une incertitude inférieure à 0,05, vous devez effectuer 5 tests d'accouplements réussis. Ainsi, le nombre de descendants nécessaire dépend des fréquences alléliques dans la population et de la précision requise ou de l'incertitude du test.

6.7. La valeur des marqueurs génétiques dans le test des parents pour les défauts génétiques

De nos jours, pour de nombreux caractères monogéniques, des marqueurs génétiques sont

disponibles. Beaucoup de ces marqueurs génétiques ne testent pas directement la présence de l'allèle responsable du caractère monogénique. Mais ils établissent la présence d'un morceau d'ADN variable et non fonctionnel, ainsi qu'un allèle à un locus proche du locus de l'allèle fonctionnel. Ces marqueurs génétiques sont extrêmement précieux pour détecter les animaux hétérozygotes (pour les allèles récessifs)

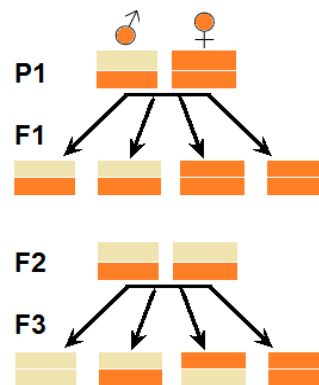
Mais ces marqueurs présentent toujours le risque que, par des effets de recombinaison entre le marqueur et le locus des traits monogéniques dans la méiose, la relation entre le marqueur et l'allèle fonctionnel soit perturbée (figure 6.7). Ainsi, une fois qu'un marqueur génétique proche de l'allèle fonctionnel récessif sur un chromosome est détecté, la relation entre le marqueur et l'allèle doit être vérifiée régulièrement dans les générations futures. Plus le marqueur est situé près de l'allèle fonctionnel, plus les chances de recombinaison sont faibles et plus la précision du marqueur génétique est élevée.

6.8. Élimination des allèles récessifs pour les défauts génétiques avec des marqueurs génétiques

Comme nous l'avons vu précédemment, de nombreux défauts génétiques chez les animaux peuvent être attribués à des traits monogéniques récessifs. Les généticiens moléculaires accordent beaucoup d'importance au développement de marqueurs génétiques pour ces allèles récessifs indésirables responsables de défauts génétiques. Les marqueurs permettent de détecter les porteurs hétérozygotes du défaut qui ne le présentent pas eux-mêmes. Dès que les premiers marqueurs génétiques sont devenus disponibles, les associations de races ont commencé à tester les animaux pour ces marqueurs et ont commencé à éliminer les animaux hétérozygotes de la reproduction. Cependant, éliminer totalement le «mauvais» allèle de la population est un travail difficile. Cela nécessite de tester tous les animaux et cela est souvent trop coûteux (figure 6.8).

Parfois, par exemple dans les races ovines hollandaises testées pour la sensibilité à la tremblante, il révèle que l'élimination des béliers homozygotes et hétérozygotes avec les allèles «sensibles» issus de la reproduction entraînerait une limitation drastique de leur nombre à reproduire. Les béliers restants approuvés avec les allèles souhaités étaient étroitement liés les uns aux autres et entraîneraient une augmentation considérable de la consanguinité dans les générations ultérieures.

Ainsi, comme dans le cas de la tremblante, les fréquences alléliques des défauts génétiques pourraient être assez élevées. Ensuite, le meilleur moyen est de tester tous les animaux considérés pour la reproduction avec le marqueur génétique. L'utilisation de porteurs hétérozygotes est restreinte: ils ne sont accouplés qu'avec des animaux libres.



Graphique 6.8. Élimination des allèles récessifs (crème)

P1 - support (crème, gauche) x libre (orange, droite) donne 50% de libre. En F2 porteur x porteur donne 25% de progéniture gratuite, 25% avec défaut mais aussi 50% progéniture avec le défaut.

La progéniture issue de ces accouplements est constituée à 50% de porteurs qui sont ensuite exclus du programme d'amélioration génétique. Seuls les descendants libres seront autorisés à participer au programme d'amélioration génétique. Ce mode d'élimination garantit qu'une large variation génétique dans la population est maintenue et que la relation génétique additive moyenne n'augmente pas en raison de l'élimination du défaut. Cette meilleure stratégie pour éliminer un allèle récessif pour un défaut génétique dans une population à l'aide de marqueurs génétiques est présentée ci-dessous dans la figure 6.8:

Parfois, lorsque le défaut génétique se propage fortement, comme ce fut le cas pour la sensibilité à la tremblante chez quelques races ovines aux Pays-Bas, il peut exister la nécessité d'accoupler même des porteurs à des porteurs (figure 6.8). Ensuite, 25% de la progéniture est libre et peut être utilisée pour une reproduction ultérieure, et 25% sera affectée par le défaut. Ce dernier est problématique lorsque le défaut a des implications graves pour la santé et le bien-être de l'animal affecté. Ensuite, il ne devrait pas être appliqué.

6.9. Principaux problèmes liés à l'hérédité des caractères monogéniques

1. Un animal peut être homozygote pour un caractère monogénique (il a le même allèle de son père et de sa mère) ou hétérozygote (il a un allèle différent de son père et de sa mère).
2. Les allèles déterminant l'expression des caractères monogéniques peuvent être dominants, intermédiaires ou récessifs. Le génotype hétérozygote a une valeur égale à l'un des génotypes homozygotes (dominant), ou supérieure (co-dominante) ou égale à la valeur moyenne des deux génotypes homozygotes (intermédiaire).
3. L'équilibre de Hardy et Weinberg implique que dans les grandes populations avec accouplement aléatoire entre les parents, et en l'absence de sélection, migration, mutation et dérive aléatoire, les fréquences du génotype et des allèles sont constantes et les fréquences du génotype peut être calculé à partir des fréquences alléliques.
4. Lorsque les génotypes des parents sont connus, on sait à quels génotypes on peut s'attendre chez la progéniture. Ces attentes sont basées sur les lois mendéliennes, mais en raison d'effets aléatoires, le monde réel peut s'écarter des attentes.
5. Dans toutes les espèces, on connaît de nombreux traits monogéniques désirés ou des traits ayant un effet positif important: par exemple, les gènes de couleur et les gènes affectant la qualité des produits animaux.
6. Dans toutes les espèces, de nombreux caractères monogéniques indésirables sont connus. Ils sont souvent basés sur des allèles récessifs et provoquent des défauts génétiques lorsqu'ils sont homozygotes présents chez un animal.
7. L'allèle d'un défaut génétique se propage dans la population lorsque le porteur est largement utilisé pour la reproduction et il apparaîtra lorsque, dans les générations ultérieures, des animaux ayant une relation additive avec le porteur seront accouplés.
8. Les marqueurs génétiques d'un défaut génétique récessif sont très utiles dans la sélection contre les porteurs hétérozygotes de l'allèle du défaut. Une condition préalable est que le marqueur génétique soit positionné à proximité de l'allèle récessif, sinon la recombinaison peut interrompre la liaison entre le marqueur et l'allèle.
9. La meilleure stratégie pour diminuer la fréquence allélique pour le défaut récessif est de tester la progéniture des porteurs avec le marqueur génétique et de ne sélectionner pour la génération suivante que les animaux qui ne portent pas l'allèle.

Chapitre II. 7

MODÈLES GÉNÉTIQUES

Pour certaines espèces animales, le génome complet a été cartographié. Cependant, comme l'ADN n'est pas encore connu en détail, les animaux génétiquement supérieurs au sein d'une population ne peuvent pas être identifiés clairement. Le potentiel génétique d'un animal doit être estimé en fonction de son phénotype. Le chapitre suivant portera sur le classement des animaux et sur la manière dont cela peut être fait.

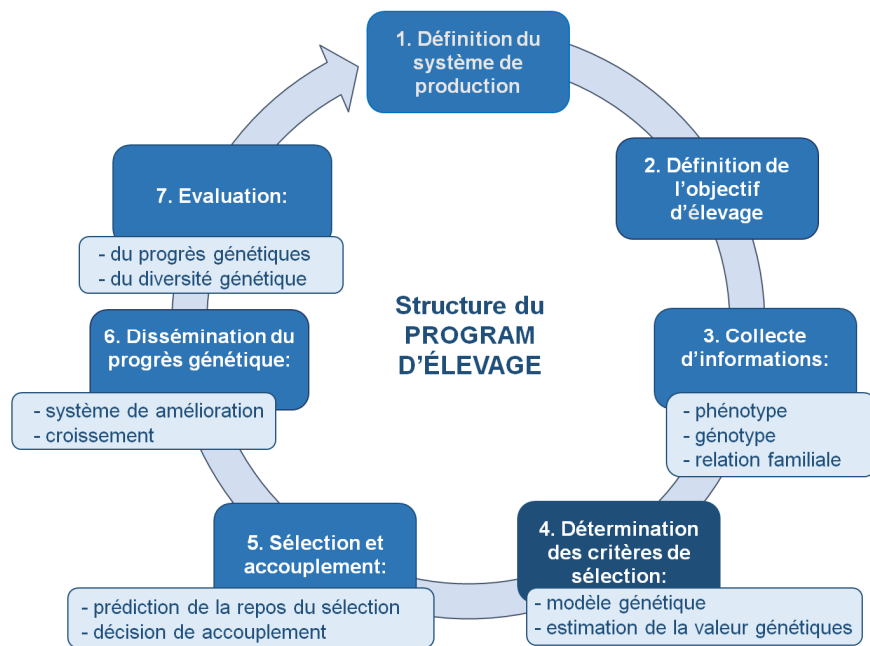


Schéma d'un programme d'amélioration: *modèles génétiques*

MODELES GENETIQUES

Les méthodes décrites permettront de se faire une idée sur la manière dont la variation phénotypique des performances peut être liée aux différences génétiques réelles entre les animaux.

Cela répond à des questions telles que: une vache qui produit en moyenne 25 kg par jour pendant sa lactation est-elle une vache génétiquement meilleure qu'une vache produisant 15 kg par jour? Un cheval qui a toujours des scores élevés à un test de dressage est-il vraiment génétiquement meilleur que celui qui obtient des scores beaucoup plus bas? Et pourquoi la propre sœur d'un excellent chien de chasse n'est-elle pas aussi performante au plus haut niveau avec le même entraîneur? Il peut y avoir différentes réponses à ces questions.

En se référant au cercle du programme de sélection, il s'agit de questions de modélisation génétique appartenant à l'étape 4. Dans les chapitres précédents, l'objectif de sélection a été identifié, des mesures sur les phénotypes, les génotypes et les pedigrees des animaux ont été collectées. Le chapitre numéro 5 traite de la définition du modèle génétique qui sera utilisé comme un outil pour traduire les mesures en un ensemble de critères qui peuvent être utilisés pour classer les animaux pour la sélection.

7.1. Phénotype dans un modèle

Tout ce qui se passe au cours de la vie d'un animal peut avoir une influence sur le phénotype actuel. Par exemple, si la taille d'un animal est mesurée, alors cette mesure serait son phénotype. La génétique joue ici un rôle car la hauteur finale est déterminée par les gènes. Si les gènes déterminent qu'un animal spécifique restera petit, il ne dépassera jamais cette limite génétiquement établie, quelle que soit la quantité de nourriture qu'il consomme. Cependant, une mauvaise nutrition, une maladie, un climat froid, une maladie de la mère pendant la grossesse sont des facteurs qui empêcheront l'organisme d'atteindre même la limite déterminée génétiquement. Comparé à un animal de même constitution génétique qui a les meilleures conditions de croissance, cet animal défavorisé restera plus petit.

Définition

L'environnement peut être défini comme tout ce qui influence les performances de l'animal qui n'est pas lié à la constitution génétique de l'animal, en commençant le plus tôt possible dans la vie, même avant la conception.

En général, le modèle de base suivant peut être envisagé:

Définition

Phénotype = Génotype + Environnement

$$\text{ou } P = G + E$$

Les symboles *P*, *G* et *E* sont importants à retenir. Ils sont très couramment utilisés pour décrire un phénotype, un génotype ou un «environnement».

7.2. Variation génétique monogénique

Les différences génétiques entre les animaux résultent de différences dans leur ADN. Si un trait est déterminé par un seul gène, comme par exemple dans le cas de bovins ayant des cornes ou non, le phénotype dépend de la combinaison d'allèles pour ce gène unique. Avoir des cornes ne se produit qu'en cas d'homozygotie pour l'allèle récessif *h*. Être écorné (ne pas avoir de cornes) est un trait dominant, donc les animaux *Hh* et les animaux *HH* sont écornés, et seulement les vaches *hh* ont des cornes. Surtout chez les bovins laitiers, les veaux sont écornés lorsqu'ils sont encore très jeunes. Chez les bovins Holstein-Friesian, certains animaux sont naturellement écornés car ils portent l'allèle *H*.

MODELES GENETIQUES



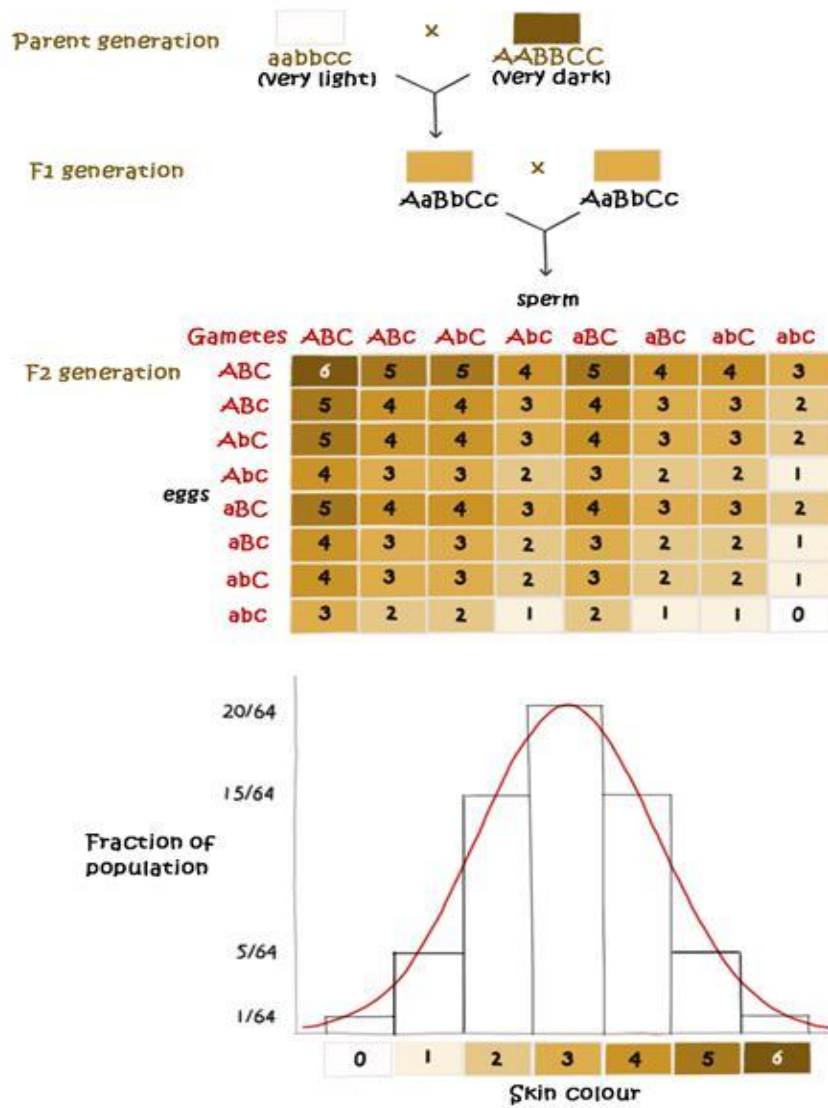
Graphique 7.1. Couleur du pelage chez le cheval: marron (à gauche), palomino (au milieu) et cremello (à droite).

Certains aspects de la couleur du pelage sont également déterminés par un seul gène avec deux allèles. Mais cela pourrait entraîner plus de variations phénotypiques par rapport à l'exemple précédent de bovins à cornes ou sans corne. Chez les chevaux alezan, les individus sans facteur de dilution (*DD*) sont châtain (pelage brun et crinière et queue brunes). S'ils ont un seul allèle de dilution (*Dd*) ils seront palomino (crinière et queue plus claires, pelage légèrement plus clair), et avec un allèle à double dilution (*jj*) ils seront cremello (presque blancs dans le pelage, la crinière et la queue, et aussi les yeux plus clairs). Ce gène de dilution conduit donc à trois phénotypes différents (figure 7.1), alors que l'autre gène n'en produit que deux. Il peut sembler que les caractères monogéniques ne soient jamais influencés par des facteurs environnementaux, ce qui signifie $P = G$. Ce n'est pas toujours le cas¹.

7.3. Variation génétique polygénique

De nombreux traits sont déterminés par plus d'un seul gène. La figure 7.2 montre un exemple de trois gènes qui déterminent ensemble la couleur de la peau. Avec seulement trois gènes, 64 génotypes différents peuvent être formés! Cependant, en raison de l'épistasie, ces 64 génotypes ne donnent pas plus de 6 phénotypes différents: l'expression des gènes dépend de la combinaison des allèles et les 64 génotypes ne donnent que 6 degrés d'expressions différents.

¹Un exemple de gène influencé par l'environnement est le gène qui cause la phénylcétonurie ou PKU chez l'homme. Il s'agit d'un trouble métabolique héréditaire récessif rare. Ce n'est que si deux porteurs ont un enfant que cet enfant peut avoir une PKU. Aux Pays-Bas, 1 enfant sur 18 000 en est atteint, mais tous sont testés comme nouveau-né dans le sang prélevé avec la pincée du talon. Chez les personnes atteintes de PKU, l'enzyme phénylalanine-hydroxylases n'est pas présente ou ne fonctionne pas, de sorte qu'elle ne peut pas décomposer l'acide aminé phénylalanine. Ceci s'accumule ainsi dans le sang et le liquide céphalo-rachidien, ce qui endommage les cellules nerveuses, entraînant éventuellement des lésions cérébrales. Les patients atteints de PKU non traitée sont généralement un retard mental avec des problèmes de comportement et souffrent souvent de maladies de la peau. Le traitement est très basique: un régime alimentaire à vie avec très peu de protéines et sans apport d'aspartame car il contient de la phénylalanine. Les patients reçoivent des additifs d'acides aminés pour éviter les carences. Ainsi, l'expression de ces caractères monogéniques peut être influencée par l'environnement, par l'alimentation dans cet exemple.



Graphique 7.2. Exemple de variations qui peuvent être obtenues pour un caractère déterminé et par l'implication de trois gènes. 64 génotypes sont possibles et donnent 6 phénotypes différents

MODELES GENETIQUES

La représentation graphique de la fréquence à laquelle ces génotypes se produisent par rapport à un phénotype donné est une courbe en forme de cloche. Le phénotype moyen (numéro 3) est le plus fréquent et les deux phénotypes extrêmes sont moins fréquents. Plus il y a de gènes impliqués dans l'expression d'un trait, plus la représentation graphique de la fréquence aura une forme de cloche lisse. Cette forme de cloche est très courante dans les distributions de fréquence des traits avec des valeurs discrètes.

Une hypothèse générale posée en amélioration génétique animale est que les traits sont déterminés par un nombre infini de gènes, chacun ayant un très petit effet. La courbe sera en forme de cloche et semblera lisse. On suppose également que ce nombre infini d'effets génétiques sont tous additifs. Le modèle sous-jacent à cette hypothèse est appelé le modèle infinitésimal.

Définition

Le modèle infinitésimal suppose que tous les traits sont déterminés par un nombre infini de gènes, chacun avec un effet infiniment petit. Cette hypothèse se traduit par une représentation graphique lisse et en forme de cloche, qui peut être décrite par la loi de distribution normale. Cette distribution implique un certain nombre de règles sur lesquelles la théorie de l'amélioration génétique des animaux est construite.

En réalité, bien sûr, le nombre de gènes impliqués dans l'expression d'un trait n'est pas infini. Des recherches récentes ont montré que l'hypothèse générale selon laquelle de nombreux gènes sont impliqués, chacun avec un très petit effet, est souvent vraie. Cela facilite considérablement le travail. L'ensemble des règles statistiques des distributions normales peut être appliqué, ce qui facilite les prédictions.

C'est ce que fait l'amélioration génétique des animaux: prédire le potentiel génétique des animaux ainsi que la façon dont la prochaine génération s'améliorera en fonction du choix des parents. Ce sujet sera expliqué plus en détail dans le chapitre sur le classement des animaux.

7.4. Composants de la variance

La variation d'une population peut être quantifiée à l'aide du modèle statistique de la distribution normale. Ce modèle est exprimé en tant que composant de la variance. Le symbole communément utilisé pour cela en statistique est σ^2 . La variance phénotypique est notée, elle, σ^2_P . Le signe statistique de la variance génétique est représenté par σ^2_G , et pour indiquer la variance environnementale σ^2_E est utilisé.

L'équation $P = G + E$ (7.1) est également applicable aux composants de la variance:

$$\sigma^2 P = \sigma^2 G + \sigma^2 E + 2COV_{G,E} \quad 7.2$$

$$= \sigma^2 G + \sigma^2 E \quad 7.3$$

La covariance qui existe entre G et E est supposée être égale à 0. Cela signifie qu'il n'y a pas de corrélation entre le génotype et l'environnement, ou vice versa. Le génotype ne change pas si l'environnement change. Cette hypothèse est en générale justifiée² car un seul type d'environnement est pris en compte, la plupart du temps, lors de l'estimation des composantes de la variance.

Définition

*La variation au sein d'une population est exprimée dans une composante de la variance. Le symbole d'une des composantes de la variance est σ^2 . L'indice indique de quel type de composante de variance il s'agit: **P**, **G** ou **E**.*

Pour estimer ces composantes de variance il faut prendre en compte le fait qu'un trait est héritable et est utilisé comme point de départ. Cela signifie que les frères et sœurs se comportent plus de la même manière que des individus non apparentés. Les informations phénotypiques sur les animaux sont combinées avec leurs relations génétiques (c'est-à-dire le pedigree). Le seul composant manquant est l'information sur l'environnement. Certaines composantes de l'environnement, comme le l'habitat et la nutrition, peuvent être facilement identifiées, mais l'influence environnementale commence beaucoup plus tôt, dès la fécondation. À cause de cela et du fait qu'il existe également des composants qui échappent à la conscience (comme l'influence potentielle du temps), il est difficilement possible de connaître chaque facteur environnemental. σ^2_E peut être estimé en soustrayant σ^2_G de σ^2_P .

$E = P - G$. Ce n'est pas une manière très précise d'estimer la variance, en raison des influences environnementales. Cette composante de variance est donc appelée variance d'erreur, plutôt que variance environnementale.

Définition

La σ^2_E est appelée la variance d'erreur. Cela comprend la variance causée par les influences environnementales, mais aussi par certains autres effets.

² Dans le chapitre sur l'évaluation du programme de sélection, il est expliqué que ce n'est pas toujours vrai. Dans ce contexte cependant, on suppose qu'aucune dépendance mutuelle entre le génotype et l'environnement n'existe.

7.5. Simplifier le modèle génétique

Le G dans l'équation $P = G + E$ est assez complexe car il comporte un certain nombre de composants sous-jacents. Cela peut être modélisé comme suit:

Génotype = effet additif (A) + effet de dominance (D) + effet épistatique (I)

$$\text{ou } G = A + D + I \quad 7.4.$$

Pour commencer à la fin de l'équation, les effets épistatiques indiquent qu'il y a des gènes qui interagissent les uns avec les autres. C'est par exemple le cas si un gène a besoin du produit d'un autre gène pour s'exprimer. Ce phénomène décrit ce que l'on appelle des voies génétiques. L'expression d'un gène dépend donc de la combinaison d'allèles dans un autre gène.

Les effets de dominances (D) indiquent que l'expression du gène lui-même dépend de la combinaison d'allèles dans ce gène spécifique. Ainsi deux gènes récessifs entraîneront une expression différente d'un allèle récessif et d'un allèle dominant.

Les effets additifs (A) indiquent l'effet du gène sans dominance et sans effets épistatiques, indépendamment des combinaisons d'allèles du gène ou de ceux d'autres gènes. Ce qui reste, ce sont des effets qui peuvent être additionnés.

Définitions

La composante génétique se compose de trois effets sous-jacents:

1. *L'effet épistatique: interaction entre les gènes*
2. *L'effet de dominance: interaction entre allèles d'un même gène*
3. *L'effet additif: tout ce qui reste après correction des effets interactifs*

En termes de composante de la variance, la variance génétique peut donc être écrite comme suit:

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + 2cov_{A,D} + 2cov_{A,I} + 2cov_{D,I} \quad 7.5'$$

Plus précisément cette équation devrait être étendue par „+ $2cov_{A,D} + 2cov_{A,I} + 2cov_{D,I}$ ” Cependant, ces covariances sont nulles par définition et donc exclues de l'équation finale.

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 \quad 7.5$$

7.6. Nouvelle génération: modèle de transmission

La dominance et les effets épistatiques dépendent des combinaisons d'allèles.

Ils sont interrompus dans la production de gamètes et rétablis chez la progéniture, mais on ne peut pas prévoir comment cela se produit. Les effets additifs, cependant, sont prévisibles car ils ne dépendent pas d'une combinaison spécifique d'allèles. Pour pouvoir projeter les effets génétiques additifs, un autre modèle doit être développé pour décrire la transmission du potentiel génétique des deux parents à leur progéniture. Dans la figure 7.3. Il est illustré sur une famille de lapins. Chaque parent a deux copies différentes de chaque gène, mais n'en transmet qu'une à sa progéniture. Laquelle, n'est pas connue. Pour chaque gène, il y a deux allèles par parent, et quatre combinaisons différentes de ces allèles sont possibles chez la progéniture.

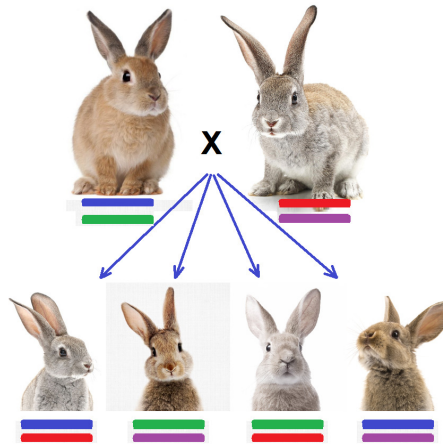


Image 7.3. Famille de lapins dont la progéniture reçoit la moitié de ses gènes de ses parents; on ne sait pas quelle moitié, c'est une question de chance.

Chaque animal reçoit la moitié de ses gènes de son père et l'autre moitié de sa mère. L'utilisation de cette formule ne permet pas de prédire quelle sera la performance de la progéniture car on ne sait pas QUELLE moitié des gènes est transmise. Il s'agit d'un facteur de chance, appelé terme d'échantillonnage mendélien. Par conséquent, une partie est connue: la moitié du père et la moitié de la mère, et l'autre partie est le terme d'échantillonnage mendélien (*SP*).

Définition

Le terme **d'échantillonnage mendélien** indique le facteur de chance dans la distribution de la moitié du matériel génétique de chaque parent à leur progéniture.

MODELES GENETIQUES

Dans l'amélioration génétique d'animaux, seul l'effet génétique additif (A) est intéressant, car la moitié de celui-ci est transmise à la progéniture. Ceci est également appelé la véritable valeur de l'amélioration génétique d'un animal.

Définition

La véritable valeur de l'amélioration génétique (A) d'un animal est sa composante génétique additive, dont la moitié est héritée par la progéniture.

Dans le format de l'équation, la valeur de l'amélioration génétique d'une progéniture peut être écrite comme suit:

$$A \text{ progéniture} = \frac{1}{2} \text{ Asire} + \frac{1}{2} \text{ Adam} + MS \quad 7.6$$

Si les composantes de la variance de toutes les valeurs de sélection dans une certaine génération sont estimées, ce serait la même chose que la variance génétique additive. La variance de A peut donc s'écrire:

$$\begin{aligned} \sigma^2 A &= \text{Var}(A) = \text{var}(\frac{1}{2} \text{ Asire}) + \text{var}(\frac{1}{2} \text{ Adam}) + \text{var}(MS) & 7.7. \\ &= \frac{1}{2}^2 \text{ var}(\text{Asire}) + \frac{1}{2}^2 \text{ var}(\text{Adam}) + \text{var}(MS) \\ &= \frac{1}{4} \text{ var}(\text{Asire}) + \frac{1}{4} \text{ var}(\text{Adam}) + \text{var}(MS) \end{aligned}$$

Le modèle infinitésimal suppose que la sélection n'a aucune influence sur la taille de la variance génétique d'une génération à l'autre. L'hypothèse est:

$$\text{var}(\text{Asire}) = \text{var}(\text{Adam}) = \text{var}(A)$$

Cela signifie que $\text{var}(MS)$ doit être égal à $\frac{1}{2} \text{ var}(A)$. C'est une composante assez importante et cela explique pourquoi la reproduction est considérée comme un jeu génétique. Heureusement, il existe des outils pour diminuer le facteur de chance lors de la reproduction. C'est notamment expliqué dans le chapitre sur le classement des animaux.

7.7. Héritabilité

En amélioration génétique animale, seule la prédiction de E est utilisée, et pas celle de G . L'équation peut être simplifiée: de $P = G + E$ à $P = A + E$. La valeur de E dans la deuxième équation est plus élevée car E contient des composants qui ne peuvent être estimés (D et I).

C'est maintenant plus évident de comprendre que σ^2_E s'appelle la variance d'erreur: elle prend également en compte l'effet de l'environnement³. L'effet génétique additif est la partie de la composante génétique qui est transmise des deux parents à leur progéniture, ce qui signifie que l'effet génétique additif est héréditaire. Pour indiquer l'héritabilité d'un certain caractère, un paramètre est défini. Il indique la partie de la variation observée (la variance phénotypique) qui est déterminée par les différences génétiques (additives) entre les animaux (la variance génétique additive). Ce paramètre s'appelle **l'héritabilité** et est désigné par le symbole h^2 .

$$h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_P$$

7.8

Définition

L'héritabilité (h^2) indique quelle proportion de la variation phénotypique totale est due à la variation génétique entre les individus. En formule: Limites entre 0 et 1!

Il est possible d'estimer l'héritabilité d'un caractère dans une population si les phénotypes et les relations génétiques (pedigree) sont disponibles. Un h^2 de 0,3 signifie que 30% de la variation observée des phénotypes est due à des différences génétiques additives entre les animaux. Si TOUTES les différences phénotypiques sont dues à des différences génétiques, h^2 sera de 1,0. Par définition, la valeur ne peut pas être supérieure à 1,0. De même, si les différences entre les animaux ne sont PAS déterminées par leur génétique, alors $h^2 = 0,0$, ce qui est par définition la plus petite valeur possible.

7.7.1. Restrictions aux estimations de l'héritabilité

L'héritabilité estimée est toujours spécifique pour un trait, mais aussi pour une population particulière dans un environnement particulier. Cela a deux raisons importantes. Premièrement, l'influence de l'environnement dépendra naturellement de l'environnement. Deuxièmement, comme le montre l'exemple de la variation génétique de la couleur des cheveux humains, la variation génétique d'un trait peut varier entre les populations.

Définition

Une héritabilité est toujours estimée pour une population spécifique dans un environnement spécifique car elle reflète la variation génétique d'un trait dans cette population spécifique par rapport à la population phénotypique.

³ Les éleveurs d'animaux ont tendance à être un peu négligents dans la façon dont ils utilisent les termes. S'ils parlent de $P = G + E$, cela signifie que $P = A + E$, sauf indication contraire. De plus, s'ils mentionnent σ^2_G , cela signifie σ^2_A , sauf indication contraire.

MODELES GENETIQUES

Si les phénotypes sont enregistrés dans plus d'un environnement, mais pour la même population, alors il peut y avoir une troisième raison de différence dans l'héritabilité: les conditions préalables à la performance par rapport au trait considéré peuvent varier d'un environnement à l'autre. En conséquence, différents génotypes seraient supérieurs dans chacun des environnements considérés.

Par exemple, si la population bovine mondiale Holstein-Frisonne est considérée comme une seule population, les niveaux de production laitière entre les Pays-Bas et le Bangladesh pourraient être comparés. De toute évidence, ce n'est pas une comparaison valable. Être un producteur de premier plan aux Pays-Bas et au Bangladesh ne requiert pas les mêmes qualités. La variation génétique sera différente car des gènes partiellement différents sont importants pour la production au plus haut niveau (tableau 7.1).

Tableau 7.1.

Exemples d'héritabilités pour un certain nombre de caractères chez certaines populations et espèces.

Espèces animales et trait	h^2	Espèces animales et trait	h^2
Vaches laitières		Poules pondeuses	
Production de lait (kg)	0,36	Âge au premier œuf	0,51
Score d'état corporel	0,22	Production d'œufs (œuf / j)	0,22
Score des cellules somatiques	0,15	Poids de l'œuf	0,60
Les chevaux		Mouton	
Mouvement libre	0,34	Poids propre de la toison	0,47
maniabilité	0,29	Diamètre de fibre	0,45
Ostéochondrose	0,23	Gain quotidien de 30 à 90 jours	0,52
Les cochons		Chiens	
Gain quotidien (g / j)	0,25	Tempérament	0,20
Taille de la litière	0,15	Dysplasie de la hanche	0,34
Taux de conversion d'alimentation	0,35	Taille de la litière	0,30
Poisson (saumon, truite)			
Survie	0,05		
La longueur du corps	0,10		
Poids	0,20		

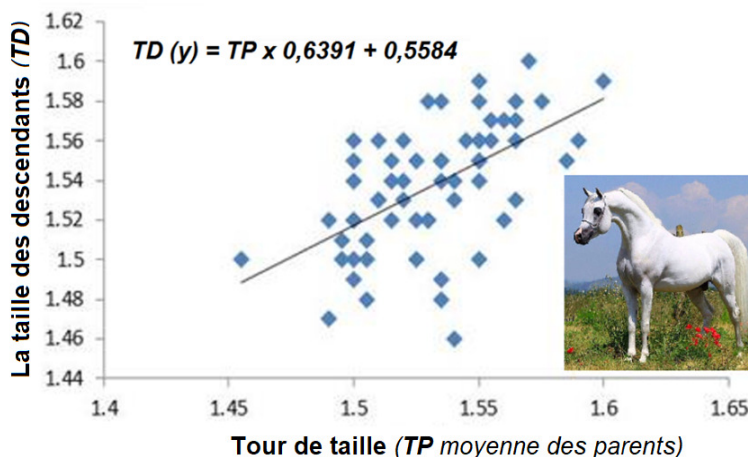
La variation environnementale sera également différente car les circonstances varient. Par conséquent, l'héritabilité du caractère sélectionné doit toujours être estimée pour une population spécifique dans un environnement spécifique. Cependant, si une estimation de l'héritabilité pour une population dans un environnement très similaire a déjà été faite, il est assez probable que les données d'héritabilité seront comparables.

7.7.2. L'estimation de l'héritabilité: régression parent-progéniture

Il existe des méthodes pour estimer avec précision les composantes de la variance, corrigées pour un certain nombre d'effets systématiques. Ces composantes de variance peuvent être utilisées pour calculer l'héritabilité. Pour des estimations précises des composantes de la variance, un assez grand nombre d'enregistrements (animaux avec observations et pedigree) est nécessaire, ce qui n'est pas toujours possible. Si seulement un nombre limité d'observations est disponible, ou si un bon pedigree des animaux n'existe pas, une méthode «rapide et sale» peut être utilisée pour avoir une impression d'héritabilité: la régression parent-progéniture. Les parents transmettent la moitié de leurs gènes à la progéniture. Si le caractère considéré est déterminé par la génétique uniquement, le coefficient de régression serait donc de 1 lorsque la performance moyenne des deux parents (également appelée parent intermédiaire) sur le *X*-axe est tracée par rapport aux performances de la progéniture sur le *Oui*-axe. Si le trait est dans une certaine mesure influencé par l'environnement mais aussi par la génétique, le coefficient de régression serait inférieur à 1, mais supérieur à 0.

Ce coefficient de régression est un indicateur de la similitude des parents et de la progéniture. L'hypothèse est que le seul facteur qui les rend semblables est leur patrimoine génétique commun, c'est-à-dire que le coefficient de régression reflète l'héritabilité. Il y a des situations où seules les informations d'un parent sont disponibles. Ce serait le cas pour les traits qui s'expriment chez les hommes ou les femmes. Ensuite, le coefficient de régression ne reflète pas l'héritabilité complète, mais seulement la moitié de celle-ci.

La figure 7.4 montre un exemple de régression de la hauteur au garrot d'un certain nombre de chevaux arabes par rapport à la moyenne de leurs parents. Le coefficient de régression estimé (c'est-à-dire l'héritabilité) est de 0,64. L'intersection estimée de 0,56 suggère que les parents sont systématiquement plus grands que la progéniture, ce qui pourrait être le signe d'un changement d'environnement entre les deux générations. Cela peut être le cas si les données ont été collectées sur un haras. Cependant, la mesure de la hauteur au garrot peut également être une question d'imprécision. Cela n'a aucune valeur pour expliquer les résultats.



Graphique 7.4. Représentation graphique de la hauteur au garrot de la progéniture (TD) par la performance moyenne des parents (TP).

L'équation de régression de la taille de la progéniture après la taille moyenne des parents estime l'héritabilité de la hauteur au garrot de la race arabe pure; le coefficient de régression estimé (b), donc l'héritabilité du tour de taille (h^2) a la valeur 0,6391. Le deuxième terme de l'équation (interception estimée ou valeur de y pour laquelle la droite de régression coupe l'axe des ordonnées Y) a la valeur positive + 0,5584, ce qui suggère que les parents sont systématiquement plus grands que la progéniture. Cela pourrait être un signe de changement environnemental entre les deux générations, cela pourrait suggérer que les données ont été collectées sur une seule ferme, ou cela pourrait être un problème d'imprécision dans la mesure de la hauteur au garrot.

Il est important de garder à l'esprit que cette méthode n'est pas une manière précise de déterminer l'héritabilité. Si certaines familles étaient maintenues dans un environnement optimal et d'autres dans un environnement pauvre, ce fait influe sur les résultats et a un effet croissant sur le coefficient de régression, et donc l'héritabilité. De même, si les parents sont maintenus dans des environnements de qualité très différents de celle de leur progéniture, il y aura moins de relation entre les performances des parents et de la progéniture et la régression sera faible. Il existe des techniques statistiques pour prendre en compte ces influences environnementales systématiques.

7.7.3. Idées fausses sur l'héritabilité

Il existe un certain nombre d'idées fausses sur l'héritabilité. Certains d'entre eux sont discutés ci-dessous.

Idée fausse 1. «Une héritabilité de 0,40 indique que 40% du caractère est déterminé par la génétique»

Il s'agit d'une erreur très courante qui repose sur une mauvaise compréhension de la définition du mot «héritabilité». Une héritabilité de 0,40 indique que 40% de toute la variation phénotypique du caractère est due à la variation des génotypes respectifs. Cela a une signification très différente de la définition selon laquelle, chez chaque animal, 40% de l'expression du trait est due à des gènes et le reste est causé par d'autres influences.

Idée fausse 2. «Une faible héritabilité signifie que les traits ne sont pas déterminés par les gènes»

Une héritabilité supérieure à 0 indique toujours que les gènes ont un effet sur l'expression du phénotype. L'héritabilité est déterminée par la proportion de variance génétique par rapport à la variance phénotypique. Une faible héritabilité indique que la variance génétique est faible. Par exemple, le nombre de doigts sur une main est déterminé génétiquement, mais comme la plupart des gens ont cinq doigts sur chaque main, la variance génétique est très faible.

Idée fausse 3. «Une faible héritabilité signifie que les différences génétiques sont faibles»

Une faible héritabilité n'indique pas automatiquement que la variance génétique est faible. Cela peut également signifier que la variance d'erreurs est importante. La raison à cela pourrait être une grande influence de l'environnement, mais aussi un enregistrement phénotypique inexact. Par exemple: la résistance à une certaine infection dépendra du potentiel génétique de résister à cette infection. La question est de savoir comment mesurer ce potentiel. Si les moutons vivant dans un troupeau sont mesurés pour l'infection par des nématodes, seuls ceux qui sont à ce moment précis contagieux seront identifiés. Pour tous les autres, il ne sera pas possible de faire la distinction entre ceux qui ne sont pas encore infectés, ceux qui ont déjà récupéré ou qui résistent aux infections par les nématodes. Les observations ne seront donc pas très précises. Parce que le phénotype correct ne peut pas être attribué à chaque animal, la variance d'erreur sera relativement grande et l'héritabilité sera faible.

L'enregistrement des infections par les nématodes pourrait être amélioré par des mesures plus fréquentes et / ou par une amélioration de la méthodologie de mesure. L'enregistrement des moutons capables de résister à l'infection par les nématodes serait plus précis et les données sur la variance génétique et environnementale de ce caractère seraient plus fiables. L'héritabilité peut encore rester faible s'il n'y a pas beaucoup de variation génétique, mais au moins elle n'est plus due à des phénotypes inexacts.

MODELES GENETIQUES

L'enregistrement des moutons capables de résister à l'infection par les nématodes serait plus précis et les données sur la variance génétique et environnementale de ce caractère seraient plus fiables. L'héritabilité peut encore rester faible s'il n'y a pas beaucoup de variation génétique, mais au moins elle n'est plus due à des phénotypes inexacts..

Idée fausse 4. «Une héritabilité est une valeur fixe»

L'héritabilité reflète le poids relatif de la composante de variance génétique dans la variance phénotypique dans une population spécifique. Il est basé sur des observations prises à un moment précis dans le temps. L'étendue de l'héritabilité dépend de la variance génétique dans une population, de l'influence de l'environnement et de l'exactitude des observations (voir idée fausse 3).

La variance génétique dans une population peut être (quelque peu) différente de la variance dans une autre population. Surtout si l'autre population est d'une race différente. Au sein d'une population, l'héritabilité peut également changer avec le temps. Par exemple, si un nouvel ensemble d'observations phénotypiques est collecté en utilisant une méthode d'enregistrement plus précise, ou si le système de logement a été modifié depuis le dernier enregistrement. Dans ces cas, l'influence de l'environnement est différente par rapport aux mesures précédentes. L'héritabilité doit donc être estimée à intervalles réguliers.

Pour résumer: *L'héritabilité indique quelle proportion de la variance phénotypique est déterminée par la variance génétique additive, pour une population spécifique dans un environnement spécifique. La population spécifique dicte la variance génétique additive. L'environnement spécifique influence la taille de la variance environnementale, tout comme l'exactitude de l'enregistrement du phénotype afin que les différences entre les animaux soient révélées.*

7.8. Influences non génétiques: la variance due à un environnement commun

Il est difficile de surveiller en détail l'environnement de vie général d'un animal au cours de sa vie. Mais il existe des composants que l'animal a partagé avec d'autres au cours de son développement qui peuvent les avoir tous influencés de la même manière. L'ampleur de cette influence peut être estimée parce que les individus qui ont partagé le même environnement commun peuvent être comparés à un autre groupe, vivant dans des circonstances différentes. Un exemple d'environnement commun est la mère, partagée par les animaux de la même portée (chez les porcs, les chiens, les moutons, les lapins, les souris, etc.).

Ces animaux partageaient le même environnement intra-utérin, la même composition de lait, à peu près les mêmes niveaux de production de lait et de soins maternels. Cet environnement initial partagé a façonné les animaux de la même manière. De plus, les animaux qui ne sont pas nés dans une litière peuvent avoir un environnement commun. Par exemple, les poussins qui ont éclos au même moment dans le même incubateur (ou sous la même poule) ou les jeunes animaux en général, qui partagent leur premier logement intérieur (cage ou enclos). Le logement extérieur est beaucoup plus variable.

L'impact environnemental sur les animaux partageant le même environnement extérieur est différent. De plus, les animaux adultes peuvent partager un environnement commun. Cependant, dans la discipline de l'amélioration génétique, cela n'est plus appelé «environnement commun». Le terme «environnement commun» fait référence à la période de développement et a des conséquences irréversibles. Même s'il est important, le développement des animaux partageant l'environnement se fera selon leur potentiel. Dans des conditions restreintes, ce ne sera pas si bon et les conséquences de ce développement sous-optimal sont irréversibles. Un environnement restreint pendant la vie adulte, a généralement des conséquences réversibles.

Définition

Un environnement commun est un environnement partagé avec d'autres pendant le développement d'un animal et qui, par conséquent, est censé avoir la même influence sur le développement de tous les animaux partageant un environnement commun. La qualité d'un environnement peut avoir des conséquences irréversibles si elle est ressentie pendant le développement

7.8.1 Importance de l'environnement commun

Pourquoi la variance environnementale commune est-elle un facteur important? La première raison est que cette information donne un aperçu de l'influence de l'environnement commun sur la variation des phénotypes observés. Cet environnement commun n'a pas à être partagé au moment de l'enregistrement phénotypique.

Par exemple, l'âge à la maturation (premier cycle d'œstrus) chez les animaux femelles peut être influencé par l'environnement commun (par exemple, litière partagée) des mois ou même des années plus tôt. Si l'environnement commun était de bonne qualité, cela peut conduire à un âge plus précoce à la maturation. Il est avantageux de connaître l'existence d'expériences environnementales mutuelles. Avec ces informations, il est possible de quantifier la variation des effets de ces expériences, l'héritabilité peut être estimée avec plus de précision.

MODELES GENETIQUES

En effet, il est difficile de démêler l'effet de l'environnement commun de la composante génétique parce que les animaux étroitement apparentés vivent dans le même environnement commun. La prise en compte de l'environnement commun lors de l'estimation des composantes de la variance permet de «nettoyer» la variance génétique des influences environnementales réelles que les animaux apparentés ont en commun. Il donne également un aperçu de la mesure dans laquelle l'environnement précoce influence le phénotype. La variance phénotypique, en tenant compte de l'effet environnemental commun, peut s'écrire 7.8:

$$\sigma_p^2 = \sigma_G^2 + \sigma_c^2 + \sigma_E^2 \quad 7.8$$

Un facteur environnemental commun est ce qui représente la proportion de la variance environnementale commune par rapport à la variance phénotypique totale. Celui ci est indiqué par un c^2 , analogue au h^2 pour l'héritabilité.

7.8.2 Exemples d'effets environnementaux courants

Le tableau 7.2 et figure 7.5 montre un exemple d'effets environnementaux courants sur un certain nombre de caractères chez les truies de deux races différentes. Cet effet environnemental commun représente l'effet d'être élevé dans la même portée jusqu'au sevrage. Selon les données, l'effet le plus important peut être observé dans le score de jambe. Une explication pourrait être que la composition du lait de la truie a un effet sur la croissance et le développement osseux. Mais c'est de la spéculation. Le tableau montre également comment la valeur de l'héritabilité des traits change si l'environnement commun est pris en compte ou non. Comme expliqué précédemment, cela est dû à l'effet environnemental du partage de la même litière. Mais aussi, parce qu'il est difficile de démêler l'effet environnemental du partage de la même litière du fait que les animaux étaient apparentés. Par conséquent, il est difficile d'estimer avec précision les variances en raison des effets génétiques additifs et environnementaux communs.

7.8.3 Cas particulier d'un effet environnemental commun: l'effet maternel

L'effet maternel est un cas particulier de l'environnement commun. C'est l'effet de l'environnement qui est défini par la mère. Il commence déjà avant la naissance et se poursuit pendant toute la période où la mère a une influence sur le développement de sa progéniture. En cas de progéniture multiple simultanée, comme dans une portée, l'effet maternel peut être une partie importante de l'effet environnemental commun.

Tableau 7.2.

Exemples d'héritabilités sans (h^2) et avec (h^{2*}) prenant en compte l'effet environnemental commun (c^2) pour deux races différentes de porcs,

Race et trait	h^2	h^{2*}	c^2
Landrace			
Score de jambe	0,06	0,04	0,10
Survie à la 3ème parité	0,07	0,05	0,05
Survie à la 5e parité	0,07	0,05	0,05
Durée de vie productive	0,09	0,07	0,05
Grand blanc			
Gain quotidien (g / j)	0,09	0,06	0,11
Taille de la litière	0,06	0,05	0,05
Taux de conversion d'alimentation	0,07	0,05	0,05
Poids	0,08	0,06	0,06



Graphique 7.5. Espèce pluripare, dans laquelle l'effet de l'environnement commun de la mère a une grande influence

Le développement des animaux nés seuls est également influencé par leur mère. Si la mère a eu plusieurs portées mais à des moments différents, l'effet de l'environnement maternel spécifique qui est partagé par tous les descendants peut être estimé. Les exemples sont la taille de l'utérus ou le caractère de la mère, résultant en un type spécifique de soins maternels. L'effet maternel a non seulement une composante environnementale mais aussi une composante génétique qui complique l'analyse. Cela dépend de la génétique de la mère, quel environnement utérin elle peut créer pour la progéniture en développement. Aussi, quelle est la largeur de son canal génital, ou combien de lait elle peut produire et quelle quantité. L'effet maternel est en réalité un effet environnemental pour la progéniture, mais dépend de la génétique de la mère.

Définition

L'effet maternel est défini comme l'effet de l'environnement créé par la mère sur le développement de sa progéniture. L'effet maternel est en partie déterminé par la génétique de la mère.

Cet effet maternel fait partie de l'objectif de l'amélioration génétique chez un certain nombre d'espèces animales. Parce que de bonnes capacités maternelles peuvent être un élément important du programme de l'amélioration génétique. Les effets maternels sont inclus dans les objectifs de l'amélioration génétique des bovins laitiers (facilité de naissance), des bovins de boucherie et des ovins (facilité de naissance, capacité de maternité), des porcs et des lapins (les mères sont une composante très importante du nombre et de la qualité de la progéniture) et d'autres espèces.

7.8.4. Un effet environnemental commun spécial: effet génétique social (indirect)

L'influence de la génétique sur le phénotype est encore plus compliquée. Jusqu'à présent, le potentiel génétique d'un individu lui-même a été discuté. Avec l'effet maternel, il est devenu clair que ce n'est pas seulement le potentiel génétique d'un animal lui-même qui détermine le développement, mais la composante génétique maternelle joue également un rôle. Cependant, ce n'est pas seulement la mère qui a influencé le développement de la progéniture. Chez les humains, les frères et sœurs, les camarades de classe (amis et «ennemis») jouent un rôle. De nombreuses personnes ont un impact sur la manière dont la personnalité d'un enfant se forme enfin. Une partie de cette influence dépend des expériences vécues par ces personnes, mais une partie est déterminée par la génétique de celles-ci. Il est maintenant clair de pourquoi cet effet indirect est appelé effet génétique social.

Le phénotype d'un animal est influencé par les autres animaux. Ils font partie de l'environnement de l'animal, où, tout comme pour l'effet maternel, «l'environnement» a une composante génétique: la génétique des autres animaux. Cela signifie que le phénotype de chaque animal est influencé par un effet génétique direct (ses propres gènes) et son propre environnement, mais aussi indirectement par les effets phénotypiques des animaux environnants. Tout comme l'effet maternel, le phénotype social a une composante génétique et environnementale.

Ceci est illustré sur la figure ci-dessous (figure 7.6).

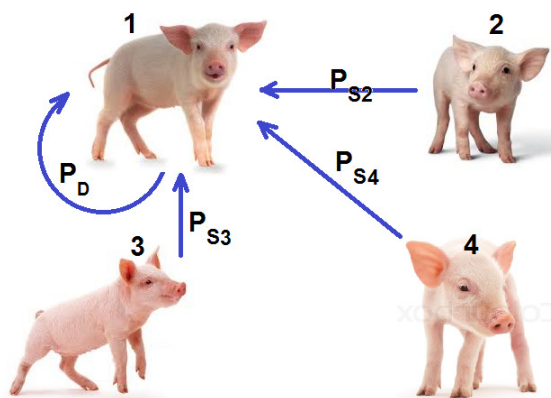


Image 7.6. Exemple de l'effet social dans un nid (taille de la portée) avec quatre porcelets dans lequel les relations sociales directes du porcelet sont observées 1.

Il représente un enclos avec 4 porcs, avec le contour des effets directs et sociaux sur le porc 1. Le porc 1 a un phénotype dû à sa propre génétique et à son propre environnement (PD), mais est également influencé par les phénotypes sociaux (PS) de son enclos avec les porcs 2, 3 et 4. Si les compagnons d'enclos du porc 1 sont calmes et amicaux, il fonctionnera beaucoup mieux que lorsque les compagnons d'enclos intimident le porc 1 ou l'empêchent d'atteindre la nourriture.

Les effets sociaux jouent toujours un rôle lorsque les animaux sont maintenus dans des structures sociales telles que les porcs en enclos, les poulets en cage, les chevaux ou vaches dans un troupeau, les moutons dans un troupeau, etc.

Définition

L'effet indirect ou social décrit l'effet des phénotypes des autres sur les performances d'un animal. Tout comme l'effet maternel, les effets sociaux sont des phénotypes qui consistent en des combinaisons de génétique et d'environnements des autres animaux.

7.9. Questions clés des modèles génétiques

1. Le phénotype est déterminé par le génotype et l'environnement.
2. L'environnement comprend toute influence survenue entre la conception et le moment de l'enregistrement phénotypique.
3. Dans l'amélioration génétique, seuls les effets génétiques additifs sont intéressants car ils sont transmis à la progéniture.
4. La variation de phénotype peut être exprimée en variance phénotypique.
5. La variance phénotypique comprend la variance génétique additive et la variance d'erreur.
6. La variance d'erreur est constituée de la variance due aux effets environnementaux, mais est également une poubelle contenant des effets de dominance et épistatiques, des erreurs dans les mesures phénotypiques, etc.
7. La valeur de l'amélioration génétique de la progéniture se compose de la moitié de la valeur de l'amélioration génétique du père et de la moitié de la mère.
8. Le terme d'échantillonnage mendélien indique la part de la composante génétique additive dans la progéniture qui ne peut être prédite: quelle moitié du père a été transmise à la progéniture et quelle moitié de la mère?
9. L'héritabilité indique quelle proportion de la variance phénotypique est due à la variance génétique additive dans la population. Il est indiqué par h^2 .
10. La variance environnementale commune est la variance due au fait que les animaux ont partagé un environnement commun pendant (une partie de) leur développement. Par exemple, ont été élevés dans la même litière ou le même enclos. La proportion de variance phénotypique due à l'environnement commun est indiquée par c^2 .
11. L'effet maternel est l'effet de l'environnement créé par la mère sur le développement de la progéniture. Une partie de cet effet maternel peut être due à la génétique de la mère.
12. Un effet génétique indirect ou génétique social est l'effet que d'autres ont sur les performances d'un individu.

Chapitre II. 8

CLASSEMENT DES ANIMAUX

Le chapitre précédent a expliqué comment modéliser le phénotype en composants génétiques et environnementaux.

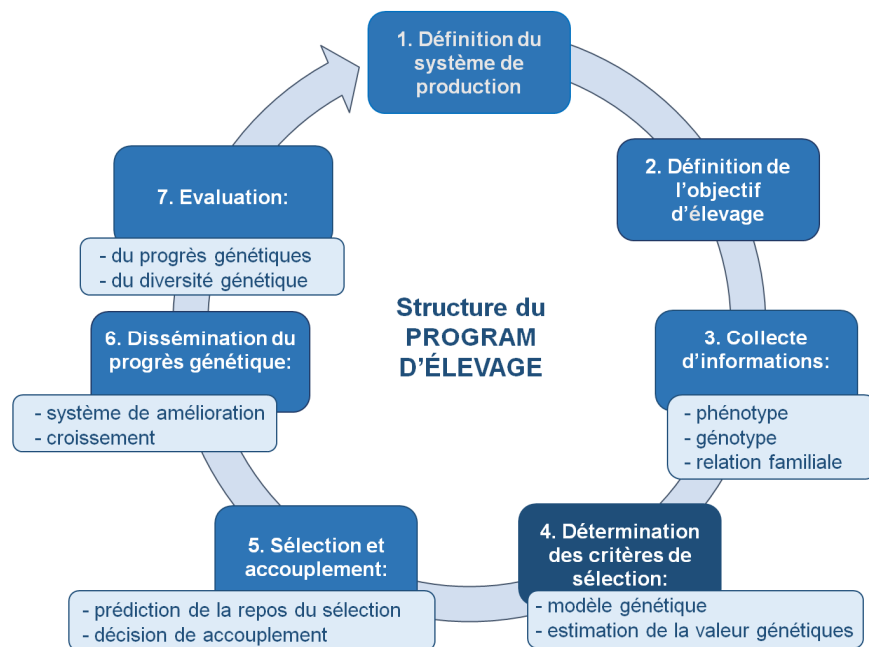


Schéma d'un programme d'amélioration: *classement des animaux en fonction de la valeur d'amélioration génétique estimée*

Ce chapitre exposait la théorie de base requise pour les prochaines étapes du programme de sélection. De nombreuses informations ont été collectées à ce jour: sur les performances des animaux, leur pedigree et aussi sur leurs proches. Ensuite, un classement de haut en bas doit être fait pour pouvoir sélectionner les meilleurs animaux d'élevage. Les animaux qui ont le meilleur potentiel génétique et donc la valeur la plus élevée pour la reproduction (valeur de reproduction) doivent être identifiés. Des informations sur les phénotypes sont disponibles, cependant, le phénotype n'est pas seulement déterminé par le potentiel génétique, mais aussi par les influences environnementales. Afin de classer les animaux en fonction de leur valeur d'élevage, une méthode de quantification basée sur les données disponibles sur les phénotypes et le pedigree doit être trouvée.

Le chapitre suivant explique différentes approches de ce problème et décrit les avantages et les inconvénients de chacune. Il y a deux raisons principales pour lesquelles «l'élevage est un jeu de hasard»: Premièrement, la valeur d'amélioration génétique est une estimation, ce qui implique une inexactitude de la valeur d'amélioration génétique estimée. Deuxièmement, même si la valeur d'amélioration génétique d'un animal était connue avec une précision de 100%, on ne peut pas prédire quelle moitié du potentiel génétique est transmise à chaque descendance. Cela restera toujours un facteur d'insécurité dans les décisions d'élevage car jusqu'à présent, il est impossible de déterminer les génotypes exacts d'un spermatozoïde et d'un ovocyte avant la conception.

Le classement des animaux fait toujours partie de l'étape 4 du programme d'élevage. Déterminer les critères de sélection. Le modèle génétique a déjà été développé, maintenant les valeurs de sélection doivent être estimées.

8.1. Classement des animaux: un aperçu des méthodes

Le défi de l'élevage sélectif est de trouver les meilleurs animaux en tant que parents pour la prochaine génération. Il est impossible de lire le potentiel génétique réel des animaux, mais il peut être estimé. Ce potentiel génétique estimé est appelé la valeur d'amélioration génétique estimée (EBV). De toute évidence, l'estimation sera plus précise s'il existe des indications plus nombreuses ou meilleures du potentiel génétique disponible. L'EBV est exprimée par rapport à l'animal moyen dans une population, c'est-à-dire que c'est une estimation de combien au-dessus de cette moyenne un animal spécifique se classe.

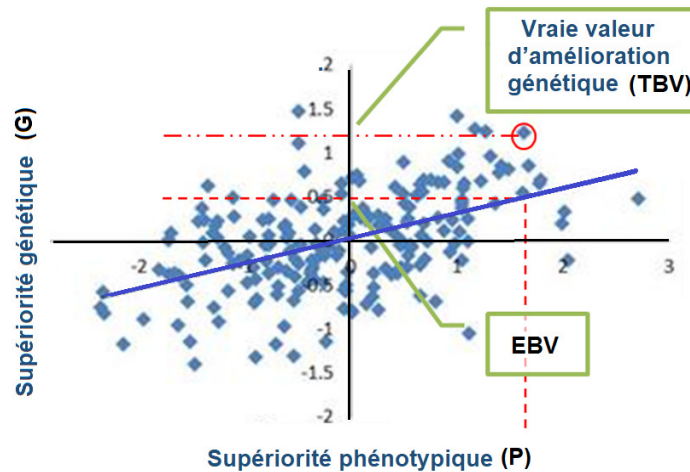
Définition

La valeur d'amélioration génétique estimée (EBV) fournit une estimation du potentiel génétique de l'animal. Il est exprimé par rapport à la moyenne de la population.

8.2. Plus en détail: estimation de la valeur génétique

Il existe plusieurs façons de classer les animaux. L'objectif général de l'élevage est de classer les animaux aussi bien que possible, l'un des outils disponibles est l'EBV. Plus l'estimation de la valeur d'amélioration génétique est précise, meilleurs sont les résultats de l'élevage ultérieur. Les trois méthodes possibles déjà mentionnées dans la vue d'ensemble sont maintenant décrites plus en détail.

Comment la valeur d'amélioration génétique estimée est-elle définie? Comment les informations sur les phénotypes des animaux et leurs relations génétiques (pedigree) conduisent-elles à une estimation de leur valeur d'élevage? En élevage animal, le principe de régression est utilisé à cette fin (voir figure 8.1). La vraie valeur de reproduction est tracée sur l'axe y par rapport à la supériorité phénotypique sur l'axe des x et une ligne de régression passant par les points de données est tracée. Cependant, les vraies valeurs d'amélioration génétique ne sont pas connues dans la réalité. À titre approximatif, il faut identifier le coefficient de régression qui, en combinaison avec la supériorité phénotypique, permettrait le mieux de prédire la supériorité génétique ou la véritable valeur de reproduction (TBV). L'art d'estimer les valeurs d'amélioration génétique suppose des moyens d'arriver au meilleur coefficient de régression.



Graphique 8.1. Relation entre la supériorité phénotypique et la supériorité génétique d'un groupe d'animaux.

La droite de régression indique la relation estimée entre P et G . Il en résulte l'EBV. Pour certains animaux, cet EBV reflète mieux leur vraie valeur d'amélioration génétique (G) que pour d'autres, indiquée par la distance entre le point de données de l'animal et la droite de régression.

Ceci met immédiatement en évidence un point critique dans l'estimation de la valeur d'élevage: le coefficient de régression est linéaire, mais les animaux ayant la même supériorité phénotypique n'ont pas toujours la même supériorité génétique. Pour certains animaux, comme l'animal indiqué par un cercle sur la figure, le TBV est très différent de l'EBV, tandis que pour d'autres, l'EBV serait l'estimation parfaite de la vraie valeur d'élevage. Une partie de cette différence dans la façon dont l'EBV ressemble au TBV est due au fait que le phénotype peut être influencé de manière assez substantielle par l'environnement. Par conséquent, en plus de trouver le meilleur coefficient de régression, il est également important de faire en sorte que les supériorités phénotypiques correspondent le mieux possible à la droite de régression.

Définition

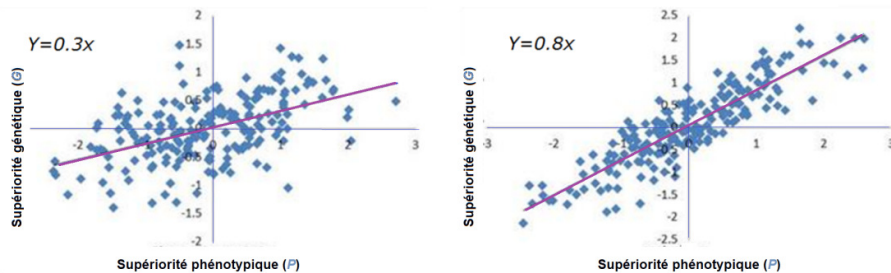
La vraie valeur d'amélioration génétique (TBV) d'un animal représente le potentiel génétique de cet animal: quelle est la valeur réelle de l'animal pour l'élevage? L'EBV parfait serait égal au TBV.

8.3. Optimiser les informations phénotypiques

Les phénotypes d'animaux peuvent être systématiquement influencés. Les facteurs peuvent être la gestion de la ferme où les animaux sont gardés, s'ils sont nés en été ou en hiver, leurs sexes, etc. Pour une comparaison équitable des animaux en fonction de leurs phénotypes, il est important de prendre en compte ces facteurs, et ce lors de la définition de la supériorité phénotypique d'un animal. Par exemple, si les mâles pèsent en moyenne 5 kg de plus que les femelles, la correction de l'effet impliquerait de soustraire 5 kg du poids de chaque mâle, pour rendre les mâles et les femelles comparables directement en ce qui concerne leurs poids. La correction de la supériorité phénotypique pour les effets systématiques a pour effet de «nettoyer» le phénotype qui ressemblera mieux à la supériorité génétique. Les phénotypes propres permettent de prédire plus précisément le coefficient de régression. Ceci est illustré sur la figure 8.2: sur le côté gauche, le nuage de points de données indique les données «brutes», c'est-à-dire sans correction des effets systématiques. Lors de l'ajustement d'une régression à travers ces données, le coefficient de régression serait de 0,3. La figure sur le côté droit indique la situation après le «nettoyage». Le coefficient de régression a augmenté, indiquant que les informations phénotypiques sont devenues un meilleur prédicateur de la véritable valeur de reproduction.

Donc:

La **supériorité phénotypique** peut-être améliorée en nettoyant les données des effets environnementaux systématiques.



Graphique 8.2. La figure de gauche montre la supériorité phénotypique non corrigée des influences systématiques.

Dans la figure de droite, les données ont été corrigées des effets systématiques, ce qui se traduit par une meilleure ressemblance avec la supériorité génétique, et donc avec un coefficient de régression plus élevé.

8.3.1. Les statistiques de supériorité phénotypique

L'estimation de la valeur d'amélioration génétique nécessite un réarrangement de la formule (8.1) pour calculer le coefficient de régression (b):

$$b = \text{cov}(x, y) / \text{var}(x) \quad 8.1$$

Dans la formule, b est le coefficient de régression, $\text{var}(x)$ = variance de la supériorité phénotypique, $\text{cov}(x, y)$ = relation entre la supériorité phénotypique et la valeur réelle de la reproduction: les valeurs de reproduction estimées. La formule 8.2 peut être réorganisé:

$$\text{Cov}(x, y) = b * \text{var}(x) \quad 8.2$$

$$\text{Var}(EBV) = b * \text{var}(\text{supériorité phénotypique}) \quad 8.2$$

Pour les animaux individuels:

$$EBV = b * \text{supériorité phénotypique} \quad 8.3$$

Plus la supériorité phénotypique permet de prédire la véritable valeur d'amélioration génétique des animaux, plus $\text{cov}(x, y)$ ressemblera à $\text{cov}(y, y)$, qui est égal à $\text{var}(y)$ = variance des vraies valeurs d'amélioration génétique et aussi $\text{cov}(x, x)$, la variance des observations phénotypiques. En d'autres termes: plus le coefficient de régression se rapprochera de 1.

Comme dernière étape: dans l'élevage d'animaux, les animaux génétiquement supérieurs doivent être identifiés. Ceci est plus facile si leurs valeurs EBV sont exprimées par rapport à un animal moyen. Un EBV positif indique un animal meilleur que la moyenne. C'est plus précis que de simplement donner l'EBV non ajusté. Par exemple, si un animal avait un EBV de 25, c'est une information intéressante mais pas très utile tant que cette valeur ne peut pas être comparée aux scores d'autres animaux. Si le score moyen du groupe d'animaux est de 23, l'animal avec un EBV 25 serait +2. Par conséquent, pour des raisons de commodité, l'EBV est exprimé par rapport à la moyenne.

La supériorité phénotypique peut être calculée comme ci-après: ($P - P_{\text{moyenne}}$): les informations phénotypiques sur l'animal - la moyenne de la population. Par conséquent, la vraie valeur d'amélioration génétique s'exprime également en supériorité génétique: ($A - A_{\text{moyenne}}$), et l'EBV en est une estimation.

La formule devient alors:

$$EBV = b * (P - P_{\text{moyenne}}) \quad 8.4$$

Cette formule est la formule la plus basique pour estimer la valeur d'amélioration génétique d'un animal: elle combine la supériorité phénotypique de l'animal et le coefficient de régression de la supériorité génétique sur la supériorité phénotypique. Si l'information est disponible à partir de sources multiples (propres performances, parents, descendants, parents), la relation de régression simple 8.5 devient une équation générale de régression multiple qui est écrite comme suit :

$$EBV = \sum b_i * (P_i - P_{moyenne}) \quad 8.5$$

Donc:

Pour estimer les valeurs d'amélioration génétique des animaux (EBV), il faut trouver le meilleur coefficient de régression et les informations phénotypiques les plus informatives afin que notre EBV se rapproche le plus possible du TBV. Les EBV sont exprimés par rapport à l'animal moyen pour simplifier l'identification des animaux génétiquement supérieurs.

8.4. Estimation de la valeur d'élevage: sélection de masse

La valeur d'amélioration génétique estimée la plus élémentaire consiste à classer les animaux en fonction de leurs propres performances. Ceci est également appelé sélection de masse. Si le phénotype (vraie valeur d'amélioration génétique + influence environnementale) est tracé sur l'axe des x, et le génotype (vraie valeur d'élevage) sur l'axe des y, alors le coefficient de régression entre les deux est l'héritabilité :

$$\begin{aligned} \text{cov}(x, y) &= \text{cov}(P, G) \\ &= \text{cov}(G + E, G) \\ &= \text{cov}(G, G) + \text{cov}(G, E) \\ &= \text{var}(G) + 0, \\ \text{Donc, } b &= \text{cov}(X, Y) / \text{var}(X) \\ b &= \text{var}(G) / \text{var}(P) \text{ ou } \mathbf{b = h^2} \end{aligned} \quad 8.6$$

Si la supériorité phénotypique et l'héritabilité sont connues, les valeurs d'amélioration génétique peuvent être estimées.

$$EBV_{\text{sélection de masse}} = h^2 * (P - P_{moyen}) \quad 8.7$$

P représente la performance propre et P_{moyen} la performance moyenne propre de la population.

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Pour donner un exemple: si chez les lapins le caractère sélectionné est le poids corporel à l'âge de 3 mois, l'enregistrement doit commencer à ce moment-là. Le lapin moyen d'une population spécifique pèse 2 kg. Un lapin de 2,3 kg représenterait une supériorité phénotypique de $2,3 - 2,0 = 0,3$ kg. En supposant une héritabilité de 0,2 pour ce caractère dans la population, cela signifie que l'EBV pour le poids corporel de ce lapin est de $0,2 * 0,3 = 0,06$ kg. A noter que l'unité de l'EBV est égale à l'unité du phénotype, dans ce cas kg de poids corporel.

Poursuivant l'exemple avec les lapins: Il est apparu que même si les lapins étaient censés avoir été pesés à 3 mois, cela n'avait pas toujours été le cas. En raison des vacances et des week-ends, certains animaux étaient un peu plus jeunes et d'autres un peu plus âgés.

Cette inexactitude a influencé l'héritabilité. Il y avait une variation due à l'âge qui aura augmenté la variance d'erreur, et donc diminué l'héritabilité. Plus l'héritabilité est proche de 1, plus est le phénotype qui représente la supériorité génétique sous-jacente. Plus tard, la gestion a été modifiée et maintenant tous les lapins ont été pesés à exactement 3 mois, l'héritabilité a augmenté de 0,2 à 0,4. Par conséquent, la supériorité génétique sous-jacente de l'animal peut être mieux prédite et l'EBV a augmenté à $0,4 * 0,3 = 0,12$ kg.

Donc:

L'EBV utilisant ses propres performances peut être estimé comme suit:

$$EBV_{\text{sélection de masse}} = h^2 * (P - P_{\text{moyen}})$$

8.4.1. EBV par observations répétées sur un seul animal

Au fil du temps, pour certains caractères, plus d'un enregistrement de sa propre performance sera collecté par animal. Par exemple, à l'enregistrement sur la taille de la première portée, puis les informations de la deuxième, troisième ou même quatrième portée seront ajoutées pour rendre les informations sur les performances du barrage plus complètes. La taille de la portée est héréditaire, on peut donc s'attendre à ce que plusieurs portées au sein d'un barrage soient plus semblables que les portées entre différents barrages. Un seul enregistrement comprend les influences génétiques et environnementales. Dans la deuxième portée, les facteurs génétiques sont bien sûr les mêmes, mais l'environnement peut être différent. Et encore une fois, une troisième portée a la même génétique mais peut-être encore une fois dans un environnement différent. Plus il y a de portées, mieux il devrait être possible d'estimer le potentiel génétique du barrage. Il est indiqué par une corrélation entre les enregistrements suivants: **la répétabilité**.

Plus les enregistrements suivants se ressemblent, plus la corrélation est élevée (max = 1). La disponibilité de plus d'enregistrements d'un animal permet une meilleure indication de la supériorité phénotypique. Les enregistrements d'un animal sont en partie influencés par l'environnement qui est spécifique à cet enregistrement, le soi-disant *environnement temporaire*, mais aussi par l'environnement qui est similaire à travers les enregistrements, le soi-disant *environnement permanent*.

L'environnement temporaire est différent à chaque fois, l'effet est plus important dans un enregistrement que dans l'autre. En prenant la moyenne des enregistrements répétés, le phénotype est corrigé de l'effet de l'environnement temporaire. Le phénotype basé sur cette performance moyenne représente donc une représentation plus précise de la supériorité phénotypique. La figure 8.2 montre cette relation.

Plus la supériorité phénotypique peut être exprimée et plus la répétition est élevée, mieux il devrait être possible d'estimer la valeur d'élevage. C'est en effet le cas. Des enregistrements répétés permettent une meilleure estimation du coefficient de régression. Dans le cas d'un seul enregistrement, le coefficient de régression est h^2 , mais s'il y a plusieurs enregistrements, il devient:

$$b_{\text{ sélection mass, plusieurs enregistrements}} = nh^2 / [1 + r(n-1)] \quad 8.8$$

n est le nombre d'enregistrements répétés, et r est la corrélation entre les enregistrements suivants: La répétabilité. Dans le cas de 2 enregistrements est de 0,5, le coefficient de régression augmente de h^2 à $b = h^2 \cdot 2 / [1 + 0,5(2-1)]$, $b = 1,33 \cdot h^2$. La valeur des observations répétées dépend de la répétabilité et du nombre d'enregistrements disponibles. Plus la répétabilité est faible, plus les observations répétées sont biaisées par des influences environnementales variables. La collecte de plusieurs enregistrements et la réévaluation de la valeur de reproduction chaque fois qu'un nouveau record de performance est disponible devient plus important.

Donc:

La répétabilité est la corrélation entre les enregistrements suivants: plus ils se ressemblent, plus la répétabilité est élevée (max = 1). Des observations répétées sur sa propre performance s'ajoutent à l'estimation du coefficient de régression. Plus la répétabilité est faible, plus la valeur ajoutée des observations répétées est élevée.

8.5. Estimation de la valeur d'amélioration génétique par valeurs phénotypiques obtenues à partir de multiples sources d'information

L'estimation des valeurs d'amélioration génétique nécessite des informations sur le phénotype et le coefficient de régression de la vraie valeur d'amélioration génétique (TBV) sur la supériorité phénotypique ($P - P_{moyen}$). La régression parent-progéniture, qui peut être utilisée pour estimer l'héritabilité, évalue quelque peu la valeur reproductrice de la progéniture sur la base des performances des parents. Dans le cas d'informations sur un parent seul, le coefficient de régression est égal à la moitié de l'héritabilité, où la moitié représente la relation génétique additive entre le parent seul et la progéniture. L'EBV de la progéniture peut donc être calculé comme suit:

$$EBV_{progéniture} = b_{parent} * (P_{parent} - P_{moyen}) \text{ ou } = \frac{1}{2} h^2 * (P_{parent} - P_{moyen}) \quad 8.9$$

Dans le cas où des informations sur les deux parents sont disponibles, la régression du phénotype de la progéniture sur le parent moyen équivaut à l'héritabilité, la relation génétique additive avec les deux parents est de $2 * 0,5 = 1$, donc l'EBV devient:

$$EBV_{progéniture} = h^2 * (P_{parent\ moyen} - P_{moyen}) \quad 8.10$$

8.5.1. Calcul de la EBV par valeurs phénotypique d'un parent

Revenons à l'exemple avec les lapins: Le lapin moyen d'une population spécifique pèse 2,0 kg. Un lapin de 2,3 kg aurait une supériorité phénotypique de $2,3 - 2,0 = 0,3$ kg. L'héritabilité pour le poids dans cette population est de 0,2. L'EBV pour le poids corporel de ce lapin est de $0,2 * 0,3 = 0,06$ kg. La valeur reproductrice de la jeune progéniture de ce lapin peut maintenant être estimée. Les jeunes animaux n'ont pas encore de performance propre, c'est pourquoi l'observation phénotypique de ce parent est utilisée. L'EBV de la progéniture devient : $EBV_{progéniture} = \frac{1}{2} * 0,2 * (2,3 - 2,0) = 0,03$ kg.

C'est moins que si la progéniture elle-même avait eu un phénotype. La raison est que pour le calcul de l'observation phénotypique, le parent seul a été utilisé comme source d'information et la relation génétique additive entre le parent et sa progéniture est de 0,5.

L'hypothèse importante dans un cas comme celui-ci avec d'autres parents inconnus est que ces autres lapins qui ont été accouplés à ce parent célibataire étaient de qualité moyenne, donc avaient un EBV de 0, et n'ont donc pas contribué à l'EBV de la progéniture. C'est pourquoi, dans cet exemple, l'EBV de la progéniture est la moitié de celle du parent.

8.5.2. Calcul de la EBV par valeurs phénotypique des deux parents

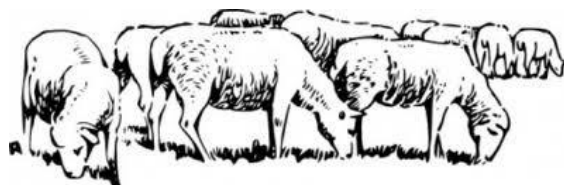
Autre exemple, maintenant pour le poids corporel des moutons et les informations phénotypiques sur les deux parents. Le bélier pèse 80 kg et la brebis pèse 70 kg. Le mouton moyen de cette race pèse 65 kg. L'héritabilité pour le poids corporel est de 0,45. Estimez l'EBV de la progéniture à naître. Prenons cette étape par étape.

Tout d'abord, la valeur du parent moyen est calculée: le poids moyen des deux parents est de 75 kg. La supériorité phénotypique devient $75 - 65 = 10$ kg. Si ces informations sont combinées, l'EBV de l'agneau devient:

$$EBV_{\text{progéniture}} = 0,45 * (75 - 65)$$

$$EBV_{\text{progéniture}} = 4,5 \text{ kg.}$$

Cela signifie que les agneaux devraient peser 4,5 kg de plus que la moyenne, et donc peser $65 + 4,5 = 69,5$ kg.



8.5.3. Calcul de la EBV par autres types de sources d'informations

Si des informations sur un seul animal apparenté sont disponibles, le coefficient de régression est égal à la relation génétique additive multipliée par l'héritabilité:

$$b = a * h^2 \quad 8.11$$

Dans le cas des parents ou grands-parents, la relation génétique additive est multipliée par le nombre d'animaux à partir desquels des informations sont disponibles: jusqu'à 2 parents ou jusqu'à 4 grands-parents. Le coefficient de régression maximal redevient h^2 . Cela devient un peu plus compliqué s'il y a des informations sur un groupe d'animaux apparentés qui ne sont pas des (grands) parents, par exemple un groupe de demi-frères.

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

L'animal et ses frères peuvent non seulement partager une composante génétique, mais potentiellement aussi l'effet d'un environnement commun (souvent noté c). Cela rend plus difficile de démêler l'effet de la génétique et de l'environnement commun, et a donc une influence négative sur l'EBV. Le tableau 8.1 contient une courte liste de formules pour les coefficients de régression pour un certain nombre de sources d'information différentes. Il est intéressant de se demander pourquoi certaines des formules ont un c^2 dans la formule et d'autres pas. Le n indique le nombre d'enregistrements. En cas de test sur descendance, pour chaque animal pour lequel la valeur d'amélioration génétique est estimée, il indique donc le nombre de descendants avec des données d'observation.

Le tableau 8.1 montre que le coefficient de régression contient dans certains cas un $\frac{1}{2}$ ou un $\frac{1}{4}$. Par exemple, le coefficient de régression utilisant des informations complètes sur la fratrie contient un $\frac{1}{2}$, et celui pour l'information sur une demi-fratrie en contient un $\frac{1}{4}$. Ce sont les relations génétiques additives entre la source d'information et l'animal pour lequel la valeur d'amélioration génétique est estimée. De même, la relation génétique additive avec un parent célibataire est de $\frac{1}{2}$ et il en est de même avec la progéniture.

Tableau 8.1.

Formules de coefficients de régression pour estimer les valeurs d'amélioration génétique à l'aide de diverses sources d'information.

Source d'information	Coefficient de régression (b)
Propre performances	h^2
Grands-parents, la moyenne des quatre	h^2
Un parent	$\frac{1}{2} h^2$
Parents (moyenne de deux parents)	h^2
Sélection de bons frères (n bons frères)	$\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{2}h^2 + c_{FS}^2)}$
Sélection des demi-frères (n demi-frères)	$\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{4}h^2 + c_{HS}^2)}$
Test de performance (n demi-frères et sœurs)	$\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n - 1)h^2}$

Maintenant, il a été précisé comment les informations sur les parents d'un animal sont utilisées pour ajuster le coefficient de régression. Bien entendu, il est possible de combiner diverses sources d'informations et d'obtenir des estimations encore meilleures du coefficient de régression. Mais pour les besoins de ce livre, il suffit de reconnaître le type de source d'information disponible et de savoir comment utiliser ces informations pour estimer la valeur de reproduction.

Donc:

Le **coefficient de régression** (b) pour estimer la valeur d'amélioration génétique en utilisant d'autres sources que sa propre performance dépend de la relation génétique additive avec l'animal, de l'héritabilité (h^2), du nombre de sources d'information (n) et de la taille de l'effet environnemental commun partagé (c^2).

8.5.4. Exemples d'estimation des valeurs d'amélioration génétique

Retour à l'estimation des valeurs d'amélioration génétique. Pour estimer les valeurs d'amélioration génétique, le coefficient de régression ainsi que la supériorité phénotypique sont nécessaires. Comment les obtenir s'il existe des informations sur plus d'un seul animal ? La solution la plus simple est de prendre la moyenne. Si la valeur d'amélioration génétique d'un père avec 20 descendants doit être estimée en fonction des performances de la progéniture, la moyenne des performances de la progéniture doit être liée à la moyenne de la population. Si la moyenne de la progéniture est de 50 et la moyenne de la population de 40, alors

$$(P_{\text{offspring}} - \bar{P}) = 50 - 40 = 10$$

Dans une étape suivante, le coefficient de régression et la supériorité phénotypique doivent être combinés pour estimer la valeur d'élevage. Rappelez-vous le principe de base (*relation 8.4*):

$$1 \text{ EBV} = b * (P - P_{\text{moyenne}})$$

Il y a toujours trois étapes nécessaires pour estimer la valeur d'amélioration génétique d'un animal :

1. déterminer la supériorité phénotypique de votre source d'information
2. déterminer le coefficient de régression
3. combiner les deux valeurs précédentes pour estimer la valeur d'élevage

Voici quelques exemples pour démontrer cela dans la pratique :

Exemples :

1. Quel est l'EBV pour un étalon avec d'excellents parents ?

L'héritabilité de la capacité de conduite chez les chevaux équestres est de 0,29. Le père de cet étalon a obtenu un score de 9,5 pour la maniabilité, et la mère a obtenu un score de 9,0. La moyenne de la population est de 7,0.

Étape 1 : la supériorité phénotypique est égale à la moyenne des parents, qui est $(9,5 + 9,0) / 2 - 7,0 = 2,25$

Étape 2 : le coefficient de régression pour les informations sur les parents intermédiaires est $h^2 = 0,29$

$$\text{Étape 3 : l'EBV} = b * (P - \bar{P}) = h^2 * (P - \bar{P})$$

2. Quel est l'EBV pour la production laitière d'un taureau laitier de 100 filles (demi-sœurs) ?

L'héritabilité pour la production laitière est de 0,3. Les filles produisent en moyenne 10 000 kg et la population moyenne est de 9 500 kg.

Étape 1 : la supériorité phénotypique = $10\,000 - 9\,500 = 500$ kg.

Étape 2 : le coefficient de régression (voir la formule pour les informations sur la progéniture dans le tableau 1)

$$\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n-1)h^2}$$

$$b = (\frac{1}{2} * 100 * 0,3) / (1 + \frac{1}{4} * (100-1) * 0,3)$$

$$b = 15 / 8,425, b^1 = 1,78.$$

Étape 3 : l'EBV pour la production laitière de ce taureau est de $1,78 * 500 = 890$ kg.

¹ Remarque: le coefficient de régression maximum d'un seul parent (généralement le père) sur la progéniture est de 2 car le père transmet la moitié de son génome à la progéniture. En inversant cela, et en supposant que le père est accouplé à des mères moyennes, si des informations sur la supériorité de la progéniture sont données, celle du père est celle de la progéniture fois 2.

Donc:

Le coefficient de régression maximal lors de l'utilisation des informations sur la progéniture est de 2 et non de 1.

3. Quel est l'EBV pour le gain quotidien moyen lors de la croissance de 25 à 100 kg d'un porc avec des informations sur 20 frères complets, mais pas de performance propre ?

L'héritabilité pour le gain quotidien moyen est de 0,4, la moyenne de la population est de 875 g / j et celle des 20 fratries complètes est de 900 g / j. L'effet environnemental commun pour les frères et sœurs pleins (c^2) = 0,45

Étape 1 : la supériorité phénotypique = 900 - 875 = 25 g / j

Étape 2 : le coefficient de régression¹

$$b = \frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{2}h^2 + c_{FS}^2)}$$

$$(\frac{1}{2} * 20 * 0,4) / (1 + (20-1) * (\frac{1}{2} * 0,4 + 0,45)) = 4 / 13,35 = 0,30$$

Étape 3 : l'EBV pour un gain journalier moyen de 25 à 100 kg pour ce porc est de 25 * 0,3 = 7,5 g / j.

Donc:

La présence d'un effet environnemental commun (c^2) a un effet réducteur sur la valeur de reproduction estimée (EBV).

8.6. Estimation de la valeur d'élevage: le modèle animal

Même si la sélection de masse est un moyen simple de classer les animaux comme candidats à la reproduction, ce n'est pas toujours le moyen le plus précis. Par exemple, si sa propre performance est la seule donnée disponible, comment serait-il possible de sélectionner des animaux sans sa propre performance?

¹ Remarque: le coefficient de régression est inférieur à l'héritabilité. La raison en est que les frères et sœurs à part entière se comportent plus de la même manière parce qu'ils ont partagé un environnement commun. Par conséquent, une plus petite proportion de la supériorité phénotypique peut être attribuée à la génétique partagée que sans environnement commun partagé. Ceci est pris en compte via le c^2 lors de la détermination du coefficient de régression pour estimer la valeur d'élevage

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Comment sélectionner les taureaux de bovins laitiers pour une meilleure production laitière? Ou comment sélectionner les animaux pour la qualité de la viande?

La qualité de la viande ne peut être mesurée qu'après l'abattage, mais les animaux abattus ne peuvent plus être utilisés pour la reproduction. Heureusement, il existe une solution: des informations phénotypiques sur des animaux apparentés peuvent être collectées et utilisées pour estimer les valeurs d'amélioration génétique d'animaux sans phénotypes. Le succès dépendra de comment leur génétique ressemblera à celle de l'animal sans ses propres performances: la relation génétique additive.

Pour estimer la valeur d'amélioration génétique d'un animal, la relation génétique additive avec les animaux avec des phénotypes doit être assez substantielle. Ce n'est qu'alors que les informations phénotypiques supplémentaires ont une valeur ajoutée. Par exemple, les informations sur un propre frère, qui a en moyenne la moitié de son génome identique à l'animal en question (donc $a = 0,5$), ont plus de valeur ajoutée que les informations sur un cousin éloigné avec une relation génétique additive de seulement 0,0625. Et les informations sur les parents ou la progéniture ont plus de valeur ajoutée que les informations sur les frères et sœurs, même si toutes ont une valeur génétique additive de 0,5. C'est parce que les parents transmettent exactement la moitié de leur génome à leur progéniture. Leur relation génétique additive est donc vraiment de 0,5, alors que les frères et sœurs de plein droit partagent en moyenne la moitié de leur génome. L'échantillonnage mendélien (l'incertitude dont la moitié du potentiel génétique d'un parent est transmise à chaque progéniture) détermine s'il s'agit bien de la même moitié ou non. En d'autres termes, cette moitié n'est pas aussi certaine que la moitié que les parents et la progéniture partagent.

La méthode de combinaison des relations génétiques additives entre les animaux avec les informations phénotypiques de certains de ces animaux pour estimer toutes leurs valeurs d'amélioration génétique est appelée le **modèle animal**. Le modèle animal est non seulement utile en cas d'observations phénotypiques manquantes, mais aussi pour augmenter la qualité des informations phénotypiques afin que la valeur d'amélioration génétique puisse être estimée avec plus de précision. Comment fonctionne le modèle animal?

Donc:

Le modèle animal représente une méthode qui utilise les informations phénotypiques de parents pour estimer la valeur d'amélioration génétique d'un animal

8.6.1. Meilleure prédiction linéaire impartiale

Le modèle animal consiste à utiliser des sources d'information alternatives grâce à leur relation génétique additive avec l'animal pour lequel la valeur d'amélioration génétique doit être estimée. L'estimation des valeurs d'amélioration génétique consiste à optimiser l'estimation du coefficient de régression, mais aussi à optimiser les informations phénotypiques. Il existe une méthode qui combine ces deux facteurs importants : elle corrige simultanément les phénotypes pour les effets systématiques, et elle estime les valeurs d'amélioration génétique tout en utilisant les relations génétiques additives entre les animaux. Le résultat est une estimation non biaisée de la valeur de reproduction. Cette méthode est la meilleure prédiction linéaire sans biais, ou en bref : BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). C'est une méthode qui utilise l'algèbre matricielle. Sans entrer dans les détails, l'idée principale sera esquissée ici. Dans la formule, cela ressemblerait à ceci:

$$Y = Xb + Za + e \quad 8.12$$

Où Y est l'information phénotypique, Xb corrige les supériorités phénotypiques pour les effets systématiques, et Za relie les supériorités phénotypiques aux relations génétiques additives pour estimer l'EBV ; e indique la variance d'erreur.

D'une certaine manière, BLUP suit le modèle simple $P = E + G$, mais fournit également des estimations de G et E . Par exemple, si les animaux d'une ferme sont beaucoup mieux nourris que dans une autre, le classement des animaux en fonction de leur poids profiterait aux animaux de la ferme avec une meilleure nutrition. Cependant, génétiquement, les animaux des deux fermes peuvent être similaires. Sans prendre en compte cette influence systématique de la ferme d'origine, il est probable que les animaux les mieux classés proviendraient principalement de la ferme avec le meilleur aliment. Pour être capable de comparer davantage les performances des animaux sur leur potentiel génétique, il est important de prendre en compte cet *effet de ferme*, et c'est ce que fait le BLUP (si des informations sur la ferme dans laquelle chaque animal était logé sont fournies).

Le principe du BLUP est de déterminer le poids moyen des animaux dans chaque ferme et de soustraire la différence avec les animaux de la ferme ayant le poids le plus élevé. Si les animaux de la ferme 1 pèsent 100 kg et que ceux de la ferme 2 pèsent 120 kg, les animaux de la ferme 2 seraient «punis» en soustrayant 20 kg de leur poids.

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Le problème critique dans la correction des effets systématiques est que cela ne fonctionne bien que si les génotypes sont suffisamment répartis entre les influences environnementales systématiques. Les animaux des deux fermes doivent être apparentés, par exemple parce que les mêmes pères ont été utilisés, ou parce que les pères utilisés dans chaque ferme étaient des frères. Si les animaux des deux fermes ne sont pas apparentés, une partie de la raison de la différence de poids peut être une différence de potentiel génétique. Ces effets doivent être estimés pour ne pas les perdre en corrigeant le poids. L'insémination artificielle permet des liens génétiques entre les fermes car les mêmes taureaux sont utilisés dans de nombreuses fermes.

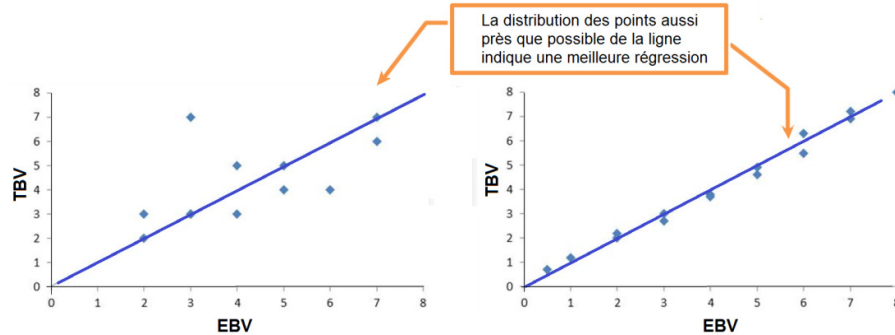
Chez les animaux d'élevage, où l'accouplement naturel est une pratique courante, comme chez les bovins de boucherie et les ovins, il n'est souvent pas possible d'estimer avec précision les effets systématiques des exploitations car le manque d'échange d'animaux entre les exploitations entraîne de mauvaises liaisons génétiques entre les exploitations. Dans les espèces où les taureaux sont amenés à leurs partenaires à divers endroits, comme cela peut être le cas dans l'élevage de chevaux ou de chiens, les liens génétiques ne seront pas un facteur limitant. A condition que les taureaux soient utilisés assez souvent.

Donc:

Avec BLUP, il est possible d'estimer les valeurs d'amélioration génétique en utilisant des informations sur les parents et en corrigeant les phénotypes pour les influences systématiques. Le point critique est que des liens génétiques suffisants entre les environnements sont nécessaires pour estimer les effets systématiques de ces environnements (par exemple les fermes).

8.7. Précision de la valeur d'élevage: le concept de base

En cas de coefficient de régression élevé également, certains animaux ont encore un EBV supérieur ou inférieur au TBV. S'il était possible d'estimer la valeur d'amélioration génétique avec une précision de 100%, l'EBV et le TBV auraient les mêmes valeurs. Si le TBV est tracé par rapport à l'EBV, tous les points de données seraient parfaitement alignés. Moins les points de données sont alignés, moins l'EBV représente effectivement la vraie valeur d'élevage: les estimations ne sont pas exactes. La corrélation est une mesure pour les points de données alignés, et donc la précision de l'estimation de la valeur de reproduction.



Graphique 8.3. Tracés de TBV sur EBV avec la droite de régression parfaite si $EBV = TBV$.

Sur la gauche, un exemple d'EBV inexact, indiqué par le nuage de points de données avec une corrélation entre EBV et TBV de 0,76. Sur la droite, les EBV sont estimés avec beaucoup plus de précision et sont presque en ligne avec le TBV, ce qui donne une corrélation entre EBV et TBV de 0,98.

Si la corrélation entre les valeurs de reproduction estimées et réelles est de 1, les estimations sont parfaites. Plus on s'éloigne de 1 (c'est-à-dire un nuage), moins les valeurs de reproduction estimées sont précises. Ceci est illustré dans la figure 8.3. Le côté gauche montre un nuage de points de données: certains EBV ressemblent à la vraie valeur de reproduction, mais certaines estimations sont également très éloignées.

La corrélation entre l'EBV et le TBV sur cette figure est de 0,76, l'EBV ne ressemble pas au TBV pour tous les animaux. Par exemple, il y a deux animaux avec un EBV de 4, alors que leurs véritables valeurs d'amélioration génétique sont différentes: 3 et 5. Un graphique comme celui-ci n'existe pas en réalité car le TBV n'est pas connu. Cependant, une estimation peut être faite: La corrélation entre les informations phénotypiques et la véritable valeur d'élevage. Dans quelle mesure l'EBV correspond-il à la vraie valeur d'élevage?

Donc:

La précision de l'estimation de la valeur d'amélioration génétique (r_{IH}) représente la corrélation entre l'EBV et la vraie supériorité génétique (TBV), et a une valeur comprise entre 0 (inexact) et 1 (100% précis).

8.8. Exactitude des valeurs d'amélioration génétique estimées

L'exactitude d'une valeur de reproduction estimée indique dans quelle mesure l'estimation représente la vraie valeur de reproduction. Il représente la corrélation entre la valeur d'amélioration génétique estimée et la valeur réelle. Contrairement à une corrélation normale et en raison de certaines hypothèses sous-jacentes, cette corrélation ne peut pas devenir négative. Il peut avoir des valeurs comprises entre 0 (estimation totalement inexacte) et 1 (la valeur d'amélioration génétique estimée est le prédicteur parfait de la vraie valeur d'élevage). La précision est indiquée par le symbole r_{IH} . Le r représente le fait qu'il s'agit d'une corrélation, le I représente la valeur de reproduction estimée, et le H représente la vraie valeur de reproduction.

Donc:

La précision d'un EBV donne une indication de la probabilité que l'EBV soit correctement estimé. C'est donc une indication de la valeur de l'EBV comme critère de sélection. La précision (r_{IH}) est une corrélation, mais avec des valeurs comprises entre 0 et 1.

Dans le tableau 8.2 il s'agit de précisions de sélection (r_{IH}) pour les mêmes sources d'information que dans le tableau 8.1. Il ressort clairement du tableau qu'avec seulement des informations sur les parents, voire les grands-parents, la précision de l'EBV ne peut jamais se rapprocher de la valeur qui peut être réalisée avec ses propres performances. En l'absence d'effet environnemental commun (c^2), la précision maximale pouvant être obtenue est déterminée en supposant un n très grand. Si n devient très grand, alors le r_{IH} maximum qui peut être atteint avec des informations complètes sur la fratrie est égal à $\sqrt{[(1/4)/(1/2)]}$, ce qui équivaut à 0,707. Pour tout caractère dont l'héritabilité est supérieure à 0,5, la sélection sur ses propres performances donne une plus grande précision que la sélection sur des informations collectées sur un nombre infiniment grand de frères complets.

De même, la précision maximale qui peut être obtenue avec des informations de demi-fratrie, en l'absence d'un effet environnemental commun, est $\sqrt{[(1/16)/(1/4)]}$, qui est égal à 0,5. Pour tout caractère dont l'héritabilité est supérieure à 0,25, la sélection sur ses propres performances donne une précision supérieure à celle basée sur un nombre infiniment grand de demi-frères.

Tableau 8.2.

Le coefficient de régression (**b**) et l'exactitude (r_{IH}) des valeurs d'EBV pour un certain nombre de sources d'information différentes

Source d'information	Coefficient de régression (b)	L'exactitude des valeurs d'EBV (r_{IH})
Propre performances	h^2	$\sqrt{h^2}$
Grands-parents, la moyenne des quatre	h^2	$\sqrt{\frac{h^2}{4}}$
Un parent	$\frac{1}{2} h^2$	$\sqrt{\frac{h^2}{2}}$
Parents (moyenne de deux parents)	h^2	$\sqrt{\frac{h^2}{2}}$
Sélection de bons frères (n bons frères)	$\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{2}h^2 + c_{FS}^2)}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{2}h^2 + c_{FS}^2)}}$
Sélection des demi-frères (n demi-frères)	$\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{4}h^2 + c_{HS}^2)}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{16}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{4}h^2 + c_{HS}^2)}}$
Test de performance (n demi-frères et sœurs)	$\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n - 1)h^2}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n - 1)h^2}}$

Quand il y a un effet environnemental commun, les précisions maximales réalisables pour la sélection pleine ou demi-fratrie deviennent plus petites. D'après la formule, il devient clair qu'un effet environnemental commun diminue la précision de la sélection.

Donc:

La propre performance se traduit par une précision plus élevée que les informations complètes sur les fratries pour les héritabilités supérieures à 0,5, et plus élevées que les informations sur la moitié des frères pour les héritabilités supérieures à 0,25. En présence d'effets environnementaux communs parmi les SH ou les FS, ces héritabilités sont plus faibles.

8.8.1. Effet des informations supplémentaires sur l'exactitude

La précision de l'EBV devient plus élevée si plus d'informations relatives à la génétique d'un animal sont disponibles. Les informations sur la progéniture sont très précieuses car elles partagent la vraie moitié des gènes avec leurs parents. Mais pour les jeunes animaux, ce n'est pas encore une source d'information réaliste. En l'absence de données sur les frères et sœurs pleins ou demi-frères, leurs parents sont la seule source d'information. Ils partagent la vraie moitié de leurs gènes avec la progéniture et sont donc une source importante d'informations.

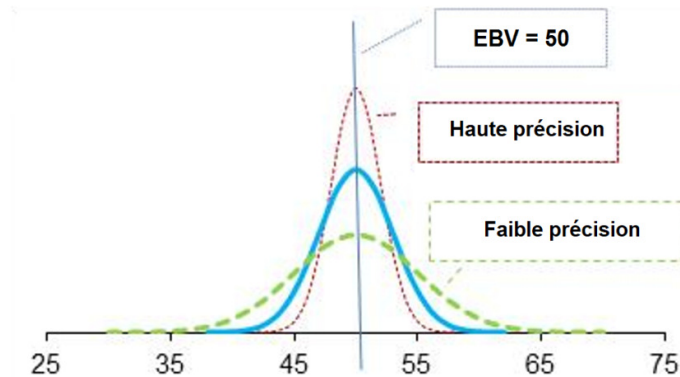
Il y a un facteur qui complique l'information des parents, la loi mendélienne. En raison de l'échantillonnage mendélien, on ne sait pas QUELLE moitié si les gènes sont transmis. Ceci est différent de la descendance (multiple) comme source d'information. Dans ce dernier cas, on sait que la moitié des gènes sont transmis. Sous l'hypothèse d'un autre parent moyen de la progéniture, le potentiel génétique (TBV) de l'animal peut être estimé assez précisément. Le fait que chaque progéniture reçoive la moitié de la génétique de l'animal, mais que chacun puisse en recevoir une moitié légèrement différente, permet de quantifier la composante d'échantillonnage mendélien et d'obtenir une estimation précise de l'EBV. Pourtant, la précision dépendra du nombre de descendants et de l'héritabilité.

Donc:

Les informations sur la progéniture sont plus précieuses que celles des frères et sœurs car la progéniture reçoit la moitié des gènes de l'animal. Si un nombre suffisant de descendants est disponible, alors l'effet d'échantillonnage mendélien peut être quantifié et l'EBV de l'animal peut être estimé très précisément.

8.8.2. Effet de précision (r_{IH}) sur EBV

En résumé: sa propre performance est précieuse pour un caractère à héritabilité élevée. Les phénotypes recueillis sur les demi-frères sont plus précieux que ceux sur les frères et sœurs pleins. Les phénotypes collectés sur la moitié de la progéniture sont encore plus précieux: aucun environnement commun avec l'animal, des nombres potentiels généralement plus importants sont disponibles, et la progéniture reçoit la vraie moitié du potentiel génétique de l'animal. Tout cela permet d'obtenir la valeur de reproduction estimée la plus précise. Il est maintenant clair comment la précision de la sélection est calculée - mais pourquoi est-ce important?



Graphique 8.4. Distributions autour du même EBV, mais estimées avec une précision élevée, intermédiaire ou faible.

Parce que plus la précision de l'EBV est élevée, plus le risque de classer les animaux dans le mauvais ordre est faible, et donc plus le risque de sélectionner les mauvais animaux pour la reproduction est faible. La figure 4 illustre la signification de l'exactitude. Les trois distributions normales représentent chacune un EBV de 50, mais avec différents niveaux de précision. L'EBV le plus précis a un intervalle de confiance de 95% entre 45 et 55 (figure 8.4).

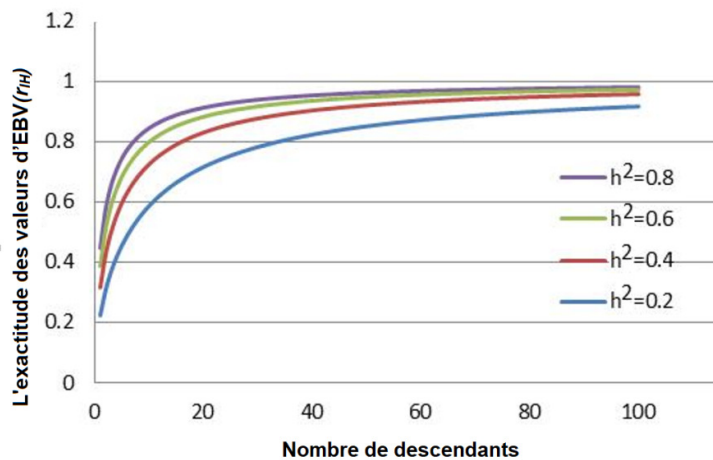
La meilleure estimation de la valeur de reproduction est de 50, mais avec un certain niveau d'inexactitude autour de cette estimation. Cependant, il est certain à 95% que la vraie valeur d'amélioration génétique se situe entre 45 et 55. L'EBV le moins précis indique également que la meilleure estimation est de 50, mais l'intervalle de confiance à 95% se situe entre 35 et 65. C'est beaucoup plus large que celui de l'estimation la plus précise. Ça veut dire. Cette différence de précision peut être le résultat d'une héritabilité différente. Plus l'héritabilité est élevée, plus l'EBV est précis. Mais cela peut aussi être le résultat d'une qualité sous-optimale de la source d'information. Par exemple, un nombre limité de descendants qui pourraient être utilisés pour déterminer le coefficient de régression. Dans ce cas, il est probable que plus d'informations deviendront disponibles lors d'une prochaine série d'estimations de la valeur génétique. Plus d'informations signifient généralement que le coefficient de régression peut être mieux déterminé et, par conséquent, que la valeur d'amélioration génétique peut être estimée avec plus de précision. Cela peut avoir des conséquences sur la taille de la meilleure estimation, et donc sur le classement des animaux !! C'est la raison pour laquelle l'EBV, en particulier des jeunes animaux avec peu d'informations disponibles, peut changer avec de nouvelles séries d'estimation de la valeur d'élevage. S'ils le font,

Donc:

Plus la précision d'un EBV est faible, plus le risque de modification de l'EBV est grand lorsque de nouvelles sources d'information (par exemple la progéniture) deviennent disponibles.

8.8.3. Effets du nombre de descendants sur la précision (r_{IH}) de l'EBV

La figure 8.5 montre la relation entre le nombre de descendants demi-frères avec des observations pour estimer la valeur reproductrice de leur parent, et l'exactitude de l'EBV pour ce parent. Les lignes sont dans l'ordre des héritabilités. Pour un caractère à héritabilité élevée (0,8), 10 descendants sont suffisants pour une précision de 0,85, alors que 48 descendants sont nécessaires pour obtenir cela pour un caractère ayant une héritabilité de 0,2. Plus il y a d'informations disponibles, plus la précision de l'EBV est élevée. Même avec une faible héritabilité, la précision finira par approcher 1. Bien que pour les héritabilités faibles, très souvent (même de manière irréaliste souvent) un grand nombre de descendants est nécessaire: avec une héritabilité de 0,2 et 100 descendants, la précision est "seulement" de 91,7%, et avec 200 progéniture il n'augmente qu'à 95,6%.



Graphique 8.5. Relation entre le nombre de descendants (HS) comme source d'information pour estimer les valeurs d'amélioration génétique et la précision de l'EBV pour 4 héritabilités différentes).

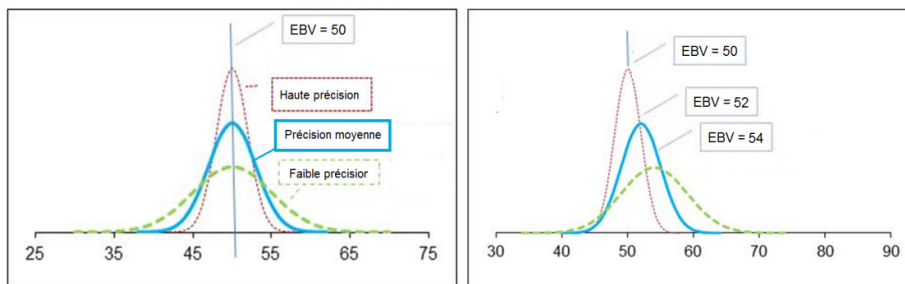
Une règle générale est que plus la précision de l'EBV est élevée, moins elle est susceptible de changer si des informations supplémentaires (plus de descendants) deviennent disponibles. Les traits liés à la fertilité ont souvent une faible héritabilité. Pour les caractères avec sélection de masse, la précision de l'EBV sera faible. Cependant, si de très grands nombres de descendants peuvent être produits, comme chez les bovins laitiers (taureaux), les porcs (verrats) ou les volailles (poules et coqs), l'EBV peut éventuellement être estimée très précisément.

Donc:

Même pour les caractères à faible héritabilité, la précision peut atteindre 1 si des informations sur un nombre suffisamment grand de descendants sont disponibles.

8.8.4. Optez pour l'EBV le plus élevé ou la plus haute précision?

Il a été expliqué comment estimer une valeur d'amélioration génétique et aussi, comment la disponibilité des sources d'informations (animaux apparentés avec des observations phénotypiques) influence la précision de l'EBV. Qu'est-ce qui est le plus important? La sélection doit-elle être faite pour l'animal avec l'EBV le plus élevé ou avec la plus grande précision? Pour y répondre rapidement: l'EBV le plus élevé est le facteur le plus important. Pour mieux comprendre cela, il est important de comprendre la signification à la fois de l'EBV et de la précision (figure 8.6). L'EBV est une estimation de la valeur d'amélioration génétique d'un animal. C'est une estimation, ce qui signifie qu'elle peut être correcte, mais elle peut aussi être fausse.



Graphique 8.6. L'effet d'une différence de précision pour le *même* EBV (à gauche) ou pour une différence d'EBV (à droite).

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

Dans tous les cas, il est important de comprendre qu'il s'agit de la MEILLEURE estimation de la valeur d'élevage. C'est la valeur d'amélioration génétique la plus probable, compte tenu des informations disponibles sur l'animal et ses proches. La précision de la valeur de reproduction estimée indique à quelle distance de la «vérité» se situe l'estimation.

Ceci est illustré sur la figure 8.5. Sur le côté droit, la même figure qui a été utilisée précédemment pour indiquer la signification de la précision est affichée. Toutes les estimations sont du même EBV, mais avec des précisions différentes. Dans ce cas, l'animal avec la plus grande précision est sélectionné, car tous ont le même EBV. Ceci est fait pour réduire le risque de faire un mauvais choix. Le graphique de gauche montre les trois mêmes précisions, mais avec des EBV différents. L'EBV le plus élevé a la précision la plus faible. Mais on estime toujours que c'est le meilleur animal. Il y a un risque que la vraie valeur d'amélioration génétique soit inférieure, mais il y a aussi une chance égale que la vraie valeur d'amélioration génétique soit encore plus élevée que l'EBV! Même s'il existe une insécurité quant à la valeur de l'estimation, l'EBV est la meilleure estimation et elle indique la valeur la plus probable. Un animal peut avoir un EBV très bas avec une très grande précision. Bien sûr, une combinaison d'EBV élevé et de haute précision serait optimale. Le niveau de précision accepté dépend du risque que l'éleveur est prêt à prendre.

Donc:

L'EBV fournit la MEILLEURE estimation de la valeur d'amélioration génétique d'un animal. La précision indique le risque d'une différence entre l'EBV et le TBV, où le TBV peut être supérieur ou inférieur avec une probabilité égale.

8.8.5. Surpasser l'EBV et la précision du EBV

L'exemple suivant rend la théorie plus claire. Dans l'élevage de bovins laitiers, un jeune taureau n'a qu'une valeur d'amélioration génétique pour la production laitière basée sur celle de ses parents. Il peut avoir un EBV très élevé, la précision de cette estimation est faible. Son père peut avoir un EBV avec une précision élevée de 90% (plus grand groupe de filles avec des records de performance), sa mère n'a que sa propre performance et peut-être quelques informations sur ses proches, donc sa précision sera d'environ 35%.

La précision de la valeur d'amélioration génétique d'un fils ou d'une fille sera égale à $\sqrt{0,25 * \text{fiabilité du père} + 0,25 * \text{fiabilité de la mère}}$.

Ainsi, la précision de la valeur d'amélioration génétique du jeune taureau sera: $r_{IH} = \sqrt{0,25 * 0,81 + 0,25 * 0,1225}$

$$r_{IH} = \sqrt{0,233125} \text{ ou } r_{IH} = 48\%.$$

L'échantillonnage mendélien est la raison pour laquelle il est tellement inférieur à la moyenne de ses parents. Il a hérité la moitié de sa génétique de son père et l'autre moitié de sa mère. Mais quelle moitié n'est pas connue. Il a peut-être hérité des meilleures moitiés de chacun, résultant en un jeune taureau meilleur que prévu. Mais il a peut-être aussi hérité de la pire moitié des deux parents, ce qui a entraîné des performances très décevantes de ses filles.

Ce n'est que lorsque ses filles produisent du lait que la qualité de sa génétique est devenue plus claire. Et il faut de nombreuses filles pour atteindre une précision de 90%. Malgré cette insécurité, le jeune taureau avec l'EBV le plus élevé devrait encore être le meilleur taureau. Cet exemple concernait les bovins laitiers, mais bien sûr exactement la même histoire que pour toutes les autres espèces. Le message principal est que même si l'on sait que les parents sont bons (haute précision de l'EBV élevé), la progéniture peut toujours avoir des performances différentes de celles attendues en raison de l'effet de l'échantillonnage mendélien.

Donc:

La précision de l'EBV des jeunes descendants n'est pas égale à la moyenne de celles de leurs parents en raison de l'influence relativement grande de l'échantillonnage mendélien: l'élevage reste un jeu jusqu'à ce que vous ayez des informations insuffisantes pour estimer l'EBV avec précision.

8.9. Sélection génomique

A partir de l'exemple de l'EBV du jeune taureau, il est devenu clair que la précision de son EBV restera faible jusqu'à ce qu'il y ait des observations phénotypiques sur les filles du jeune taureau. Cela prend beaucoup de temps. Ce serait très intéressant s'il existait un moyen d'augmenter la précision de l'EBV dès le plus jeune âge, sans avoir à attendre la naissance des filles. Il serait également très intéressant de disposer d'un moyen d'estimer les valeurs d'amélioration génétique pour des caractères difficiles ou coûteux à mesurer, tels que certains traits liés à la santé ou la qualité de la viande, sans avoir à infecter les animaux, à effectuer des radiographies détaillées ou à abattre.

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

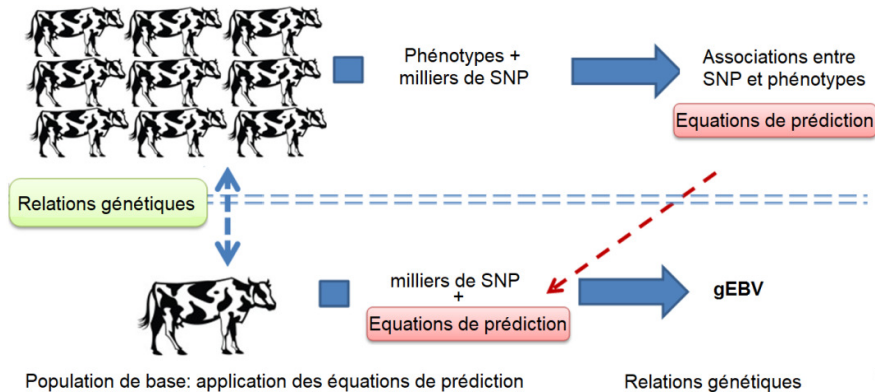
Et depuis quelques années, il existe une méthode qui peut faire exactement cela: la sélection génomique. Avec la sélection génomique, il est possible d'estimer assez précisément la valeur d'amélioration génétique d'un animal sans avoir besoin de ses propres performances ou des performances d'un grand nombre de descendants. La sélection génomique est basée sur l'estimation d'associations détaillées entre un ensemble très dense de marqueurs génétiques (SNP) et des phénotypes sur un groupe d'animaux sélectionnés. Ces associations peuvent être utilisées pour prédire les valeurs dites génomiques de reproduction (gEBV) pour les animaux apparentés qui ont été génotypés pour un grand ensemble de SNP, mais qui ne disposent pas d'informations ``traditionnelles" pour des EBV précis comme la propre performance ou un grand nombre de la progéniture avec des phénotypes. Avec la sélection génomique, l'ADN de l'animal fournit ainsi des informations pour estimer la valeur d'élevage, sans avoir à collecter les phénotypes sur l'animal lui-même ou sur ses proches parents.

8.9.1 Principes de la sélection génomique

Dans la figure 8.7, le principe général de la sélection génomique est illustré. Tout d'abord, de nombreuses informations doivent être collectées sur un groupe restreint d'animaux: **la population de référence**. Tous les animaux de cette population de référence sont génotypés pour un très grand nombre de SNP qui sont bien répartis sur tout le génome. Combien est encore en débat, mais au moins plusieurs milliers (par exemple 60 000). Le génotypage pour plus de SNP est plus coûteux, mais aboutira également à des associations estimées plus précisément entre le SNP et les phénotypes (c'est-à-dire les effets SNP). La question du nombre optimal d'animaux dans la population de référence est également toujours en discussion. Une population plus importante est évidemment plus coûteuse car le phénotypage et le génotypage détaillé de ces animaux sont coûteux. Mais une population plus importante permet également des estimations plus précises des effets SNP. Comme de nombreux aspects de la sélection animale, le choix de la taille de la population de référence et du nombre de SNP sera une question d'analyse coûts-avantages.

Compte tenu des phénotypes et des génotypes de la population de référence, les associations entre génotype et phénotype seront estimées pour chacun des marqueurs génétiques. Par la suite, les effets estimés sont combinés en ce que l'on appelle des **équations de prédiction**. Ce ne sont que des sommes (les effets SNP estimés sont additifs!) De l'effet du premier SNP + celui du second SNP +... + celui du dernier SNP, de sorte que le résultat final est la somme de tous les effets SNP estimés. Parce que chaque SNP a 2 allèles, pour chaque SNP il y a 3 génotypes possibles.

Population de référence: développement d'équations de prédiction



Graphique 8.7. Aperçu schématique de la logistique derrière la sélection génomique.

La population de référence fournit les informations pour estimer les associations entre le phénotype et les génotypes SNP. Ces associations sont ensuite traduites en équations de prédiction qui sont utilisées pour estimer les valeurs d'amélioration génétique génomique d'animaux sans phénotype mais avec des génotypes SNP en dehors de la population de référence.

Les équations de prédiction sont établies de telle sorte que pour chaque SNP, les effets de tous les génotypes présents dans la population de référence sont estimés. C'est l'une des raisons pour lesquelles une population de référence importante est nécessaire: pour estimer avec précision tous ces effets SNP, chaque génotype doit être représenté par un nombre suffisamment grand d'animaux. Un ensemble d'équations avec des effets SNP estimés est désormais disponible.

Donc:

La sélection génomique est basée sur l'estimation d'associations détaillées entre un ensemble très dense de marqueurs génétiques (SNP) et des phénotypes sur un groupe restreint d'animaux: la population de référence.

Les équations de prédiction qui en résultent sont ensuite appliquées aux génotypes SNP du reste de la population pour estimer leur valeur de reproduction génomique (gEBV), sans avoir besoin de phénotypes supplémentaires.

LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX

La valeur d'amélioration génétique des animaux en dehors de la population de référence peut être estimée en appliquant ces équations à leurs génotypes SNP. Ces valeurs de sélection basées uniquement sur des informations génomiques sont appelées valeurs de sélection génomique ou gEBV.

8.9.2. Composition de la population de référence

Outre une taille suffisante de la population de référence, il est également important que la population de référence soit liée à la population principale pour garantir que les associations estimées entre le SNP et les phénotypes existent également dans la population principale. Plus la relation génétique entre la population de référence et la population principale est petite, plus les associations seront différentes dans la population principale. Cela est dû à la recombinaison entre le SNP et les gènes qui déterminent l'effet sur le phénotype. En outre, avec peu de relations génétiques, de nombreuses associations existeront encore parce que les animaux des deux populations sont de la même race. Mais plus la relation est étroite, meilleures sont les estimations des associations.

Donc:

La relation génétique entre la population de référence et la population principale a une influence sur la précision de la sélection génomique. Les associations entre SNP et phénotype peuvent être perdues à travers les générations.

La nécessité de relations génétiques entre la population de référence et la population principale est la raison pour laquelle la vie active de la population de référence est limitée. La précision des associations estimées entre le phénotype et le SNP diminue d'une génération à l'autre. La principale raison est la recombinaison entre les gènes qui affectent le phénotype et le SNP. Plus le nombre de SNP utilisés pour le génotypage de la population de référence est élevé, plus sa durée de conservation est longue. Mais le lien entre SNP et gènes diminuera d'une génération à l'autre. La seule solution est de mettre à jour la population de référence. On ne sait toujours pas quelle serait la meilleure stratégie pour augmenter la vie active d'une population de référence.

La population doit-elle avoir un très grand nombre d'animaux dès le départ? Ou est-il préférable de commencer avec un petit groupe et d'ajouter de nouveaux animaux à chaque génération? Et combien d'animaux? Il est devenu clair que même si la population de référence est très importante, il reste essentiel d'ajouter régulièrement de nouveaux animaux pour mettre à jour les associations SNP estimées.

Donc:

Les populations de référence doivent être mises à jour régulièrement pour maintenir les associations entre SNP et phénotypes.

8.9.3. Précision de la sélection génomique

La précision d'une valeur d'amélioration génétique estimée dépend de 3 facteurs: l'héritabilité (h^2) du caractère, le nombre d'animaux (N) dans la population de référence et un paramètre appelé q . Le q est un paramètre spécifique à la population et au trait qui combine des informations sur la longueur du génome avec le niveau de consanguinité pour ce trait dans cette population. C'est une estimation du nombre de segments chromosomiques indépendants.

Les SNP qui sont étroitement ensemble sur un chromosome hériteront ensemble sans recombinaison entre eux. Plus deux SNP sont éloignés, plus il est probable qu'il y ait un événement de recombinaison entre eux. Plus le niveau de consanguinité est élevé, plus le niveau d'homozygotie sur le génome est élevé, et donc moins la recombinaison entraînera un changement dans la combinaison d'allèles SNP entre deux SNP. Un segment indépendant est une mesure de la probabilité qu'il y ait recombinaison résultant en différentes combinaisons d'allèles.

Plus le génome est long, plus il y aura de segments chromosomiques indépendants. C'est une histoire compliquée. Pour l'instant, il suffit de se rappeler que q est spécifique à une population et peut avoir des valeurs différentes pour différents traits. Les détails dépassent le cadre de ce cours. Dans une formule, la précision de la sélection génomique peut être exprimée comme suit:

$$r_{IH} = \sqrt{\frac{Nh^2}{Nh^2+q}}$$

8.13

Donc:

La précision de la sélection génomique dépend de l'héritabilité (h^2), du nombre d'animaux dans la population de référence (N) et d'un paramètre de population q qui reflète la relation entre la taille du génome et le niveau de consanguinité

8.9.4. La taille de la population de référence

La figure 8.8 montre l'augmentation de la précision avec l'augmentation de la taille de la population de référence pour 4 hérérabilités différentes, en supposant un q de 500, en supposant que les gEBV sont estimés en utilisant uniquement des informations génomiques. La ligne supérieure représente le trait avec l'hérérabilité la plus élevée (0,9) et la ligne la plus basse avec l'hérérabilité la plus faible (0,05). Pour atteindre le même niveau de précision, une diminution de la taille de l'hérérabilité nécessite une forte augmentation de la taille de la population de référence. Par exemple, pour obtenir une précision de 0,6, 5630 individus sont nécessaires pour les caractères dont l'hérérabilité est de 0,05, alors que seulement 320 individus sont nécessaires pour les caractères dont l'hérérabilité est de 0,90.

Ceci illustre que, même si la sélection génomique est un très bel outil, elle n'est pas faisable pour les petites populations, et surtout pas pour les caractères à faible hérérabilité. En tant que solution potentielle, les populations (studbooks) pourraient combiner leurs forces pour constituer une population de référence, afin de partager les coûts et les bénéfices. Il s'agit d'une pratique courante dans l'élevage de bovins laitiers, où un certain nombre d'organisations internationales d'élevage partagent une population de référence. Il n'y a aucun exemple de combinaison de populations de référence de différentes races. Théoriquement, cela ne semble efficace que lorsque la densité des SNP est très élevée.

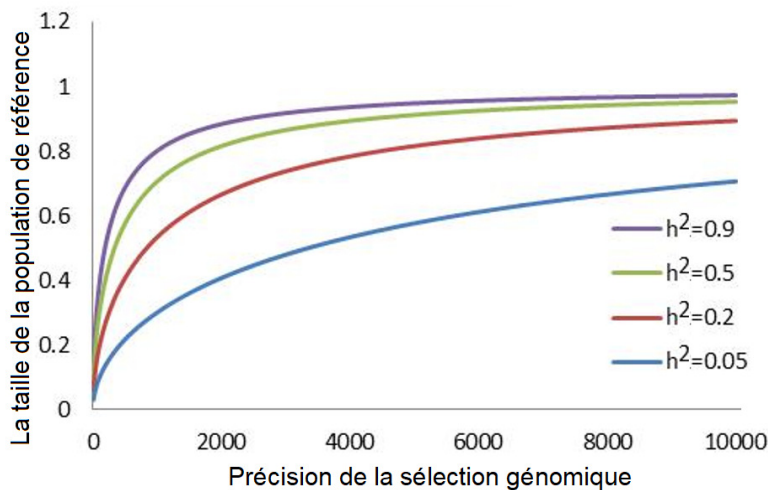


Figure 8.8. Relation entre le nombre d'animaux dans la population de référence et la précision de la sélection génomique pour des caractères ayant des hérérabilités différentes.

Donc:

La taille de la population de référence peut être un facteur limitant pour obtenir un gEBV précis. La solution peut être de combiner les forces entre les associations d'élevage.

En plus de pouvoir avoir une valeur de reproduction estimée avec précision dès le plus jeune âge, la sélection génomique est particulièrement utile pour la sélection sur des caractères qui sont coûteux à mesurer avec précision car seul un nombre relativement limité de phénotypes est suffisant pour améliorer l'EBV de nombreux animaux.

Même si la sélection génomique permet une sélection sans information phénotypique de l'animal lui-même ou des parents proches, la précision de la sélection est également déterminée par la précision de l'enregistrement du phénotype. Surtout dans la population de référence, l'enregistrement des phénotypes doit être fait aussi précisément que possible parce que les phénotypes sont utilisés pour la sélection du reste de la population à travers leurs associations avec le SNP. Des phénotypes inexacts entraînent des estimations sous-optimales de l'association entre le SNP et les phénotypes, et donc une estimation sous-optimale de gEBV. L'effet d'observations inexacts est directement reflété dans la taille de l'héritabilité, cet effet est illustré sur la figure 8.8.

Il est possible de combiner l'estimation de la valeur génétique génomique et conventionnelle. Les informations phénotypiques sur l'animal ou ses proches ajouteront de la précision au gEBV. Les détails sur la façon dont cela fonctionnerait dépassent le cadre de ce cours.

8.10. Questions clés sur le classement des animaux

1. Les valeurs d'amélioration génétique estimées fournissent des estimations du potentiel génétique des animaux et indiquent leur valeur potentielle en tant que parents. Les valeurs d'amélioration génétique estimées sont basées sur la régression des informations génotypiques sur le phénotype. Une meilleure qualité des informations phénotypiques et une meilleure qualité du coefficient de régression améliorent la valeur d'amélioration génétique estimée.
2. La précision de la valeur de reproduction estimée indique dans quelle mesure il est probable que la valeur de reproduction estimée ressemble à la valeur de reproduction réelle.
3. La sélection de masse consiste à classer les animaux en fonction de leurs propres performances. Des observations répétées ajoutent à la précision de la sélection de masse.
4. Le modèle animal permet d'incorporer des informations sur les parents dans l'estimation des valeurs d'amélioration génétique .
5. BLUP est souvent utilisé pour les estimations. Il combine des informations sur les parents et permet de nettoyer les données phénotypiques des effets systématiques.
6. L'exactitude des informations sur les parents dépend de l'héritabilité et du nombre de parents. En cas d'informations sur les fratries, la présence d'un effet environnemental commun peut réduire l'exactitude des valeurs d'amélioration génétique estimées.
7. La sélection génomique combine des phénotypes et des génotypes SNP étendus d'une population de référence, et utilise les associations résultantes pour estimer les valeurs d'amélioration génétique pour d'autres animaux avec des génotypes SNP. Permet une EBV précise à un très jeune âge. Utile pour les phénotypes difficiles ou coûteux à mesurer.
8. La population de référence doit être de taille suffisamment importante et doit être régulièrement mise à jour.

Chapitre II. 9

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

Jusqu'à présent, les animaux ont été classés selon la meilleure estimation de leur potentiel génétique. Dans l'étape suivante, les meilleurs candidats favorables à l'amélioration génétique sont sélectionnés, ce qui conduit à un certain nombre de questions supplémentaires: combien d'animaux faut-il sélectionner?

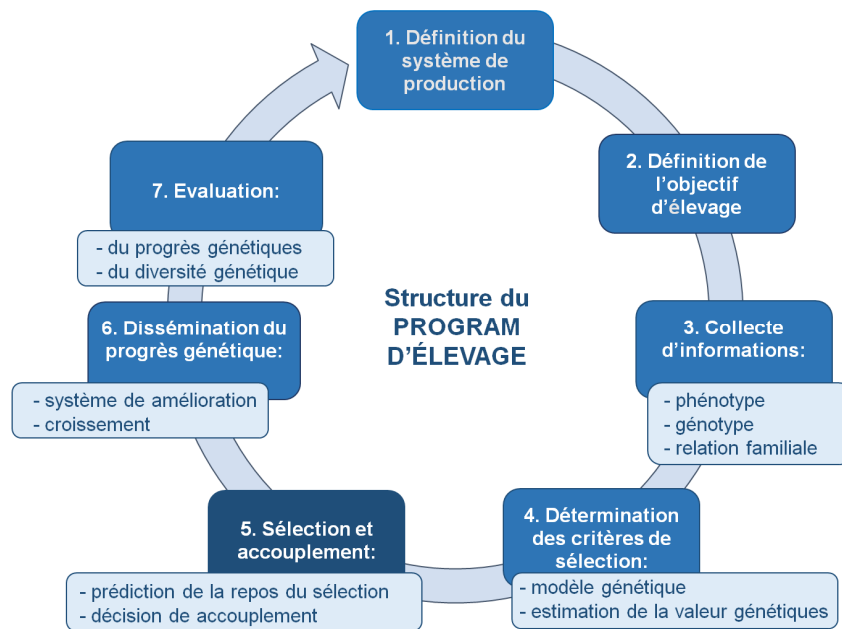


Schéma d'un programme d'amélioration: prédiction de la repos du *sélection*

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

Quelles sont les conséquences si plus ou moins d'animaux sont choisis? Pendant combien de temps un animal reproducteur doit-il être en service? Devrait-il y avoir une distinction entre les parents qui élèvent la prochaine génération et les parents qui élèvent de nouveaux parents devraient-ils être éliminés? Les outils pour répondre à ces questions et les limites pratiques aux décisions de sélection seront présentés dans ce chapitre. Les sujets de ce chapitre appartiennent à la cinquième étape du cercle du programme d'élevage, de la sélection et de l'accouplement.

L'accent est mis sur la prédiction de la réponse à une décision de sélection prise et les conséquences qui en découlent. L'accouplement proprement dit fera l'objet du chapitre suivant.

9.1. L'amélioration génétique consiste à prédire l'avenir

L'amélioration génétique est toujours tournée vers l'avenir. Les décisions d'aujourd'hui influenceront les générations futures. L'objectif de sélection défini, reflète les attentes de l'éleveur sur les développements futurs. Les marchés ont été analysés et les éventuels changements dans les préférences des clients ont été évalués. L'objectif sera-t-il de produire principalement du lait, du beurre ou du fromage? Sera-t-il de produire principalement des côtelettes de porc, du jambon ou du bacon? Sera-t-il de produire principalement de la viande de poitrine, des cuisses ou des carcasses entières?

Y aura-t-il une demande pour des chevaux de sport de haut niveau ou des chevaux de loisirs? Comment le volume du marché changera-t-il? Va-t-il augmenter ou diminuer? Les changements sur les marchés sont-ils permanents ou seulement temporaires? Faut-il augmenter la population reproductrice ou vaut-il mieux vendre des animaux? Le marché sera-t-il le même au niveau national et international? Enfin, les éleveurs doivent également avoir certaines connaissances sur les développements attendus des systèmes de production et des réglementations, y compris par exemple les systèmes de logement, la nutrition, etc. Ils doivent évaluer l'impact respectif sur les performances de leurs animaux. Existe-t-il une nouvelle réglementation annoncée par les gouvernements (inter) nationaux qui pourrait limiter le système de production actuel? Faut-il anticiper les futures évolutions?

La définition et la mise à jour de l'objectif de sélection sont une partie très importante du succès potentiel du programme de sélection. Les décisions qui sont prises aujourd'hui ne commenceront à montrer des résultats qu'après la naissance de la progéniture et le début de ses performances. Selon l'espèce, cela peut prendre des années. L'effet réel des décisions de sélection ne se manifestera qu'après un certain nombre de générations. L'objectif de sélection est tourné vers l'avenir, et souvent défini pour une période de 10 à 15 ans.

Donc:

L'amélioration génétique consiste à prédire l'avenir. Toutes les évolutions attendues du marché et les conditions de production jouent un rôle dans ce à quoi ressemblera l'avenir. Tout doit être anticipé lors de la définition de l'objectif de sélection.

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

Compte tenu de l'objectif d'élevage, une décision sur le nombre d'animaux nécessaires à l'amélioration génétique ainsi que sur le nombre de descendants que ces parents produiront doit être prise. La stratégie de sélection permet de prédire les performances de la progéniture. Sur la base des résultats, des changements de stratégie peuvent être suggérés. La prédiction des résultats de reproduction attendus permet d'effectuer les ajustements nécessaires en temps opportun. C'est exactement le sujet principal de ce chapitre: Comment prédire les performances de la progéniture, comment améliorer la prédiction et quelles sont les conséquences des décisions de sélection.

9.1. Réponse à la sélection: un aperçu

Un certain nombre d'étapes sont nécessaires pour parvenir à une réponse à la sélection (R), et ainsi réaliser un progrès génétique ou un gain génétique (ΔG). Premièrement, les animaux doivent être classés par ordre de leur potentiel génétique prévu. La manière de procéder a été décrite dans le chapitre précédent. Ensuite, les meilleurs animaux d'élevage doivent être sélectionnés. Le succès des décisions de sélection dépend d'un certain nombre de facteurs:

1. Dans quelle mesure le caractère sélectionné est-il héréditaire (c'est-à-dire le trait dans l'objectif de sélection)?
2. Quelle est la variation génétique de ce caractère dans la population?
3. Quelle est la précision moyenne de l'EBV, et donc la précision de la sélection?
4. Quelle proportion d'animaux sera sélectionnée pour la reproduction?
5. Dans le cas où le gain génétique doit être exprimé par an plutôt que par génération: combien de temps dure une génération?

L'héritabilité et la variance génétique sont des paramètres de population et ne peuvent être influencés par le sélectionneur. On suppose que les phénotypes collectés pour estimer l'héritabilité sont de bonne qualité et que le pedigree a été enregistré sans erreur.

Un facteur qui peut être influencé par l'éleveur est la précision de la sélection. Plus la progéniture peut être utilisée pour estimer la valeur d'élevage, plus la précision sera élevée par rapport à l'utilisation de certains membres de sa fratrie. Cependant, il y a un inconvénient à cela, car il faut beaucoup de temps avant que des informations suffisantes soient disponibles pour prendre des décisions de sélection.

La figure 9.1 illustre une population classée en fonction de son phénotype pour un certain caractère. La plupart des animaux ont un phénotype moyen, peu ont un score très bas et peu ont un score très élevé. Après le classement, les meilleurs animaux peuvent être identifiés. La proportion de l'ensemble de la population qui sera sélectionnée dépend du nombre d'animaux nécessaires à la reproduction. La proportion choisie est le facteur le plus facile à influencer. Une plus petite proportion entraîne une réponse génétique plus importante car les animaux sélectionnés seront plus supérieurs par rapport à une plus grande proportion sélectionnée.

Cependant, deux raisons principales fixent une limite inférieure à la proportion de sélection. Tout d'abord, l'objectif est de maintenir la taille de la population. Si peu d'animaux sont sélectionnés, ceux-ci doivent être capables de produire un nombre suffisant de descendants pour remplacer toute la génération d'animaux. Surtout chez les femelles, le nombre de descendants peut être un facteur limitant. Deuxièmement, si seuls quelques animaux sont sélectionnés comme parents avec un grand nombre de descendants, il en résultera de nombreux animaux étroitement apparentés dans la prochaine génération. Par conséquent, le taux de consanguinité pourrait dépasser la limite de 0,5 à 1% comme conseillé par la FAO.

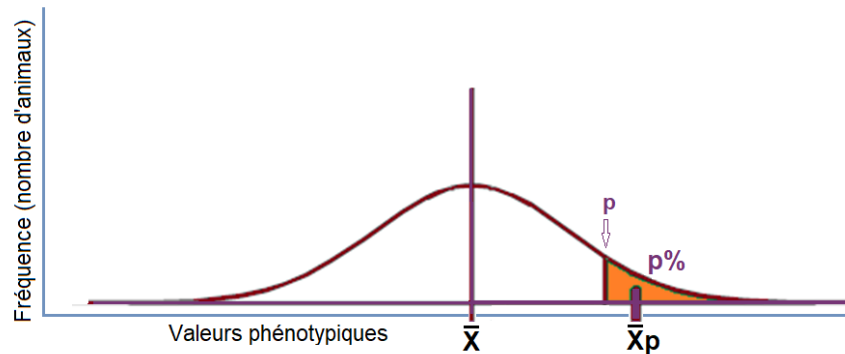


Figure 9.1. Illustration d'une population avec la fraction des meilleurs animaux sélectionnés ($p\%$).

L'axe y représente la fréquence des animaux avec ce phénotype, et l'axe x représente le trait considéré. \bar{X} – moyenne de caractère dans la population, $p\%$ = animaux sélectionnés (animaux choisis comme parents pour la prochaine génération), p = point de troncature ou valeur phénotypique à partir de laquelle les animaux sont sélectionnés et \bar{X}_p = moyenne phénotypique de caractère chez certains animaux (la moyenne phénotypique des parents).

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

Même si le progrès génétique PAR GÉNÉRATION est augmenté, le progrès génétique PAR AN, lui, ne l'est pas ou est même diminué. Il existe un équilibre entre la précision croissante de la sélection et le temps nécessaire pour obtenir les informations nécessaires pour réaliser le plus grand gain génétique par an.

Donc:

Pour optimiser le succès d'un programme de sélection, il est important d'équilibrer les décisions à relativement court terme: acquérir un gain génétique élevé, et le maintien à long terme de la population: contrôler le taux de consanguinité.

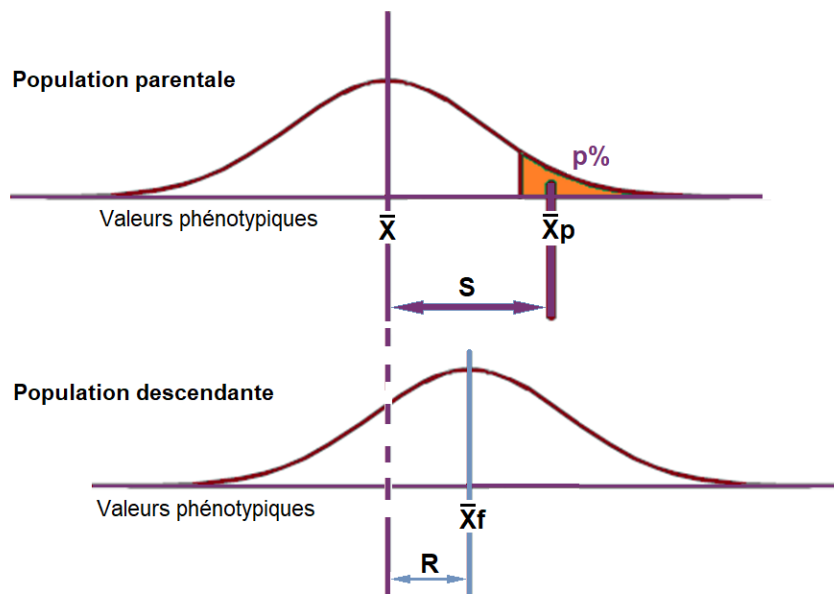
9.3. Réponse génétique: le principe de base

L'amélioration génétique consiste à sélectionner les meilleurs animaux. Le succès des décisions de sélection peut être évalué à la prochaine génération. Les animaux de la génération suivante surpassent les animaux de la génération actuelle si les animaux sont **en moyenne** génétiquement supérieurs à ceux de la génération actuelle. Pourquoi en moyenne? Parce que même si les meilleurs animaux ont été sélectionnés comme parents, leur progéniture combine la génétique des deux parents. Certaines de ces combinaisons surpasseront même les parents.

D'autres, auront reçu une combinaison de moindre qualité par rapport à leurs parents. Cette variation de performance est le résultat de l'échantillonnage mendélien: chaque progéniture reçoit la moitié de la génétique de chaque parent, mais les combinaisons de chromosomes seront différentes, car les chromosomes se sont également recombinaés dans le processus de production de gamètes (méiose). C'est une force importante pour maintenir la variation génétique dans une population.

Retour à la prédiction de la réponse génétique à la sélection. La figure 9.2 donne un aperçu schématique du processus de sélection et de réponse. Les deux distributions normales représentent deux générations. La distribution en haut reflète la génération parente. Les meilleurs animaux sont sélectionnés pour la reproduction. Les autres ne se reproduisent pas dans le cadre du programme de sélection. Les parents sélectionnés obtiennent de meilleurs résultats que la moyenne de la population. L'ampleur de la différence de performance entre les parents et la population totale (c'est-à-dire la supériorité des parents) est appelée le différentiel de sélection, abrégé en S.

«Performance» dans ce cas indique le critère de sélection. Cela peut être le phénotype (sélection de masse) ou l'EBV. Les parents sélectionnés produisent la génération suivante (distribution inférieure). Cette génération sera en moyenne plus performante que la précédente. La différence de performance moyenne entre les deux générations est appelée la réponse de sélection, abrégée en R. En général, la génération de la progéniture ne fonctionnera pas aussi bien que la moyenne des parents. Pourquoi donc? Parce que la sélection n'était pas basée sur le véritable potentiel génétique (TBV) des animaux, mais uniquement sur une estimation (EBV). La différence entre le différentiel de sélection et la réponse de sélection dépend de la qualité de l'estimation. Plus l'estimation est bonne, plus la performance de la progéniture et des parents sélectionnés sera proche.



Graphique 9.2. Présentation schématique du différentiel de sélection (**S**) et réponse à la sélection (**R**).

Où : \bar{X} – moyenne phénotypique du caractère sujet à amélioration de la population, $p\%$ = proportion d'animaux sélectionnés, \bar{X}_p – moyenne phénotypique de caractère chez certains animaux (moyenne phénotypique des parents); **S** - différence de sélection = différence entre la valeur moyenne des caractères entre les parents (animaux sélectionnés pour produire la prochaine génération) et la valeur moyenne des caractères parmi la population; \bar{X}_f - moyenne phénotypique de caractère dans la génération subsidiaire (population de descendants); **R** - la réponse de la sélection (la différence entre la moyenne de caractère dans la population des descendants et la moyenne de la population de parents).

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

D'un autre côté, plus l'estimation est faible, plus de mauvaises décisions de sélection seront souvent prises parce que les meilleurs animaux au niveau de la génétique n'ont pas été reconnus. Cela entraîne moins de gain génétique. Le manque de précision de l'EBV n'entraîne (presque) jamais une réponse de sélection supérieure au différentiel de sélection. La seule situation où cela peut se produire est en cas de croisement (voir ce chapitre pour plus d'explications). Avec la sélection au sein de la population, le but est de sélectionner les meilleurs animaux comme parents. Toute inexactitude entraînera un résultat (progéniture) qui fonctionne moins, pas mieux, que prévu.

Donc:

*Prédire le **gain génétique** consiste à prédire l'avenir: dans quelle mesure la progéniture sera-t-elle meilleure par rapport à la génération actuelle?*

*La **supériorité des parents sélectionnés** par rapport à leur génération s'appelle le **différentiel de sélection (S)***

*La **supériorité de la progéniture** par rapport à ses parents est appelée **réponse de sélection (R)***

9.4. Valeur de «R» dans la sélection de masse

La sélection de masse est le type de sélection le plus élémentaire. Il est basé sur les phénotypes observés. La variation entre les animaux est représentée par la variation phénotypique. Le différentiel de sélection S serait la différence de performance moyenne de la population et des parents sélectionnés. Les éleveurs s'intéressent à la réponse génétique, c'est pourquoi la différence de phénotype doit être traduite en différence de génotype. Ceci peut être réalisé en mettant à l'échelle le résultat avec l'héritabilité, car elle indique quelle proportion de la variance phénotypique peut être attribuée à la variance génétique. Le résultat de cette mise à l'échelle donne la réponse génétique attendue à la sélection dans la génération de la progéniture (9.1).

$$R = (P_{\text{parents sélectionnés}} - P_{\text{génération parentale}}) * h^2$$

$$R = S * h^2 \quad 9.1$$

La réponse à la sélection donnée à une stratégie de sélection entraîne un déplacement du potentiel génétique, appelé gain génétique, indiqué par ΔG .

Pour la sélection de masse, la réponse à la sélection est égale au gain génétique. L'équation devient ainsi:

$$\Delta G = (P_{\text{parents sélectionnés}} - P_{\text{génération parentale}}) * h^2 \quad 9.2.$$

Cette formule est très similaire à celle de l'estimation de l'EBV à l'aide de la sélection de masse:

$$EBV_{\text{sélection de masse}} = (P - P_{\text{moyen}}) * h^2 \quad 9.3.$$

L'estimation du gain génétique équivaut à l'estimation de l'EBV moyen des parents, car la moyenne de la génération parentale est bien meilleure que la génération que la progéniture devrait réaliser.

Comment cela fonctionne-t-il dans la pratique? Par exemple, une population caprine est gérée là où le poids corporel adulte doit être augmenté. La chèvre adulte moyenne pèse 50 kg. Un certain nombre de mâles et de femelles pesant en moyenne 55 kg ont été sélectionnés (le fait que les mâles soient plus lourds que les femelles sont ignorées dans cet exemple). L'héritabilité du poids corporel des adultes dans la population est de 0,42. Compte tenu de la décision d'élevage actuelle, le poids d'une chèvre moyenne de la génération suivante doit être déterminé. Le calcul est le suivant: $S = 55 - 50 = 5$ kg, $\Delta G = 5 * 0,42 = 2,1$ kg. Ainsi, la prochaine génération devrait peser 2,1 kg de plus que la génération actuelle: elle pèsera en moyenne $50 + 2,1 = 52,1$ kg.

Une hypothèse importante dans l'évaluation du gain génétique prévu est que les influences environnementales ne changeront pas d'une génération à l'autre. Suivant l'exemple de la chèvre: la prochaine génération devrait peser 52,1 kg, à condition que les influences environnementales restent les mêmes. Bien sûr, ce n'est peut-être pas vrai, mais une idée précise des influences environnementales de la prochaine génération n'existe pas. Par conséquent, on suppose que les influences environnementales sont stables.

Donc:

Hypothèse importante dans l'évaluation des prédictions de gain génétique: les influences environnementales restent constantes d'une génération à l'autre

9.5. Proportion sélectionnée et intensité de la sélection

La taille du gain génétique (ΔG) dépend de la taille du différentiel de sélection (c'est-à-dire à quel point les parents sont meilleurs que la moyenne). Cela peut être influencé par trois facteurs principaux.

1. Tout d'abord: s'il y a beaucoup de **variation dans la population** (σ^2_P), alors il est plus facile de trouver des animaux qui fonctionnent bien mieux que la moyenne, par rapport à quand il y a peu de variation. Ceci est illustré dans la figure du haut de la figure 9.3.

2. Deuxièmement, quelle **proportion de la population est utilisée** ($p\%$) pour la reproduction. Une grande proportion signifie qu'en moyenne les parents ne sont pas tellement meilleurs que la moyenne de la population. Plus la proportion choisie est élevée, moins les parents seront supérieurs, toujours en moyenne. Ceci est illustré dans la partie inférieure de la figure 3. Une petite proportion sélectionnée se traduira par des parents plus supérieurs qu'une grande proportion sélectionnée.

3. Troisièmement, la **précision de la sélection** (r_{IH}): dans quelle mesure est-il certain que les meilleurs animaux d'élevage ont été sélectionnés?

Donc:

Le gain génétique (ΔG) est déterminé par 3 facteurs principaux: la variance phénotypique (σ^2_P), la précision de la sélection (r_{IH}) et la proportion sélectionnée ($p\%$).

La proportion choisie, à elle seule, n'est pas une très bonne représentation de la façon dont les parents sont bien meilleurs que la moyenne. Il doit être évalué en combinaison avec la taille de la variation. Une façon de faire est d'exprimer la moyenne de la proportion sélectionnée en unités de variation: l'écart type. Comme décrit dans le chapitre sur l'introduction aux statistiques, la distribution normale peut être divisée en écarts-types selon un schéma fixe, de sorte que 68% des observations se situent entre plus et moins un écart-type autour de la moyenne, 95% entre plus et moins deux écarts-types et 99,7% entre plus et moins trois écarts-types. De nombreux phénotypes ont tendance à être normalement distribués dans une population. La proportion sélectionnée d'animaux peut être prélevée et les propriétés de la distribution normale utilisées pour déterminer la moyenne des animaux dans cette proportion sélectionnée (figure 9.3). Le résultat est exprimé en écarts types phénotypiques: **l'intensité de la sélection (i)**.

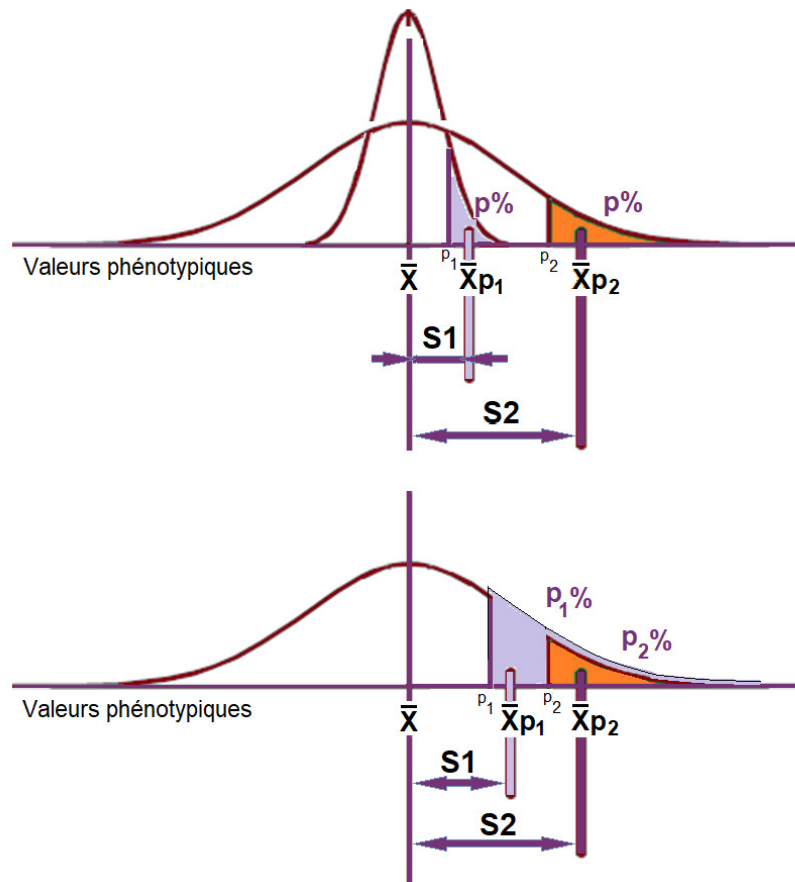


Figure 9.3. Illustration de l'effet de la taille de la variation de performance pour les critères de sélection (figure du haut) et la proportion sélectionnée (figure du bas) sur la taille du différentiel de sélection.

Légende: **S1, S2** - différentiel de sélection; **X** – population moyenne; **p1, p2** – points de troncature (valeur seuil pour la sélection des animaux); **Xp1, Xp2** – phénotypes moyens d'animaux sélectionnés; **p1%, p2%** - proportion d'animaux sélectionnés.

L'intensité de la sélection est abrégée en i , en formule:

$$i = S / \sigma_p \quad 9.4.$$

donc

$$S = i * \sigma_p \quad 9.5.$$

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

En résumé: la proportion choisie, en combinaison avec la variance phénotypique, suffit à prédire la performance moyenne des parents sélectionnés.

Donc:

L'intensité de la sélection représente la moyenne de la proportion sélectionnée en écarts-types phénotypiques.

Le tableau 9.1 peut afficher les valeurs d'intensité de sélection (i) pour toute proportion sélectionnée ($p\%$) donnée peut être recherché. Ce tableau est valable pour la sélection sur n'importe quel trait qui est normalement distribué, il n'est pas spécifique pour un trait ou une population.

9.6. Estimation de la réponse de sélection

La connaissance de la variance phénotypique et de la proportion choisie permet de déterminer à l'avance la supériorité des parents sélectionnés (à quel point le parent sélectionné est meilleur que la moyenne). Ceci est basé uniquement sur la variance et la proportion sélectionnée, avant que les animaux réels aient été identifiés, ce qui est très pratique. Ces informations peuvent être utilisées pour prédire la réponse génétique à la sélection, dans une certaine proportion. La réponse peut ensuite être évaluée, et éventuellement comparée aux résultats de sélection prédits lorsqu'une proportion sélectionnée plus ou moins grande est utilisée. L'intensité de la sélection est un outil important dans le processus de prise de décision.

Hormis la proportion choisie et la variance phénotypique, ce qui manque pour prédire la réponse à la sélection, ou au gain génétique, c'est la traduction du phénotype en une estimation du potentiel génétique (EBV). Il est important de savoir dans quelle mesure cette estimation est précise et comment le phénotype peut être traduit en potentiel génétique. Il existe une formule générale pour prédire le gain génétique:

$$\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_A \quad 9.6$$

Même si elle semble différente, cette formule est la même que celle de la sélection de masse qui a été discutée plus tôt dans ce chapitre:

$$\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_A \text{ or } \Delta G = S/\sigma_P * \sigma_A/\sigma_P * \sigma_A$$
$$\Delta G = S * h^2 \quad 9.7$$

Tableau 9.1.

Valeurs d'intensité de sélection (i) selon les proportions animales ($p\%$) sélectionnés pour l'élevage.

$p\%$	i	$p\%$	i	$p\%$	i	$p\%$	i	$p\%$	i	$p\%$	i
0,01	3,960	1,0	2,665	10	1,755	0,32	3,030			31	1,138
0,02	3,790	1,2	2,603	11	1,709	0,34	3,012	5,5	2,203	32	1,118
0,03	3,687	1,4	2,549	12	1,667	0,36	2,994	6,0	1,985	33	1,097
0,04	3,613	1,6	2,502	13	1,627	0,38	2,978	6,5	1,951	34	1,078
0,05	3,554	1,8	2,459	14	1,590	0,40	2,962	7,0	1,918	35	1,058
0,06	3,507	2,0	2,421	15	1,554	0,42	2,947	7,5	1,887	36	1,039
0,07	3,464	2,2	2,386	16	1,521	0,44	2,932	8,0	1,858	37	1,020
0,08	3,429	2,4	2,353	17	1,489	0,46	2,918	8,5	1,831	38	1,002
0,09	3,397	2,6	2,323	18	1,458	0,48	2,905	9,0	1,804	39	0,984
0,10	3,367	2,8	2,295	19	1,428	0,50	2,892	9,5	1,779	40	0,966
		3,0	2,268	20	1,400			10,0	1,755	41	0,948
0,12	3,317	3,2	2,243	21	1,372	0,55	2,862			42	0,931
0,14	3,273	3,4	2,219	22	1,346	0,60	2,834			43	0,913
0,16	3,234	3,6	2,197	23	1,320	0,65	2,808			44	0,896
0,18	3,201	3,8	2,175	24	1,295	0,70	2,784			45	0,880
0,20	3,170	4,0	2,154	25	1,271	0,75	2,761			46	0,863
0,22	3,142	4,2	2,135	26	1,248	0,80	2,740			47	0,846
0,24	3,117	4,4	2,116	27	1,225	0,85	2,720			48	0,830
0,26	3,093	4,6	2,097	28	1,202	0,90	2,701			49	0,814
0,28	3,070	4,8	2,080	29	1,280	0,95	2,683			50	0,798
0,30	3,050	5,0	2,063	30	1,259						

După Falconer și Mackay, 1987.

Tableau de conversion des proportions sélectionnées en intensité de sélection. $p\%$ est la proportion sélectionnée en pourcentages, i est l'intensité de sélection correspondante. Pour les proportions sélectionnées entre les valeurs mentionnées dans le tableau, prenez l'approximation linéaire de i . Pour des proportions sélectionnées supérieures à 50%, prenez le i pour $(1-p)$ et multipliez ce i par $(1-p) / p$.

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

Si les composants de la formule du gain génétique sont pris en compte, cela a du sens. Le S / σ_P indique la supériorité génétique des parents, exprimée en σ_P . Le σ_A / σ_P traduit σ_P en σ_A , donc en génétique. Le σ_A final traduit le résultat en unités du trait sélectionné (par exemple, kg de lait). L'avantage de travailler avec des proportions sélectionnées (et donc avec l'intensité de la sélection) est que les résultats peuvent être prédits avant la décision de sélection réelle. Désormais, seul $\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_A$ est considéré, puisque cette formule est généralement applicable, pas seulement pour la sélection de masse. L'ordre des composants dans la formule n'a pas d'importance.

9.6.1: Un exemple du calcul de ΔG pour le Cheval arabe

Dans une population de chevaux de courses arabes, l'objectif d'élevage est d'augmenter la vitesse de course dans les courses de 2000 m pour les jeunes chevaux de 3 ans. Le temps moyen sur cette distance à cet âge dans la population actuelle est de 117,0 secondes. Le plan est de sélectionner les 10% meilleurs pour la reproduction (la différence entre les mâles et les femelles, à la fois en vitesse et en capacité de reproduction est ignorée pour l'instant). L'écart-type génétique est de 3,0 secondes et la précision de la sélection est de 0,24. Prédisez le gain génétique en utilisant ces décisions de sélection. Quelle serait la durée moyenne de 2 000 m de la prochaine génération?



$P_{2000m, 3\text{ ans}} = 117,0$ secondes
 $SD = 3,0$ secondes
 $p\% = 10\%$
 $r_{IH} = 0,24$

Prédire le gain génétique à pour la course de vitesse

Réponse: Un regard dans le tableau à la fin du chapitre montre qu'une proportion sélectionnée de 10% se traduit par une intensité de sélection de 1,755. Cela signifie que ce top 10% sélectionné effectue en moyenne 1,755 écart-type mieux que la moyenne de la population.

Cela dépendra de la variance du trait dans quelle mesure il est meilleur en unité de trait: $1,755 * 3,0 = 5,265$ secondes. C'est un peu optimiste car il n'a pas été possible d'estimer le potentiel génétique à 100% avec précision. En fait, il n'était précis qu'à 24% ($r_{IH} = 0,24$).

La combinaison de toutes les informations donne: $\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_A$, $\Delta G = 1,755 * 0,24 * 0,3 = 1,26$ seconde. L'exemple concerne l'amélioration de la vitesse de course, la prochaine génération sera 1,26 seconde plus rapide: $\Delta G = 117,0 - 1,26$, **$\Delta G = 115,74$ secondes.**

9.6.2. Un exemple du calcul de ΔG pour l'amélioration génétique de lapins

Il existe aussi une compétition de saut d'obstacles pour les lapins. Un entraîneur de lapins très fanatique a décidé de commencer la sélection sur la capacité de saut (mesurée en cm de la taille de la clôture). Les mâles et les femelles réussissent aussi bien en saut d'obstacles. Comme les femelles sont capables de produire un grand nombre de descendants en peu de temps, la proportion choisie peut être de taille égale chez les mâles et les femelles. L'éleveur sélectionne les 20% meilleurs sauteurs pour la reproduction, sur la base d'une performance de 10 de leur progéniture. L'héritabilité de la capacité de saut d'obstacles chez les lapins est de 0,14, avec une variance phénotypique de 40. Prédire le gain génétique que l'éleveur réalisera en utilisant cette stratégie de sélection.



$p\% = 20\%$ ou 15%
 $n_{descendants} = 10$ ou 12 semi-frères
 $h^2 = 0,14$
 $\sigma_P = 40cm$

$$r_{IH} = \sqrt{\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n-1)h^2}}$$

Prédire le gain génétique chez les lapins – sauter par-dessus la folie des obstacles

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

Une proportion sélectionnée de 20% se traduit par une intensité de sélection de 1,4. La précision de la sélection peut être déterminée en utilisant tableau 8.2 du chapitre sur le classement des animaux. Si l'héritabilité et le nombre de descendants sont renseignés, la précision de la sélection est de 0,266. La variance génétique (σ_A) peut être déterminée à partir de l'héritabilité et de la variance phénotypique (σ_P): $0,14 * 40 = 5,6$. L'écart-type génétique est la racine carrée de 5,6 ($h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_P^2$), qui est 2,37.

Remplir toutes ces informations dans la formule entraîne un gain génétique de: $\Delta G = 1,4 * 0,27 * 2,37 = 0,90$ cm

La prédiction est que la prochaine génération sautera en moyenne de 0,90 cm plus haut que la génération actuelle.

L'éleveur est déçu et veut plus de gain génétique. Prédisez le degré d'amélioration qu'il peut obtenir en sélectionnant les 15% les plus riches au lieu des 20% les plus élevés pour la reproduction.

La précision de la sélection et l'écart-type génétique restent les mêmes, mais l'intensité de la sélection augmente de 1,4 à 1,554. La réponse prédite à la sélection devient alors $\Delta G = 0,99$ cm.

L'éleveur n'est toujours pas totalement satisfait car il souhaite un gain génétique de plus de 1 cm et décide de baser la sélection sur les performances de 12 au lieu de 10 descendants. Prédisez la réponse de sélection pour cette nouvelle situation.

La sélection basée sur les performances d'un plus grand nombre de descendants augmentera la précision de la sélection. Un nouveau calcul donne un r_{IH} de 0,30. La réponse de sélection prévue devient maintenant $\Delta G = 1,554 * 0,30 * 2,37$; $\Delta G = 1,10$ cm.

9.7. Intervalle de génération

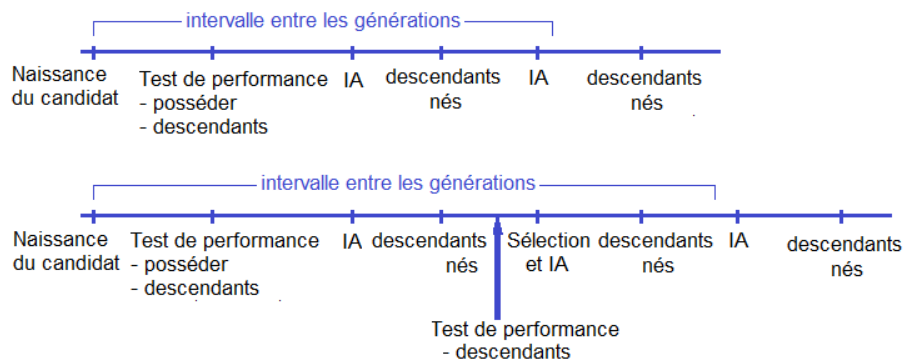
La réponse génétique à la sélection prédit les performances de la prochaine génération par rapport à la génération actuelle. Jouer avec les composants de la formule du gain génétique donne une idée de la façon dont les décisions de sélection peuvent influencer la réponse à la sélection.

L'exemple du saut d'obstacles de lapins a montré que la proportion sélectionnée et la précision de la sélection influencent la réponse prédite à la sélection. Le problème est que le gain génétique prédit est exprimé par génération. Combien de temps dure une génération?

Définition

L'intervalle de génération est l'âge moyen des parents à la naissance de leur progéniture qui, à leur tour, produira la prochaine génération d'animaux reproducteurs. L'intervalle de génération facilite le calcul de la réponse génétique par an plutôt que par génération.

Un gain génétique de 1,10 cm par génération ne donne pas beaucoup d'informations. De toute évidence, si les générations de lapins durent 0,3 an, le gain génétique se produira beaucoup plus rapidement que si les générations durent 1 an. Pour avoir une bonne impression du gain génétique obtenu, même si l'on ne sait pas combien de temps dure une génération, le gain génétique doit être exprimé en unités de temps. Une unité de temps couramment utilisée est une année. Pour exprimer le gain génétique par an, il faut connaître le nombre d'années d'une génération. De toute évidence, la première progéniture est née à un âge plus précoce du parent que la dernière progéniture. Certains animaux ont leur première progéniture plus jeune que d'autres, et certains animaux n'auront qu'une progéniture, tandis que d'autres en auront plus. Comment prendre tout cela en compte?



Graphique 9.4. Vue d'ensemble schématique du principe à l'intervalle de génération.

La figure du haut montre la situation où les animaux sont sélectionnés sur leur propre performance ou celle de leurs frères, la figure du bas illustre la situation où les animaux sont sélectionnés en fonction des performances de leur première progéniture. Ces descendants ne sont pas inclus dans la détermination de l'intervalle de génération. Le résultat est un intervalle de génération étendu dans les populations où les parents sont sélectionnés sur la performance de la descendance.

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

La longueur d'un intervalle de génération (abrégé en L) est définie comme l'âge moyen des animaux à la naissance de la progéniture moyenne (nombre), APRÈS sélection des animaux comme parents. Le mot «après» est important dans cette définition: en cas de sélection basée sur les tests de performance de la descendance, la descendance sur laquelle est basée la sélection, ne fait pas partie de l'intervalle de génération.

Après la sélection, les animaux sont mis en reproduction pour la première fois et leur progéniture naîtra. Dans cet exemple, les animaux auront deux lots de progéniture en moyenne (simples ou portées). La longueur de l'intervalle de génération est égale à l'intervalle de temps entre les naissances des deux lots de petits (v). L'hypothèse dans cette figure est que le nombre de descendants nés dans chaque lot est le même. Si ce n'est pas le cas, l'intervalle de temps entre les générations doit être pondéré en fonction du nombre de descendants dans chaque lot ($n_1, n_2 \dots n_n$).

$$L = (n_1v_1 + n_2v_2 + \dots + n_nv_n) / (n_1 + n_2 + \dots + n_n)$$

Par exemple, dans une race ovine, les brebis auront leur premier lot de progéniture (un seul) à 1 an et le second (un seul) à 2 ans. L'intervalle de génération dans ce cas est $(1 * 1 + 1 * 2) / (1 + 1) = 1,5$ an. Cependant, si ces mêmes brebis avaient généralement un seul petit dans le deuxième lot, mais que d'autres avaient des jumeaux, le nombre moyen de descendants dans le deuxième lot serait de 1,3 agneau et l'intervalle de génération deviendrait

$$(1 * 1 + 1,3 * 2) / (1 + 1,3) = 1,56 \text{ ans.}$$

Pour les animaux sélectionnés sur la performance de leur première descendance, le «comptage» ne commence qu'à partir du deuxième lot de descendants. Ceci est présenté dans la partie inférieure de la figure 4. Sinon, le principe est exactement le même que dans la sélection basée sur les propres performances ou fratries. Il est clair que l'intervalle de génération deviendra plus long si la sélection est basée sur les tests de descendance. Si l'exemple avec les moutons se poursuit, la sélection est basée sur la première progéniture. Désormais, les brebis ont toutes la possibilité de produire un lot supplémentaire de progéniture, de sorte que chaque brebis produira 2 lots après avoir été sélectionnée comme parents. L'âge moyen du troisième lot de progéniture est de 3 ans et la brebis aura en moyenne 1,5 agneau. L'intervalle de génération devient:

$$(1,3 * 2 + 1,5 * 3) / (1,3 + 1,5) = 2,54 \text{ ans.}$$

9.8. Optimiser le gain génétique

Le gain génétique jusqu'à présent a été exprimé par génération. Après avoir calculé le nombre d'années dans une génération, le gain génétique par an peut être exprimé par:

$$\Delta G_{\text{anual}} = \frac{R}{L} ; \Delta G_{\text{anual}} = \frac{i * r_{IH} * \sigma_A}{L} \quad 9.8$$

Notez qu'il existe une relation entre la précision de la sélection et l'intervalle de génération. La précision peut être augmentée en améliorant les sources d'informations sur lesquelles baser l'EBV. Les informations basées sur les performances d'un grand nombre de descendants sont les plus précises. Cependant, il faut également beaucoup de temps pour collecter ces informations et de ce fait l'intervalle de génération augmente. L'amélioration du gain génétique par an dû à une précision accrue peut être contrebalancée par l'augmentation de l'intervalle de génération. De plus, produire beaucoup de descendants de parents qui n'ont pas été approuvés pour la reproduction coûte beaucoup d'argent.

Revenons à l'exemple avec les lapins sauteurs: l'éleveur était heureux lorsque la sélection était basée sur les performances de 12 descendants. Cependant, il voudra peut-être examiner la question plus en détail, car cela dépendra de la taille de la portée si ce nombre peut être atteint avec un seul lot de progéniture ou si plusieurs lots sont nécessaires. Plusieurs lots signifient plus de temps et l'intervalle de génération chez les lapins est faible. Dans de telles situations, il peut être utile d'accepter une précision de sélection légèrement inférieure, mais de gérer plus de générations de sélection dans le même laps de temps. À plus long terme, cela peut entraîner un gain génétique plus important par unité de temps.

Donc:

L'optimisation du gain génétique nécessitera un équilibre entre l'augmentation de la précision et l'augmentation de l'intervalle de génération (L).

9.9. Chemins de sélection

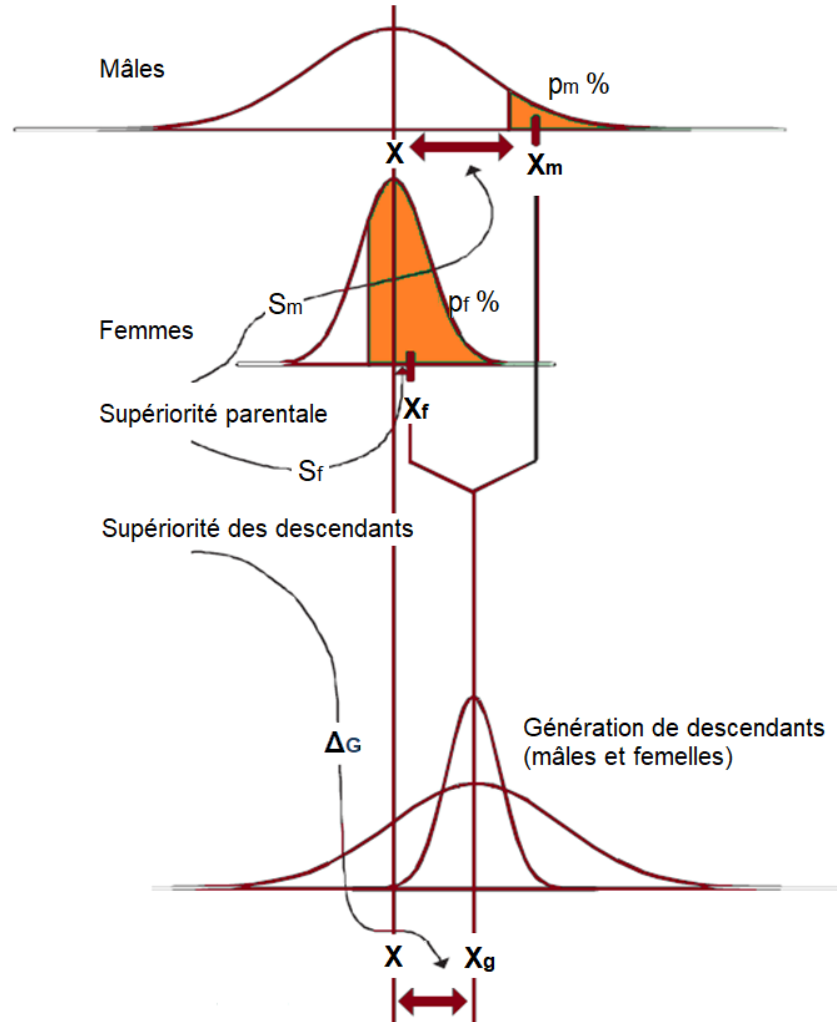
Jusqu'à présent, les différences de stratégie de sélection entre les mâles et les femelles n'ont pas été prises en compte (figure 9.5). Cependant, dans la plupart des espèces, il existe une différence qui s'explique par 3 raisons principales:

1. La capacité de reproduction des femelles est limitée, en particulier chez les mammifères. Une hypothèse générale en matière d'élevage est que la taille de la population reste la même d'une génération à l'autre. Cela a des conséquences sur les stratégies de sélection, car cela signifie que les animaux sélectionnés doivent être capables de produire un nombre suffisant de descendants pour maintenir la taille de la population. Les mâles peuvent produire plus de descendants que les femelles, en particulier lorsque l'IA est disponible. La sélection chez les mâles est donc souvent plus stricte que chez les femelles. Il peut y avoir une différence d'intensité de sélection.
2. estimer les valeurs de reproduction chez les mâles et les femelles. Certains traits ne peuvent pas être mesurés chez les deux sexes, par exemple la production de lait. Par conséquent, les mâles peuvent être sélectionnés en fonction des performances de la descendance, tandis que les femelles sont sélectionnées sur leurs propres performances, ce qui entraîne une différence de précision de la sélection.
3. Liée à cela, la troisième raison repose sur l'âge auquel les animaux peuvent être sélectionnés et auquel la descendance moyenne naîtra. Si les mâles sont sélectionnés en fonction des résultats des tests de descendance, ils sont en moyenne plus âgés que les femelles, à condition que celles-ci soient sélectionnées en fonction de leurs propres performances, par exemple. En revanche, dans la plupart des espèces, les mâles arrivent à maturité plus tôt que les femelles. Il peut y avoir une différence d'âge à la première descendance et donc d'intervalle de génération.

La conséquence de ces différences potentielles de sélection chez les mâles et les femelles est que la différence dans les chemins de sélection doit être prise en compte lors de la détermination du gain génétique. La manière de gérer ces différents chemins de sélection est assez simple: il suffit de diviser l'équation en une partie pour les mâles (m) et une partie pour les femelles (f):

$$\Delta G_{\text{annuel}} = \frac{R_m + R_f}{L_m + L_f} \quad ; \quad \Delta G_{\text{annuel}} = \frac{i_m * r_{IHm} * \sigma_A + i_f * r_{IHf} * \sigma_A}{L_m + L_f}$$

9.9



Graphique 9.5. Gain génétique obtenu par sélection différenciée par les hommes et les femmes

Le gain génétique de la génération filiale (ΔG) dépend de la proportion des animaux sélectionnés ($p_m \%$ et $p_f \%$); les moyennes de leurs performances (X_m et X_f) par rapport à la moyenne de la population (X) dont ils sont issus, fait pour lequel leur choix d'éleveur engendrera des différentiels de sélection (S_m et S_f). Dans ce cas, les mâles ont des distributions plus larges (plus grande variabilité), leurs performances étant quantifiées par plusieurs mesures, c'est pourquoi la différence de sélection produite par les mâles (S_m) est plus grande. Modification d'après *Kinghorn, 2000*

L'intensité de la sélection, son exactitude et l'intervalle de génération peuvent être différents entre les mâles et les femelles. L'écart-type génétique, cependant, est un paramètre de population et est donc le même entre les mâles et les femelles.

9.9.1: Amélioration génétique des bovins à viande

L'amélioration génétique de bovins de boucherie est plutôt restreinte aux Pays-Bas. Dans des pays comme l'Australie ou les États-Unis, ou dans des pays européens comme la France ou le Royaume-Uni, l'amélioration génétique des bovins de boucherie est une activité beaucoup plus importante. Les vaches paissent sur de vastes étendues de terre et ne sont pas manipulées régulièrement. Par conséquent, l'IA n'est pas un outil très utile pour la reproduction. La plupart des agriculteurs achètent des taureaux et les laissent paître avec les vaches. Les très grandes fermes élèvent également leurs propres taureaux.

Les femelles sont sélectionnées en fonction de leur propre performance pour une croissance accrue. L'héritabilité est de $h^2 = 0,35$ et l'écart type phénotypique (σ_P) est de 0,2 kg / jour. Les femelles sont sélectionnées sur leur propre performance. Comme la taille de la population est censée rester constante et que les femelles peuvent produire environ trois veaux dans leur vie, 2/3 des femelles doivent être sélectionnées pour produire suffisamment d'animaux pour le remplacement. Une proportion sélectionnée de 0,67 entraîne une intensité de sélection de 0,54. La précision de la sélection basée sur la sélection des performances est égale à $r_{IH} = \sqrt{h^2}$, donc $r_{IH} = 0,59$.

Les mâles sont sélectionnés sur la base des performances de 100 descendants, ce qui donne un $r_{IH\ m}$ de 0,95. Chaque mâle est accouplé à 10 femelles, ce qui donne une proportion choisie de $p\%_m = 0,10 * 0,67 = 0,067$. L'intensité de la sélection est donc de $i_m = 1,95$ (vérifier dans le tableau). Enfin, l'écart type génétique est égal à la racine carrée de

$$\sigma_A = \sqrt{h^2 * \sigma_P^2} \text{ – de la relation 7.8.}$$

$$\sigma_A = \sqrt{0,35 * 0,2^2}, \text{ c'est-à-dire } \sigma_A = 0,1183.$$

Quel sera alors le gain génétique dans cette population? Pouvoir remplir toutes ces informations dans la formule et l'appliquer, entraîne un gain génétique par génération de: $\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_A$; $\Delta G = 0,257$ (kg / jour)

Le gain génétique par génération ne donne pas une idée de l'amélioration génétique future. Pour pouvoir l'estimer, le gain génétique par génération doit être mis à l'échelle du gain génétique par an. L'âge moyen des femelles à la naissance de leur progéniture moyenne est de 4,5, donc $L_f = 4,5$.

Les mâles sont sélectionnés une fois que les informations sur la descendance sont devenues disponibles, ce qui entraîne un intervalle de génération de 5 ans. La mise à l'échelle du gain génétique par génération en prenant compte de l'intervalle de génération, se traduit par un gain génétique par an de:

$$\Delta G_{\text{annuel}} = \frac{1,95 \cdot 0,95 \cdot 0,118 + 0,54 \cdot 0,59 \cdot 0,118}{5+4,5}$$

$$\Delta G_{\text{annuel}} = 0,027 \text{ kg/zi}$$

Donc:

L'intensité de la sélection (i) et la précision de la sélection (r_{IH}) peuvent différer entre les mâles et les femelles. Les réponses de sélection (R) par chacune des voies de sélection sont calculées séparément, puis combinées pour obtenir un gain génétique pour la population entière.

9.10. Chemins de sélection différenciée

Les chemins de sélection entre les mâles et les femelles peuvent être très différents pour un certain nombre de raisons. Surtout parce que les mâles en général peuvent produire (beaucoup) plus de descendants que les femelles, la contribution des mâles à la génération suivante peut être plus importante que celle des femelles. Pour cette raison, dans de nombreuses espèces, une plus grande attention est accordée à la sélection des mâles aussi précisément que possible. Les femelles sont souvent autorisées à se reproduire avec ou sans des critères de sélection faibles. Dans de nombreuses espèces animales, la déviation dans les différents chemins de sélection va plus loin. Une différence entre les mâles sélectionnés pour produire de nouveaux mâles reproducteurs et les mâles sélectionnés pour produire des femelles est faite. La même chose peut être appliquée du côté des femelles: les femelles pour élever de nouveaux mâles reproducteurs et les femelles pour élever des femelles. On peut ainsi définir quatre chemins de sélection différenciée:

1. *Taureaux pour reproduire les taureaux (SS)*

C'est la voie de sélection la plus stricte pour élever de nouveaux pères. Seuls les taureaux dits d'élite parviennent à devenir père.

2. *Taureaux pour élever des mères (SD)*

Au sein des taureaux, c'est un chemin de sélection moins strict. Ces taureaux seront les pères des femelles reproductrices (les mères).

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

3. Mères pour reproduire les taureaux (DS)

C'est le chemin de sélection le plus rigoureux au sein des mères pour élever de nouveaux taureaux. Seules les mères dites d'élite réussiront à devenir mère.

4. Barrages pour reproduire les barrages (DD)

Il s'agit du chemin de sélection le moins strict. Cela dépend du stud-book s'il existe des critères de sélection pour les nouveaux barrages. Combinaison de ces chemins de sélection dans une formule:

$$\Delta G_{\text{annuel}} = \frac{R_{SS} + R_{SD} + R_{DS} + R_{DD}}{L_{SS} + L_{SD} + L_{DS} + L_{DD}} \quad 9.10$$

Donc:

La réponse annuelle de sélection peut être divisée en un certain nombre de chemins de sélection (sélection différenciée), le nombre dépend du nombre de différences d'intensité de sélection et de la précision de la sélection.

9.10.1: Exemple de sélection différenciée chez les bovins laitiers

Dans les fermes laitières, les vaches sont manipulées quotidiennement (généralement deux fois par jour dans la salle de traite). L'accouplement se produit souvent par IA car il permet aux agriculteurs de se concentrer sur leurs vaches et de ne pas manipuler les taureaux. L'introduction de l'IA chez les bovins laitiers a entraîné une nette différence des tâches et de la propriété: les vaches ont tendance à appartenir à des agriculteurs et les taureaux d'élevage à une société d'élevage. Les agriculteurs et la société de sélection travaillent ensemble parce qu'ils ont besoin de leur contribution mutuelle pour gérer leur entreprise.

Les bovins laitiers sont une espèce où les quatre voies de sélection peuvent être reconnues (tables 9.6 et 9.7). D'une part, il y a les taureaux. Les taureaux d'élite peuvent tous être utilisés pour produire de nouvelles vaches, c'est pour cela qu'ils sont sélectionnés. Mais parmi les taureaux avec le plus haut EBV, les fils sont également retenus comme candidats à la sélection pour devenir des taureaux reproducteurs. D'autres veaux mâles sont vendus pour l'industrie de la viande. La plus grande partie des vaches est utilisée pour l'Amélioration génétique de nouvelles vaches («remplacement»). Les meilleures vaches sont accouplées avec les meilleurs taureaux pour produire de nouveaux taureaux: ils deviennent des taureaux. D'un autre côté certaines vaches sont considérées comme de ne pas assez bonne qualité pour produire des vaches de remplacement.

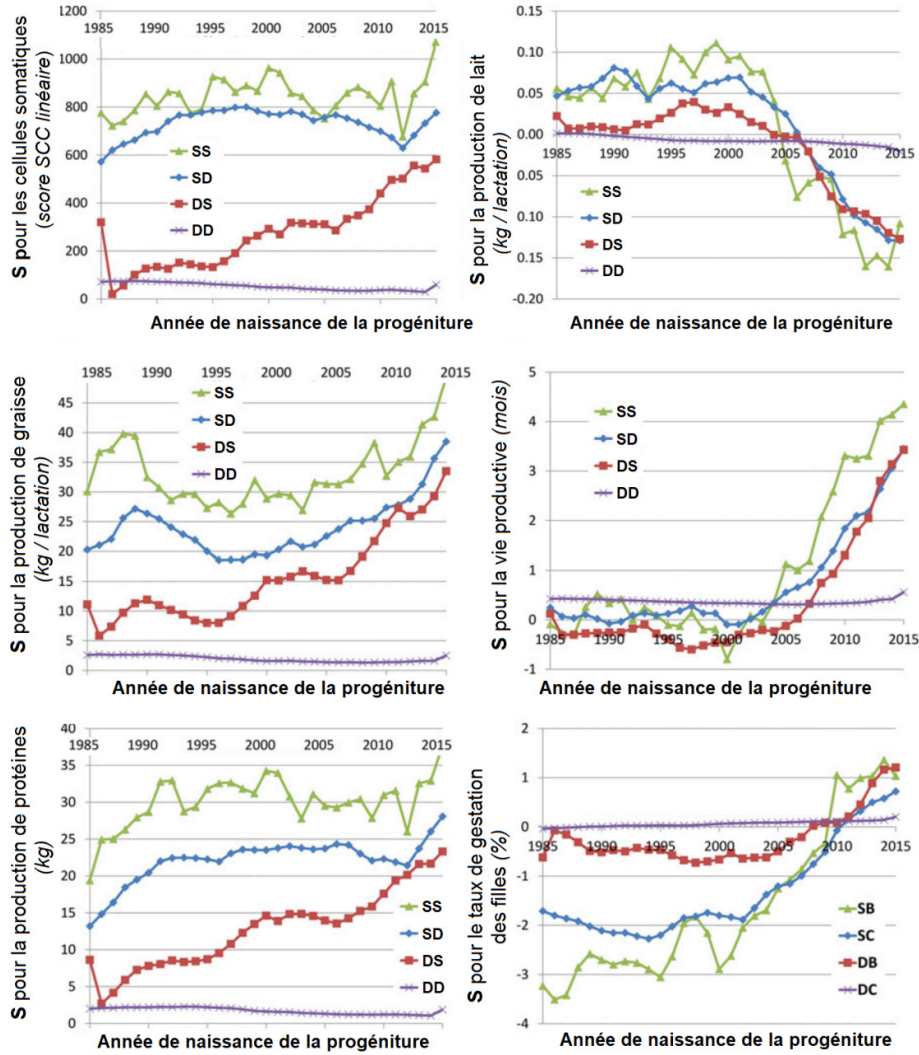


Figure. 9.6. Tendence différentielle de sélection (S) chez les bovins Holstein

Tendance différentielle de sélection (S) pour la production de lait, les graisses, les protéines, les cellules somatiques, l'espérance de vie productive et le taux de gestation des filles, exprimée pour chacun des quatre modèles de sélection (voies) pour les pères taureaux - SS, pères maternels - SD, mères de taureaux - DS et mères de mères - DD pour la période 1985-2015, avec sélection génomique introduite depuis 2006.

D'après García-Ruiz et al. 2016.

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

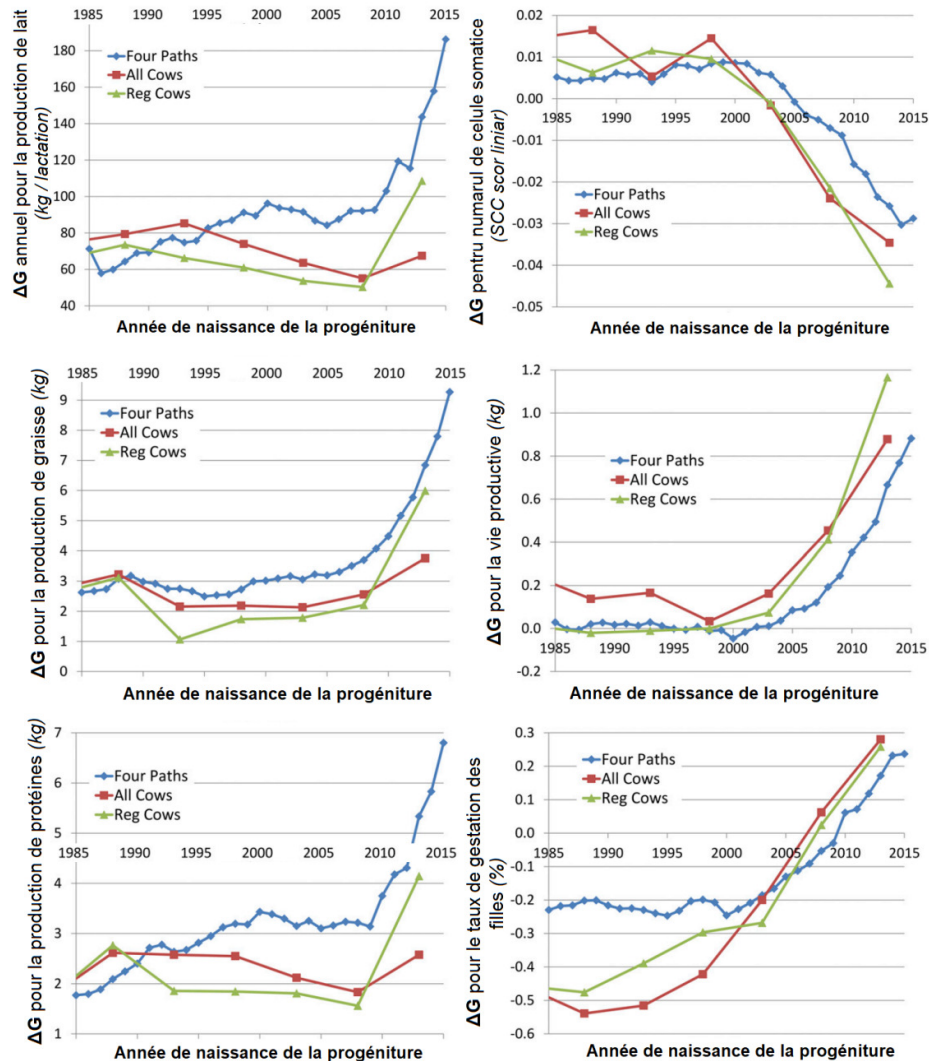


Figure 9.7. Gain génétique annuel pour six caractères Holstein productifs, selon la méthode (modèle) d'estimation

Estimation du gain génétique par le modèle à quatre voies, estimation du gain pour toutes les vaches de la race Holstein (Toutes les vaches) ou uniquement pour les vaches enregistrées dans le livre généalogique national américain (vaches Reg) dans la période 1985-2015, avec sélection génomique introduit depuis 2006.

D'après García-Ruiz et al. 2016.

Ces vaches sont sélectionnées dans le cadre du programme d'élevage et sont souvent accouplées avec une race de boucherie pour produire des veaux d'une certaine valeur. Les vaches sont traitées jusqu'à ce qu'elles soient remplacées. Prenons l'exemple d'une petite population de bovins laitiers de 2000 vaches à une époque où la sélection génomique n'était pas une option. Parmi ces vaches, 80% sont utilisées pour produire des vaches de remplacement. Le sexe des spermatozoïdes n'est pas disponible, donc il y a 50% de mâles et de femelles qui naissent. Parmi les veaux mâles nés, 1,5% sont sélectionnés comme taureaux reproducteurs et 0,25% comme taureaux. Parmi les veaux femelles nés, 3,5% sont sélectionnés comme mères de taureaux. Les vaches ont en moyenne 4 ans lorsqu'elles produisent leurs veaux, les mères des taureaux ont en moyenne 5,5 ans lorsqu'elles produisent leurs potentiels taureaux reproducteurs, les taureaux reproducteurs ont en moyenne 6 ans lorsqu'ils produisent leurs veaux, et les taureaux ont en moyenne 8 ans lorsqu'ils produisent leurs taureaux reproducteurs potentiels moyens. Les animaux sont sélectionnés sur leur EBV pour la production laitière. L'EBV pour les vaches était basé sur ses propres performances, l'EBV pour les taureaux reproducteurs sur la performance de 10 de leurs filles, et l'EBV des taureaux était basé sur la performance de 20 de leurs filles. L'héritabilité pour la production laitière est de 0,3 et le phénotype de la variance de cette population est de $\sigma_p^2 = 122\ 500$ kg.

Calculez le gain génétique par an.

Répondre:

Cette question nécessite une approche par étapes. Il existe quatre chemins de sélection différents et pour chaque chemin de sélection, l'intensité de sélection i et le RIH doivent être calculés. Pour obtenir le gain génétique annuel, le terme doit être divisé par l'intervalle de génération. Ils ont déjà été définis dans le texte. Prenons les chemins l'un après l'autre.

D'abord le chemin SS. La proportion choisie est $p\% = 0,8 * 0,5 * 0,0025$, $p\% = 0,001$ (0,1%), ce qui coïncide avec i de 3,367. Le calcul du r_{IH} est indiqué dans le tableau 8.2 du chapitre sur le classement des animaux. La formule est:

$$r_{IH} = \sqrt{\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n-1)h^2}}$$

Si cela est rempli avec les données de l'exemple (20 filles, $h^2 = 0,3$), cela revient à r_{IH} de 0,619.

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

Dans le chemin SD, la proportion sélectionnée est de $0,8 * 0,5 * 0,015 = 0,006$ (0,6%), ce qui donne un i de 2,834. Le r_{IH} (10 filles, $h^2 = 0,3$) est de 0,448.

Dans le chemin DS, la proportion sélectionnée est de $p\% = 0,8 * 0,5 * 0,035$, $p\% = 0,014$ (1,4%), ce qui donne un i de 2,549. Le r_{IH} (propre performance) = $\sqrt{h^2} = 0,548$.

Dans le chemin DD, la proportion sélectionnée est de $0,8 * 0,5 = 0,4$ (40%), ce qui donne un i de 0,966. Le r_{IH} est le même que pour DS: 0,548.

Tous les calculs pour les chemins de sélection séparés sont disponibles. Maintenant, ils doivent être combinés dans un gain génétique global. L'écart-type génétique est de $\sigma_A = \sqrt{122\ 500}$, $\sigma_A = 350$ kg:

$$\Delta G_{\text{annuel}} = \frac{3,367 * 0,619 * 350 + 2,834 * 0,448 * 350 + 2,549 * 0,548 * 350 + 0,966 * 0,548 * 350}{8 + 6 + 5,5 + 4}$$
$$\Delta G_{\text{annuel}} = 78,64 \text{ kg}$$

Cette population devrait produire en moyenne 78,64 kg de lait de plus par an¹.

9.11. Intensité de sélection et taux de consanguinité

D'après les explications précédentes, il est devenu clair qu'une diminution de la proportion sélectionnée, c'est-à-dire une augmentation de l'intensité de la sélection, entraîne une augmentation du gain génétique. Un gain génétique rapide peut ainsi être obtenu en ne sélectionnant que les meilleurs animaux pour la reproduction. C'est simple, pourquoi ne pas faire ça? Outre le fait que la capacité de reproduction déterminera le nombre minimum d'animaux à sélectionner pour maintenir la taille de la population, il y a un autre problème important: la consanguinité. Dans le chapitre sur la relation génétique et la consanguinité, il a été expliqué que le taux de consanguinité dans une population peut être prédit par $1/8Nm + 1/8Nf$ et qu'un plus petit nombre de parents entraîne un taux plus élevé de consanguinité. C'est particulièrement le cas pour le nombre déséquilibré de mâles et de femelles.

¹Notez que ce n'est pas un exemple réaliste. En réalité, il existe toutes sortes de facteurs de complication. Les animaux sont sélectionnés sur la base de plus d'une source d'information, sur leurs propres performances ET sur des informations concernant les frères et sœurs ET sur la descendance. Plus un animal vieillit, plus les informations sont disponibles et plus les valeurs d'élevage deviendront précises. De plus, on suppose que la reproduction a lieu au cours des générations. Cependant, il y a un chevauchement entre les générations. Certains animaux sont utilisés pour la reproduction beaucoup plus longtemps que d'autres.

Dans les grandes populations, des intensités de sélection plus élevées peuvent être appliquées alors que dans de petites populations le taux de consanguinité est le même. Par exemple, dans une population de 20 000 animaux (moitié mâle, moitié femelle), une proportion sélectionnée de 1% donnerait 100 animaux.

Des proportions sélectionnées égales chez les mâles et les femelles entraîneraient un taux de consanguinité de 0,25%. Si, cependant, cette population n'était pas de 20 000 mais seulement de 2 000 animaux, une proportion choisie de 1% chez les mâles et les femelles se traduirait par un taux de consanguinité de 2,5%, ce qui est trop important. Souvent, la proportion choisie chez les mâles est (beaucoup) plus petite que chez les femelles. Si nous reprenons la population de 20000 animaux, une proportion sélectionnée de 0,1% chez les mâles (sélectionner les 10 meilleurs mâles) et utiliser les 10000 femelles pour la reproduction, aboutit à un taux de consanguinité de 1,25% (1,25125 pour être précis). Malgré le fait que 10, 010 animaux sont utilisés pour la reproduction, le taux de consanguinité est encore trop élevé pour que la population reste viable. Et avec 1000 descendants par père dans la plupart des espèces, ce n'est pas un problème, à condition qu'un nombre suffisant de femelles soit disponible.

Les sociétés d'élevage tirent leurs revenus de la vente de matériel génétique (généralement du sperme). Il est dans leur intérêt de maintenir leur cheptel reproducteur viable. Cependant, il existe des sociétés de sélection concurrentes qui souhaitent fournir le même marché de matériel génétique. Les sociétés de sélection résolvent ce conflit en essayant de faire autant de progrès génétiques que possible pour conserver (ou augmenter) leur part de marché, mais limitent le taux de consanguinité à 1%.

Donc:

Les décisions sur l'intensité de la sélection dépendent de la prise en compte du gain génétique par rapport au taux de consanguinité

9.12. Sélection indirecte, basée sur les caractères indicateurs

Jusqu'à présent, on a supposé que des informations phénotypiques étaient disponibles pour le caractère sélectionné sur au moins une grande partie de la population. Si la sélection est basée sur la croissance, les poids à différents âges sont facilement disponibles. Si la sélection porte sur la production de lait, les registres de production des femelles sont disponibles, et même si la sélection se fait sur les registres de qualité de la viande sur les parents, ils sont disponibles.

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

Cependant, il existe des circonstances où les phénotypes ne sont pas donnés, par exemple en cas de maladies infectieuses, et / ou en cas de caractères qui sont coûteux ou invasifs à collecter. Il est possible d'utiliser un deuxième trait comme indicateur du trait pour lequel la sélection est faite. Une condition préalable importante est que le trait indicateur soit corrélé au trait à améliorer (c'est-à-dire le trait dans l'objectif de sélection). De toute évidence, plus la corrélation est élevée, mieux c'est. Dans la formule, le gain génétique (ΔG) dans le trait d'objectif de sélection, étant donné la sélection sur le trait indicateur, peut être prédit comme:

$$\Delta G = i * r_{IH \text{ caractère indicateur}} * \sigma_A \text{ caractère sélectionné} * r_{\text{caractère indicateur, caractère sélectionné}} \quad 9.11$$

L'intensité de la sélection est la même que celle de la sélection directe et dépend de la proportion sélectionnée. La précision de la sélection des animaux reproducteurs est prédite en utilisant l'héritabilité du caractère indicateur, car c'est la base de la sélection. Les éleveurs s'intéressent à la réponse de la sélection dans le trait d'objectif de sélection. Ils veulent exprimer les résultats en unités de l'objectif de sélection et utiliser ainsi l'écart-type génétique du caractère de l'objectif de sélection.

La corrélation détermine dans quelle mesure la sélection sur le trait indicateur entraînera effectivement un progrès génétique dans le trait d'objectif de sélection. Par conséquent, le résultat doit être multiplié par la corrélation entre l'indicateur et le trait d'objectif de sélection. La précision globale de la sélection dépend à la fois de la précision de la sélection sur le trait indicateur et de la corrélation entre l'indicateur et le trait d'objectif de sélection. Notez que cela dépend de la combinaison du r_{IH} , du trait indicateur, déterminé par l'héritabilité du trait indicateur, et de la corrélation entre l'objectif de sélection et le trait indicateur si plus de gain génétique peut être réalisé avec la sélection indirecte par rapport à la sélection directe.

Donc:

*Un **trait indicateur** fournit une indication de la performance du trait d'objectif de sélection et est utile pour remplacer des traits qui sont très difficiles ou coûteux à mesurer.*

Les conditions de succès sont l'héritabilité (h^2) du trait indicateur (r) et la corrélation avec le trait d'objectif de sélection.

*La **sélection indirecte** peut être une très bonne solution lorsque les caractères sont difficiles ou coûteux à enregistrer.*

9.12.1. Sélection indirecte dans la fourbure de la vache

Un exemple: la maladie de la ligne blanche chez les bovins laitiers (voir figure 9.8). Les résultats de la recherche sur un grand nombre de troupeaux de bovins laitiers néerlandais en 2002-2003 ont indiqué une prévalence de la maladie de la ligne blanche de 9,6%.

L'héritabilité était faible, seulement $h^2=0,02\%$ (donc le r_{IH} était de $\sqrt{0.02} = 0,14$). La raison importante de la faible héritabilité était que les fermes n'étaient visitées qu'une seule fois et que toutes vaches non malades étaient considérées comme saines. Cependant, certaines vaches viennent juste d'être rétablies ou n'ont pas été infectées.

La variance phénotypique était de 0,078, donc la variance génotypique σ_A était de 0,28. Ce ne sont pas des chiffres très prometteurs pour réaliser un gain génétique important. Cependant, la corrélation génétique entre la maladie de la ligne blanche et l'angle du pied est de 0,64. Les pieds à angle raide sont plus souvent affectés que les pieds plats. L'angle du pied est un trait facile à mesurer avec une héritabilité de 0,18 (donc r_{IH} de 0,42).

Si une sélection sur les observations liées à la maladie de la ligne blanche est faite, le gain génétique serait

$$\Delta G = i * \sqrt{0.02} * 0.28$$

$$\Delta G = i * 0.040.$$

Si une sélection sur l'angle du pied pour diminuer la prévalence de la maladie de la ligne blanche est effectuée, le gain génétique serait

$$\Delta G = i * \sqrt{0,18} * 0,28 * 0,64$$

$$\Delta G = i * 0,076.$$

C'est presque une réponse double si la sélection est indirectement sur l'angle du pied au lieu de directement sur la prévalence de la maladie de la ligne blanche.

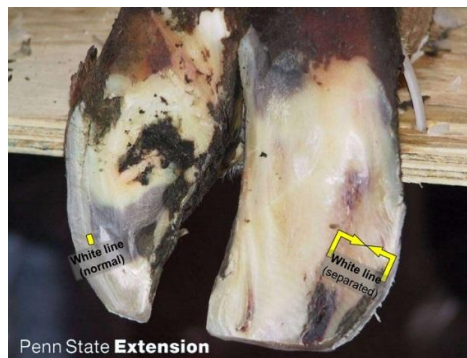


Figura 9.8. Maladie de la ligne blanche

L'aspect normal de la ligne blanche (ongle gauche) et l'aspect épaissi, effet de processus inflammatoire (ongle droit).

După Hovingh E., 2012.

9.13. Problèmes pratiques liés à la prédiction de la réponse à la sélection

Jusqu'à présent, la situation optimale dans laquelle quelqu'un décide quels animaux sont autorisés à se reproduire et lesquels ne le sont pas a été discutée. Il y a deux points principaux sur lesquels l'éleveur a une influence: la proportion choisie et la précision de la sélection ($p\%$). Pour de bonnes prédictions de la réponse génétique (ΔG), il est essentiel que ces proportions sélectionnées et l'exactitude de la sélection soient correctes (r_{IH}). Est-ce réaliste?

Ceci est assez réaliste dans le cas où le décideur possède tous les animaux d'élevage potentiels, comme dans l'amélioration génétique commerciale de porcs et de volailles. La proportion choisie peut dépendre quelque peu de la situation attendue du marché, mais des changements sont néanmoins enregistrés. La précision de la sélection des animaux reproducteurs est également entre les mains de la société d'élevage. Les animaux sont sélectionnés en fonction des performances des autres animaux (frères et sœurs, progéniture), et le nombre exact dépend du nombre disponible et peut varier un peu entre les animaux. L'influence de cette petite fluctuation sur le gain génétique prévu est très limitée. Mais même dans les entreprises de sélection, des événements pratiques inattendus, tels qu'une épidémie, se produisent, qui empêchent de sélectionner la proportion prévue.

Pendant, en général, pour ces cas, les équations de prédiction présentées dans ce chapitre sont très utiles. Dans l'amélioration génétique de bovins laitiers, la situation devient un peu plus difficile car la grande partie des vaches appartient à des agriculteurs individuels. Chaque éleveur aura son propre objectif d'élevage, bien qu'en termes généraux, ceux-ci ressemblent à celui de l'entreprise d'élevage, qui possède les taureaux. La proportion sélectionnée de taureaux est entre les mains de la société d'élevage, mais l'utilisation ultérieure de ces taureaux est entre les mains des éleveurs. Il y a des taureaux populaires et des taureaux moins populaires. Même si les deux sont sélectionnés pour la reproduction, le taureau populaire aura un plus grand nombre de descendants dans la prochaine génération que le taureau moins populaire. L'hypothèse lors de la prédiction de la réponse génétique à la sélection est que tous les taureaux sélectionnés auront une chance égale de «propager leurs gènes». Ce n'est évidemment pas le cas. Selon les taureaux utilisés plus souvent que prévu, cela conduira à une sur ou sous-prédiction de la réponse génétique. Les taureaux populaires auront évidemment également un EBV plus précis que les taureaux moins populaires ou jeunes.

Cette différence de précision doit être prise en compte lors de la prédiction de la réponse à la sélection. Du côté des femelles, il peut y avoir très peu d'effet de sélection chez les vaches pour deux raisons : tout d'abord, la proportion choisie est très importante car la plupart des vaches sont utilisées pour produire des remplacements. Deuxièmement, les éleveurs peuvent avoir des critères de sélection légèrement différents qui se traduisent par un effet global encore plus faible de la sélection chez les vaches. En pratique, ce chemin de sélection peut être ignoré.

Chez les chevaux, la situation est un peu plus compliquée que chez les bovins laitiers. Les étalons sont approuvés pour l'amélioration génétique s'ils respectent les normes définies par le stud-book. Cependant, les étalons approuvés ne représentent pas nécessairement une proportion sélectionnée bien définie car tous les poulains mâles ne sont pas des candidats à la sélection car tous les propriétaires ne sont pas disposés à présenter leur poulain (jeune étalon) à l'inspection des étalons. La proportion sélectionnée en fonction du nombre de poulains sélectionnés lors de l'inspection des étalons peut donc ne pas représenter la vraie proportion sélectionnée. Comme pour les bovins laitiers, certains étalons seront beaucoup plus populaires et, par conséquent, auront plus de descendants dans la prochaine génération que d'autres. Et aussi, comme pour les bovins laitiers, la précision de la sélection dépendra des informations disponibles et peut différer d'un étalon à l'autre. Cela peut être pris en compte lors de la prédiction de la réponse à la sélection. Dans la plupart des stud-books, comme chez les bovins laitiers, toutes les juments sont autorisées à se reproduire.

Cependant, contrairement aux bovins laitiers, les meilleures juments ne sont pas nécessairement utilisées pour la reproduction. Certains propriétaires d'une très bonne jument ne veulent pas la faire reproduire, et certains propriétaires de juments pauvres veulent élever un poulain. Chez les juments, il semble juste que la proportion choisie soit de 100%. La précision de la sélection sera généralement faible en raison du nombre généralement limité de poulains. Certaines juments avec un père populaire ont potentiellement un grand nombre de demi-frères.

Chez les chiens, la situation est encore plus compliquée. Les associations d'élevage et le «Raad van Beheer» ont défini certaines conditions de base pour que les mâles puissent se reproduire. Les femelles de certaines races sont également tenues de présenter un certificat sanitaire lié à certains problèmes de santé spécifiques à la race. Cependant, chez les mâles, il n'y a pas de proportion sélectionnée car très peu de gens aiment avoir un mâle reproducteur, et cela n'est pas nécessairement lié à la qualité du chien. De même, peu de propriétaires de chienne veulent élever une portée, malgré la qualité de la chienne. Par conséquent, la prédiction de la réponse génétique basée sur la proportion sélectionnée et la précision de la sélection n'est pas possible chez les chiens.

PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION

L'amélioration génétique des chiens de travail fait exception à la règle, la qualité du chien étant le critère de sélection et les chiens sélectionnés sont utilisés pour l'élevage. Alors que faire avec ces situations où la proportion sélectionnée et la précision de la sélection ne peuvent pas être très bien définies ? Une solution peut être de prédire le potentiel génétique moyen de la progéniture de chaque accouplement en fonction de l'EBV du père et de la mère. Comme cela a été expliqué dans le chapitre sur les modèles génétiques, connaître l'EBV chez les parents ne donne qu'une idée de l'EBV chez la progéniture grâce à l'échantillonnage mendélien:

$$A_{\text{descendance}} = \frac{1}{2} A_{\text{père}} + \frac{1}{2} A_{\text{mère}} + MS \quad 9.12$$

Cela dépendra de l'exactitude de l'EBV chez les parents dans quelle mesure l'inexactitude de la prédiction de la réponse génétique sera encore augmentée.

Donc:

En conclusion: prédire la réponse génétique à la sélection en supposant une proportion sélectionnée et une précision de sélection est très utile, mais soyez conscient du manque de précision de vos hypothèses!

9.14. Principaux problèmes liés à la prédiction de la réponse à la sélection

1. L'élevage consiste à prédire l'avenir.
2. Prédire le gain génétique consiste à prédire les performances futures, mais aussi à évaluer à l'avance les décisions de sélection.
3. Le gain génétique est déterminé par 3 facteurs principaux : la variance phénotypique, la précision de la sélection et la proportion sélectionnée.
4. L'intervalle de génération permet d'exprimer le gain génétique par an au lieu de par génération.
5. L'optimisation du gain génétique nécessitera un équilibre entre l'augmentation de la précision et la diminution de l'intervalle de génération.
6. Les chemins de sélection permettent une différence dans la proportion sélectionnée et la précision de la sélection chez les hommes et les femmes.
7. Les décisions sur l'intensité de la sélection dépendent de la considération du gain génétique par rapport au taux de consanguinité.
8. La sélection indirecte utilisant des traits indicateurs peut être une très bonne solution lorsque les traits sont difficiles à mesurer ou coûteux à enregistrer.
9. Prédire la réponse génétique à la sélection en supposant une proportion sélectionnée et une précision de sélection est très utile, mais soyez conscient du manque de précision des hypothèses formulées!

Chapitre II. 10

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

Après l'estimation des valeurs d'élevage et la prédiction de l'influence des décisions de sélection sur la réponse génétique à la sélection, la sélection et l'accouplement réel des animaux sont les prochaines étapes.

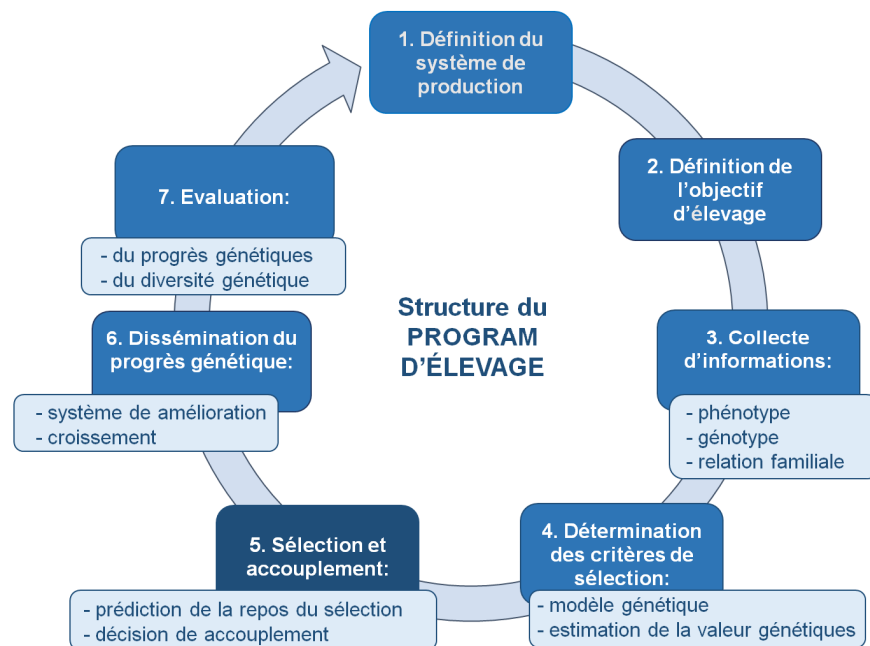


Schéma d'un programme d'amélioration: *choix des couples reproducteurs*

Comme de nombreux aspects de l'élevage, l'accouplement peut avoir un effet différent sur les décisions d'accouplement individuelles par rapport à l'ensemble de la population. L'objectif de sélection pour la population globale peut différer de l'objectif de sélection de l'éleveur individuel. Cependant, pour parvenir à une amélioration génétique au niveau de la population, les décisions de sélection doivent être prises au niveau de la population. Par la suite, les éleveurs individuels peuvent appliquer leurs critères de sélection pour identifier le compagnon de leur animal parmi les candidats qui ont été identifiés au niveau de la population. Le choix du compagnon dépend d'un certain nombre d'aspects tels que l'utilisation prévue de la progéniture. 4 Le but est de trouver un partenaire approprié et de produire une bonne progéniture, compte tenu du paramètre défini. Les décisions d'accouplement au niveau de l'éleveur individuel ont également des conséquences sur le taux de consanguinité au niveau de la population. Si l'éleveur décide pour le même compagnon comme beaucoup d'autres éleveurs, le compagnon choisi aura de nombreux descendants dans la génération suivante, alors que d'autres n'en auront pas. Le choix du partenaire souhaité au niveau individuel et les conséquences des choix individuels du partenaire au niveau de la population peuvent donc être contradictoires.

Dans ce chapitre, les avantages et les inconvénients des décisions d'accouplement ainsi que les conséquences associées seront discutés. Par exemple, comment compenser une moindre qualité chez une femelle spécifique, comment obtenir certaines qualités (par exemple la couleur), etc. Les conséquences potentielles de l'utilisation intensive de taureaux populaires sur le niveau de la population et les tests de filiation font également partie de cette section.

A noter: accouplement et traits d'un seul gène

Les décisions d'accouplement peuvent également être basées sur la tentative de créer ou d'éviter l'homozygotie. Comme dans le cas des troubles monogéniques récessifs, où les décisions d'accouplement viseront à éviter le risque de progéniture récessive homozygote. Cependant, il existe également des traits monogéniques qui ont un effet souhaité. Par exemple, avoir des cornes ou non chez les bovins, ou pour créer une couleur de pelage spécifique. Pour en savoir plus, consultez le chapitre sur l'hérédité monogénique.

10.1. Critères de sélection et décisions d'accouplement

Dans l'élevage commercial de porcs et de volailles, la sélection des meilleurs animaux suit un accouplement plus ou moins aléatoire. Les décisions d'accouplement individuelles ne sont pas prises. En moyenne, il n'y a aucune preuve de valeur supplémentaire au niveau de la population. L'accouplement n'entraîne pas de changement de direction dans la moyenne des caractères sélectionnés. Le cas échéant, il peut y avoir un effet décroissant sur la variation du caractère. Mais ce n'est que si tous les éleveurs prennent des décisions de sélection et d'accouplement avec le même objectif d'élevage à l'esprit. Au niveau individuel, il pourrait y avoir une valeur supplémentaire des décisions d'accouplement, en particulier en ce qui concerne les traits monogéniques.

Il existe un large éventail de raisons pour lesquelles un propriétaire utilise sa femelle pour la reproduction. De la nécessité de produire une progéniture pour lancer la production laitière, en passant par la recherche d'une progéniture de la plus haute qualité, à «même si elle ne va plus bien, nous pouvons toujours l'utiliser pour l'élevage». La décision de choisir un compagnon spécifique pour une femelle varie de raisons pratiques, telles que les coûts et la distance parcourue en cas d'accouplement naturel, en évitant certains problèmes, tels que les troubles héréditaires ou en compensant les insuffisances, au choix du compagnon le plus populaire.

Les critères de sélection doivent être définis avant de sélectionner le partenaire idéal pour la reproduction, mais dans la pratique, ces deux processus sont souvent interdépendants. Cependant, il est important de garder à l'esprit que **l'amélioration génétique est créée par la sélection et non par l'accouplement.**

La décision finale d'utiliser ou non un mâle approuvé pour la reproduction est prise par les propriétaires des femelles. Les propriétaires d'hommes n'ont qu'un «produit» et doivent faire un certain effort pour le commercialiser. Bien souvent, cela est au moins aussi important que la qualité des hommes elle-même lorsque les propriétaires de femmes entrent dans le processus de prise de décision. Un meilleur taureau détermine la valeur compétitive d'une organisation d'élevage.

Donc:

Les décisions d'accouplement n'ont aucune influence au niveau de la population, mais peuvent avoir un certain effet au niveau de l'accouplement individuel.

10.1.1. Relation entre la sélection des partenaires et la consanguinité

Il a été expliqué précédemment qu'un animal est consanguine si ses parents sont apparentés:

$$F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{entre les parents}} \quad 10.1$$

Les parents sont apparentés s'ils ont des ancêtres communs. Moins il y a eu de génération depuis cet ancêtre commun, plus les parents sont liés. La progéniture d'un propre frère et d'une sœur a un coefficient de consanguinité de $\frac{1}{2} * 0,5 = 0,25$. Moins deux parents sont liés, moins la progéniture est consanguine. Certaines organisations d'élevage ont des règlements pour éviter l'accouplement de parents proches. Le Dutch Kennel Club (organisation générale des différentes races de chiens aux Pays-Bas qui est également en charge de l'enregistrement du pedigree de tous les chiens de race pure enregistrés), par exemple, n'enregistre pas de pedigree pour la progéniture d'une chienne qui a été accouplée à son grand-père, son père, son frère, son fils ou son petit-fils.

Donc:

Appariement des couples reproducteurs doit tenir compte de la relation génétique additive entre les deux parents potentiels, car c'est une indication directe du coefficient de consanguinité de la progéniture.

10.2. Accouplement compensateur

Un partenaire spécifique peut être choisi pour compenser les lacunes spécifiques de la femelle. Par exemple, un étalon avec des pattes parfaites, de préférence avec la preuve que sa progéniture a également de bonnes pattes pourrait être un bon match pour une jument avec de superbes allures mais des pattes de moins bonne qualité. Les pattes de l'étalon sont considérées comme plus importantes qu'un trôt fort, car la jument doit apporter cette qualité à la progéniture. Une autre jument aux pattes parfaites mais au galop moins fort, pourrait être accouplée à un étalon avec un excellent galop mais des pattes moins bonnes. En théorie, c'est l'idée: *sélectionnez un partenaire spécifique (**compensateur**) pour chaque femelle afin de produire une progéniture de la meilleure qualité possible.*

Un conseil pratique pour les organisations de sélection serait de sélectionner d'abord les parents pour définir l'amélioration génétique. Dans un prochain, en tant que service de conseil potentiel, un système d'accouplement de compensation peut être fixé. Cependant, même si cela semble très logique, il n'y a aucune garantie de succès. Lors de l'utilisation de stratégies d'accouplement compensatoires, les éleveurs baseront leur choix d'accouplement sur différents

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

objectifs de reproduction. Les aspects de moindre qualité chez une femme peuvent être le point fort chez une autre. De toute évidence, les effets additifs de toutes les décisions d'accouplement dans une population ne sont pas susceptibles de pointer dans une certaine direction. Les décisions d'accouplement entraînent un gain génétique supplémentaire (figure 10.1). Au niveau individuel, il existe également un certain nombre de facteurs qui influencent le résultat attendu du choix du partenaire:

1. *Échantillonnage mendélien*. Ceci introduit un facteur de chance, même si l'EBV du père et de la mère est connue très précisément.

2. *Effets pléiotropiques* (un gène affecte plusieurs traits) et épistatiques (interactions gène-gène). Il est possible qu'un trait, par exemple la qualité de la démarche chez les chevaux, soit affecté par un gène qui interagit avec un autre gène. Si l'un de ces gènes a le mauvais allèle dans la progéniture, la démarche ne sera pas améliorée.

3. Quelle est *l'exactitude des informations* sur lesquelles repose la décision de sélection? Par exemple, la génétique ou la formation fait-elle un champion? Ces questions sont particulièrement importantes en l'absence d'un EBV précis.

Donc:

L'accouplement compensatoire consiste à trouver le meilleur partenaire pour les femelles individuelles pour compenser ses lacunes. L'accouplement compensatoire peut avoir un effet sur les résultats de l'accouplement individuel, mais n'a pas d'effet au niveau de la population.

10.3. Contribution génétique à long terme

Pourquoi les animaux ont-ils des ancêtres communs? Parce que leur ancêtre commun était apparemment assez populaire pour avoir plusieurs descendants, ce qui, peut-être après quelques générations, a abouti à la naissance des deux parents.

Plus un animal reproducteur était populaire dans le passé (figure 10.1), plus il y avait de chances que deux parents potentiels aient cet ancêtre en commun. Plus les animaux partagent cet ancêtre commun, plus il y a de chances que l'accouplement de deux animaux aboutisse à une progéniture consanguine. Il existe une relation entre la contribution génétique à long terme d'un animal à la population et le taux de consanguinité dans la population.



serv.it RIND - BULLENKATALOG

Vereinigte Informationssysteme Tierhaltung w.V., Heinrich-Schröder-Weg 1, 27283 Verden

Sinus



Hb.-No: 264290
IB-ID: HOLDEUM000358660547

Breed: Holstein-Sbt
Date of birth: 08/23/2015

Owner:
68 - Osnabrücker Herdbuch eG
Breeder:
Jan-Gerd Eiting, Wiefelstede

aAa Cappa casein
423561 BB*

889280 Silver
US 0072156794
SEAGULL-BAY SILVER-ET

Meira
01/80-83-85-82/83 DE 03 567 72213
maxP 5 13811 3.55 490 3.53 488
avP 5 11854 3.8 451 3.59 425



506694 Mogul
US 3006972816
MOUNTFIELD SSI DCY MOGUL

Darling
(11VG 88) US 0070640273
maxP 1 13892 3.41 474 3.14 436
avP 1 13892 3.41 474 3.14 436

678701 Bedford
DE 05 370 57055
BEDFORD

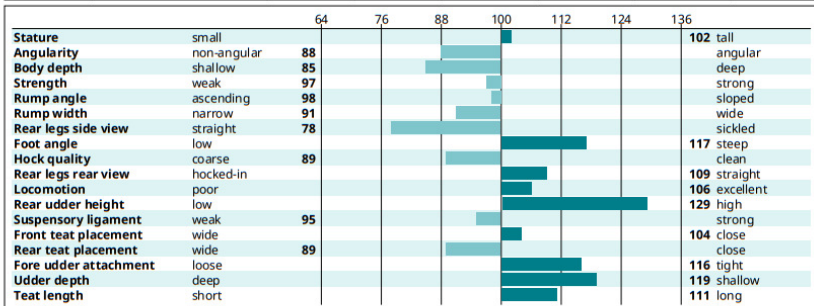
Melani
03/85-86-86-86/86 DE 03 550 32364
maxP 5 12525 4.1 514 3.34 418
avP 5 10471 4.2 440 3.49 365

506214 Logan
US 0062030793
CO-OP OMAN LOGAN

264290 Sinus
DE 03 586 60547
SINUS

RZG 92%	RZM gV	RZE gV	RZN gV	RZR gV	RZS gV	RZGesund gD						
155	151 96%	114 94%	118 78%	103 74%	112 94%	108 67%						
RZ€	Milk	Daugh.	Farms	Rel.%	Milk kg	Fat %	Fat kg	Protein %	Protein kg	Daugh.	DEU	TD 1/2/3 L.
+2069	321	150	96	1850	+0.17	+92	-0.02	+61	321	7.6/3.4/-		

Health traits				Body cond.		Calf health		Calving ease	
UFit gD	Hoof gD	DDc gD	Rep gD	Meta gD	BCS gV	KFit gD	RZKm gV	RZKd gV	
105	101	99	105	112	107 94%	107 82%	100 88%	100 91%	



Conformation	Daughters	Farms	Rel.%	Dairy type	Body	Feet & legs	Mammary	Daugh. DEU
	313	143	94	87	90	105	127	313

Daughter fertility		Calving traits			Milking speed		RZROBOT	
CON gV	CF gV	CEm	SBm	CEd	SBd	RZD gV	Tmp gV	gV
104 74%	98 80%	94	105	104	97	108 92%	99 86%	129 94%

Date of BV estimation: 01.12.2020

Graphique 10.1. Fiche de performance des valeurs d'élevage de taureaux SINUS

Source: <http://www.vit.de> - pour la traduction des acronymes consultera le matériel *Estimation of Breeding Values for Milk Production Traits, Somatic Cell Score, Conformation, Productive Life and Reproduction Traits in German Dairy Cattle.*

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

La contribution génétique à long terme est une mesure du niveau de parenté entre les animaux d'une population en raison d'un ancêtre commun partagé. L'exemple suivant illustre ce concept: Un homme est devenu très célèbre parce qu'il a remporté un concours important. De nombreux éleveurs ont décidé de l'utiliser comme compagnon pour leurs femelles. Dans la prochaine génération montre qu'il était un champion pour une bonne raison, car un certain nombre de ses fils ont également des performances (bien) supérieures à la moyenne. Par la suite, ils sont également utilisés relativement souvent pour la reproduction. Dans la génération suivante, encore une fois, certains fils de ces fils sont meilleurs que la moyenne et sont beaucoup utilisés pour la reproduction. Dans un certain nombre de générations, une très grande proportion des animaux aura ce mâle champion d'origine comme ancêtre. Si ces animaux sont accouplés, ils sont consanguins .

Définition

La contribution génétique à long terme est une mesure de la parenté dans la population en raison d'un ancêtre commun partagé. Il existe une relation entre la contribution génétique à long terme d'un animal à la population et le taux de consanguinité dans la population.

N'importe qui trouvera des ancêtres communs à son voisin si le pedigree est vérifié pendant une période suffisamment longue. Finalement, tout le monde est lié. La proximité d'une personne avec quelqu'un d'autre dépend du nombre de descendants que le ou les ancêtres communs ont produit et du nombre de générations entre l'ancêtre commun et les individus actuels. Plus il y a de progéniture, plus il y a de «chemins» vers l'ancêtre commun et plus la proportion de gènes partagés avec cet ancêtre commun est grande. Le même principe peut être appliqué à l'élevage d'animaux, bien qu'en général le processus de partage des gènes d'ancêtres communs soit beaucoup plus rapide. La population reproductrice est relativement petite et l'introduction d'animaux provenant de l'extérieur de la population n'est généralement pas pratiquée. Après un certain nombre de générations, (presque) tous les animaux sont liés à cet ancêtre commun. Quelques générations plus tard, la contribution de l'ancêtre commun ne change plus: (presque) tous les animaux ont la même proportion de gènes de cet ancêtre en commun.

10.3.1: Exemple de contributions génétiques

Le concept est illustré dans la figure 10.2, où les contributions génétiques de 2 taureaux sur 6 générations sont illustrées par la proportion de couleur. Chaque père était accouplé à 10 mères qui avaient 10 descendants. Au total, il y avait 100 descendants par génération, dont 50 mâles. Sur ces 50 mâles, seulement 5 ont été sélectionnés pour la reproduction.

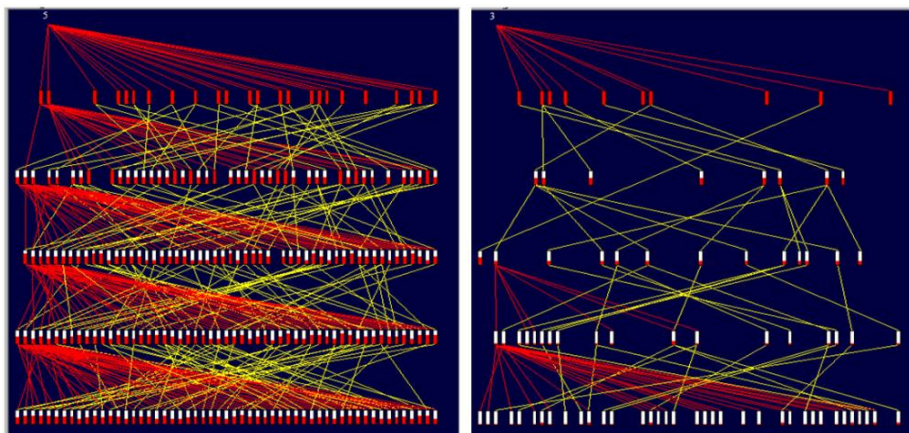


Figure 10.2. Exemple de contributions génétiques de 2 taureaux dans la même population sur 6 générations, les mâles sont en rouge, les femelles en jaune.

Au départ, il y avait 5 taureaux accouplés à 10 mères, chaque mère produisant 10 descendants. L'image de gauche montre la contribution d'un taureau génétiquement supérieur et populaire. Dans la génération 6, chez tous les animaux, une proportion considérable de leurs gènes provenait de ce père. L'image de droite montre la contribution d'un taureau beaucoup moins populaire. Deux de ses enfants n'ont jamais produit de progéniture eux-mêmes. En génération 6, la contribution de ses gènes est très faible.

Les images ont été créées à l'aide du logiciel gratuit GENUP, par *Kinghorn*.

La sélection s'est faite indépendamment des parents, les bons taureaux ont plus de descendants qui ont été utilisés pour la reproduction que les mauvais taureaux. La contribution du père d'origine à la progéniture est indiquée par la proportion de couleur dans les cases. Le père sur la photo de gauche était un père très réussi.

Sa progéniture était très populaire; deux de ses fils ont été sélectionnés et utilisés souvent. Leurs fils et petits-fils étaient également populaires et, par conséquent, la proportion du père d'origine de la génération 6 est importante. Ceci contraste avec le père de la figure de droite. Il n'a pas eu beaucoup de succès et aucun de ses fils n'a été choisi pour l'élevage. Seuls les mâles des générations 4 et 5 ont été sélectionnés. Par conséquent, la contribution génétique de ce taureau d'origine de la génération 6 est très faible. Une fois que la contribution génétique des taureaux d'origine s'est stabilisée dans la population, elle reste constante.

10.3.2. Relation entre contribution génétique et consanguinité

Les décisions concernant l'intensité d'accouplement des parents sélectionnés prises aujourd'hui peuvent avoir un impact important sur les générations futures. Une fois que la contribution d'un animal s'est répandue dans la population, elle ne peut plus jamais être supprimée. Lors de la prédiction du taux de consanguinité, la contribution génétique de chaque animal reproducteur peut être prise en compte. Ce sera une méthode précise au cas où les animaux qui ont fondé la population sont inclus. Si seules les contributions d'animaux plus récents sont prises en compte, la relation entre ces animaux d'origine est ignorée. Par conséquent, le taux de consanguinité qui en résulte sera une sous-estimation du taux réel de consanguinité. En formule, l'influence de la contribution génétique des animaux sur le taux de consanguinité ressemble à:

$$\Delta F = \frac{1}{4} \sum c^2$$

10.1

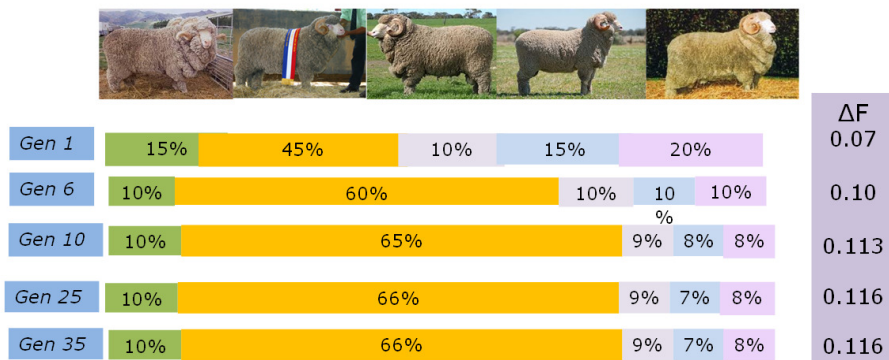
Où ΔF est le taux de consanguinité dû à la contribution génétique des animaux considérés, et c^2 est la contribution d'un animal à la contribution suivante, au carré. La formule peut être utilisée pour prédire le taux de consanguinité dans le futur, étant donné les décisions d'intensité d'accouplement aujourd'hui!

Donc:

L'intensité des accouplements peut avoir des conséquences irréversibles sur le taux de consanguinité des générations futures. Les importantes contributions génétiques d'animaux génétiquement supérieurs se répandront dans la population et y resteront en proportions fixes chez chaque animal.

10.3.3: Exemple de l'effet d'un bélier populaire sur la consanguinité

La figure 10.3 montre un exemple plus appliqué (bien qu'assez extrême) d'une petite population de moutons qui a été initiée avec 5 béliers reproducteurs. Certains béliers étaient plus populaires que d'autres et un bélier particulier (bélier 2) qui est devenu champion et était très populaire auprès des éleveurs. Il a été utilisé dans 45% des accouplements, alors que la contribution des autres variait entre 10 et 20%. Apparemment, ce bélier populaire est devenu champion pour une bonne raison, et ses descendants ont également eu beaucoup de succès. En 6 générations, les animaux de la population partageaient en moyenne 60% de ses gènes.



Graphique 10.3. Vue d'ensemble des contributions génétiques des béliers reproducteurs sur un grand nombre de générations, et la conséquence de leurs contributions sur le taux de consanguinité dans ces générations.

Remarque: il s'agit du taux de consanguinité dû aux contributions génétiques de ces béliers uniquement, les contributions génétiques des autres animaux ne sont pas prises en compte.

Ce pourcentage a lentement augmenté jusqu'à 66% dans la génération 25, après quoi il est resté constant. En moyenne, tous les animaux partageaient 66% de leurs gènes avec ce bélier 2. Très probablement, il n'y avait plus d'animaux qui n'étaient pas liés au bélier 2 dans la génération 35. Notez que les contributions des 4 autres béliers d'origine sont également toujours présentes. Tous les animaux auront certains de leurs gènes en commun avec ces béliers. Tous avaient une qualité génétique qu'ils ont transmise à leur progéniture, qui a de nouveau été sélectionnée pour la reproduction, etc. Cependant, la contribution du bélier 2 est beaucoup plus grande que celle des autres béliers, indiquant une plus grande contribution au taux de consanguinité, et un risque plus grand d'homozygotie pour les allèles récessifs dont le bélier 2 était porteur.

Message important: l'utilisation intensive d'individus populaires peut conduire à un conflit d'intérêts à court et à long terme. À court terme, tout le monde veut pouvoir utiliser le mâle supérieur parce que tout le monde veut avoir la chance d'élever un nouveau champion. Cela crée également un revenu considérable pour le propriétaire du mâle supérieur. Cependant, à long terme, cela peut avoir des conséquences négatives pour la population, et donc aussi pour les éleveurs individuels. Peut-être, parce que si le père populaire semblait être un pauvre père sur la base de sa progéniture, ses fils auront une petite chance d'être sélectionnés pour la reproduction, et la contribution du père populaire restera donc relativement faible ou s'éteindra.

Donc:

Il existe un conflit d'intérêts entre les avantages à court terme et le coût à long terme de l'utilisation intensive d'animaux génétiquement supérieurs.

10.4. Limites de reproduction

Certaines associations d'élevage régulent l'intensité d'accouplement des mâles reproducteurs. Par cela, ils veulent contrôler les contributions génétiques des mâles aux générations futures, et donc le taux de consanguinité. Pour atteindre cet objectif, les associations s'efforcent d'obtenir des contributions égales de chaque homme sélectionné. Ces limites d'élevage ne sont pas appréciées par les éleveurs car leur intérêt réside principalement dans les résultats à court terme. Ils veulent utiliser le mâle supérieur pour se reproduire ou gagner de l'argent en vendant des accouplements. Ces intérêts personnels l'emportent généralement sur l'intérêt à long terme de l'ensemble de la population. Les gens ont tendance à croire que les règlements sont bons, tant qu'ils n'influencent pas leurs intérêts.

Pourquoi devraient-ils se limiter là où d'autres sont autorisés à se reproduire avec ce mâle? Pourquoi ne devraient-ils pas être autorisés à gagner de l'argent en vendant des reproducteurs pour récupérer une partie des coûts qu'ils ont supportés pour obtenir ce mâle approuvé? Ceci est particulièrement problématique pour les espèces dont les mâles appartiennent à des particuliers, comme les chiens, les chevaux ou les moutons. Chez les bovins laitiers, les mâles appartiennent à un nombre limité de stations-service d'IA et ils peuvent vendre le sperme d'autres mâles à la place.

10.4.4. Limitations d'élevage et taux de consanguinité chez les chevaux Frison

Le Frison est une race hollandaise relativement importante (en nombre). Cependant, cela n'a pas toujours été aussi important. À l'origine, il était utilisé comme cheval de ferme en Frise. Pendant la semaine, il devait principalement tirer du matériel agricole et le dimanche, le «sjees» (calèche) à l'église. Dans les années 1950, le tracteur gagnait en popularité et, comme les autres chevaux de ferme, les Frisons étaient sans emploi. Le résultat a été une décimation de la population. Dans les années 1980, le Frison est redevenu populaire, comme cheval de loisir (à la fois en sellette et sous selle). La popularité croissante, combinée à la disponibilité de l'IA, a entraîné une augmentation rapide de la taille de la population basée sur peu d'étalons. Le résultat était un taux de consanguinité de 2% en 2000. Des signes de dépression de consanguinité comme une réduction de la qualité du sperme et de la fertilité des juments étaient évidents.

Il y avait également une augmentation de la fréquence des troubles génétiques tels que la cryptorchidie, la rétention placentaire, le nanisme et l'hydrocéphalie. L'organisation d'élevage est intervenue en 2003 et a limité le nombre d'élevages par mâle à un maximum de 180 élevages par étalon et par an pour un maximum de 6 saisons de reproduction.

À partir de l'âge de 9 ans, les limitations sont supprimées. Si ces limitations d'élevage ont des conséquences économiques, en particulier pour les propriétaires d'étalons, elles sont également positives pour les perspectives futures de la population dans son ensemble. En 2013, le taux de consanguinité a été réduit à 0,5%.



Graphique 10.4. Cabriolet remorqué par une paire de chevaux frisons

Aussi appelé Belgian Black, originaire de la province de Frise, aux Pays-Bas, il a une taille de 152 à 173 cm, de couleur noire (corbeau noir), est un cheval fort, musclé, bien équilibré et correctement proportionné, agile, avec une action élégante, crinière et épaisses queues et éperons sur les membres.

10.5. Apports génétiques et survenue de troubles récessifs

Pourquoi est-il risqué d'utiliser excessivement un animal supérieur? La réponse réside dans l'effet croissant sur le taux de consanguinité. Le taux de consanguinité indique le risque d'augmentation de la fréquence des troubles génétiques. Il a été estimé que chaque individu est porteur d'environ 25 troubles récessifs, la plupart encore inconnus, et quelle que soit l'espèce animale. Les apports génétiques sont directement liés au taux de consanguinité. Des contributions importantes augmentent le risque de devenir homozygote pour ces troubles génétiques à l'avenir.

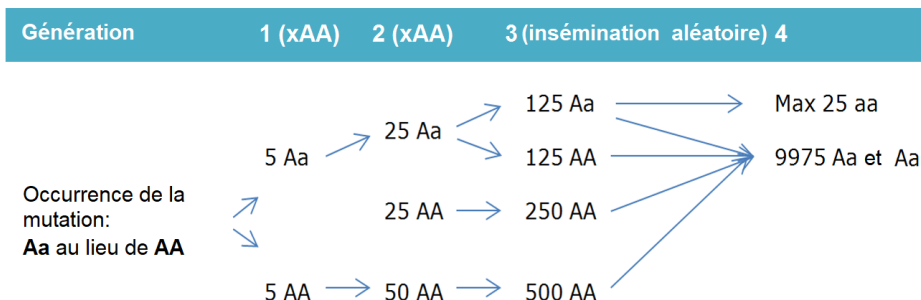
Pour avoir une idée de la façon dont les troubles génétiques se propagent dans la population, un exemple peut être donné en considérant la «naissance» d'un nouveau trouble: l'apparition d'une mutation à effet négatif mais récessif. Cela peut prendre un certain temps avant que cette nouvelle mutation ne soit remarquée, car au début elle ne survient que chez quelques descendants (environ 50%) qui sont devenus porteurs.

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

Dans la génération suivante, cela ne se produira généralement que comme porteur parce que les accouplements frère-sœur sont généralement interdits. Il faudra une autre génération pour que les animaux homozygotes se produisent, et seulement si les accouplements entre les générations sont autorisés (parent-progéniture ou oncle-nièce). Même dans ce cas, le nombre de récessifs homozygotes sera petit et selon le type de défaut, le problème peut rester inaperçu. Ce n'est qu'à la quatrième génération après la mutation, que des animaux homozygotes naîtront à cause d'accouplements entre des animaux pas très proches. Selon la gravité du trouble, il sera reconnu comme tel dans les premières générations d'homozygotie du trouble. Surtout si le trouble n'entraîne pas de problèmes très graves, il reste non reconnu pendant très longtemps. Au moment où cela devient évident, la fréquence des allèles dans la population peut déjà être assez importante.

La figure 10.5 donne un exemple numérique pour créer une certaine impression de la possibilité de détection en temps opportun d'une mutation avec un effet négatif. Il existe un certain nombre d'hypothèses sous-jacentes liées au nombre de descendants (chaque animal aura 10 descendants) et à éviter la consanguinité étroite (pas d'accouplement frère-sœur ou parent-descendant). Compte tenu de ces hypothèses, le tableau montre qu'il faut environ 4 nouvelles générations pour qu'une nouvelle mutation soit remarquée. Les mutations ne sont détectées que si leurs conséquences sont très négatives ET ne peuvent être attribuées à autre chose. Si, par exemple, la mutation a un effet négatif sur la survie de l'embryon, il faudra beaucoup plus de temps avant de se rendre compte que le manque de fertilité est dû à la mortalité embryonnaire et non à d'autres raisons comme la mauvaise qualité du sperme. Pour revenir à l'exemple numérique: À un moment donné, une mutation récessive négative se produit. La progéniture de l'animal sera en partie porteuse: la moitié de la progéniture a hérité de l'allèle muté et la moitié du type sauvage: à la génération 1, 5 animaux sont porteurs et 5 ne le sont pas.

Tous les autres animaux de la population sont de type sauvage, ils ne sont pas dans le tableau, mais peuvent être utilisés pour l'accouplement, comme cela s'est produit à la génération 1 pour créer la génération 2 (aucun accouplement entre frères et sœurs n'était autorisé). Le résultat est 10 descendants par animal, 25 porteurs et 75 de type sauvage. Dans la génération suivante encore, l'accouplement n'a été effectué qu'avec le type sauvage, donnant 125 porteurs et 825 types sauvages. L'accouplement entre les porteurs est alors autorisé, mais toujours pas entre les frères et sœurs. Ainsi, sur les 125 porteurs, seuls 100 sont autorisés à s'accoupler. SI TOUS CES ANIMAUX s'accouplent (c'est-à-dire que seuls les porteurs s'accouplent), alors le nombre d'animaux affectés serait de 25, sur 10 000.



Graphique 10.5. Exemple numérique de la durée pendant laquelle une mutation à effet négatif peut rester inaperçue.

Hypothèses: 10 descendants par animal et par génération, accouplement aléatoire au sein d'une génération, mais pas entre frères et sœurs. Notez que la population est très probablement plus grande que cela car ce ne sont que les descendants d'un seul animal.

Compte tenu de toutes les hypothèses, qui sont assez réalistes même si les 10 descendants par animal peuvent être un peu élevés, après 4 générations, seul un maximum de 0,25% des animaux sont touchés. Si l'effet du trouble génétique n'est pas très extrême ou inhabituel, il faudra encore beaucoup de générations avant que les gens se rendent compte que le nombre d'animaux affectés augmente et que cela pourrait peut-être être héréditaire. Ce n'était qu'un exemple numérique, mais ces choses se produisent vraiment dans la pratique. Un exemple célèbre (ou plutôt infâme) est celui des maladies héréditaires BLAD (déficit d'adhésion des leucocytes bovins) et CVM (malformation vertébrale complexe) chez les bovins laitiers Holstein. Une très grande contribution génétique d'un seul taureau a entraîné deux maladies héréditaires largement répandues dans la population Holstein.

10.5.1: Utilisation intensive d'un taureau pour la fréquence des défauts génétiques

Dans les années 1980 du siècle précédent, il y avait un taureau nommé Carlin M Ivanhoe Bell (surnom: Bell). Il était très populaire parce que ses filles étaient de très bonnes productrices de lait, et il a été largement utilisé comme père pendant deux décennies. Ses fils ont également été utilisés de manière intensive et aujourd'hui, la plupart des vaches Holstein sont consanguines à Bell, souvent par plusieurs voies. Malheureusement, de nombreuses générations plus tard, il a été découvert que Bell était porteur de deux troubles génétiques: BLAD et CVM, et parce qu'il était très utilisé comme père, les troubles se sont répandus dans toute la population de bovins laitiers Holstein Friesian. Le trouble BLAD provoque une immunodéficience, entraînant des infections récurrentes.

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

Il remonte à Osborndale Ivanhoe, le grand-père de Bell. Le trouble CVM souvent (88% des cas) entraîne un avortement dans les 260 jours suivant l'insémination. Seuls 4 à 5% des fœtus naissent vivants. Il a été retracé à Pennstate Ivanhoe Star, le père de Bell. CVM n'a été découvert qu'en 1999.

Ainsi, même si les mutations pour BLAD et CVM ne proviennent pas de Bell, mais de son père et de son grand-père, la très grande contribution génétique de Bell a provoqué la propagation étendue des deux troubles à travers la population de bovins laitiers Holstein Friesian. Aucun des troubles n'était suffisamment grave pour être associé à un trouble génétique déjà existant, avec de faibles fréquences. Par conséquent, les deux se sont largement répandus avant que le lien avec un trouble héréditaire ne soit établi.

Donc:



Graphique 10.6. Bull Carlin M Ivanhoe

Bell Les veaux atteints de BLAD ne sont pas viables, bien qu'ils soient normaux à la naissance. Les signes cliniques apparaissent dans 1 à 2 semaines de vie et sont des signes correspondant à des infections bactériennes récurrentes, pneumonie, entérite, diarrhée, stomatite ulcéreuse et granulomateuse, qui ne guérit pas. Lors des examens hématologiques, les veaux atteints de BLAD présentent une neutrophilie, une lymphocytose et une monocytose. Malgré les traitements, ces animaux meurent à l'âge de 2 à 4 mois.

La vitesse de propagation des maladies génétiques récessives à travers une population est accrue avec l'utilisation intensive d'animaux reproducteurs.

Le trouble se sera largement répandu avant d'être reconnu comme tel.

10.6. Confirmation de la parentalité

Dans de nombreuses associations d'élevage, l'accouplement doit être confirmé par un test ADN à la naissance de la progéniture. La principale raison de ce fait est de protéger la qualité de l'enregistrement généalogique. Il y a un certain nombre de problèmes pour lesquels l'enregistrement de pedigree peut être de mauvaise qualité:

1. Dans certains systèmes d'accouplement en groupe (par exemple, les poissons) où plusieurs mâles et femelles sont logés ensemble. Le pedigree exact de la progéniture ne sera révélé qu'après vérification ADN.

2. Lorsque de nombreux descendants naissent (environ) le même jour, le marquage des animaux n'est pas toujours effectué avec précision et l'étiquette avec enregistrement généalogique d'un animal peut se retrouver sur le mauvais animal.

3. Dans les grands systèmes de pâturage de bovins laitiers (par exemple en Nouvelle-Zélande), où les vaches ont été inséminées avec différents taureaux dans une période de six semaines, il n'est pas toujours simple de savoir quel veau appartient à quelle vache puisque les veaux sont nés sans surveillance au pâturage. Dans ce cas, les deux parents sont incertains et la filiation doit être reconstruite en fonction des informations disponibles sur l'ADN de chacun des parents.

4. Lorsque les accouplements échouent, les femelles sont de nouveau accouplées. Parfois au même mâle, parfois à un autre mâle. Comme le sperme peut survivre dans la femelle pendant un certain temps, un test ADN révélera quel mâle est le père.

5. Au début d'un programme d'élevage, lorsque peu ou pas de pedigree est disponible, un test ADN étendu (grand jeu de SNP par exemple) peut être utilisé pour tester la relation entre deux animaux avec un pedigree incomplet.

6. Pour décourager les faux accouplements, surtout dans les situations où l'accouplement proprement dit est coûteux. Le propriétaire du mâle peut être tenté d'utiliser une alternative, lorsque le nombre d'accouplements dépasse le potentiel du mâle. Ou lorsque la fertilité du mâle est insuffisante. Surtout dans le passé, avant que le test ADN ne soit disponible, certaines de ces pratiques se produisaient chez les chevaux.

Donc:

Pour garder les registres généalogiques précis, la filiation de la progéniture peut être testée grâce à l'ADN. Il existe un certain nombre de situations où les tests ADN sont le seul moyen de confirmer la filiation.

10.7. Questions clés sur la sélection et la consanguinité

1. L'accouplement consiste à trouver un partenaire approprié parmi les parents sélectionnés et à engendrer une progéniture.
2. Les décisions d'accouplement n'ont aucune influence sur l'amélioration génétique au niveau de la population, mais peuvent avoir une certaine influence au niveau individuel.
3. L'accouplement compensatoire consiste à trouver le meilleur partenaire pour compenser les défauts de la femelle.
4. La sélection du compagnon doit prendre en compte la relation génétique additive entre les potentiels parents, car elle reflète directement le coefficient de consanguinité dans la progéniture prévue.
5. Une intensité d'accouplement déséquilibrée peut avoir des conséquences irréversibles sur le taux de consanguinité des générations futures.
6. Il existe un conflit d'intérêts entre le bénéfice à court terme (profit pour le producteur et l'éleveur) et le coût à long terme (problèmes liés à la consanguinité) de l'utilisation intensive d'animaux génétiquement supérieurs.
7. Des tests ADN peuvent être utilisés pour confirmer la filiation de la progéniture.

Chapitre II. 11

CROISEMENT D'ANIMAUX

Bakewell (voir chapitre 1, première partie) était non seulement le fondateur de l'élevage pratique mais aussi des premières races standardisées. Avant 1850, l'humanité utilisait les variétés locales dans l'agriculture et d'autres activités. Les populations étaient très bien adaptées aux lieux où elles avaient été conservées.

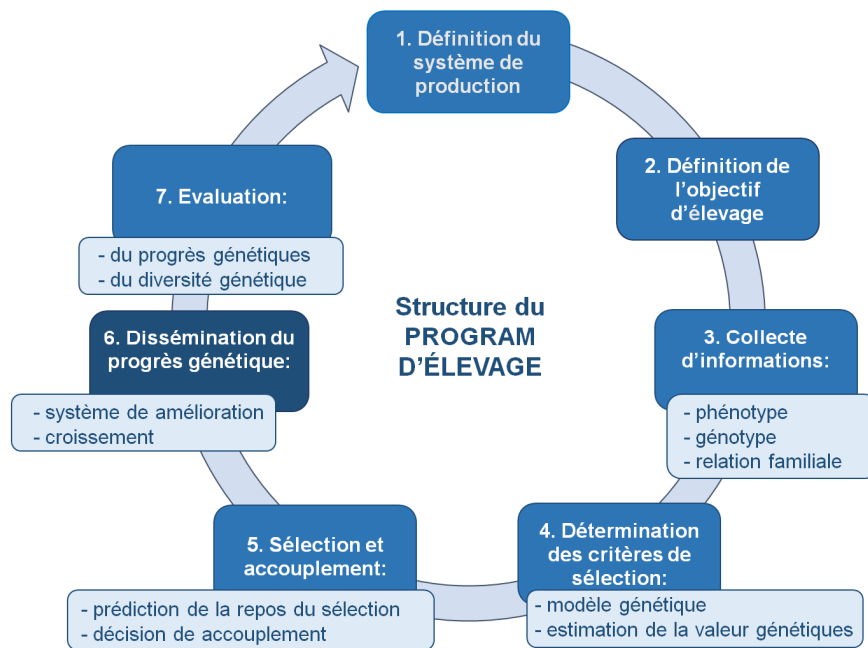


Schéma d'un programme d'amélioration: *le croisement d'animaux*

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

Cependant, ils avaient des phénotypes très variables, les caractéristiques de leur descendance étant difficilement prévisibles. Bakewell a élevé les premières races standardisées selon un standard d'élevage pour la conformation et un objectif d'élevage défini. De cette manière, la sélection de quelques caractéristiques d'une race locale a conduit à la création d'une race (standardisée).

Définitions

Une race est un groupe d'animaux croisés au sein d'une espèce avec une apparence commune, des performances, une ascendance ou un historique de sélection identifiable. De nombreuses définitions sont utilisées pour définir ce concept. Voir 11.1 pour plus de détails.

Croisements sont des accouplements entre des animaux de différentes races ou lignées

Le croisement d'animaux de différentes races signifie que l'accouplement se fait systématiquement dans le cadre d'un programme d'élevage bien conçu. Quels sont les avantages et les inconvénients du croisement dans l'élevage commercial de bœuf, de volaille et de porc? Ce chapitre explique le contexte théorique du croisement ainsi que les différents systèmes de croisement avant. Les grandes lignes de la structure d'un programme de sélection sont présentées dans le chapitre suivant. Le croisement a lieu après la sélection des parents dans différentes races ou lignées (voir phase 5 dans la figure ci-dessous) et est structurellement intégré dans un programme d'élevage (phase 6).

De nombreuses races standardisées chez les chevaux et les chiens résultent du croisement d'animaux de différentes races (races locales ou races standardisées) en combinaison avec une forte sélection parmi les animaux croisés pour les caractéristiques du standard d'élevage. Par conséquent, la sélection pour des caractéristiques spécifiques a conduit à une grande variété de races au sein des espèces domestiquées. Pour atteindre des objectifs de production spécifiques, il peut être nécessaire de combiner les caractéristiques de différentes races. Pour cette raison, les races sont parfois croisées. Par exemple, une race bovine locale des pays tropicaux à forte résistance aux tiques est croisée avec une race exotique à forte production pour obtenir des animaux à production modérée résistants aux tiques.

Dans ce chapitre, nous expliquerons les sujets suivants:

- Le fond génétique de l'hétérosis
- Motivation pour le croisement
- Les différents systèmes de croisement et leur applicabilité

11.1. Définitions d'une race

Qu'est-ce qu'une race? Une question simple à laquelle il est difficile de répondre. Le texte ci-dessous donne les définitions publiées de divers groupes, chacun étant pertinent et pertinent pour leurs parties prenantes:

I «Des animaux qui, grâce à la sélection et à la reproduction, en sont venus à se ressembler et à transmettre ces traits de manière uniforme à leur progéniture» (<http://www.ansi.okstate.edu/breeds/>);

II «Une race est un groupe de chats domestiques (sous-espèce *Felis catus*) que l'instance dirigeante du CFA a accepté de reconnaître comme tel. Une race doit avoir des caractéristiques distinctives qui la distinguent de toutes les autres races» (Association des amateurs de chats, <http://www.cfa.org/breeds/breed-definition.html>);

III "Une course ou variété de animaux (ou de les plantes), perpétuant son caractère spécial ou distinctif caractéristiques par héritage» (<http://www.biology-online.org/dictionary/Breeds>);

iv. «Race, stock; souche; une lignée de descendants perpétuent des qualités héréditaires particulières» (*Oxford English Dictionary, 1959*);

v. «Soit un sous-groupe spécifique de bétail domestique avec des caractéristiques externes définissables et identifiables qui lui permettent d'être séparé par appréciation visuelle d'autres groupes définis de manière similaire au sein de la même espèce, soit un groupe pour lequel une séparation géographique et / ou culturelle est des groupes séparés a conduit à l'acceptation de son identité distincte » (Liste de surveillance mondiale de la FAO, 3e édition);

vi. «Une race est un groupe d'animaux domestiques, appelé tel par consentement commun des éleveurs, ... Un terme qui est apparu parmi les éleveurs de bétail, créé pourrait-on dire, pour leur propre usage, et personne n'est justifié de l'attribuer à cela mot une définition scientifique et en qualifiant de faux les sélectionneurs lorsqu'ils s'écartent de la définition formulée. C'est leur mot et l'usage courant des éleveurs est ce que nous devons accepter comme la définition correcte » (*'La génétique des populations'*; Lush, 1994) ;

vii. «Une race est une race si suffisamment de gens le disent.» (K. Hammond, communication personnelle);

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

Poursuivant la définition (v), la FAO soutient que la race est très souvent un terme culturel et devrait être respectée en tant que telle, une perspective clairement articulée dans la définition (vi) et résumée succinctement en (vii). Ceci est reconnu, mais le concept de ressemblance par descendance héréditaire commune est un ajout utile à la définition d'une race.

11.2 Hétérosis

Le croisement ne se fait pas seulement avec différentes races, mais aussi avec différentes lignées de sélection. Ceci est pleinement exploité dans l'élevage commercial de porcs et de volailles. Ces lignées sont formées par élevage pur ou en croisant différentes races. Après la formation de la lignée, les animaux à l'intérieur d'une lignée de sélection sont sélectionnés pour un nombre limité de traits d'objectif de reproduction. Après des générations de sélection, ils excellent dans ces traits spécifiques d'objectif de sélection. Lorsque de telles lignées sont croisées, les croisements combinent non seulement les caractéristiques de chacune des lignées, mais pour certaines caractéristiques, la performance des croisements est supérieure à la performance moyenne des races parentes en raison de l'hétérosis.

Définition

L'hétérosis ou vigueur hybride (terme principalement utilisé dans la sélection végétale) est la mesure dans laquelle la performance d'un croisement d'un ou plusieurs caractères est meilleure que la performance moyenne des deux parents

11.3. Le fond génétique de l'hétérosis

Pour commencer par un exemple simplifié : il est supposé (non valable dans le monde réel), que chez le poulet, un seul gène avec deux allèles différents "A" et "a" détermine la quantité d'œufs produits en un an.

La race 1 est homozygote (fixe) pour A: tous les animaux ont le génotype AA.

La race 2 est homozygote (fixe) pour a : tous les animaux ont le génotype aa.

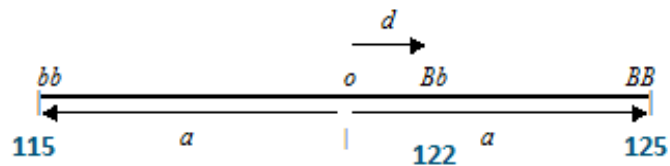
La race 1 produit 96 œufs par an et élève 294 œufs par an. Les coqs de race 1 sont accouplés à des poules de race 2. Leur progéniture de génotype Aa devrait produire 95 œufs par an, la moyenne des deux races parentes. Cependant, ils produisent plus que cela, soit 100 œufs par an. C'est l'effet de l'hétérosis: la performance d'un croisement (Aa) est meilleure que la performance moyenne des deux races parentales (AA et aa). L'hétérosis est de 5 œufs par an exprimée en pourcentage $5/95 = 5,2\%$. L'hétérosis repose sur le phénomène de dominance : le génotype Aa a une valeur supérieure à la moyenne des génotypes AA et aa.

Définition

Dominance: c'est quand les allèles d'un locus sont non additifs. Lorsqu'un locus montre une dominance, la valeur génotypique de l'hétérozygote sur un trait n'est pas la moyenne des deux homozygotes.

Un type extrême est la **surdominance**. Cela se produit lorsque l'hétérozygote a une valeur génotypique plus extrême que l'un ou l'autre des parents

Voici un autre exemple illustrant l'hétérosis (figure 11.1) dû à un effet de dominance sur un seul locus.



Graphique 11.1. Valeurs phénotypiques dépendant des expressions génotypiques

Population parentale (original): $o = (bb+BB)/2$; $o = (115+125)/2$; $o = 120$

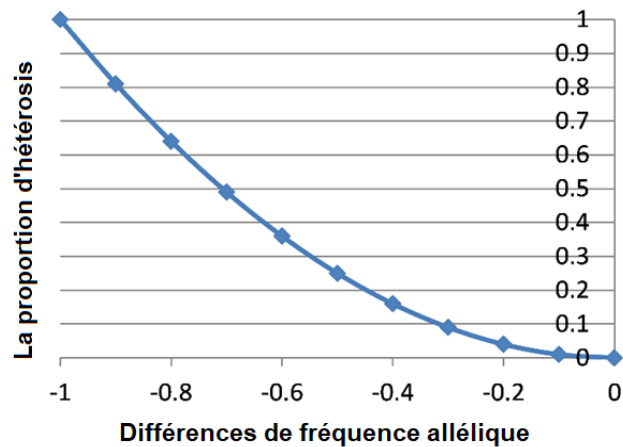
Effet additif: $a = (BB-bb)/2$; $a = (125-115)/2$; $a = 5$

Effet dominant: $d = (bb-o)$; $d = 122-120$; $d = 2$

La valeur génotypique de l'homozygote BB = 125. La valeur génotypique de l'homozygote bb = 115. L'hétérozygote Bb a une valeur génotypique de 122. L'effet additif de B sur b = $125-115 / 2 = 5$. L'effet de dominance de Bb vaut $122-120$ ($120 =$ la valeur moyenne de BB et bb) = 2..

11.4 Effets de l'hétérosis

L'hétérosis a un effet positif car chez les croisements, de nombreux gènes sont hétérozygotes alors qu'ils étaient homozygotes chez les races parentes. Les allèles à effet négatif sont souvent récessifs. Chez les croisés, ces allèles récessifs négatifs sont exclus. La quantité d'hétérosis à prévoir pour une caractéristique spécifique dans un croisement de deux races dépend du nombre de locus impliqués et des différences entre les deux races dans les fréquences d'allèles pertinentes à ces locus. La figure 11.2 ci-dessous illustre cela. Un trait est déterminé par les deux allèles d'un gène. Plus la différence de fréquence des gènes est élevée, plus la quantité d'hétérosis est élevée.



Graphique 11.2. La proportion d'hétérosis dépend de la différence de fréquence entre les allèles des parents

Après croisement des deux lignées pour les caractères multi-géniques, la quantité d'hétérosis est déterminée par la différence moyenne des fréquences alléliques pour le nombre total de gènes impliqués et les effets de dominance sur chaque locus. Lorsque la différence de fréquences alléliques est de -1 (pour tous les gènes les races sont homozygotes pour différents allèles), l'hétérosis est égal à 1 (100%).

11.5. Motivation pour le croisement

L'hétérosis est l'une des raisons d'appliquer le croisement de races ou de lignées. Les effets de dominance sont observés dans toutes les espèces. Pour toutes les espèces, on peut conclure que les estimations de l'hétérosis sont plus élevées pour les caractères à faible héritabilité et plus faibles pour les caractères à héritabilité élevée. L'hétérosis est souvent importante pour les caractéristiques de fertilité et de santé qui ne peuvent pas être facilement améliorées par une reproduction sélective en raison de la faible héritabilité (tableau 11.1). Ainsi, l'amélioration des traits de santé et de fertilité est souvent une motivation importante pour appliquer le croisement. En Nouvelle-Zélande, le croisement entre les bovins Jersey et Holstein a une longue histoire et à partir de 2000 en Amérique du Nord et en Europe occidentale, les croisements de bovins laitiers augmentent. Les croisements sont faits pour améliorer la fertilité et les caractéristiques de santé des vaches laitières hautement productives.

Tableau 11.1

Estimation de l'hétérosis chez les bovins

Caractère	Hétérosis
Production	3%
Fécondité	10%
Facilité de vêlage (direct)	10-15%
Mortinaissances (effet direct)	- 5-10%
Facilité d'accouchement (effet maternel)	10-15%
Mortinaissances (effet maternel)	- 5-10%
Longévité	10-15%
Mérite totale attribuée à l'effet de l'hétérosis	≥10%

D'après Sorenson et al., 2008,

Ces caractéristiques peuvent difficilement être améliorées dans les programmes de sélection où la production de lait est un trait important des objectifs de sélection. Des recherches danoises montrent que dans un croisement de différentes races laitières, les effets de l'hétérosis peuvent être utilisés pour améliorer des caractéristiques qui ont une forte relation avec la longévité et le profit global (résumées ci-dessous).

La deuxième raison du croisement est d'exploiter la complémentarité des races ou lignées: la combinaison des caractéristiques de deux races ou lignées est favorable. Un exemple est le croisement de truies d'une race de porc avec une portée élevée avec un sanglier d'une race qui donne une croissance rapide jusqu'au poids d'abattage. Le croisement conduit à plus de porcs par portée qui grandissent rapidement pendant l'engraissement. Il en résulte une rentabilité plus élevée par rapport à l'élevage d'une truie de race pure avec la même taille de portée et une croissance modérée des porcelets ou à l'élevage d'une truie d'une race avec une portée modérée et une croissance rapide de ses porcelets.

La troisième raison est que les croisements combinent des caractéristiques qui ne peuvent pas être facilement améliorées simultanément dans une seule race. Un exemple est la croissance de la viande maigre et la qualité de la viande chez les porcs. Ces traits sont négativement corrélés au sein des races ou des lignées. Les animaux avec une croissance plus élevée de viande maigre ont un score plus faible pour la qualité de la viande et l'inverse : les gènes qui influencent la croissance de la viande maigre influencent également la qualité de la viande, mais ils ont un effet opposé.

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

La dernière raison du croisement est la protection de l'amélioration génétique dans les lignées de sélection des sociétés commerciales. Ils investissent beaucoup dans l'entretien des animaux, l'enregistrement des caractères, etc. En ne vendant que des animaux de race croisée aux agriculteurs, ils évitent que les concurrents puissent utiliser leur cheptel de race pure. Et ne vendre que des croisements aux agriculteurs assure un revenu continu, génération après génération, aux entreprises.

11.6. Les différents systèmes de croisement et leur applicabilité

Premièrement: dans ce contexte, le mot race est utilisé comme synonyme de ligne de sélection. Dans l'élevage commercial de porcs et de volailles, la sélection dans des lignées de sélection spécialisées est beaucoup plus courante que la sélection au sein des races. Deuxièmement: dans tous les systèmes de croisement, les animaux sont d'abord sélectionnés pour leurs caractères pertinents avant d'être croisés.

Le croisement ne rend pas la sélection redondante. Troisièmement: les systèmes de croisement nécessitent une mise en œuvre stricte par tous les participants. Par conséquent, le croisement est appliqué pour plusieurs raisons et ils ne peuvent être réalisés que lorsque le système de croisement choisi est strictement respecté. Dans ces systèmes de croisement, les pourcentages d'hétérosis varient comme on peut le voir dans le tableau ci-dessous (les systèmes de croisement seront décrits dans les sous-chapitres – tableau 11.2):

Tableau 11.2.

La valeur de l'hétérosis dépend du système croisé utilisé

Type de croisement	Hétérosis (%)
F1 A x B	100%
F2 (A x B) x (A x B)	50%
Retour croix A x (AxB) sau B x (AxB)	50%
F2 du croisement rotatif Ax(Bx(AxB))	75%
F3 du croisement en rotation Bx(Ax(Bx(AxB)))	62,5%
Croisement rotationnel, stabilisé après plusieurs générations	66,6%
F2 d'une ligne synthétique (AxB) x (AxB)	50%
F3 d'une ligne synthétique (AxB) x AxB) x (AxB)	50%
Croisement synthétique, stabilisé avec deux races	50%
Croisement synthétique, stabilisé avec trois races	66,6%

Dans le croisement de race pure, l'hétérosis de la F1 est de 100%. Dans la population F1, la différence de fréquences alléliques entre les races F1 et l'une des races parentales est la moitié de la différence entre les deux races parentales. Ce fait signifie que, par exemple, lorsque le F1 est accouplé avec l'une des races parents dans un rétrocroisement, l'hétérosis dans le F2 est de 50% par rapport au croisement original à double sens. Le pourcentage d'hétérosis dépend de la différence de fréquences alléliques entre la mère et la population de taureaux. Comme indiqué précédemment, l'hétérosis est la plus prononcée et la plus précieuse elle sert à l'amélioration des traits à faible héritabilité comme les traits de santé et de fertilité.

11.6.1. Croisement interspécifiques

Les croisements interspécifiques résultent de l'accouplement d'individus d'espèces différentes (figure 11.3). Ces croisements sont réalisés à la fois pour la production (amélioration des performances, adaptabilité, endurance, longévité, capacité d'effort, etc.) et pour la formation de nouvelles races. Souvent, à la suite de croisements interspécifiques, la fonction de reproduction est perturbée.



Graphique 11.3. Hybrides entre *Bos taurus* x *Bos indicus*

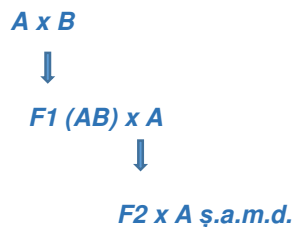
De gauche à droite et de haut en bas: Beefalo, Beemaster, Brangus et Africander

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

Habituellement, les hybrides ressemblent au père en apparence et en développement chez la mère. Par exemple, l'accouplement entre un âne et une jument aboutit à un *mulet*, et l'accouplement entre un âne et un étalon produit un *barde*. Le cheval (jument) croisé avec le zèbre donnent des hybrides appelés *zébrule* (*zorse*). En accouplant les espèces appartenant au genre *Bos*, selon l'espèce impliquée, on obtient: Le croisement d'un yak mâle et d'une vache domestique produit un *podzo*, tandis que le croisement d'un taureau domestique et d'une femelle yack produit un "*dzo*" si c'est un mâle et un "*drono*" si c'est une femelle. À la suite de ces croisements ont été formés les races Santa Gertruda, Africander et Cherala ou certains hybrides tels que Beefmaster, Braford, Brangus ou Charbray - voir figure 11.3).

11.6.2. Introgression

Dans cette croix les mâles de race B sont croisés avec des femelles de race A pour incorporer une caractéristique qui est présente dans la race B avec une fréquence élevée et qui est absente ou n'a qu'une faible fréquence dans la race A. Les femelles du premier croisement (F1: AB) sont sélectionnées pour la caractéristique recherchée de la race A et accouplées avec des mâles de la race A. Cela se répète dans les générations suivantes. La race B est utilisée une seule fois et la sélection chez les croisements conduit à l'introgression de la caractéristique recherchée de la race B.

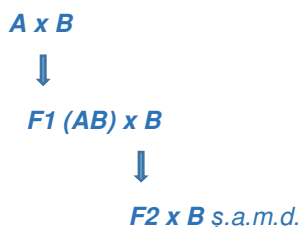


Les marqueurs génétiques de la caractéristique recherchée améliorent considérablement l'applicabilité de cette méthode. Un exemple d'introgression est le transfert de l'allèle Booroola dans la race ovine Texel aux Pays-Bas. Il augmente la taille de la portée et est présent chez les moutons mérinos.

11.6.3. Transformation croisée

Cette méthode de croisement vise à changer rapidement une population d'animaux d'une race à une autre. Les taureaux de la race nouvellement souhaitée sont continuellement rétro-croisés avec les femelles de la génération précédente.

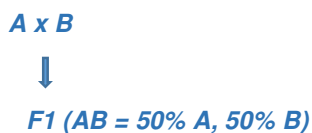
Après trois générations, les animaux F3 contiennent déjà 87,5% des gènes de la race souhaitée et après quatre ou cinq générations la population ressemble pleinement à la race parentale souhaitée.



Un tel processus a eu lieu dans les années 70 du siècle dernier en Europe occidentale, lorsque les populations locales de bovins noirs et blancs ont été classées avec des taureaux Holstein Friesian d'Amérique du Nord, créant la race bovine européenne Holstein Friesian actuelle.

11.6.4. Croisement bidirectionnel

Deux races sont croisées. La progéniture n'est utilisée qu'à des fins de production et non pour la reproduction. La notation F1 s'appliquait aux croisés. Le plein effet de l'hétérosis peut être exploité chez la progéniture. Ce concept nécessite le maintien des races pures, toutes deux avec un programme d'élevage. Ce système est largement utilisé chez les bovins laitiers et chez les ovins. Les femelles qui ne sont pas nécessaires pour produire des femelles de remplacement de race pure sont accouplées à une race avec une croissance et une qualité d'abattage élevées. De cette façon, la valeur de la progéniture qui n'est pas nécessaire pour le remplacement devient beaucoup plus élevée que celle de la progéniture de race pure.

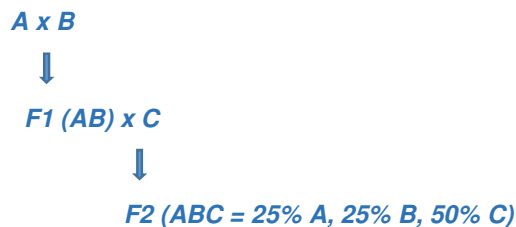


11.6.5. Croix à trois voies

Dans ce croisement, des femelles croisées bidirectionnelles (F1) sont croisées avec un mâle de race pure d'une troisième race. Pour leur progéniture, la deuxième génération de la croix, la notation F2 est utilisée. Dans ce système, le plein effet de l'hétérosis chez les mères croisées (F1) peut être exploité.

SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT

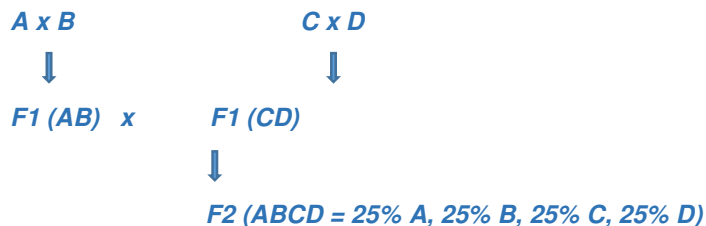
Un cas particulier de croisement à trois voies est l'accouplement de femelles croisées à l'un des pères des races parentes. C'est ce qu'on appelle un rétrocroisement.



Dans le passé, le croisement à trois avec le Landrace et le Dutch Large White était très populaire aux Pays-Bas. Les truies Landrace étaient d'excellentes mères. Le Dutch Large White présentait d'excellentes caractéristiques de croissance et de carcasse, mais moins bonnes en termes de caractéristiques maternelles. Le premier croisement a donné d'excellentes truies avec une portée élevée (en raison des caractéristiques Landrace et de l'hétérosis). Après le rétrocroisement, un grand nombre de porcelets sont nés avec une croissance et des carcasses excellentes.

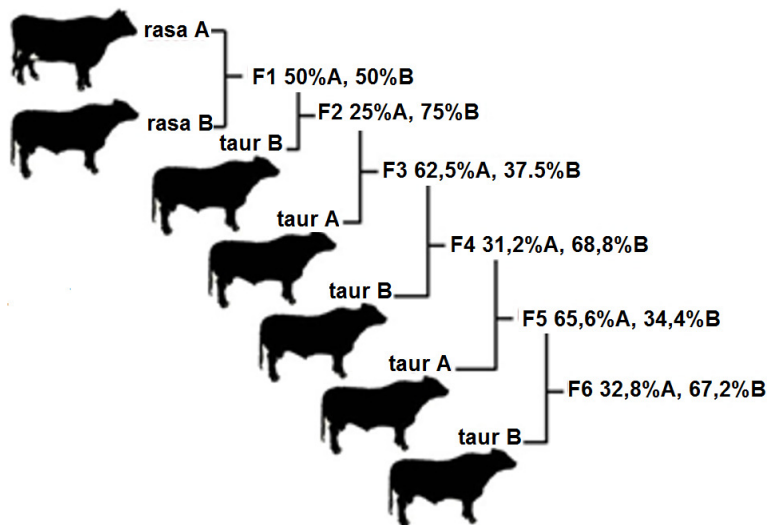
11.6.6. Croix à quatre voies

Dans ce croisement, les femelles croisées (F1) sont croisées avec des mâles croisés d'une troisième et quatrième race. Pour leur progéniture, la deuxième génération de la croix, la notation F2 est utilisée. Dans ce système, le plein effet de l'hétérosis chez les mères croisées (F1) et les mâles (F1) peut être exploité. Les croisements à quatre voies sont largement utilisés dans les programmes d'élevage de volailles commerciales. Ces trois raisons motivent ces croisements à quatre voies dans la production de poulets de chair: exploiter l'hétérosis, combiner la capacité des races et des croisements et la sélection dans les races pour des caractères qui ne peuvent pas être facilement améliorés simultanément dans une seule race. Dans ces programmes de sélection avicole, de nombreux caractères (15-20) sont importants; beaucoup d'entre eux sont négativement liés les uns aux autres et / ou ont une faible héritabilité.



11.6.7. Rotation bidirectionnelle (entrecroisée)

Dans ce croisement, le départ est similaire au rétrocroisement. Les femelles de race A sont croisées avec des mâles de race B. Leur progéniture femelle (F1) est (à l'arrière) croisée avec un mâle de race B. Leur progéniture femelle (F2) est croisée avec un mâle de race A. Leur progéniture femelle (F3)) sont croisés avec un mâle de race B etc. Dans chaque génération, des mâles de race A et de race B sont utilisés en alternance et des femelles croisées de toutes les générations peuvent être utilisées pour produire des substituts. Dans un tel croisement, une certaine portion (2/3 par rapport à un croisement de race pure) de l'effet d'hétérosis peut encore être exploitée – figure 11.4.



Graphique 11.4. Croisement rotationnel entre deux races

Le croisement de rotation $A \times (B \times (A \times B))$ se stabilise à 65/35% ou 35% / 65%, donnant un effet d'hétérosis de 65% à la race dont le mâle a été utilisé pour la dernière fois..

Les races pures doivent encore être maintenues dans un programme de sélection, mais cela peut être fait par d'autres éleveurs. Ci-dessous la croix de rotation bidirectionnelle chez les bovins est illustrée:

11.6.8. Rotation à trois voies (entrecroisée)

Dans ce croisement, les femelles de race A sont croisées avec des mâles de race B. Leur progéniture femelle (F1: AB) est croisée avec un mâle de race C. Leur progéniture femelle (F2: 25% A, 25% B et 50% C) est ensuite croisée avec un mâle de race A. Leur progéniture femelle (F3: 62,5% A , 12,5% B et 25% C) est croisée avec un mâle de race B etc. Dans chaque génération mâles de race A, B et C sont utilisées en alternance et les femelles croisées de toutes les générations peuvent être utilisées pour produire des remplacements. Dans un tel croisement, une grande partie (6/7) de l'effet d'hétérosis peut encore être exploitée.

11.6.9. Créer une race synthétique

Ce croisement commence comme suit : deux races sont croisées et les mâles et les femelles de la génération F1 sont réciproquement accouplés. Ceci se poursuit dans le F2, F3, F4 etc. De cette manière, une nouvelle race (synthétique) est créée contenant des parties égales (50%) des allèles des deux races fondatrices. Selon ce principe, trois ou quatre races peuvent également être utilisées pour modéliser une race synthétique. L'accouplement réciproque des mâles et des femelles de la génération F2 est le véritable début de la nouvelle race synthétique.

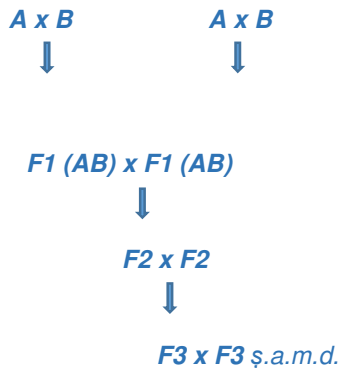


Figure 11.5. Mouton hollandais synthétique Flevoland

Le Dutch Flevolander (figure 11.5) est un exemple récent d'une nouvelle race créée. Tout a commencé avec le croisement du moutons Landrace finlandais, une race à portée élevée, avec des moutons d'Ile-de-France, une race avec un motif oestrus non saisonnier. Les brebis F1 produisent de grandes portées et donnent trois agnelages en deux ans. Les béliers F1 ont été accouplés avec des brebis F1, des béliers F2 avec des brebis F2, des béliers F3 avec des brebis F3, etc.

11.7. Problèmes clés sur les croisements

1. Les croisements sont des accouplements entre des animaux de différentes races ou lignées. Une race est un groupe d'animaux croisés au sein d'une espèce avec une apparence commune, des performances, une ascendance ou un historique de sélection identifiable.
2. Les lignées de sélection sont formées par élevage pur ou en croisant différentes races. Après la formation de la lignée, les animaux d'une telle lignée de sélection sont sélectionnés pour un nombre limité de traits d'objectif de reproduction. Après des générations de sélections, ils excellent dans ces traits spécifiques d'objectif de sélection.
3. Lorsque des races ou des lignées de sélection sont croisées, les croisements combinent non seulement les caractéristiques de chacune des races ou lignées, mais pour certaines caractéristiques, la performance des croisements est supérieure à la performance moyenne des races parentales ou des lignées parentales en raison de l'hétérosis.
4. L'hétérosis ou la vigueur hybride est la mesure dans laquelle la performance d'un croisement dans un ou plusieurs traits est meilleure que la performance moyenne des deux parents.
5. L'hétérosis a un effet positif car chez les croisements, de nombreux gènes sont hétérozygotes et homozygotes chez les races parentes. Les allèles à effet négatif sont souvent récessifs. Chez les croisés, ces allèles récessifs négatifs sont exclus.
6. L'hétérosis est l'une des raisons d'appliquer le croisement de races ou de lignées. La deuxième raison du croisement est d'exploiter la complémentarité des races ou lignées: la combinaison des caractéristiques de deux races ou lignées est favorable. La troisième raison est que les croisements combinent des caractéristiques qui ne peuvent pas être facilement améliorées simultanément dans une seule race. La dernière raison du croisement est la protection de l'amélioration génétique dans les lignées de sélection des sociétés commerciales.
7. Dans tous les systèmes de croisement, les animaux sont d'abord sélectionnés pour les caractères pertinents avant d'être croisés. Le croisement ne rend pas la sélection redondante. Les schémas de croisement nécessitent une mise en œuvre stricte par tous les participants. Par conséquent, le croisement est appliqué pour plusieurs raisons et ne peut être réalisé que lorsque le système de croisement choisi est strictement respecté.

Chapitre 12

STRUCTURE DU SYSTÈME D'AMÉLIORATION

L'amélioration génétique générée par la sélection et l'accouplement des animaux, les aspects obtenus dans la 5ème étape du programme de sélection seront diffusés dans la 6ème étape en utilisant des systèmes ou des schémas de sélection appropriés.

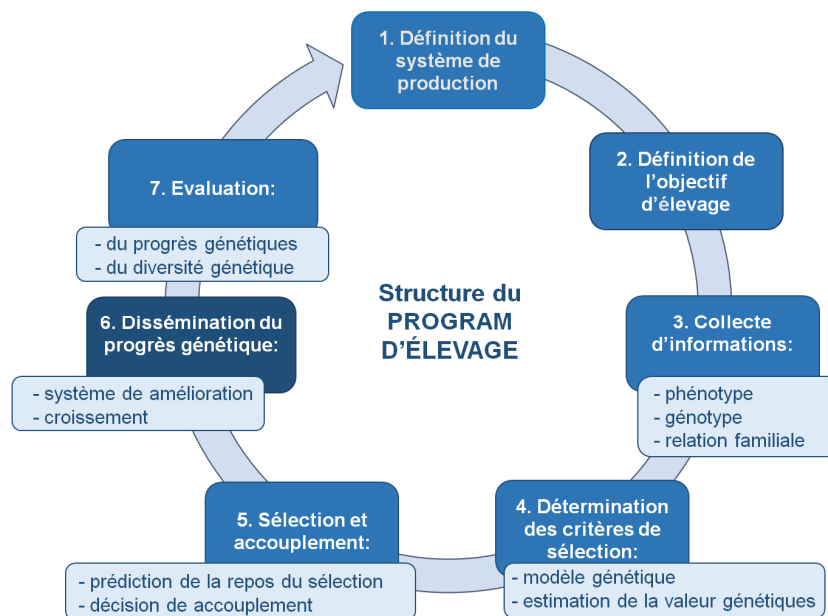


Schéma d'un programme d'amélioration: *le système d'amélioration*

Les programmes de sélection visent à générer des améliorations génétiques dans une population. Dans le programme d'élevage, la réponse de sélection est constamment surveillée par les traits de l'objectif d'élevage, en collectant des informations sur les candidats soumis à la sélection, en estimant les valeurs d'élevage, en choisissant et en faisant correspondre les couples reproducteurs parmi les candidats - la diffusion a lieu au sein du système d'élevage qui peut utiliser la sélection ou croisement pour maximiser le progrès génétique d'une génération à l'autre.

Définition

Systeme d'amélioration (schéma du programme d'amélioration) est représenté par exposer les principes, les objectifs, les tâches visant des objectifs d'élevage pour la production d'une nouvelle génération d'animaux. Le système d'élevage comprend comment combiner et enregistrer les caractères, estimer les valeurs d'élevage, la sélection des parents potentiels, le calendrier d'accouplement et / ou le schéma de croisement des parents sélectionnés, y compris la méthode de reproduction appropriée (élevage, IA, ET, etc.).

Les programmes d'amélioration peuvent être mis en œuvre dans des systèmes libres ou contrôlés. Le chapitre présente les programmes d'amélioration organisés en systèmes d'amélioration à structure horizontale, systèmes d'amélioration à structure pyramidale, ainsi que les systèmes d'amélioration à noyau ouvert présentant chacun des avantages, des inconvénients et des possibilités d'utilisation différentes.

12.1. Progrès génétique dans le système de sélection

Dans un programme d'amélioration, la ténacité, la précision et la discipline des éleveurs actifs sont cruciales. En ce sens, les éléments suivants sont essentiels: la ténacité dans la poursuite de l'objectif d'amélioration, la précision dans la collecte des valeurs phénotypiques, les génotypes dans les enregistrements généalogiques et, enfin et surtout, la discipline dans la sélection et les croisements. Tous les facteurs humains sont importants et doivent être maîtrisés, bien que dans presque toutes les espèces, les animaux reproducteurs (généralement des femelles mais parfois aussi des mâles) dans le noyau de sélection appartiennent à des individus: agriculteurs ou citoyens. Les propriétaires des animaux décident s'ils veulent se reproduire avec leur animal et ils décident également du partenaire pour l'accouplement des animaux détenus. Fondamentalement, dans le cas de la propriété individuelle,

12.1.1. Elevage de race pure - élevage par sélection

Élevage par sélection - en race pure est particulièrement réussi dans le cas de caractères à haute héritabilité, dans lesquels la variabilité génotypique (σ) est grande. Comme présenté dans les chapitres précédents (chapitres 8 et 9), la réponse de sélection dépend de l'intensité de la sélection, de la précision de la valeur de reproduction, de la variation génétique et de l'écart de génération. Les trois premiers termes sont dans le numérateur de formule 12,1 et le dernier terme, au dénominateur. Ainsi, une intensité élevée de sélection, de précision et de variation génotypique associée à un intervalle plus petit entre les générations permet d'obtenir la meilleure réponse. La formule (également énoncée au chapitre neuf - relation 9.8) est:

$$\Delta G_{\text{annuel}} = \frac{R}{L} \quad ; \quad \Delta G_{\text{annuel}} = \frac{i * r_{IH} * \sigma_A}{L} \quad 12.1$$

où: ΔG_{annuel} = gain génétique ou réponse de sélection annuelle; i = intensité de la sélection; r_{IH} = précision; σ_A = variation génotypique et L = intervalle entre les générations.

Dans un programme d'amélioration, trois des quatre termes peuvent être facilement influencés; seule la variation génotypique ne peut pas être facilement modifiée. Les termes sont particulièrement liés à la précision de la sélection et à l'intervalle entre les générations. Par exemple, un individu peut être sélectionné avec une grande précision, mais après une longue période lorsque toutes les informations nécessaires sont obtenues, ce qui entraîne un long intervalle entre les générations.

Le choix effectué avec moins de précision génère un intervalle plus court entre les générations. Ainsi, les programmes de sélection peuvent être optimisés en termes d'intensité de sélection, de précision et d'intervalle intergénérationnel. Comme montré précédemment, dans un programme d'amélioration, la réponse de sélection peut être générée en utilisant quatre modèles de sélection différents.

Le gain génétique de la sélection est obtenu en additionnant les réponses de sélection obtenues par chacune des quatre voies, présentées par ordre décroissant: pères, pères, mères, pères ou mères (voir relation 9.10). La différence d'impact des chemins de sélection (quantifiée par la réponse de sélection) se reflète également dans la structure des programmes d'amélioration.

12.1.2. Amélioration des croisements

Le croisement (voir chapitre 11) est particulièrement réussi dans les caractères à faible héritabilité dans lesquels l'hétérosis se produit et il existe une complémentarité (combinant les caractéristiques de deux races / lignées) et une combinabilité (la possibilité de combiner des caractères corrélés négativement).

L'hétérosis se manifeste par la supériorité de la performance moyenne des hybrides doubles, simples ou réciproques sur la génération parente.

$$H\% = [(X_f - X_p) / X_p] \times 100 \quad 12.1$$

où :

$H\%$ = effet d'hétérosis,

X_f = moyenne de la génération filiale

X_p = moyenne de la génération parentale

L'effet de l'hétérosis est basé sur des interactions génétiques non additives : dominance, superdominance et épistaxis.

L'effet de l'hétérosis n'est pas identique et unitaire dans toutes les espèces et caractères de production et n'est pas identique dans chaque couple reproducteur.

L'hétérosis a une valeur faible dans le cas de caractères à héritabilité élevée. Par conséquent, dans le cas de caractères à héritabilité élevée, l'amélioration est apportée par sélection chez la race pure et dans le cas de caractères à faible héritabilité, des croisements seront utilisés. Trois moyens peuvent être utilisés pour obtenir l'effet d'hétérosis : i) le croisement de lignées consanguines, ii) l'utilisation d'individus présentant un effet d'hétérosis après l'accouplement ou l'utilisation de races qui, après l'accouplement, extériorisent l'effet d'hétérosis en produits.

12.2. Types structurels de systèmes d'amélioration

Dans le cas des animaux de compagnie ou des espèces récréatives, le contrôle du programme d'élevage est effectué par les associations de race et est généralement gratuit. Ces programmes ont une structure plate et horizontale : presque toutes les femelles peuvent être sélectionnées et, dans la plupart des cas, l'association de race n'a son mot à dire que dans la sélection des mâles. L'association donne le sens de la conformation animale, détermine dans une large mesure quels sont les mâles reproducteurs, qui se réduit souvent à quelques mâles "champions" largement utilisés dans la population.

Dans ces programmes de sélection, seules les voies de sélection pour l'amélioration des pères et des pères peuvent être efficaces pour créer une réponse de sélection pour l'ensemble de la population. À titre d'exemple, nous présenterons un programme d'élevage de chevaux - le programme néerlandais KWPN. Au contraire, en améliorant la production de porcs et de volailles (porc, œufs et poulets), les programmes d'élevage exercent un contrôle total sur toutes les activités d'élevage. Ces entreprises ont un nombre limité d'animaux reproducteurs, généralement sous la forme de lignées zootechniques. Dans ces lignes, les entreprises fixent l'objectif d'amélioration, collectent des données et estiment la valeur de l'amélioration en prenant soin de la sélection et de l'accouplement des parents qui produisent les nouvelles générations.

Le produit final (hybride) est obtenu à partir d'un grand nombre d'animaux croisés selon des schémas de croisement tri- ou tétra-raciaux, après une présélection effectuée au niveau de chaque lignée. Dans ces programmes de sélection, toutes les voies ou méthodes de sélection sont efficaces pour obtenir la réponse de sélection dans l'ensemble du programme de sélection, qui a une structure pyramidale. En travaillant avec différentes lignées zootechniques, qui diffèrent par les caractéristiques des objectifs d'élevage, les sociétés d'élevage ont de la flexibilité et peuvent produire des croisements tri- ou tertiaires-raciaux / linéaires. Par exemple, le marché du porc a des préférences différentes concernant la masse à l'abattage, la composition des carcasses et la qualité de la viande. Pour répondre à ces exigences, les entreprises opérant dans le monde entier ont différentes gammes d'hommes qui sont utilisées pour répondre aux différentes exigences du consommateur. Réglementés par des relations contractuelles, les agriculteurs multiplient encore et encore les hybrides (parents, hybrides, etc.) dans une structure pyramidale (voir l'exemple du programme TOPIGS). Entre les systèmes d'élevage libres avec une structure horizontale et les programmes de systèmes d'élevage entièrement contrôlés avec une structure pyramidale, il existe des systèmes d'élevage à noyau ouvert.

Dans ces programmes, une partie de la population appartient à un nombre limité d'éleveurs et / ou à une société d'élevage. Ce noyau est utilisé pour sélectionner les pères et les mères de pères pour la prochaine génération. Dans ces systèmes d'élevage, la sélection des mères est peu importante dans la réponse de sélection. A titre d'exemple, le système ouvert de sélection à noyau pour l'élevage de bovins laitiers (programme CRV) sera présenté.

12.3. Systèmes d'amélioration avec une structure horizontale

Dans de nombreuses espèces, les systèmes d'élevage ont une structure simple : par exemple chez les chiens, les chevaux, les moutons et les chèvres pour la production de viande. Dans de tels programmes, il y a une sélection intense de mâles, car il faut un nombre limité de mâles pour produire la génération suivante et les femelles subissent une certaine sélection, mais pour produire la génération suivante, il faut presque toutes les femelles de la population. Chez ces espèces, les animaux reproducteurs (en particulier les femelles) sont des propriétés privées, les propriétaires étant responsables des décisions de sélection et de croisement. En conséquence, les objectifs de sélection sont assez souvent modifiés, les enregistrements phénotypiques et les pedigrees ne sont pas toujours complets et, en pratique, l'influence de la sélection et du croisement est presque impossible ou très difficile à atteindre. Par conséquent, au fil des générations, l'amélioration génétique est faible. Chez ces espèces, les livres de race jouent un rôle important dans le programme de sélection ; ceux-ci enregistrent les pedigrees et établissent les règles selon lesquelles les parents reproducteurs de la génération suivante sont choisis. Les règles de classification pour les mâles sont très strictes et, par conséquent, seul un nombre limité de mâles est autorisé à se reproduire. La plupart du temps, la conformation corporelle a un poids important dans la qualification ou la disqualification du droit d'être reproductif. Dans le cas des femelles, les critères sont moins restrictifs, les femelles rejetant rarement la reproduction.

Actuellement, dans l'élevage des chevaux a lieu la professionnalisation du programme d'élevage afin qu'un nombre limité de reproducteurs du registre des races (stud-book) et des juments présentant les meilleures caractéristiques conformationnelles, de santé et de performances soient utilisés pour l'élevage. Cela conduit vraiment à une amélioration génétique.

En élevant des chiens, les compétitions jouent un rôle important dans la sélection des mâles. Chez cette espèce également, un nombre limité de mâles sont utilisés pour la reproduction, uniquement s'ils ont une bonne conformation, souvent sans aucun contrôle de l'association de race.

STRUCTURE DU SYSTEME D'AMELIORATION

Actuellement, l'amélioration des chiens est un sujet de discussion, notamment en raison des effets secondaires négatifs d'une sélection restrictive sur la conformation et la parenté entre les animaux de la population, ce qui a provoqué la consanguinité et une fréquence élevée de défauts génétiques. Dans les races ovine et caprine, la sélection des mâles est la plus efficace, car un nombre limité d'individus est nécessaire pour produire la génération suivante. Les objectifs d'amélioration sont simples et sont représentés par la masse corporelle et les muscles enregistrés à un certain âge. Dans le cas des mâles, l'intervalle entre les générations peut être maintenu court, ce qui génère un progrès génétique. Dans le cas des femelles, en termes d'efficacité économique, elles doivent rester autant que possible dans le troupeau ; par conséquent, l'intervalle entre les générations dans le cas des femelles est plus long. Dans les systèmes de production intensive, les femelles sont croisées avec des mâles de races à viande spécialisées, ce qui entraîne des mises bas prolifiques et des produits avec un taux de croissance élevé et une bonne qualité de carcasse.

Dans les races caprines spécialisées pour la production laitière, la méthode des pères est pratiquée. Le contrôle des performances de la progéniture chez les chèvres et les ovins est plus difficile, car seul un petit pourcentage des ovins et des caprins laitiers est inclus dans le contrôle officiel de la production. En conséquence, à ce jour, de modestes améliorations génétiques ont été obtenues chez les ovins et les chèvres laitières.

12.3.1. Exemple de programme d'amélioration horizontale

Objectif d'amélioration: depuis 2006, le KWPN propose quatre axes d'amélioration. Les chevaux d'équitation, qui sont subdivisés en disciplines d'entraînement et de saut d'obstacles et forment le plus grand groupe (85-90%). Les deux autres directions d'élevage sont le cheval attelé et le cheval Gelders. Même si chaque direction d'élevage a ses propres objectifs, tous les chevaux relèvent de l'objectif général d'amélioration du KWPN, qui vise à:

- obtenir un cheval de compétition capable de participer à des compétitions de niveau Grand Prix;
- une constitution permettant une utilisation à long terme;
- un caractère amical envers les personnes qui soutiennent la volonté de performer;
- une conformation fonctionnelle et une allure correcte;
- extérieur attrayant de qualité, raffinement et noblesse.

KWPN a formulé l'objectif d'amélioration séparément pour chaque direction d'amélioration. Il s'agit en fait, des descriptions du cheval idéal pour l'entraînement, le saut, l'attelage et les hongres.

La norme d'élevage aide à évaluer les chevaux de manière objective et uniforme en fournissant un cadre d'évaluation de la notation de crédit, en réduisant le risque de préférences personnelles et en augmentant l'uniformité, la reproductibilité et la fiabilité des notations de crédit.

Reine:

Dans le cas des juments, la sélection et l'utilisation sont gérées par le stud-book, par l'émission de certificats. Les certificats peuvent être considérés comme le "cachet de qualité" d'une jument. La jument peut obtenir des certificats en fonction de ses propres qualités (performance, conformité et santé) ou en fonction de la performance de la progéniture (performance, conformation).

Dans le cas des hommes pour devenir un étalon autorisé, un parcours est obligatoire; ce processus d'autorisation de décrochage comporte quatre étapes:

1. Inspection des étalons: sur des surfaces dures pour vérifier l'exactitude du corps et des membres, sauté par-dessus des obstacles (chevaux de saut) ou libre mouvement (pour dresser les étalons);
2. Surveillance sanitaire: à différentes étapes du processus de sélection des étalons, il doit être démontré qu'ils satisfassent les exigences minimales de conformation et de fonctionnement (examen aux rayons X, qualité du sperme et capacité respiratoire);
3. Le test de performance dépend de l'âge; les étalons doivent prouver leur aptitude sportive lors d'un test de performance centralisé pendant une période maximale de 70 jours;
4. Test par la performance de la progéniture - quand l'étalon a une progéniture, cette progéniture, elle est suivie dans des compétitions sportives et, par conséquent, sur la base de la performance de la progéniture à 1 an, 3 ans, 7 ans et 11 ans, la valeur d'amélioration de l'étalon est (ré) estimée.

Collecte d'informations. KWPN collecte différents types d'informations à des moments différents (voir le tableau 12.1). Ces informations phénotypiques sont utilisées pour estimer les valeurs de reproduction des étalons et des juments.

Les valeurs d'amélioration sont estimées pour:

- tous les personnages quantifiés par des scores linéaires (conformation, mouvement, sauts libres)
- ostéochondrose
- entraînement
- sauter par-dessus les obstacles

Tableau 12.1.

Types d'informations utilisées par KWPN pour estimer les valeurs d'amélioration

Types d'informations	Types de données utilisés pour estimer les valeurs d'amélioration
Scores de conformation linéaire et d'allure	20 poulains aléatoires de chaque étalon nouvellement approuvé
Radiographie pour l'ostéochondrose	20 produits aléatoires d'un an (yearling) de chaque étalon nouvellement approuvé
Scores linéaires sur la conformation et l'attrait du mouvement	à toutes les juments de 3 ans à inscrire au stud-book
Saut d'obstacles ou libre circulation + performance / qualification	Pour tous les étalons candidats au processus de sélection
Notes obtenues dans les tests de performance	tests de performance d'une journée pour les femelles (IBOP) et tests de haras (EPT) pour les juments et les étalons
Résultats du concours	à tous les chevaux inscrits au stud-book

Les valeurs d'élevage communiquées aux éleveurs sont utilisées pendant le processus de sélection et pour l'établissement des couples reproducteurs et sont ensuite utilisées dans l'évaluation du programme d'élevage.

12.4. Systèmes d'élevage avec noyau de sélection

Les programmes d'élevage avec des noyaux de sélection se caractérisent par un nombre limité de femelles et génétiquement supérieures. Plus précisément, ce sont les mères de pères. Habituellement, le noyau appartient à une société d'élevage ou à un nombre limité de fermes appelées fermes d'élite (noyaux de sélection); ces unités livrent la prochaine génération de pères et de pères, des animaux dont les valeurs de plusieurs caractères sont quantifiées phénotypiquement. La société d'élevage gère et applique les décisions de sélection et d'accouplement au sein des noyaux de sélection sur la base de relations contractuelles. Par conséquent, dans les programmes de sélection à noyau, les objectifs de sélection sont poursuivis, l'enregistrement phénotypique des caractères est effectué, les informations contenues dans le pedigree et la sélection et l'accouplement n'ont lieu que dans le noyau soumis à une surveillance complète et constante. En conséquence, dans ce cas, un taux élevé de progrès génétique est atteint au fil des générations.

Programmes de sélection à noyau fermé suppose qu'une fois que les animaux reproducteurs ont été sélectionnés dans un noyau de sélection, aucun autre animal en dehors du noyau ne sera ajouté; c'est le cas de l'élevage porcin commercial.

Dans le cas de l'élevage bovin, les techniques de reproduction artificielle, en particulier les techniques d'insémination artificielle (IA) et de fécondation in vitro (FIV) en combinaison avec le transfert d'embryons (ET), permettent l'utilisation de programmes d'élevage avec le noyau de sélection ouvert. Cela offre la possibilité d'obtenir un grand nombre de descendants de taureaux et de vaches record et la diffusion des gènes de ces animaux supérieurs à grande échelle dans le noyau de production. Dans la population principalement utilisée pour la production (population ou noyau de production), la progéniture des taureaux est testée pour les caractères d'intérêt. Lorsque l'EBV des femelles dans le noyau de production est comparable (ou supérieur) à l'EBV dans le noyau de sélection, les femelles précieuses peuvent entrer dans le noyau de sélection. Par conséquent,

Les programmes d'élevage avec un noyau de sélection peuvent être utilisés dans les espèces où les programmes d'élevage ont une structure horizontale comme les chevaux, les moutons et les chèvres. Habituellement, les chiens sont utilisés dans le système d'élevage à noyau ouvert et chez les chiens d'assistance pour les aveugles, il existe des systèmes d'élevage à noyau fermé.

12.4.1. Programme d'amélioration du CRV grâce à des systèmes d'amélioration de base ouverts

Objectif d'amélioration et indice de sélection CRV. Pour les animaux des membres de la coopérative CRV, le slogan est utilisé comme objectif d'amélioration (2014): «une vache en bonne santé et longévité contribuera de manière optimale à l'efficacité de la ferme». Pour la sélection des pères taureaux et des mères taureaux à inclure dans le noyau de sélection CRV aux Pays-Bas, il utilise son propre index. Dans "l'indice CRV", la part est la production (40%), la longévité et la santé (30%) et 30% la conformation corporelle (figure 12.1). Chacune des trois catégories de caractères est un sous-index, qui quantifie plusieurs caractères de production, de longévité et de santé et un certain nombre de traits conformationnels, intégrés dans une seule relation. Les fonctionnalités de ces trois catégories proviennent de plusieurs sources. Pour des raisons de gestion (les agriculteurs aiment connaître les données de production de lait individuelles telles que: kg, % de matières grasses, % de protéines, nombre de cellules somatiques, etc.) une source importante d'informations provient du contrôle officiel de la production laitière. Les données phénotypiques sur la production laitière sont collectées par des inspecteurs qui visitent les exploitations à intervalles réguliers. Dans le cas de taureaux sélectionnés actifs dans la population productive, l'indice de sélection CRV est utilisé - un indice construit pour quantifier la valeur d'amélioration générale. L'indice est utilisé aux Pays-Bas et en Flandre pour classer les taureaux qui produisent des filles les plus proches de l'objectif du programme national d'élevage.

STRUCTURE DU SYSTEME D'AMELIORATION

Le CRV est dérivé d'une formule qui prend en compte trois composants différents: la production, la santé et la conformité. Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV. Une source importante d'informations provient du contrôle officiel de la production laitière. Les données phénotypiques sur la production laitière sont collectées par des inspecteurs qui visitent les exploitations à intervalles réguliers. Dans le cas de taureaux sélectionnés actifs dans la population productive, l'indice de sélection CRV est utilisé - un indice construit pour quantifier la valeur d'amélioration générale. L'indice est utilisé aux Pays-Bas et en Flandre pour classer les taureaux qui produisent des filles les plus proches de l'objectif du programme national d'élevage. Le CRV est dérivé d'une formule qui prend en compte trois composants différents: la production, la santé et la conformité. Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV. Une source importante d'informations provient du contrôle officiel de la production laitière. Les données phénotypiques sur la production laitière sont collectées par des inspecteurs qui visitent les exploitations à intervalles réguliers. Dans le cas de taureaux sélectionnés actifs dans la population productive, l'indice de sélection CRV est utilisé - un indice construit pour quantifier la valeur d'amélioration générale. L'indice est utilisé aux Pays-Bas et en Flandre pour classer les taureaux qui produisent des filles les plus proches de l'objectif du programme national d'élevage.

Le CRV est dérivé d'une formule qui prend en compte trois composants différents: la production, la santé et la conformité. Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV. Les données phénotypiques sur la production laitière sont collectées par des inspecteurs qui visitent les exploitations à intervalles réguliers. Dans le cas de taureaux sélectionnés actifs dans la population productive, l'indice de sélection CRV est utilisé - un indice construit pour quantifier la valeur d'amélioration générale. L'indice est utilisé aux Pays-Bas et en Flandre pour classer les taureaux qui produisent des filles les plus proches de l'objectif du programme national d'élevage. Le CRV est dérivé d'une formule qui prend en compte trois composants différents: la production, la santé et la conformité. Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV. Les données phénotypiques sur la production laitière sont collectées par des inspecteurs qui visitent les exploitations à intervalles réguliers. Dans le cas de taureaux sélectionnés actifs dans la population productive, l'indice de sélection CRV est utilisé - un indice construit pour quantifier la valeur d'amélioration générale. L'indice est utilisé aux Pays-Bas et en Flandre pour classer les taureaux qui produisent des filles les plus proches de l'objectif du programme national d'élevage. Le CRV est dérivé d'une formule qui prend en compte trois composants différents: la production, la santé et la conformité.

Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV. Dans le cas de taureaux sélectionnés actifs dans la population productive, l'indice de sélection CRV est utilisé - un indice construit pour quantifier la valeur d'amélioration générale. L'indice est utilisé aux Pays-Bas et en Flandre pour classer les taureaux qui produisent des filles les plus proches de l'objectif du programme national d'élevage. Le CRV est dérivé d'une formule qui prend en compte trois composants différents: la production, la santé et la conformité. Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV. Dans le cas de taureaux sélectionnés actifs dans la population productive, l'indice de sélection CRV est utilisé - un indice construit pour quantifier la valeur d'amélioration générale.

L'indice est utilisé aux Pays-Bas et en Flandre pour classer les taureaux qui produisent des filles les plus proches de l'objectif du programme national d'élevage. Le CRV est dérivé d'une formule qui prend en compte trois composants différents : la production, la santé et la conformité. Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV, production, santé et conformité. Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV production, santé et conformité. Le tableau 12.2 montre les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV.

Réponse de sélection obtenue en utilisant l'indice CRV est présentée dans le tableau 12.2; progrès génétique / génération (exprimé en valeur d'élevage) dans le cœur de production soumis à sélection selon l'indice CRV.










Graphique 12.1. Part des caractères dans l'index CRV

L'indice CRV comprend trois termes pondérés chacun comme suit : production laitière (40%), longévité productive et santé (30%) et conformation corporelle (30%).

Tableau 12.2.

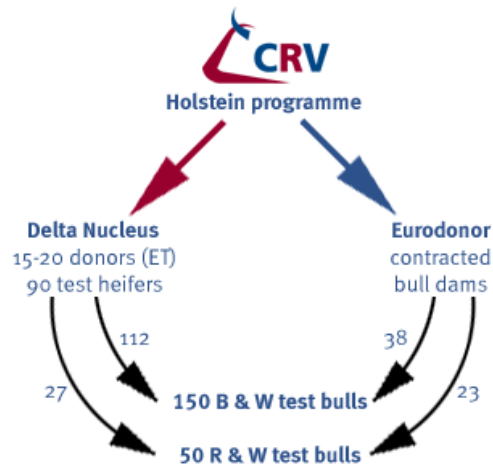
Les caractères qui sous-tendent la construction de l'indice CRV

Caractère considéré	Le poids du caractère dans l'index	
Indice INET 26%, dont:	3% de lait, 9% de matières grasses et 14% de protéines	
Longévité	11%	
Uger santé	14%	
La fertilité	14%	
La conformation du pis	14%	
Conformation des membres et des sabots	16%	
Indice de naissance	5%	

Par exemple, en utilisant la sélection par les caractères de l'indice CRV (tableau 12.2), dans la prochaine génération d'animaux, une valeur d'amélioration de la production laitière sera obtenue 272 kg supérieure à la valeur d'amélioration de la génération parental

La structure du système d'amélioration CRV

Le CRV mène un programme d'élevage en parallèle pour les vaches Holstein tachetées de blanc et noir (N&B) et rouge et blanc (R&W). Les femelles sélectionnées proviennent du noyau de sélection appartenant au CRV (Delta donateur) et des agriculteurs de la population des noyaux de production dans le monde (Euro donateur). Au sein des Euro donateurs, les vaches sélectionnées sont engagées pour être inséminées avec des taureaux choisis par le CRV, et le veau résultant sera mis en vente en premier au CRV. Ce système de donateur européen fait du noyau CRV un «noyau ouvert» (voir Figure 12.2 et tableau 12.3). Fondamentalement, la progéniture de femelles Euro sélectionnées dans le noyau de production, avec un indice CRV élevé, est ajoutée à la progéniture de femelles Delta, détenues par CRV. Dans ce groupe, la coopérative (CRV) sélectionne des taureaux et des vaches mères pour produire la prochaine génération de parents. Fondamentalement, à ce niveau, la sélection des meilleurs taureaux et vaches a lieu, avec la valeur prédictive la plus élevée de l'indice CRV.



Graphique 12.2. La structure du système d'amélioration CRV

Selon le schéma présenté sur les 150 taureaux noirs Holstein (B&W) testés, seuls 38 se sont qualifiés pour l'élevage dans les fermes de production. Sur les 50 taureaux Red Holstein (R&W) testés, seuls 23 ont été sélectionnés comme reproducteurs. Dans le noyau Delta, la sélection s'applique également aux taureaux femelles d'un an : à partir de là, 90-20 donneurs ont été choisis parmi 90 femelles, parmi lesquelles 112 et 27 taureaux ont participé au test.

Les mâles sont sélectionnés pour être utilisés comme taureaux pour le noyau de sélection et le noyau de production et les femelles pour le noyau Delta. Dans le cadre du programme Delta, les ovocytes sont récoltés et fécondés à partir de femelles d'un an - par fécondation in vitro (FIV) avec du sperme de taureaux sélectionnés. Ainsi, les descendants, frères et demi-frères de certains donneurs sont implantés chez des mères porteuses. Lorsqu'un nombre suffisant d'embryons est obtenu à partir d'un veau par FIV, il sera inséminé et transféré dans des fermes de tests CRV. Ici, les génisses sont élevées jusqu'au premier vêlage, après quoi elles entrent dans le test de conformation corporelle et de leurs propres performances - la production du premier lactate. Les résultats du propre test de performance sont utilisés pour estimer la valeur de l'amélioration.

Contractuellement, la coopérative teste annuellement, 100 génisses Delta et 150 génisses provenant de donateurs européens. Après la première lactation, les meilleurs animaux primipares sont à nouveau utilisés comme donneurs et une partie des embryons obtenus est utilisée dans les fermes de production (noyau de production). Chaque année, le CRV produit 5 700 embryons dans le cadre du programme Delta et 3 000 embryons dans le cadre du programme Euro donateur.

STRUCTURE DU SYSTEME D'AMELIORATION

De plus, plusieurs embryons sont achetés sur le marché nord-américain. La sélection des veaux mâles nés est intense de sorte que seulement 1 candidat sur 15 sera utilisé comme taureau dans les fermes de production.

12.4.2. Programme d'amélioration du CRV¹ par sélection génomique

Pour les sociétés d'élevage commerciales, l'attractivité de la sélection génomique tient au fait qu'il est possible de calculer les différences de valeur d'élevage entre bons frères avant d'avoir leurs propres enregistrements génotypiques ou phénotypiques de leur progéniture. L'analyse SNP montre clairement quels gènes des parents sont transmis à chaque frère ou sœur. Deuxièmement, les jeunes animaux qui auraient dû être testés pour leur progéniture peuvent être utilisés pour

la reproduction avant d'obtenir une valeur reproductrice précise. La précision de la valeur d'amélioration génomique est proche de la précision obtenue en testant la progéniture. De cette manière, l'écart de génération dans les programmes de sélection utilisant la sélection génomique est beaucoup plus court; la sélection génomique accélère le gain génétique des programmes de sélection.

Dans le passé, le CRV sélectionnait des taureaux en fonction des tests des performances de la progéniture. En moyenne, les éleveurs utilisaient 25% de la semence des taureaux testés (en moyenne 1000 doses de semence / taureau). Cela présuppose que, quatre ans plus tard, chaque taureau non qualifié pour l'élevage ait au moins 50 filles dont la première lactation est terminée. Dans ce schéma de test traditionnel, la sélection des mères taureaux et des pères taureaux a lieu en année 0, la naissance des taureaux candidats en année 1, leur sperme est collecté et utilisé en année 2, les veaux descendants apparaissent en année 3, les filles commencent à produire du lait en 5e année et à terminer la première lactation en 6e année.

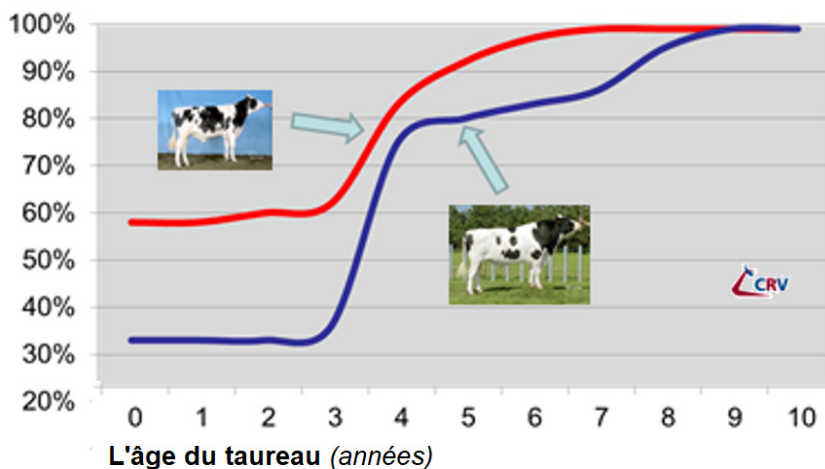
Tableau 12.3. Gain génétique (exprimé en valeur d'amélioration)

Fonctionnalité	je gagne	Unité mesure
Lait	272	kg
Graisse	13	kg
Protéines	8,7	kg
Longévité	deux cent	journées
La santé de la mamelle	2,3	crevaizon
Pis	1,8	crevaizon
Membres et sabots	2.2	crevaizon
Intervalle entre les vêlages	0,8	crevaizon
Gamme de la première à la dernière insémination	1.0	crevaizon
Facilité de vêlage (paternel)	1,4	crevaizon
Parturition	1.1	crevaizon
Vitalité (paternelle)	0,7	crevaizon
Vitalité (maternelle)	0,9	crevaizon

¹ Communication personnelle *Marieke de Weerd*, novembre 2013.

En effet, la sélection des taureaux peut se faire après avoir obtenu les premières informations phénotypiques de la lactation de leurs filles; en conséquence, après l'année 6. Fondamentalement, dans le système de test traditionnel, il faut 10 ans pour certifier que l'utilisation d'un individu augmente l'efficacité de la production laitière. Actuellement, la sélection génomique est utilisée, ce qui permet une utilisation plus fréquente de jeunes taureaux dans les fermes de production. En effet, la précision de la valeur d'amélioration génomique est proche de la précision de la valeur d'amélioration calculée sur la base des performances phénotypiques de leurs filles. Dans le graphique 12.3. la précision de l'estimation de la valeur de l'amélioration dans le cas de la sélection génomique et la précision de la sélection basée sur les performances de la progéniture sont observées.

Aussi, au sein du programme d'élevage CRV, la sélection génomique diminue et l'âge des mères taureaux augmente. Fondamentalement, actuellement 75% des mères taureaux ont 1 an et 25% sont primipares. Dans le schéma traditionnel, les mères taureaux avaient au moins une lactation complète au moment de la sélection. Il est également utilisé comme père, de plus en plus de jeunes taureaux, qui ont la valeur de l'amélioration génomique. Dans l'amélioration traditionnelle, cet aspect n'est devenu possible qu'après l'achèvement des tests après les performances de la progéniture.



Graphique 12.3. Exactitude de l'estimation de la valeur d'amélioration de la production laitière

Ligne rouge - Précision EBV dans la sélection génomique. Ligne bleue - Précision EBV dans le cas de la sélection traditionnelle basée sur les performances de la progéniture.

STRUCTURE DU SYSTEME D'AMELIORATION

Tous ces aspects réduisent considérablement l'écart de génération dans le cas du programme de sélection géré par le CRV et accélèrent le progrès génétique (au moins en le doublant). Un autre aspect de la sélection génomique est le coût relativement faible. Par conséquent, les SNP de 2600 veaux sont analysés chaque année. Ensuite, afin d'être inclus dans le programme d'élevage, en fonction de la valeur de l'élevage génomique, un taureau parmi 15 candidats est sélectionné. Cette sélection drastique de candidats pouvant être de bons frères et sœurs est intéressante car le nombre de taureaux qui doivent attendre quatre ans pour recueillir les performances productives de leur progéniture est considérablement réduit, ce qui signifie en fait réduire les coûts du programme d'élevage par sélection génomique par rapport au schéma traditionnel dans lequel il y a beaucoup de taureaux "en attente" jusqu'au moment de l'enregistrement de la performance de leurs filles, donc lors de leur première lactation.

Le CRV coopère avec de nombreuses sociétés de sélection dans d'autres pays européens pour créer une grande population de référence. Au niveau de 2014, la population de référence était constituée de plus de 30 000 taureaux testés pour la progéniture analysée par profil SNP. En fait, le nombre élevé de la population de référence est la raison pour laquelle la précision de la valeur d'amélioration génomique des jeunes taureaux est très proche de la précision des taureaux testés après la progéniture.

La valeur de la sélection génomique dans les fermes laitières

Dans les fermes spécialisées pour la production laitière, la plupart des vaches doivent être utilisées dans le troupeau, pour la production de la génération suivante. Cette faible intensité de sélection peut être augmentée de deux manières: 1) en augmentant la longévité productive et donc en augmentant le nombre de parturitions / vaches et 2) en utilisant du sperme sexé, car dans ce cas le nombre de veaux passe à 90% au lieu de 50%. Dans la ferme spécialisée pour la production laitière, la sélection génomique des veaux issus de génisses devient intéressante en situation de forte intensité de sélection en raison d'un faible taux de remplacement et de l'utilisation de semence sexée.

12.5. Systèmes d'amélioration avec une structure pyramidale

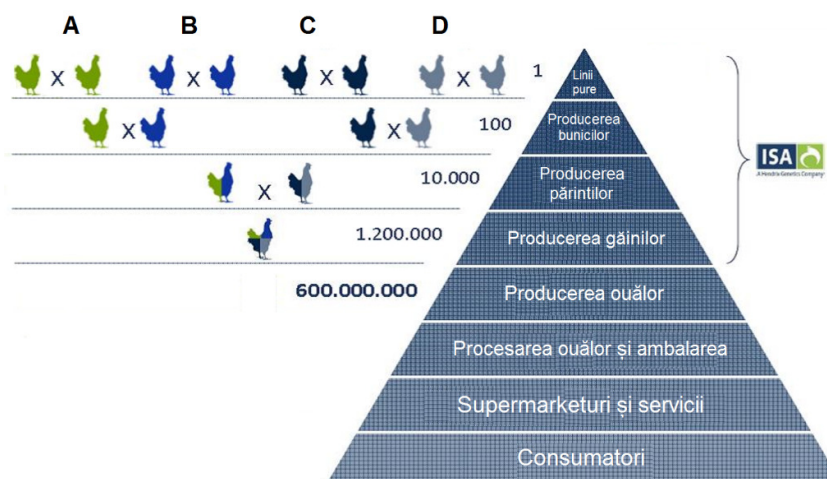
Dans de nombreux programmes de sélection, l'enregistrement des caractères est coûteux et, par conséquent, le nombre d'animaux dont les caractères sont enregistrés est assez faible par rapport à la taille de l'ensemble de la population. Le progrès génétique est réalisé sur un nombre limité d'animaux parmi lesquels la sélection est pratiquée. Par la suite, ces animaux élevés sont utilisés pour diffuser l'amélioration génétique à l'ensemble de la population.

ELEVAGE ET AMELIORATION DES ANIMAUX

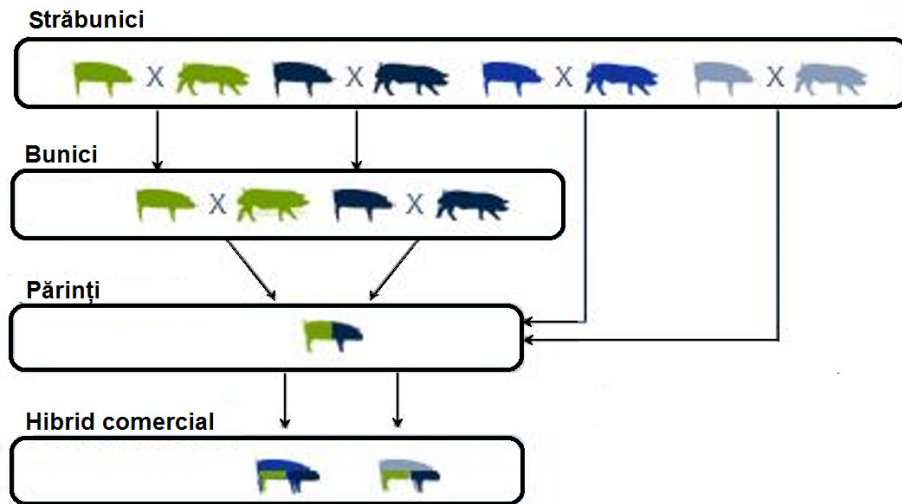
Fondamentalement, la sélection d'un nombre limité d'animaux, leur multiplication dans la génération suivante, puis la multiplication dans la génération finale d'animaux de «production» déterminent la forme pyramidale du système de production et d'élevage.

La diffusion de la réponse de sélection dépend de la structure du système de sélection. Dans les programmes commerciaux utilisés pour les porcs et les oiseaux, la sélection a lieu aux niveaux supérieurs de la pyramide du système d'élevage. Au cours de plusieurs «générations de multiplication», la réponse de sélection obtenue au sommet de la pyramide est diffusée aux animaux qui sont utilisés pour la production de viande et d'œufs - voir graphique 12.4.

Dans les programmes d'élevage commercial pour les oiseaux et les porcs, la réponse de sélection est faite en sélectionnant les lignées zootechniques. Dans les programmes d'élevage de volailles commerciales pour la production de viande (poulets de chair), des schémas de croisement tétraracial de lignées à haute performance sont généralement appliqués. Les lignées maternelles sont sélectionnées pour la fertilité et la qualité des œufs, et les lignées paternelles pour les caractères de croissance. Le croisement de ces lignées générera de nombreux poussins en bonne santé, résultat de la manifestation complète du phénomène d'hétérosis.



Graphique 12.4. Structure pyramidale du système de sélection Hendrix-Genetics (ISA) pour l'industrie des «œufs de consommation»



Graphique 12.5. Schéma de croisement pour la production d'hybrides Hypor (2014)

Dans le système de reproduction hybride d'œufs (graphique 12.3), la sélection se fait au niveau des lignées pures sur un petit nombre de grands-parents. Après la multiplication des grands-parents en un nombre suffisamment grand, le croisement a lieu afin d'obtenir les parents.

La production des grands-parents est obtenue en croisant les lignes $A \times B$, lesquelles fournissent une progéniture $F1 (A \times B)$, et des lignes C et D , dont la progéniture $F1 (C \times D)$ est obtenue. Protéger les caractéristiques des lignées et le progrès génétique des lignées pures et de la génération hybride $F1$ (grands-parents) appartiennent à la société d'élevage et de sélection. En gardant les différentes lignées de bétail propres, la société de sélection a la possibilité de créer des hybrides qui répondent aux besoins des différents marchés ou de réagir en temps opportun aux changements et aux préférences du marché.

Dans le cas des porcs, le système d'élevage est également pyramidal avec un ensemble de lignées pures au sommet. Dans les programmes d'élevage commercial pour porcs, la sélection pure est généralement appliquée suivie de croisements triviaux. Par exemple, le graphique 12.5 montre le schéma de croisement dans le programme de sélection Hypor (2014).

12.6. Éléments essentiels des programmes de sélection

1. Un programme d'élevage ou schéma d'élevage est un programme qui vise des objectifs d'élevage définis pour la production des générations futures d'animaux. Il combine les enregistrements des caractères à sélectionner, l'estimation des valeurs d'élevage, la sélection et l'appariement des parents potentiels et un programme de croisement de parents sélectionnés, y compris des méthodes d'élevage appropriées.

2. Dans un programme de sélection, la ténacité, la précision et la discipline des sélectionneurs sont essentielles. Ils sont particulièrement importants: la ténacité vis-à-vis de l'objectif de sélection, la précision dans la collecte des phénotypes, l'enregistrement des génotypes dans le pedigree et enfin et surtout la discipline de sélection et d'accouplement.

3. Dans le cas des animaux de compagnie ou des espèces récréatives, le contrôle du programme d'élevage est assuré par les associations de race et est moins restrictif. Ces programmes ont une structure horizontale: presque toutes les femelles peuvent être sélectionnées et utilisées pour la reproduction et, dans la plupart des cas, l'association de race a un point de vue uniquement sur la sélection des mâles pour la reproduction.

4. Dans les programmes commerciaux d'élevage et de sélection pour la production de porcs et de volailles (porc, œufs et poulets), les sociétés d'élevage ont un contrôle total sur toutes les activités d'élevage; ils ont un nombre limité d'animaux, sur lesquels la sélection en lignées pure race / zootechnique a été réalisée. Sur le plan zootechnique, les sociétés d'élevage fixent des objectifs d'élevage, collectent des données phénotypiques et évaluent la valeur d'élevage, sélectionnant et accouplant les individus utilisés pour produire une nouvelle génération.

5. Les programmes de sélection à noyau ouvert sont utilisés à la fois dans les programmes de sélection avec une structure horizontale moins restrictive et dans les programmes de sélection avec une structure pyramidale, qui sont entièrement contrôlés. Dans les programmes de sélection à noyau ouvert, une partie de la population appartient à un nombre limité de sélectionneurs et / ou à une société de sélection; cette partie permet de sélectionner les éleveurs - pères et mères de pères - pour obtenir la génération suivante.

Chapitre II. 13

ÉVALUATION DU PROGRAMME D'AMÉLIORATION

Après avoir planifié et mis en œuvre le programme de sélection, il est essentiel d'évaluer le résultat obtenu en termes de progrès génétique. Si toutes les étapes ont été réalisées comme prévu, le résultat obtenu doit être comparable à la réponse génétique prédite.

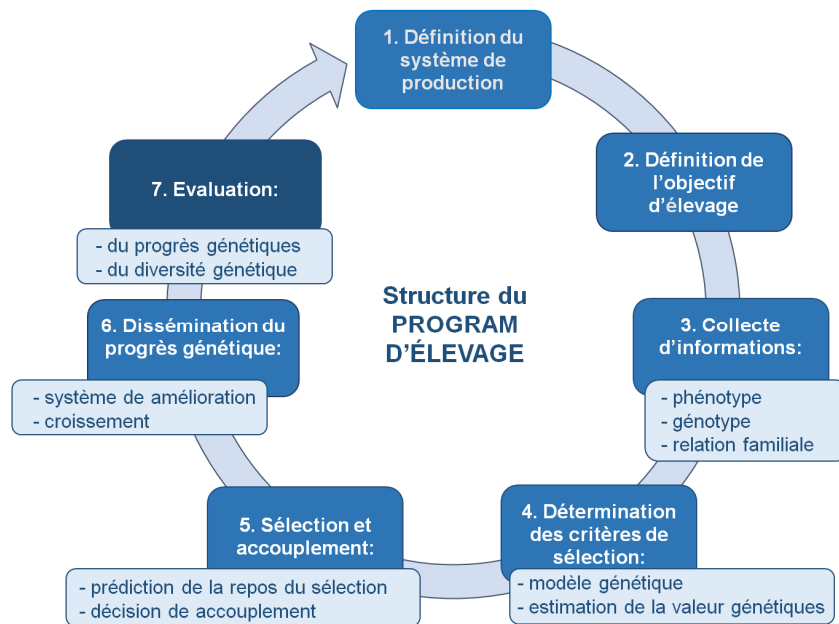


Schéma d'un programme d'amélioration: évaluation du progrès génétique

Dans certaines situations, il existe des différences entre la réponse génétique prédite et la réponse réalisée - en conséquence, il devient nécessaire d'identifier les non-conformités et d'ajuster les étapes problématiques. Fondamentalement, le chapitre décrit la 7ème étape du programme d'amélioration: l'évaluation.

Un premier sujet important de l'évaluation est, bien entendu, la comparaison de la réponse obtenue avec la réponse prédite. Si les deux ne sont pas comparables, alors les raisons qui ont causé la différence doivent être identifiées: elles peuvent être liées à la qualité de l'enregistrement généalogique, des erreurs de quantification des phénotypes, une utilisation inappropriée des animaux sélectionnés, des changements environnementaux, etc. En d'autres termes, il faut déterminer si les animaux sélectionnés ont bien été choisis ou si la population a atteint une limite de potentiel génétique. Un autre aspect de l'évaluation est lié aux changements intervenus lors de la mise en œuvre et à leur concordance avec les changements prévus. Il faut également vérifier si la sélection des caractéristiques de l'objectif d'amélioration est en corrélation avec des interférences indésirables avec d'autres caractères. L'évaluation d'un programme d'amélioration implique non seulement la mise en œuvre, mais implique également la prise en compte des changements législatifs, des exigences et des préférences du marché, des questions de concurrence ou de marketing. Fondamentalement, bien que l'évaluation se déroule sur un programme d'amélioration continue, elle doit être adaptée aux réalités.

Outre les progrès génétiques réalisés, le programme de sélection doit également être évalué en termes de maintien de la diversité génétique dans la population améliorée, qui sera présenté dans le chapitre suivant.

13.1. Quantifier le progrès génétique

Le progrès génétique indique "combien d'animaux sont meilleurs dans la génération actuelle" par rapport aux générations précédentes. Afin de déterminer le progrès génétique, il est nécessaire de connaître le potentiel génétique des animaux. Le potentiel génétique réel ne peut être quantifié que si les valeurs d'élevage des animaux peuvent être estimées avec une grande précision; ce n'est que dans ce cas que l'EBV est proche du potentiel génétique. En plus de la haute précision, l'EBV doit être quantifié sans influences générées par des effets systématiques¹.

En conclusion, il est possible d'obtenir une bonne estimation du progrès génétique d'une génération à l'autre lorsque l'EBV est estimé avec une grande précision en utilisant une méthodologie appropriée (par exemple la méthodologie BLUP). La réponse génétique obtenue (R) peut être déterminée en tenant compte de la différence entre l'EBV moyen entre les générations selon la relation 13.1.

$$R = EBV_{\text{moyenne génération } t+1} - EBV_{\text{moyenne génération } t} \quad 13.1$$

Cette relation simple fournit la meilleure approximation possible du progrès génétique réalisé (gain génétique), qui est calculé selon la relation 13.2 (voir aussi la relation 9.8):

$$\Delta G_{\text{annuel}} = \frac{R}{L} \quad ; \quad \Delta G_{\text{annuel}} = \frac{i * r_{IH} * \sigma_A}{L} \quad 13.2$$

Lors de l'évaluation du programme de sélection, l'accent est mis sur la différence entre le progrès génétique réalisé et celui prévu. Lorsque les progrès réalisés sont presque égaux ou égaux aux progrès escomptés, l'évaluation n'entraînera pas de difficultés majeures. Si la différence entre les deux est substantielle, l'appréciation doit identifier les facteurs et facteurs à l'origine de ces différences.

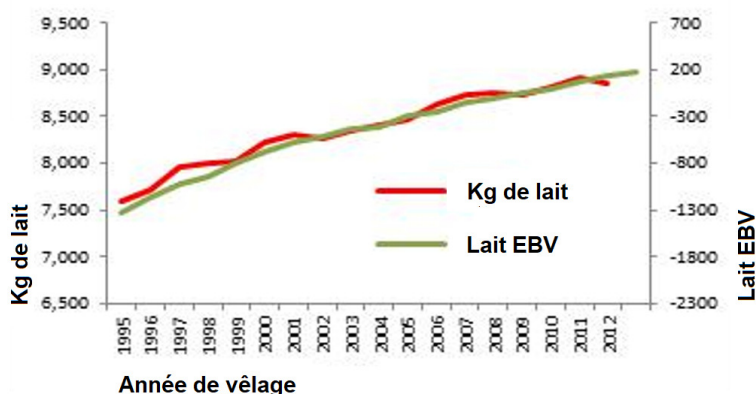
Donc:

Progrès génétique ou l'amélioration génétique obtenue peut être calculée par la différence de génération des EBV moyens.

¹Par exemple, les animaux qui bénéficient d'une alimentation de qualité peuvent systématiquement mieux fonctionner chez les animaux qui ne bénéficient pas d'une telle alimentation. Ainsi, si l'EBV n'est pas corrigé pour l'alimentation, l'EBV des animaux qui ont été nourris avec des aliments de très bonne qualité sera systématiquement plus élevé. Dans ce cas, les meilleures performances ne sont pas générées par la génétique mais par le facteur alimentaire. La méthodologie BLUP est utilisée pour obtenir la meilleure estimation de l'EBV, qui peut prendre en compte les effets systématiques de l'alimentation, de l'entretien, de la saison ou d'autres influences environnementales.

13.2. Tendence génétique

Afin d'avoir une image de la réponse génétique à long terme, la tendance génétique au fil des générations doit être évaluée. La tendance génétique exprime la dynamique moyenne EBV / génération et indique la direction du changement au fil des générations. Souvent, la tendance peut être visualisée sous forme de graphiques, dans lequel il est particulièrement utile d'observer les écarts par rapport à la linéarité ou à une valeur initiale - voir les figures 9.6 et 13.1. L'expression d'une tendance génétique après l'année de naissance évite les ambiguïtés générées par le chevauchement des générations et fournit plus d'informations sur ce qui s'est passé au cours d'une période donnée. Dans la figure 13.1, en termes techniques, l'année 2009 était l'année de référence; les animaux avec un potentiel génétique supérieur à la moyenne de 2009 ont un EBV supérieur à 0, et les animaux avec un potentiel génétique inférieur à la moyenne de 2009 ont un EBV négatif. Le fait qu'il y ait une augmentation de l'EBV moyen indique une tendance génétique positive.



Graphique 13.1. Tendence de la production de lait et EBV pour la production de lait chez les vaches tachetées noires et blanches, élevées dans des fermes aux Pays-Bas de 1995 à 2013.

La tendance génétique s'exprime en fonction de l'année de naissance (et non par génération); La raison pour laquelle on considère l'année de naissance est que chez les bovins laitiers, les générations ne sont pas distinctes, mais se chevauchent, car certaines vaches vivent plus longtemps, c'est-à-dire que certaines lactations sont plus exploitées que d'autres. Même si l'échelle est exprimée différemment, on observe que la production laitière (échelle à droite) et l'EBV (échelle à gauche) augmentent d'environ 1500 kg. Les EBV illustrées sont des moyennes annuelles; Les EBV ont été comparés à l'EBV moyen de 2009.

EVALUATION DU PROGRAMME D'AMELIORATION

Les animaux montrent des progrès génétiques au fil des ans, ce qui confirme que la sélection a été réussie. Dans le même temps, on observe la tendance phénotypique de la production laitière (ligne verte dans le graphique). Le fait que les deux tendances aient approximativement la même pente indique que les facteurs environnementaux et microclimatiques tels que la gestion, l'alimentation et l'entretien ont soutenu et non limité l'expression du progrès génétique.

Définition

Tendance génétique (*tendance génétique*) est la réponse génétique obtenue sur une période de temps, exprimée en années ou en générations.

13.3. Facteurs influençant le progrès génétique

Le progrès génétique attendu ou la réponse de la sélection est utilisé pour la planification, pour concevoir un schéma d'amélioration. Par la suite, selon les plans, un gain génétique est enregistré qui, à tort et trop souvent, n'est pas comparé à la prédiction. Par comparaison, la différence entre la réponse estimée de la sélection et les progrès réalisés fournit des informations sur le succès ou l'échec du programme de sélection. Par conséquent, il est très sage de suivre, comparer et évaluer la réponse de sélection car elle permet l'évaluation du programme d'amélioration et des aspects éventuels qui ne répondent pas aux plans initiaux.

13.3.1. Tester des hypothèses pour évaluer le progrès génétique

Afin de détecter les différences entre la réponse génétique estimée et la réponse génétique obtenue, chacun des termes de la formule qui estime la réponse à la sélection sera étudié et évalué (voir relation 13.2). Il faut d'abord vérifier si les valeurs utilisées sont réelles et si elles correspondent à celles utilisées dans la prédiction.

Intensité de la sélection (*i*)

La situation où l'intensité de la sélection effectuée était inférieure à celle utilisée pour prédire la réponse, implique que certains des animaux sélectionnés, pour une raison ou une autre, n'ont pas pu participer effectivement à l'élevage. Cela signifie que ces animaux ont probablement été remplacés par d'autres avec des performances inférieures, ce qui a ralenti la progression de la sélection. Il peut également y avoir une situation où certains animaux sélectionnés ont été utilisés beaucoup plus intensément au détriment d'autres; et cela a affecté la réponse de sélection.

Précision de sélection (*Rih*)

La précision de la sélection est influencée par l'hérédité et les sources d'information, par exemple, les performances personnelles par rapport aux tests effectués auprès des demi-frères et sœurs.

Sources d'information : influence assez facilement la précision de la sélection; par exemple, si l'équation de prédiction supposait que l'EBV de tous les animaux était basée sur les performances de cinq descendants, mais qu'en réalité certains animaux avaient moins de descendants, cela diminuerait la précision. De même, si au lieu de cinq descendants, les éleveurs en avaient huit, la précision de leur EBV augmentera et donc la probabilité de choisir les meilleurs génotypes pour la reproduction augmentera.

Hérédité : elle ne peut pas être facilement influencée; par conséquent, comme présenté dans le chapitre sur les modèles génétiques (chapitre 8), une façon d'augmenter le coefficient d'héritabilité est d'augmenter la précision de la méthode de mesure des valeurs phénotypiques. Le coefficient d'héritabilité peut également changer en raison du changement de la variation génétique additive.

Variation génétique additive (écart) (δ_A)

Le composant suivant de la formule de réponse génétique est la variation génétique additive, estimée en combinant les informations phénotypiques et les relations génétiques additives entre les animaux (voir chapitre 8 - modèles génétiques) sachant que les animaux apparentés sont plus similaires aux animaux non apparentés. Cependant, les relations de parenté ne sont pas enregistrées avec précision dans le pedigree et les similitudes ne peuvent pas être entièrement attribuées aux relations génétiques. Fondamentalement, les erreurs de pedigree réduisent ainsi la taille des estimations de la variation génétique additive. Même si l'enregistrement de l'arbre généalogique était correct et que la variation génétique additive estimée est aussi précise que possible, au fil des générations les relations additives peuvent changer, et avec elles la valeur d'estimer la variation génétique additive. Comme présenté dans le chapitre sur les relations génétiques additives et la consanguinité, il existe des facteurs influençant la variation génétique additive; même si les changements ne seront pas importants, de génération en génération et à long terme, des différences apparaîtront. Par conséquent, il est important que la variation génétique additive soit soumise à des réévaluations périodiques. Les changements se produisent en raison du fait que la sélection augmente la fréquence des allèles souhaités; la dérive génétique peut entraîner une diminution de la fréquence, plutôt qu'une augmentation des allèles dans le viseur de sélection, et les mutations peuvent créer une nouvelle variation qui ne peut être ni prévue ni estimée, ainsi, des différences apparaîtront.

Intervalle intergénérationnel (L)

Le dernier composant de l'équation de prédiction de la réponse de sélection est l'intervalle de génération. Cet intervalle n'a un impact que si le progrès génétique est rapporté par an et non par génération. L'intervalle entre les générations varie d'une ligne à l'autre et d'une famille à l'autre, il faut donc supposer une valeur moyenne. En pratique, l'intervalle entre les générations peut être plus ou moins long que l'estimation, ce qui rend la réponse génétique obtenue / an différente de celle estimée ou prévue.

Donc:

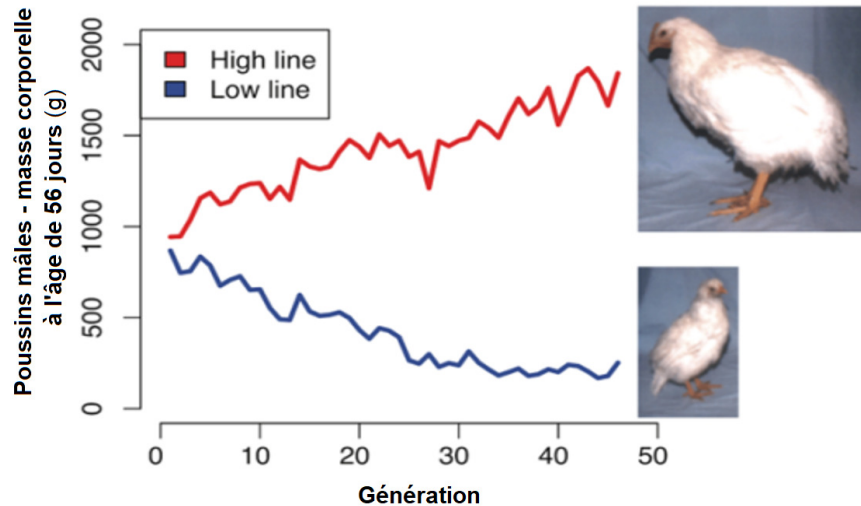
Lorsque le progrès génétique prédit n'est pas réalisé, il faut vérifier la réalisation de toutes les hypothèses considérées aux termes de l'équation de prédiction de la réponse de sélection (intensité et précision de la sélection, variabilité génétique additive et intervalle intergénérationnel).

13.4. Limites de sélection

Une raison pour ne pas atteindre la réponse attendue de la sélection peut être le fait que la population a atteint la limite du potentiel génétique. Atteindre la limite du potentiel génétique indique que la population a atteint le point où d'autres changements ne sont plus possibles. Cela peut être principalement dû au fait qu'il n'y a pas de variations génétiques, mais il peut y avoir d'autres raisons telles que les suivantes:

13.4.1. La pression de la sélection naturelle sur le potentiel génétique

La figure 13.2 montre une population qui a apparemment atteint une limite de potentiel génétique; une lignée zootechnique d'oiseaux Leghorn - illustrée en rouge - continue de répondre à la sélection et gagne en masse. La ligne zootechnique - illustrée en bleu - montre des valeurs de masse corporelle diminuées pendant env. 25 générations, après quoi il y a des diminutions supplémentaires. Selon le graphique de la figure 13.2, même si la sélection s'est concentrée sur les individus les plus légers de chaque génération, après la 30e génération, le poids corporel n'a pas pu être réduit. Bien que les résultats de la sélection soient toujours exprimés au niveau phénotypique, on ne sait pas pourquoi la limitation s'est produite et s'il s'agit d'une limitation du potentiel génétique; il semble que les oiseaux plus légers peuvent être phénotypiquement petits mais génétiquement similaires aux oiseaux lourds, de sorte que la sélection directionnelle devient impossible.



Graphique 13.2. Environnements phénotypiques sur des générations de sélection divergente chez les oiseaux Livourne (ligne haute et basse), variété blanche.

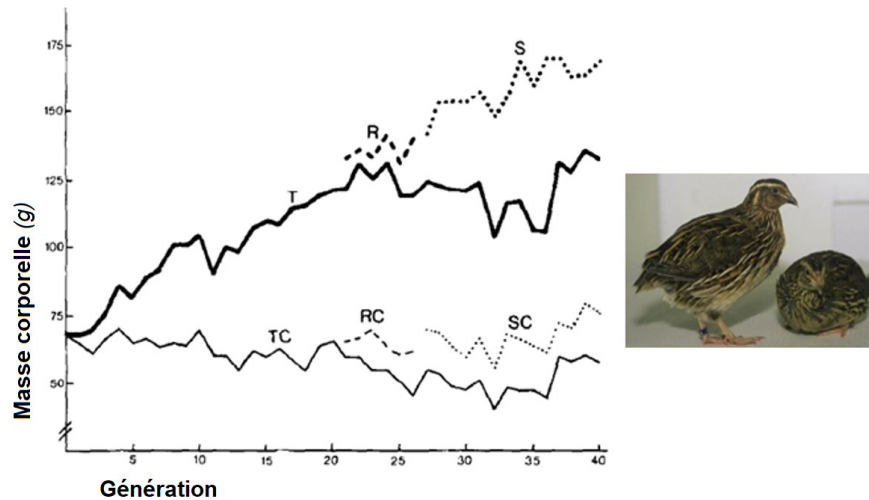
Selon Johanssen et al., 2010.

Dans ce cas, cette limitation de la sélection est une limitation physiologique plutôt qu'une limitation de la variation génétique. Fondamentalement, s'il devient possible de sélectionner une lignée d'oiseaux plus lourds à partir de phénotypes plus légers, alors la variation génétique est toujours présente dans le genre des oiseaux légers.

Une autre raison pour limiter le potentiel génétique (atteindre la limite de sélection) pourrait être le fait que les oiseaux légers ne sont plus capables de se reproduire; ce serait un exemple typique dans lequel la sélection naturelle agit dans le sens opposé à la sélection artificielle. La pression constante de la sélection naturelle est généralement très difficile à annuler. Dans certains cas, une amélioration de l'environnement peut éliminer la limitation générée par la sélection naturelle.

13.4.2. Effets environnementaux limitatifs sur l'expression du potentiel génétique

Afin de montrer le potentiel de croissance, les animaux ont besoin d'un apport suffisant en nutriments. Si ces nutriments ne sont pas disponibles, les animaux ne peuvent pas exprimer leur potentiel génétique et se développer uniquement dans la mesure où ils sont autorisés à se nourrir.



Graphique 13.3. Sélection de cailles pour une prise de poids à l'âge de quatre semaines dans des conditions de régimes avec différentes niches nutritionnelles.

Selon le graphique, la ligne T a atteint une limite de sélection vers la 25ème génération, cette limite a disparu après l'amélioration du régime alimentaire, étant observable par les valeurs phénotypiques des lignes R et plus tard S.

Apré Marks, 1996.

Ceci est montré dans une expérience de sélection de cailles à long terme, où à un moment donné un plateau a été enregistré pour la sélection de la masse corporelle (voir la figure 13.3 (ligne épaisse).) Le plateau des valeurs de sélection semble être une limite de sélection, seulement qu'en modifiant l'environnement et en améliorant la qualité des nutriments, la valeur de la masse corporelle a commencé à augmenter. L'expérience montre que les limites de la sélection dans certains cas peuvent en réalité être des plateaux, causés par des carences environnementales, plutôt que limites du potentiel génétique.

Trois causes principales limitent l'expression du progrès génétique:

- *perte de diversité génétique (cause irréversible)*
- *la pression de la sélection naturelle se manifestant par une faible fécondité voire une mortalité élevée (généralement la cause irréversible)*
- *action environnementale sur l'expression du potentiel (souvent réversible)*

13.5. Actions associées au programme de sélection qui influencent la réponse de sélection

Lorsque la tendance génétique obtenue ne correspond pas à la tendance génétique estimée, il est impératif d'en trouver la ou les causes. Par rapport à ceux présentés ci-dessus (perte de diversité génétique, pression de sélection ou action environnementale), il peut y avoir d'autres aspects; si ces problèmes demeurent non résolus au fil des générations, la tendance génétique changera. Les raisons supplémentaires qui rendent possible l'impact sur la tendance génétique sont:

Surestimation de l'EBV reproductif. Si les animaux sélectionnés comme reproducteurs sont surestimés, par exemple, en raison de l'existence d'un effet systématique, ils occuperont de meilleures places dans la hiérarchie, non pas à cause de la valeur génétique mais à cause de l'effet systématique. Ainsi, bien que la hiérarchie se soit vu attribuer un potentiel génétique plus élevé, les animaux ont un EBV surestimé. Lorsque la surestimation devient évidente, l'effet systématique peut être facilement corrigé en réajustant la valeur EBV.

Changer l'objectif d'amélioration du moment de la prédiction au moment de la réalisation réelle - générera très probablement une différence entre la réponse de sélection obtenue et celle prévue. Les prédictions faites selon l'ancien objectif d'élevage sur certains animaux déjà sélectionnés engendreront une différence entre la réponse génétique prédite et celle obtenue. À cet égard, même si l'objectif de la sélection reste le même, changer la façon dont le phénotype est enregistré peut avoir des conséquences similaires.

Par exemple, l'utilisation d'équipements performants améliorera la précision des mesures, ce qui peut avoir un effet sur l'augmentation de la valeur du coefficient d'héritabilité (voir chapitre 8 - modèles génétiques), ce qui à son tour a un effet sur la précision de la sélection et donc sur la réponse efficace de sélection.

Donc:

Écarts par rapport à la tendance génétique attendue ils peuvent être dus à un changement d'objectif d'amélioration ou de modification des méthodes d'enregistrement des phénotypes.

13.6. Interaction génotype-environnement (G x E)

Un cas particulier se présente lorsque la sélection est basée sur les performances d'animaux vivant dans des environnements autres que celui dans lequel leur progéniture doit évoluer.

Cela signifie qu'il existe un risque dans la sélection des animaux qui peuvent être les meilleurs dans l'environnement parental, mais pas dans l'environnement dans lequel la progéniture doit évoluer. Ce risque est négligeable lorsque les deux environnements sont similaires, mais peut devenir un problème si ces environnements sont sensiblement différents. Par exemple, un taureau spécialisé dans la production laitière peut avoir été sélectionné sur la base des performances de ses filles aux Pays-Bas et utilisé comme taureau pour les troupeaux en Espagne. Dans ce cas, il est possible que ses filles en Espagne performant moins que prévu, car la production de lait en Espagne nécessite une tolérance aux températures élevées, ce qui n'est pas le cas aux Pays-Bas. Un autre taureau utilisé comme éleveur en Espagne, bien qu'il puisse avoir un EBV inférieur à celui du taureau avec des filles performantes aux Pays-Bas, peut avoir des filles performantes dans les conditions climatiques de l'Espagne.

En d'autres termes, pour pouvoir exprimer le même trait - la production laitière - le potentiel génétique d'une vache en Espagne peut être légèrement différent de celui d'une vache aux Pays-Bas car il nécessite une tolérance aux températures élevées. Par conséquent, le meilleur taureau d'Espagne n'est pas le meilleur taureau des Pays-Bas, car l'environnement dans ces pays nécessite des génotypes légèrement différents. Ce reclassement des animaux en fonction de la combinaison spécifique du génotype et de l'environnement est appelé interaction génotype-environnement exprimant la valeur des résultats génotypiques par interaction avec l'environnement (Interaction génotype par environnement); s'exprime sous la forme $G \times E$.

Donc:

Interaction génotype-environnement (G x E) se produit lorsque la différence de performance de deux génotypes dépend de l'environnement dans lequel la performance est mesurée.

G x E il peut faire référence à une modification de la taille de la différence de performance ou à une modification du classement des animaux, qui évoluent dans des environnements différents.

Interaction G x E il peut se référer à des animaux individuels, comme les deux taureaux illustrés, mais il peut également représenter des moyennes de population.

13.6.1. Les locaux générés par l'environnement

L'environnement dans lequel les animaux évoluent peut être considéré comme un ensemble de locaux ou de conditions préalables. Un individu fonctionnera bien s'il possède les compétences nécessaires pour gérer / utiliser les conditions préalables de l'environnement. D'une part, si les locaux manquent, les performances seront réduites. Bien que chaque environnement ait son propre ensemble de locaux, certains sont si similaires que les animaux peuvent jouer dans les deux environnements et utiliser le même ensemble de capacités. Plus les deux environnements sont différents, plus il devient important d'avoir des capacités gérables dans l'un ou l'autre environnement. Parfois, les capacités sont même défavorables: si l'une existe, l'autre ne peut pas exister. Par exemple, si l'individu a une fourrure à travers laquelle il peut tolérer le froid, il ne pourra pas résister à la chaleur.

Par exemple, l'évolution génétique de l'EBV pour l'effet maternel des truies nécessite l'acceptation d'un compromis entre la durée de l'intervalle sevrage-œstrus et le poids du porcelet au sevrage (caractères négativement corrélés). Fondamentalement, lorsque les porcelets ont un poids corporel élevé au sevrage - en raison d'un excellent effet maternel (capacité d'allaitement, caractère maternel attentionné), la truie perd ses réserves corporelles qui l'aideraient à reprendre un nouveau cycle de reproduction. Le compromis doit être fait entre la masse du lot de porcelets et la durée de l'intervalle sevrage-œstrus.

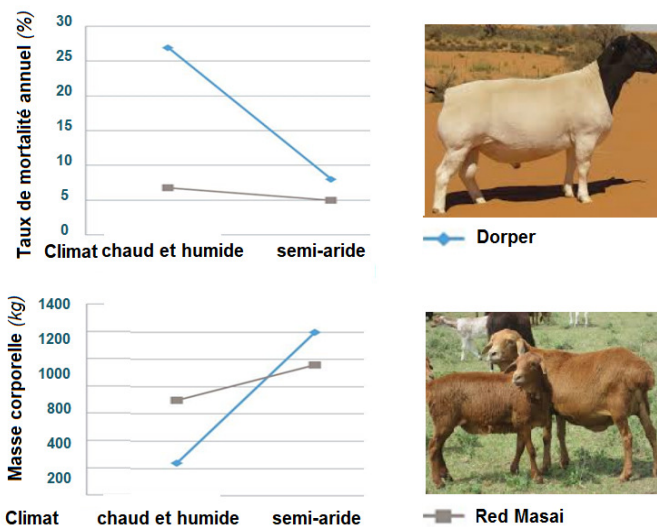
Un individu peut avoir la capacité de gérer une condition préalable - par exemple, il peut digérer des aliments de mauvaise qualité, mais cela signifie avoir un système digestif capable de capitaliser sur ces aliments. Souvent, un individu peut gérer avec succès certaines conditions préalables dans un environnement et peut avoir des performances légèrement diminuées dans un autre environnement avec les mêmes conditions préalables. En l'absence de capacité à réagir aux conditions préalables de l'environnement, la situation devient problématique: par exemple, le manque de résistance à une maladie devient particulièrement risqué pour la survie de l'individu dans cet environnement.

La taille de l'interaction génotype x environnement

Pour avoir une vue complète de la taille de l'interaction *G x E*, les performances de différents génotypes dans différents environnements (systèmes de production) peuvent être illustrées graphiquement (figure 13.4).

EVALUATION DU PROGRAMME D'AMELIORATION

Sur l'axe *X* d'un tel graphique sera le gradient environnemental (par exemple la température, la teneur en protéines, une composante de l'environnement, etc.) et sur l'axe *Y* il y a les performances des animaux enregistrées dans cet environnement. Le graphe résultant est appelé la norme de réaction; la pente ou la rampe de la norme de réaction vous a montré la sensibilité du génotype à un environnement donné. Une ligne horizontale indique l'absence de sensibilité à l'environnement considéré et une rampe indique que les performances dans cet environnement sont meilleures que dans un autre environnement. Des règles de réaction parallèles indiquent que les deux génotypes sont également sensibles aux changements de l'environnement. Dans tous les cas, si une norme de réaction a une pente plus raide que l'autre, cela signifie qu'un génotype est plus sensible à un environnement qu'à l'autre; en fait, dans ce cas, l'interaction génotype-environnement se produit. Dans des situations extrêmes, les normes de réaction peuvent se croiser (se croiser), auquel cas chacun des génotypes / populations fonctionnerait mieux dans l'autre environnement.



Graphique 13.4. Deux exemples d'interaction G x E chez les moutons Dorper et Red Masai.

Les normes de réaction convergente (ci-dessus) indiquent une sensibilité (mortalité) plus élevée de la race Dorper aux conditions climatiques chaudes-humides par rapport à la race Red Masai. Le taux de mortalité de Dorper reste plus élevé dans les deux environnements. L'interaction G x E est plus forte dans le cas de la masse corporelle (ci-dessous) et indique que Dorper a la masse corporelle la plus élevée dans des conditions semi-arides et Red Masai a la masse corporelle la plus élevée dans des conditions de microclimat chaud-humide.

La figure 13.4 montre un exemple illustratif pour les deux types de règles de réaction impliquant l'interaction G x E. En haut de la figure, les règles de réaction ne sont pas parallèles, mais ne se croisent pas, indiquant qu'une population reste supérieur à l'autre dans les deux environnements. Au bas de la figure 13.4, les règles de réaction se croisent, indiquant une supériorité génétique modifiée avec un environnement changeant. Les règles de réaction dans ces exemples sont des lignes droites, car seules deux moyennes sont considérées; en considérant plusieurs facteurs environnementaux, de multiples comparaisons peuvent avoir lieu - dans ce cas, les normes de réaction deviennent non linéaires.

Donc:

La norme de réaction représente la performance de génotypes (animaux ou populations) dans différents environnements. L'interaction génotype-environnement est indiquée par des normes de réaction qui ont une représentation graphique non parallèle (convergente, divergente ou à point d'intersection).

13.6.2. Conséquences de l'interaction G x E sur les programmes de sélection

L'interaction du génotype avec l'environnement a lieu dans toute situation dans laquelle une population est plus sensible qu'un autre aspect qui peut être suggéré et signalé par l'inclinaison plus inclinée de la norme de réaction. Ce qui suit en présentera les conséquences sur le programme de sélection et comment la progéniture de certains éleveurs pourrait se comporter dans un type d'environnement différent de celui dans lequel les parents ont été sélectionnés.

Une première approche est liée à la corrélation génétique entre la performance et les deux environnements; si la corrélation est faible ou même négative, la sélection basée sur les performances dans un environnement entraîne de mauvaises performances de la progéniture dans l'autre environnement. Par exemple, si les parents les plus performants sont choisis (sélectionnés) dans un environnement optimisé à tous points de vue (entretien, alimentation, soins médicaux, etc.), ils obtiendront une progéniture avec le potentiel génétique le plus élevé pour le trait choisi, en CET ENVIRONNEMENT (système de production). Si les parents choisis produiront une progéniture dans un environnement non optimisé, la performance peut être médiocre, car ils n'ont pas les compétences préalables nécessaires pour performer dans cet environnement. La corrélation génétique entre les performances des deux environnements / systèmes de production est une mesure de la façon dont le génotype sélectionné dans un environnement se comportera dans l'autre environnement.

EVALUATION DU PROGRAMME D'AMELIORATION

En d'autres termes, la corrélation génétique fournit la première information concernant la possibilité d'utilisation dans le même programme de sélection dans les deux environnements. Évidemment, tester l'individu pour les performances de ses frères et sœurs ou descendants dans le nouvel environnement fournira des informations beaucoup plus précieuses pour optimiser les décisions de sélection.

Si le même programme d'amélioration est appliqué dans une trop large gamme d'environnements (systèmes de production), il est plus sage que le programme d'amélioration soit divisé et adapté à chaque environnement. Cette décision dépend du progrès génétique (ΔG) obtenu sans diviser le programme de sélection. La compétitivité et l'efficacité économique interviennent également dans la décision de scinder le programme d'amélioration. Vous pouvez économiser de l'argent en maintenant un seul programme de sélection, mais vous pouvez perdre votre gain génétique et donc votre part de marché.

Évidemment, la division des programmes d'élevage est nécessaire dans le cas des animaux d'élevage, parfois aussi dans le cas des animaux de loisir (cas des chevaux d'élevage gérés par KWPN, qui a décidé de partager son programme d'élevage - voir chapitre II.3, annexe IV). Une règle générale pour réaliser un programme d'amélioration est que si le calcul de la corrélation génétique entre les performances obtenues dans deux environnements (systèmes de production) tombe en dessous de $r < \pm 0,6$, le programme d'amélioration doit être divisé (de manière appropriée) pour chaque environnement / système. production. Bien que la sélection parentale puisse être sous-optimale, une corrélation génétique avec un coefficient $r > \pm 0,6$ indique qu'il n'est pas nécessaire de séparer les programmes de sélection.

Les conséquences d'une telle décision impliquent non seulement des coûts financiers, mais également des conséquences pour la diminution de la réponse génétique à la sélection, du fait de la réduction de moitié de la population, et pour le maintien de la diversité génétique.

Donc:

Deux environnements / systèmes de production moyens nécessitent des programmes d'élevage distincts si la corrélation génétique entre les performances des deux milieux a la valeur du coefficient de corrélation $r < \pm 0,6$.

13.6.3. La réponse génétiquement corrélée

Comme présenté au chapitre 9 - la réponse de sélection, la performance d'un trait est parfois utilisée comme indicateur pour en quantifier un autre, qui est plus difficile ou plus coûteux à mesurer. Ce type de trait est appelé le trait indicateur et en raison de sa corrélation avec le trait dans l'objectif d'élevage, la sélection centrée sur ce trait améliore automatiquement le trait de l'objectif d'élevage. Plus la corrélation est forte, plus la réponse de sélection sur le caractère dans l'objectif de sélection est élevée. Dans ce cas, la corrélation avec la fonction d'indicateur peut être utilisée comme outil de sélection.

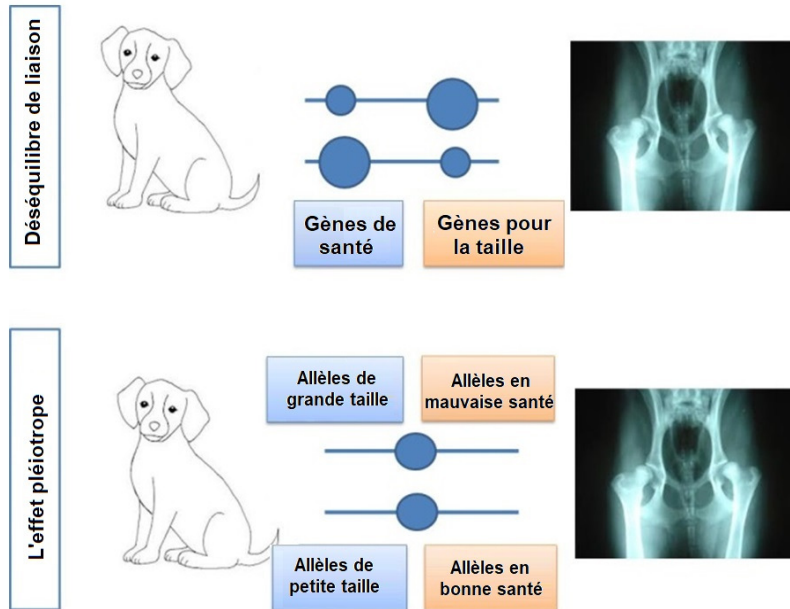
1. Lien génétique

Il y a des corrélations entre différents traits ou caractères pour plusieurs raisons; une des raisons est que les gènes impliqués dans le caractère indicateur corrélé sont étroitement liés à ceux qui sont impliqués dans le déterminisme du caractère sélectionné. S'il n'y a pas d'événements de recombinaison (ou s'ils montrent une faible fréquence), l'allèle de caractéristique indicateur corrélé est hérité avec l'allèle positif de la caractéristique sélectionnée. En termes techniques, on appelle un déséquilibre de liaison, auquel cas les combinaisons entre les allèles des deux gènes sont héritées ensemble et non indépendamment.

Définition

En génétique des populations, le déséquilibre de liaison (LD) est l'association non aléatoire d'allèles à différents loci dans une population donnée. Les locus sont déséquilibrés lorsque la fréquence d'association de leurs divers allèles est supérieure ou inférieure à ce qui serait attendu si les locus étaient indépendants et associés au hasard.

Par exemple, chez le chien, il existe un gène impliqué dans le déterminisme génétique de la taille qui est étroitement localisé à un gène responsable de la dysplasie de la hanche; en pratique, les allèles pour la taille du corps et la dysplasie de la hanche sont hérités ensemble (voir figure 13.5) et non séparément. Dans ce cas particulier, l'allèle de grande taille est proche de l'allèle pour la présence de dysplasie de la hanche, et l'allèle de petite taille est proche de l'allèle pour l'absence de dysplasie de la hanche; Dans ce cas, il existe une association négative entre la grande taille et la dysplasie de la hanche. Ceci est dû au fait que ces gènes sont presque toujours hérités ensemble et que la combinaison d'allèles indésirables semble associée à la sélection d'individus qui manifestent phénotypiquement une grande taille



Graphique 13.5. Causes des corrélations génétiques

Déséquilibre de connexion où les gènes qui affectent différents traits sont hérités ensemble et non indépendamment (ci-dessus) et l'effet pléiotrope, lorsqu'un gène affecte plusieurs traits (en bas).

2. L'effet pléiotrope

Une corrélation génétique peut également exister si un gène qui affecte un trait influence un autre trait en raison de l'effet pléiotrope du gène. Par exemple, si le gène qui affecte la taille des chiens génère également le risque de développer une dysplasie de la hanche chez les chiens, la sélection de la large taille entraînera une susceptibilité à la dysplasie de la hanche (voir Figure 13.5).

Alors:

La pléiotropie est la capacité d'un gène à conditionner l'apparition concomitante de plusieurs traits héréditaires;

3. Limitation des ressources

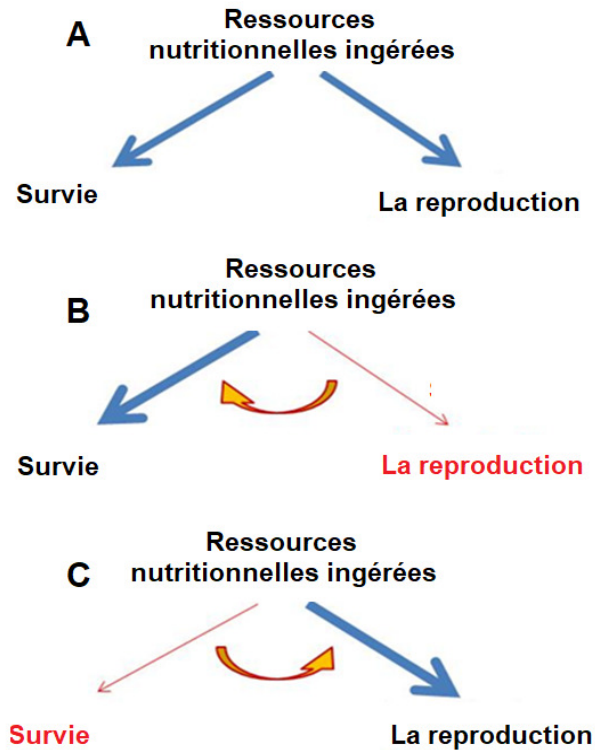
Une troisième raison de la corrélation souvent négative entre le caractère de sélection et la sensibilité environnementale n'a pas grand-chose à voir avec les locus génomiques ou les multiples fonctions des gènes individuels mais avec le fait que l'animal doit «faire des choix».

Sur la façon d'utiliser ou d'allouer les ressources. Ce ne sont pas des choix conscients (d'allocations); elles sont appelées allocations parce que les ressources consacrées à un processus (métabolique) ou à un trait (la quantité de protéines dans le lait) ne peuvent être utilisées pour autre chose.

Le mécanisme derrière la "prise de décision" par laquelle l'utilisation ou l'allocation des ressources a lieu n'est pas encore très clair, mais consiste probablement en une combinaison de facteurs génétiques et physiologiques tels que le stade de vie de l'animal, son état, sa santé, etc. . Si les ressources nécessaires aux différents processus sont disponibles, leur utilisation dépendra de la disponibilité et de la qualité des ressources et de la capacité de l'animal. Par exemple, dans le cas des bovins laitiers, certaines vaches ne peuvent pas manger suffisamment de nourriture pour soutenir la production laitière (il y a une pénurie d'aliments pour animaux): en conséquence, elles utilisent toutes leurs ressources pour la production laitière et, avec une capacité limitée, ingestion, utiliser une partie des réserves de l'organisme: protéines musculaires, énergie du test sous-cutané.

Les animaux ont souvent une certaine flexibilité (pas complète!) pour allouer et utiliser les ressources à différents processus. Il semble que certains animaux soient plus capables de faire cela que d'autres et il y a suffisamment d'indices pour attribuer cette flexibilité à l'hérédité. Il y a certainement une composante héréditaire à l'ingestion; par conséquent, si un modèle simple devait être construit, on pourrait soutenir que l'apport alimentaire peut être partagé et utilisé, d'une part, pour la survie et, d'autre part, pour la reproduction. Ceci est illustré à la Figure 13.6 A. Si l'animal est transféré dans un environnement plus exigeant (système de production), plus de ressources seront allouées à sa survie. Si possible, l'animal augmentera également son apport alimentaire s'il n'a pas à partager les ressources allouées à la reproduction pour survivre (figure 6B). Fondamentalement, dans l'environnement illustré, il existe une association négative entre survie et reproduction; la survie se fait aux dépens de la reproduction.

Chez les animaux domestiques, les critères de sélection peuvent être considérés comme faisant partie de la «survie». Après tout, si les individus ne sont pas assez bons, ils ne seront pas sélectionnés et ne feront pas partie de la population mère. Du point de vue de la reproduction, ces animaux «meurent». Les bovins laitiers sont sélectionnés pour une production laitière élevée, mais les vaches à haut rendement ont souvent plus de problèmes de fertilité que les vaches à faible rendement.



Graphique 13.6. Modèles d'allocation des ressources.

6A - modèle de base: les ressources sont partagées équitablement pour soutenir les traits de survie et de reproduction. **Modèle 6B** avec environnement exigeant: une situation dans laquelle plus de ressources sont nécessaires pour survivre; pour y parvenir, des ressources sont allouées à la survie au détriment de la reproduction, ce qui entraîne une diminution des performances de reproduction. **6C** - la situation dans laquelle les ressources sont nécessaires à la reproduction, raison pour laquelle elles sont prélevées sur la survie; cela peut conduire à un conflit entre survie et reproduction.

Les vaches n'ont pas à la fois les ressources nécessaires à la survie (dans le cas du programme d'élevage - production laitière) et à la reproduction; les vaches qui dépensent le plus de ressources en lait ont un avantage dans la sélection (donc, selon l'objectif du programme d'élevage, elles ont une meilleure chance de survie). Cela peut être le résultat d'un apport accru ou d'un déplacement des ressources de la reproduction vers la survie, entraînant une association négative entre la production laitière et la fonction de reproduction. Ces choses se produisent dans les fermes laitières spécialisées dans la production laitière.

Donc:

Corrélations génétiques peut exister pour plusieurs raisons, telles que:

- déséquilibres de connexion
- effets pléiotropes
- conflits sur l'allocation et l'utilisation des ressources

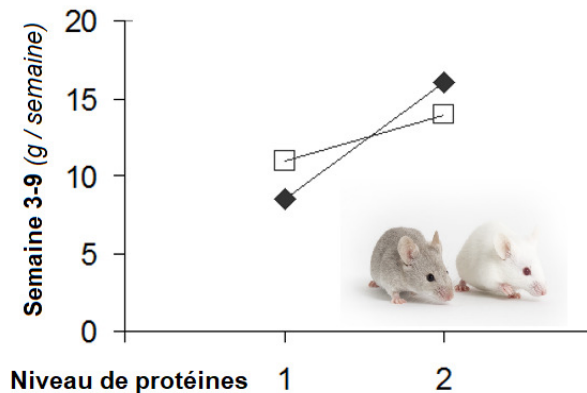
13.6.4. Le rôle de l'environnement

L'environnement peut être amélioré afin que l'animal soit autorisé à allouer moins de ressources pour la survie et plus de ressources pour la reproduction (voir la figure 13.6.C). De cette manière, les animaux qui allouent la plus grande partie des ressources destinées à la reproduction auront la plus grande part dans la prochaine génération. Fondamentalement, la pression de la sélection portera sur les ressources allouées à la reproduction; en fait, après plusieurs générations, les animaux qui allouent plus de ressources à la survie seront réduits numériquement. Dans l'environnement amélioré (systèmes de production optimisés), la réaffectation des ressources n'est pas un problème, car des ressources limitées sont nécessaires pour survivre. Cependant, si les individus sont transférés dans un environnement de qualité inférieure (un système de production déficient), la performance diminuera à mesure qu'une corrélation négative entre la reproduction et la survie se développera. Cette corrélation négative est différente de la corrélation entre la reproduction et la production laitière, même si les raisons de l'association sont similaires. Dans ce cas, les animaux sont de bons reproducteurs mais ont besoin d'un bon environnement pour survivre. Dans le cas précédent, les animaux avaient une très bonne «survie» (générée par l'objectif de sélection - production laitière), mais au détriment de la reproduction.

Les deux types de corrélations négatives se produisent dans les races modernes d'espèces utilisées à la ferme. Fondamentalement, les animaux ont été sélectionnés pour leur haute performance et, dans le même temps, leur environnement (système de production et technologie) a été optimisé afin qu'ils puissent manifester leur plein potentiel génétique. Ce faisant, des animaux ont été créés pour fonctionner au mieux dans des conditions environnementales optimisées; en même temps, ils sont devenus plus sensibles à la dégradation de la qualité de l'environnement. Par exemple, les poulets de chair sont devenus assez sensibles aux fluctuations de la température ambiante et, par conséquent, la plage de températures de confort a diminué par rapport aux températures de confort des poules pondeuses. Bien entendu, dans ce cas également, plusieurs mécanismes sont impliqués, pas seulement l'allocation des ressources.

13.6.5. Preuve du modèle d'allocation des ressources

Les directions de la réponse de sélection peuvent être capturées dans la réalité, même si elles sont présentées dans des modèles simples. Selon l'illustration de la figure 13.7, une population de souris est observée, divisée en deux sous-populations sur six générations, chacune bénéficiant d'une ration différente en termes de taux de protéines. Par la suite, l'environnement est inversé, chaque sous-population étant nourrie avec le régime alimentaire de l'autre. En quantifiant les paramètres de croissance, on a observé que les deux sous-populations avaient les meilleurs résultats dans leur propre environnement; cependant, le groupe qui a été sélectionné pour la ration riche en protéines a montré une performance réduite par rapport à la sous-population sélectionnée pour les rations faibles en protéines. Les résultats sont présentés sous forme de normes de réaction, sur la figure 13.7; les règles de réaction se croisent, ce qui indique que l'interaction génotypique moyenne peut être maintenue pendant un nombre limité de générations. Au fil du temps, les populations ou races soumises à sélection s'adaptent à l'environnement.



Graphique 13.7. Normes de réaction de l'augmentation quotidienne moyenne chez les souris nourries avec des aliments contenant différents niveaux de protéines (1 - faible taux de protéines et 2 - taux de protéines élevé)

Les deux sous-populations issues de la division d'une population ont reçu deux rations, avec des niveaux de protéines différents; à la 7e génération, les rations ont été inversées et les performances ont été mesurées pour chaque population et régime. Chaque population avait la meilleure performance sur le régime pour lequel elle a été sélectionnée, mais la performance de la sous-population sélectionnée avec une ration pauvre en protéines était meilleure après un changement de régime.

13.6.6. Corrélations et interactions génotype-environnement

Un dernier point, associé à l'interaction génotype-environnement, est lié au fait que dans des environnements différents, les corrélations entre les traits peuvent être différentes. Dans certains cas, les corrélations peuvent avoir le signe changé ($r +$ devient $r -$ ou vice versa). Par exemple, dans des conditions d'environnement de bonne qualité, l'âge de la maturité sexuelle est positivement corrélé au développement corporel. Les animaux dont la maturité sexuelle survient plus tard sont également des animaux dont le développement corporel est moindre. Cependant, dans un environnement pauvre, cela peut être inversé. Même s'il n'y a pas de renversement de la hiérarchie après le développement corporel, il y a un reclassement après la maturité sexuelle; la raison est que les animaux à faible croissance atteignent une certaine proportion de la masse de l'adulte (le point d'inflexion de la courbe de croissance) avant les autres, et, en conséquence, ils peuvent montrer une puberté précoce. Dans certaines situations, dans un environnement plus pauvre, les efforts des individus peuvent être orientés vers l'augmentation de la taille corporelle et par la suite vers l'activité reproductrice, auquel cas le signe des corrélations change. Fondamentalement, dans différents environnements, le signe et la valeur des corrélations peuvent changer. Par conséquent, lorsque certains caractères sont utilisés dans la sélection comme caractéristiques d'indicateur, les résultats d'un support ne peuvent pas être automatiquement traduits dans un autre support (système de production). En résumé, on peut dire qu'il existe des raisons sérieuses à l'utilisation des corrélations génétiques. La présence de corrélations génétiques implique que la sélection sur un trait aura des conséquences sur d'autres traits. Cet aspect peut être utilisé pour les corrélations souhaitées et indésirables.

13.7. Solutions pour contrer les corrélations indésirables

Comme précédemment décrit, certaines caractéristiques sont défavorablement corrélées. Par exemple, la production de lait chez les vaches (mais aussi chez d'autres espèces) est négativement corrélée à la fertilité. Ainsi, systématiquement, les vaches à hauts rendements présentent fréquemment des difficultés de conception, ce qui affecte la fertilité; cependant, il existe des vaches qui présentent à la fois une productivité élevée et une bonne conception. En effet, si ces animaux sont sélectionnés pour la reproduction, il sera possible d'améliorer la production laitière sans abaisser la fertilité. Le fait que deux caractères soient corrélés de manière indésirable ne signifie pas automatiquement que les deux caractères ne peuvent pas être améliorés dans la population.

EVALUATION DU PROGRAMME D'AMELIORATION

En résumé, sauf si la corrélation est maximale ($r = +1$ ou $r = -1$), il y aura plusieurs animaux qui auront le génotype souhaité pour les deux traits. Évidemment, le gain génétique obtenu pour chacun des traits sera plus faible par rapport à la situation d'une corrélation souhaitée.

Dans la pratique, bien qu'il y ait une diminution de la proportion d'animaux conservés pour la reproduction ($p\%$), en augmentant l'intensité de la sélection (i), le progrès génétique (ΔG) sera diminuée du fait que certains des meilleurs animaux pour un caractère ne seront pas acceptés à la reproduction en raison de l'autre caractère.

Comme détaillé dans le chapitre sur le classement des animaux (chapitre 8), la sélection simultanée peut être appliquée à plusieurs caractères, s'ils sont inclus dans l'objectif d'élevage et, au chapitre II.3 (fixant l'objectif d'élevage), il a été présenté comment inclure ces caractères dans un seul indice exprimé en une seule valeur. Les facteurs de pondération sont, la plupart du temps, représentés par la valeur économique de l'élément; parfois l'efficience économique ne suffit pas et, par conséquent, si des changements futurs du marché ou de la législation sont attendus, ces changements sont quantifiés dans la pondération des termes de l'indice de sélection. De même, la pression de l'acceptation sociale peut changer le programme d'amélioration. Par exemple, l'entreprise désapprouve l'élevage forcé de poulets de chair, des changements dans la conformation du nez qui gênent la respiration normale chez les chiens ou les races de taureaux nécessitant une césarienne au détriment du vêlage eutocique. Ainsi, même si d'un point de vue économique la part de la sélection doit être faible, la société peut exiger autre chose. Quel que soit le programme d'amélioration, il est recommandé de considérer attentivement les exigences de l'application. Fondamentalement, en plus d'offrir aux consommateurs des produits, si l'entreprise demande autre chose, il est sage de lui offrir ce dont elle a besoin, et c'est parce que maintenir une part de marché passe par une bonne réputation, même si d'un point de vue économique la part de la sélection doit être faible, la société peut exiger autre chose. Quel que soit le programme d'amélioration, il est recommandé de considérer attentivement les exigences de l'application.

Donc:

La sélection de deux caractères entre lesquels il existe une corrélation génétique indésirable est possible, bien que le progrès génétique puisse être diminué en raison d'une intensité de sélection réduite.

13.8. Attentes et tendances d'amélioration

L'amélioration correspond à l'estimation des performances dans le contexte d'événements futurs. Les modifications actuelles apportées au programme de sélection ne deviendront visibles qu'après quelques générations. Certes, il n'est pas facile de prévoir en détail les enjeux du futur, mais il est encore possible de détecter des tendances ou des changements générés par la législation, par le marché ou par le progrès technologique:

législation

Des améliorations doivent être envisagées dans les changements législatifs, en particulier ceux concernant la durabilité environnementale et les systèmes de production - croissance et exploitation, logement, entretien et bien-être. Par exemple, les restrictions sur l'utilisation de batteries en cage chez les oiseaux ou le passage de l'entretien individuel à l'entretien collectif, dans le cas des truies gestantes, nécessitent des animaux adaptés à ces conditions. Aussi, les mesures concernant la coupe de la queue, le raccourcissement du bec (démembrement) nécessitent l'existence et la sélection d'animaux pour affronter des systèmes de production avec des technologies adaptées aux exigences de la société.

La législation sur les conditions dans lesquelles l'exportation d'animaux et de matériel génétique (sperme, embryons, etc.) est effectuée sont des questions qui doivent être connues, harmonisées et appliquées en temps opportun. Habituellement, dans les entreprises développées, la soumission des approbations techniques et les discussions publiques de ces initiatives législatives permettent de connaître et de préparer rapidement ces changements.

Évolution du marché

Les développements du marché sont moins prévisibles; l'orientation vers certains produits ou productions dépend de la situation économique spécifique d'une certaine zone géographique. Évidemment, les études de marché et l'évolution des préférences des consommateurs (par exemple, abandonner la poitrine de poulet au profit du poulet grillé, lait standardisé au profit du lait écrémé, préférence pour la formation au lieu de sauter par-dessus les obstacles, etc.) génèrent automatiquement respectivement des attentes et des exigences. En pratique, l'appréciation de la tendance et des préférences du marché est une activité dans laquelle des éléments de marketing tels que la demande du marché, la part de marché, etc. peuvent également être inclus.

EVALUATION DU PROGRAMME D'AMELIORATION

Le programme de sélection doit être adapté aux exigences de la taille du marché actuel ou d'un marché étendu - par exemple, si l'on souhaite développer l'activité sur des marchés d'autres continents où des interactions différentes entre l'environnement et le génotype sont attendues. Évidemment, l'expansion du marché nécessite de résoudre les problèmes liés à la spécialisation des animaux, au type et à la taille de l'interaction génotype-environnement, etc.

Parfois, le problème de la création de nouvelles populations adaptées à ces zones géographiques éloignées peut être soulevé; cela peut être fait dans la zone d'origine ou dans la zone où la population travaillera. Du point de vue marketing, une bonne connaissance du marché, des acteurs et de la qualité des produits est requise, étant des positions nécessaires par rapport à la concurrence, aux atouts propres ainsi qu'à la concurrence; il devient souvent nécessaire d'abandonner ou d'approcher d'autres marchés.

Progrès technologique

Un dernier élément qui doit être poursuivi dans l'activité d'amélioration c'est le progrès et les nouveaux développements technologiques. Les progrès technologiques dans les ITC, la génétique moléculaire et les modèles mathématiques rendent possibles des choses et des approches qui ne pouvaient pas être réalisées dans le passé. En fonction de l'utilité mais aussi de la concurrence, il devient nécessaire d'utiliser de nouvelles technologies associées à la quantification de phénotypes complexes, en estimant les valeurs d'amélioration dans l'utilisation de l'information génomique, avant même que l'on sache parfaitement quels sont les avantages d'utiliser ces technologies.

Donc:

L'amélioration des animaux nécessite, dans une certaine mesure et avec un certain degré de précision, l'anticipation des changements législatifs, des risques et opportunités générés par l'expansion ou la réduction du marché; plus que la précision des prévisions, il est important que celles-ci soient faites de manière continue.

13.9. Équilibre entre progrès et diversité génétique

Comme nous l'avons vu dans le chapitre sur l'évaluation de la diversité génétique, il existe un certain nombre de conflits d'intérêts entre le maintien de la diversité génétique et l'ampleur du progrès génétique.

Le conflit le plus évident est celui lié à l'intensité de la sélection; une intensité de sélection plus élevée signifie la sélection d'un petit nombre d'animaux pour la reproduction, ce qui entraîne un taux plus élevé de consanguinité et entraîne ainsi la perte de diversité génétique. Bien que l'utilisation des meilleurs ou des meilleurs sélectionneurs au détriment des autres puisse conduire à un plus grand progrès génétique, mais cela peut être désastreux pour le maintien de la diversité génétique future. Chaque programme d'amélioration doit gérer les deux côtés de la médaille: il n'y a pas de solution universelle, ni de solution particulière.

13.10. Questions clés de l'évaluation du programme d'amélioration

1. Le progrès génétique peut être déterminé comme la différence d'EBV moyen entre deux générations;
2. Trois causes principales limitent l'expression du progrès génétique:
 - a. perte de diversité génétique (irréversible)
 - b. la pression de la sélection naturelle se manifestant par une diminution de la fertilité ou une augmentation de la mortalité (généralement irréversible)
 - c. action environnementale sur l'expression du potentiel génétique (souvent réversible)
3. La tendance génétique est la réponse génétique obtenue sur une période de temps (généralement des années ou des générations);
4. Les écarts par rapport à la tendance génétique attendue peuvent être dus à un changement de l'objectif de sélection ou à un changement dans la façon dont les phénotypes sont enregistrés.;
5. L'interaction génotype x environnement se produit lorsque leur hiérarchie animale change après Leur EBV en fonction de l'environnement dans lequel ils évoluent.
6. Norma La réaction représente la performance des génotypes dans un certain nombre d'environnements / systèmes de production / technologies d'exploitation.
sept. Deux environnements / systèmes de production nécessitent des programmes de sélection séparés si la corrélation génétique entre les performances dans les deux environnements est inférieure à $r < \pm 0,6$;
8. Des corrélations génétiques de caractères exprimés dans différents environnements peuvent exister pour plusieurs raisons, telles que: i) des effets pléiotropiques, ii) des déséquilibres de liaison, ou iii) des conflits sur l'allocation et l'utilisation des ressources
9. Même s'il existe une corrélation génétique indésirable entre deux caractères, une sélection peut être effectuée pour les deux caractères, même si la réponse génétique sera affectée intensité de sélection inférieure (p% inférieur);
10. L'amélioration des animaux nécessite, dans une certaine mesure et avec un certain degré de précision, la prévision des changements législatifs, des risques et des opportunités générés par l'expansion ou la réduction du marché; plus que la précision des prévisions, il est important que celles-ci soient faites de manière continue.

Chapitre II. 14

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

Selon les chapitres précédents, les programmes de sélection sont conçus pour générer un progrès génétique. La mise en œuvre du programme d'élevage implique l'évaluation continue de la diversité zootechnique, quantifiée par la variance génétique des caractères à améliorer et les relations génétiques entre les animaux de la population.

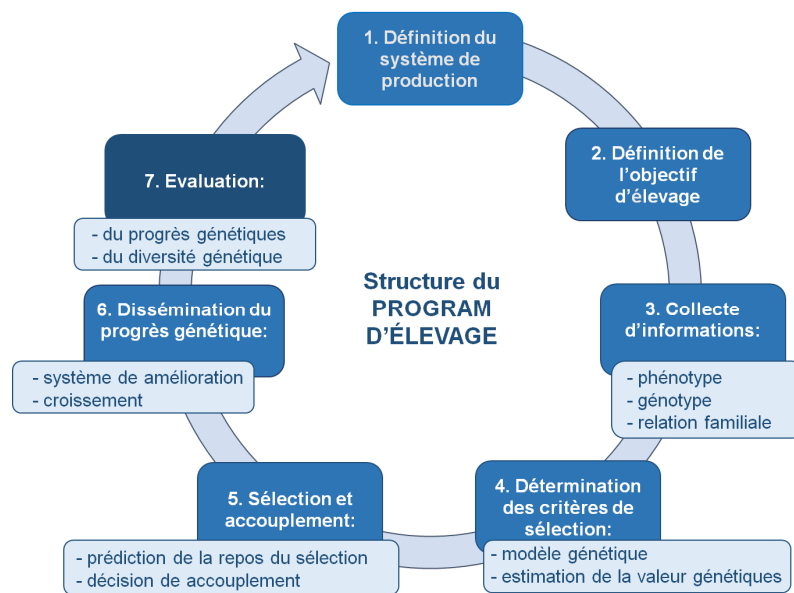


Schéma d'un programme d'amélioration: *évaluation de la diversité génétique*

La variabilité génétique des caractères dans un programme de sélection ne se limite pas à la variabilité génétique de la race mais peut être étendue à la variabilité génétique résultant du croisement. Fondamentalement, la diversité génétique ne se limite pas à la diversité intra- raciale mais comprend également la diversité génétique inter- raciale.

Le chapitre présentera comment quantifier la diversité génétique ainsi que la gestion des relations animales afin d'éviter la consanguinité intra- raciale dans un programme d'amélioration.

14.1. Diversité génétique

À l'échelle mondiale, au fil du temps, l'humanité a domestiqué plus de 30 espèces d'animaux à des fins agricoles (14 animaux sont responsables de plus de 90% de la production animale, dont cinq sont considérés comme d'importance majeure - voir le chapitre 1.2). Au sein de ces espèces animales, ainsi que dans le cas d'autres espèces récréatives, garde, chasse pour observer beaucoup de variations animales d'une espèce différente plus ou moins en termes de caractères; pratiquement, on constate l'existence d'une diversité d'origine génétique. Dans le cas des races locales, les animaux se ressemblent, bien que la diversité puisse être observée entre les individus pour de nombreux traits phénotypiques. En pratique, à partir d'individus similaires ou créé des races standardisées et par la suite des lignées zootechniques. Au sein des races standardisées, les animaux se ressemblent plus que dans le cas des races locales ancestrales, les animaux étant plus uniformes mais, néanmoins, des différences peuvent également être observées entre les individus de la race standardisée. En conclusion, au sein des populations animales (espèces, races primitives, races standardisées ou lignées zootechniques), il existe différents degrés de diversité génétique ou de diversité zootechnique. La diversité génétique est due au fait que les animaux ont un ADN différent; L'ADN diffère plus entre les espèces qu'entre les races primitives, entre les races primitives plus que chez les races spécialisées et les races spécialisées plus que dans le cas des lignées de bétail.

Définition

Diversité génétique représente l'ensemble des différences entre les espèces, les races au sein des espèces ou les individus au sein des races, exprimées en conséquence des différences génomiques (dans leur ADN).

La diversité zootechnique exprime des différences au sein d'une race (diversité intra- raciale) ou des différences entre différentes races (diversité inter- raciale). La diversité zootechnique est née de l'influence combinée de quatre types de forces: dérive génétique, migration, sélection et mutation (voir chapitre 1.6). D'une manière générale, la variation raciale peut être considérée comme la moitié de la variation génétique totale d'une espèce; sous la forme d'une relation mathématique, cet aspect s'écrit comme suit:

$$\sigma^2_S = 0,5 \sigma^2_B + 0,5 \sigma^2_W, \text{ où} \quad 14.1$$

σ^2_S = variation génétique au sein d'une espèce

σ^2_B = variation génétique inter- raciale

σ^2_W = variation génétique intra- raciale

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

La quantification de la diversité zootechnique comme mesure des résultats d'un programme d'amélioration peut être obtenue en utilisant les informations du pedigree, en utilisant l'analyse ADN ou en surveillant le taux de consanguinité.

14.2. Utilisation des pedigrees pour mesurer la diversité génétique

Théoriquement, le degré de diversité interraciale peut être estimé (σ^2_B) par de simples tests, dans lesquels des animaux de races différentes sont élevés ensemble dans les mêmes conditions environnementales, mais ce type d'estimation serait coûteux. Cependant, les conditions préalables suivantes sont requises pour une telle estimation:

- le nombre d'animaux de chaque race doit être suffisamment grand pour que les erreurs d'estimation de la race moyenne deviennent négligeables par rapport à l'ampleur des différences entre les races;
- les races utilisées pour représenter un échantillon pleinement représentatif des races disponibles, la variation σ^2_B étant calculée à partir de la moyenne des courses.

Les conditions environnementales peuvent générer de nombreuses hypothèses et incertitudes qui ont un impact sur les performances des animaux; au vu de ces aspects, il devient particulièrement important que l'environnement dans lequel les animaux sont testés soit comparable et pertinent par rapport à l'environnement dans lequel ces animaux doivent évoluer¹. Quantification de la variabilité génétique d'un caractère au sein d'une race (σ^2_W intra-racial) est également difficile et implique d'associer des similitudes génétiques existantes (ou connues) entre des individus ayant des phénotypes similaires. Les sources d'informations crédibles sur les relations de parenté sont représentées par le pedigree, les enregistrements sur des générations de parents, grands-parents, arrière-grands-parents, etc. Fondamentalement, en l'absence d'informations détaillées sur l'ADN individuel des animaux, l'identification des relations de parenté peut avoir lieu plus en analysant les pedigrees, au moins pour identifier les ancêtres communs responsables des relations de parenté entre les animaux d'une population. Plus le pedigree est développé (comprend plus de générations), meilleures sont les relations de parenté qui peuvent être calculées. En pedigree, à chaque génération, le nombre de parents augmente de façon exponentielle (2^n). En pratique, il est admis que cinq générations d'ascendants sont nécessaires pour établir le degré de parenté et le degré de consanguinité.

¹ Dans les années 70 du siècle dernier, dans le monde, de nombreuses études et comparaisons ont été faites entre différentes races de bovins et de porcs. Cependant, étant donné le petit nombre de races et la diversité des environnements dans lesquels les tests ont été réalisés; les résultats obtenus ont rendu les valeurs de la variance interraciale presque inutilisables (peu fiables).

En tant que paramètre pour établir la qualité des informations d'un pedigree réalisé pour des individus d'une population, le *degré d'exhaustivité du pedigree* est utilisé; cela représente le pourcentage d'ascendants inscrits dans le pedigree, jusqu'à une distance d'au moins cinq générations.

14.3. Mesurer la diversité génétique à l'aide d'informations ADN

Ces derniers temps, les coûts d'obtention d'informations sur les génotypes ont été considérablement réduits, ce qui rend ces informations beaucoup plus accessibles à la fois pour la recherche scientifique et les applications commerciales. L'évaluation de la diversité génétique au moyen de marqueurs génétiques peut se faire de deux manières:

- En utilisant des marqueurs génétiques polymorphes chez des espèces où il est impossible ou très coûteux d'obtenir des informations directement à partir du pedigree (par exemple chez les poissons); dans ce cas, en génotypant un petit nombre de marqueurs (10 à 20 micro-satellites), il devient possible d'identifier les parents de chaque individu.
- Par génotypage étendu, réalisé sur tous les chromosomes du génome (par exemple en génotypant un nombre de 50 000 SNP), pour estimer la proportion réelle d'ADN commun entre différents individus, avec différents degrés de parenté; les informations obtenues sont précises

La disponibilité des informations dans l'ADN permet de quantifier la diversité génétique de différentes manières, car les séquences nucléotidiques peuvent être obtenues à partir de certaines zones du génome, les allèles peuvent être identifiés dans une population au niveau des loci ou dans le génotype de tout individu. Ainsi, les options pour quantifier la diversité génétique pourraient inclure les suivantes:

i) Mesure de la fréquence des allèles; en définissant la fréquence allélique de chaque individu sous forme de variables pour quantifier le nombre d'allèles détenus: par exemple, 0, 1 ou 2 copies de l'allèle. Cette variable catégorielle peut également être considérée comme une variable d'intervalle (chaîne 0,1 et 2) qui permet de mesurer la diversité moyenne, à la fois intra- raciale et inter- raciale. Il faut noter qu'une telle définition de la fréquence allélique permet d'obtenir une moyenne raciale, qui estime la fréquence de l'allèle au sein de la race. Si, par exemple, une race a consolidé des allèles $AA = 2$ et une autre race a des allèles $aa = 2$ alors aucune diversité intra- raciale ne sera observée, mais seulement une diversité inter- raciale.

ii) Quantification de la soi-disant distance génétique entre les races en utilisant des fonctions mathématiques dans lesquelles des moyennes raciales des fréquences de plusieurs allèles sont utilisées, généralement des loci non liées.

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

iii) Au lieu de quantifier la fréquence des gènes, la fréquence des hétérozygotes peut être mesurée. Un hétérozygote a deux allèles différents à un locus (Aa) et la fréquence du génotype est une fonction liée aux fréquences alléliques, à l'accouplement relatif et au taux de survie. La justification de l'utilisation de la fréquence hétérozygote est qu'en l'absence de diversité, il n'y aura pas de population hétérozygote. Chez de nombreuses espèces, des comparaisons interraciales sont effectuées sur des ensembles denses de marqueurs - déjà en génétique moléculaire, nous travaillons avec des puces contenant 50 000 marqueurs ADN.

iv) Une autre méthode de quantification de la diversité génétique consiste à compter le nombre d'allèles différents qui apparaissent dans la population pour un ensemble de loci. Considérant le nombre d'allèles dans chaque race et le nombre d'allèles trouvés dans les deux races, permet l'expression de différences interraciales. En ce sens, il est pratiqué de compter les "allèles privés", qui sont spécifiques à une certaine race.

Définition

Allèles rares ou les allèles privés sont définis comme les allèles que l'on ne trouve que dans une certaine race.

Quantifier la diversité génétique semble moins utile que mesurer la fréquence des allèles elle-même; cependant, les observations sur les allèles privés peuvent être très utiles à d'autres égards, comme les études dans lesquelles la conservation des races est sujette à l'attention et dans les programmes de traçabilité de la chaîne alimentaire. Dans ce dernier cas, on souhaite savoir si un certain plat (par exemple, les plats de viande de la race Mangalita) provient d'une certaine race, qui a cet allèle rare ou privé.

14.3.1. Modèles pour quantifier la diversité génétique dans tout le génome

Il convient de rappeler que les marqueurs sont de l'ADN «non fonctionnel» (matériel génétique non responsable de la synthèse des protéines) et que les marqueurs sont neutres, c'est-à-dire qu'ils ne peuvent pas être associés à des allèles impliqués dans la manifestation phénotypique des caractères. L'hypothèse de la neutralité des marqueurs est importante car on suppose qu'ils changent leur fréquence par dérive génétique, plutôt que par dérive et sélection génétiques. La neutralité d'un locus peut différer d'une race à l'autre car i) une race peut avoir des allèles qui ne sont pas présents dans une autre race et le fait que ii) différentes races d'animaux sont soumises à des critères de sélection différents, en fonction des objectifs du programme d'amélioration. Bien que, comme on le sait,

La tendance des gènes sur le même chromosome est d'être transmis par blocs ou liés (c'est-à-dire par liaison), c'est-à-dire à entrer des gamètes dans des combinaisons parentales, se comportant comme une unité d'héritage. Ces allèles peuvent être enchaînés soit à un autosome (liaison génique) soit à un chromosome sexuel (gène sex-likage). Une conséquence de la liaison allélique est que la recombinaison entre les loci ne se produit pas pendant la méiose, de sorte que les allèles seront transférés dans une combinaison stable d'une génération à l'autre. Fondamentalement, une conséquence de la liaison d'allèles qui sont sur le même chromosome, à proximité d'un allèle favorable soumis à la sélection, aura tendance à augmenter sa fréquence, avec l'allèle favorable, par un processus appelé auto-stop génétique - le changement de fréquence comme suite à la proximité d'un gène soumis à une action de sélection.

Définition

Auto-stop génétique (*hitch-hiking or genetic draft*) se produit lorsqu'un allèle change de fréquence non pas parce qu'il est lui-même dans la sélection, mais parce qu'il est proche d'un autre gène soumis à une action sélective intense.

Il est très probable que les allèles très étroitement liés au gène intensément sélectionné seront également fixés dans la population (figure 14.1); si cette région du chromosome est très proche d'un locus soumis à sélection, il y aura très peu de diversité au voisinage des loci. Ainsi, lors de l'examen de la diversité allélique, le génome entier peut avoir des régions avec une grande diversité génétique et des régions avec une diversité génétique relativement faible. Ce modèle de diversité au sein du génome est appelé une empreinte de sélection et peut souvent indiquer des locus importants pour la domestication, des locus pour les caractéristiques de races particulières ou simplement des régions très bien préservées pour a. espèces dans leur ensemble, qu'elles soient sauvages ou domestiques.

Définition

Signature de sélection ou l'empreinte digitale de la sélection est le modèle par lequel la diversité d'un gène au voisinage d'un chromosome est réduite, qui a été soumis à une forte sélection dans une population, soit dans le sens de la diminution, soit dans le sens de l'augmentation de sa fréquence.

En général, la connaissance de la structure de l'ADN permettra d'étudier la diversité des combinaisons alléliques au niveau des loci répartis dans tout le génome. Ce type de diversité intra- raciale dépend non seulement des fréquences des allèles, mais aussi de l'étendue du déséquilibre de liaison allélique (LD du déséquilibre de liaison des allèles, figures 14.1 et 14.2). Le déséquilibre de liaison (LD), qui transfère une combinaison fixe d'allèles d'une génération à une autre, peut indiquer, dans le passé, des informations sur la taille de la population et la

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

gestion au fil du temps. En pratique, le déséquilibre de liaison (DL) révèle si, dans le passé, une combinaison d'allèles (haplotypes) était présente chez un nombre important ou limité d'animaux qui auraient été utilisés pour la reproduction en une seule génération (par exemple, l'utilisation intensive d'un mâle, l'existence d'un blocage génétique - goulot d'étranglement) ou si la combinaison de gènes a été introduite dans la race par introgression. La présentation des LD sous forme graphique (triangles de différentes nuances de rouge - voir figure 14.2) illustre les déséquilibres de lien entre allèles, en fait la présence d'une diversité génétique.

Définitions

Lien c'est le phénomène par lequel les allèles de certains locus sont étroitement liés entre eux sur le même chromosome, étant hérités ensemble des parents d'un individu et qui tendent à être transmis ensemble aux descendants. Plus les allèles sont proches des locus chromosomiques, plus le phénomène de liaison est fort. Lorsque les locus sont sur des chromosomes différents, la liaison est absente.

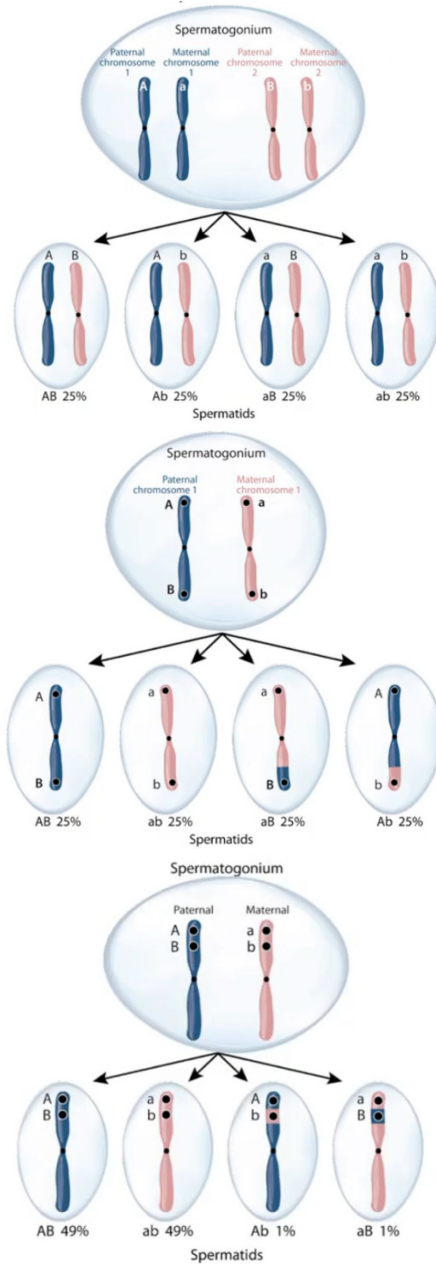
Ségrégation indépendante est le phénomène par lequel les chromosomes se séparent indépendamment les uns des autres pendant la méiose. Ainsi, les allèles situés sur des chromosomes séparés se retrouveront dans des gamètes indépendants les uns des autres (figure 14.1A).

L'équilibre de la connexion fait que la fréquence des allèles hérités d'un parent dans une population donnée a la même valeur que les allèles à chaque locus s'ils étaient combinés au hasard (Figure 14.1A).

Déséquilibre de liaison allélique (liaison du déséquilibre des allèles) représente la tendance des allèles à être transmises ensemble plus ou moins que prévu dans le cas d'une ségrégation indépendante. Cela se produit généralement en raison de la proximité de gènes sur le même chromosome, lorsque des combinaisons fixes d'allèles apparaissent dans les haplotypes (figures 14.1C et 14.2). Au fil du temps, les événements de recombinaison entre les locus élimineront cette combinaison, plus les locus seront plus rapidement séparés.

Goulot c'est une période pendant laquelle le nombre d'éleveurs dans le troupeau de reines d'une race est particulièrement faible. Dans une telle période, la dérive génétique est très élevée en raison de la réduction de la taille de la population.

Introgression représente le transfert d'un allèle ou d'un ensemble d'allèles d'une race à une autre. Ceci est fait en croisant plusieurs parents de la race donneuse avec des individus de la race receveuse, suivi d'un croisement de retour d'individus portant les allèles souhaités à la race receveuse. Habituellement, l'identification des individus porteurs des allèles souhaités se fait à l'aide de marqueurs génétiques.



A. Ségrégation indépendante

Les chromosomes se séparent indépendamment pendant la méiose; les gènes A et a (par exemple les gènes de la couleur des yeux), B et b (par exemple les gènes de la couleur des cheveux) peuvent se séparer indépendamment de sorte que les combinaisons AB, Ab, aB et ab soient obtenues dans des proportions égales 0,25 (25%).

B. Équilibre de la connexion

Lors du séquençage de la PCR, il a été observé que deux régions du même chromosome ont les fréquences $A = 0,5$ et $B = 0,5$. Dans le cas d'un équilibre de liaison, suite à une recombinaison, le génotype AB aura la fréquence $0,5 \times 0,5 = 0,25$.

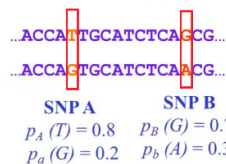
C. Déséquilibre de connexion

En cas de déséquilibre de liaison, le génotype AB peut avoir des fréquences inhabituelles telles que la fréquence $AB = 0,49$, causée par la très courte distance entre A et B, ce qui diminue la probabilité de recombinaison des segments entre les gènes A et B (à 1%) .

La source:
[Youtube.com/watch?v=DvrAuMyu4wU](https://www.youtube.com/watch?v=DvrAuMyu4wU)

Graphique 14.1. Illustration de la transmission de fréquence allélique en fonction du type de connexion allélique

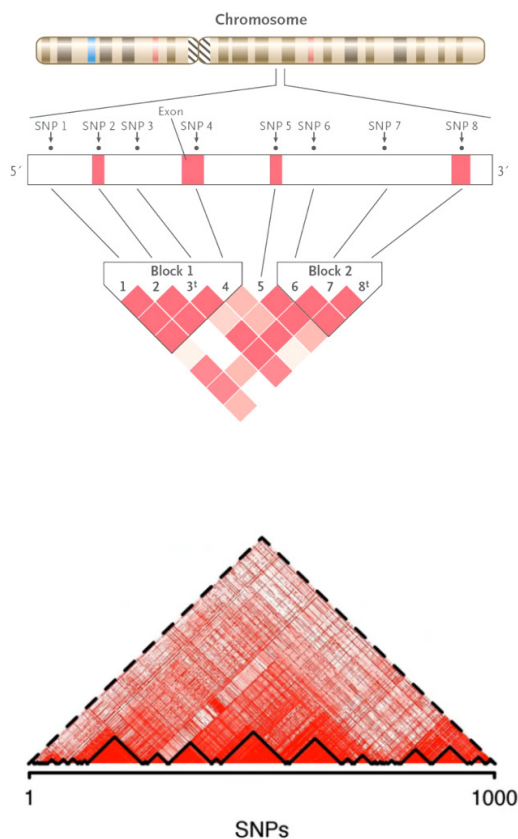
ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE



Dacă alelele sunt în echilibru Dacă alelele nu sunt în echilibru

$$\begin{aligned}
 p_{TG} &= p_A \times p_B = 0.8 \times 0.7 = 0.56 & p_{TG} &= 0.62 = 0.56 + D \\
 p_{TA} &= p_A \times p_b = 0.8 \times 0.3 = 0.24 & p_{TA} &= 0.18 = 0.24 - D \\
 p_{GG} &= p_a \times p_B = 0.2 \times 0.7 = 0.14 & p_{GG} &= 0.08 = 0.14 - D \\
 p_{GA} &= p_a \times p_b = 0.2 \times 0.3 = 0.06 & p_{GA} &= 0.12 = 0.06 + D
 \end{aligned}$$

$$D_{AB} = p_{AB} - p_A p_B$$



SNP et haplotypes

Par exemple, SNP A et SNP B forment théoriquement les haplotypes: TG, TA, GG et GA. Pour le SNP A, la fréquence de population de T = 0,8 et de G = 0,2. Dans le cas du SNP B, des fréquences ont été identifiées dans la population pour G = 0,7 et pour A = 0,3.

Si les allèles sont en équilibre, les fréquences des haplotypes seront celles de gauche et si le déséquilibre de connexion entre les SNP A et B se manifeste, celles de droite. DAB - le coefficient du déséquilibre de liaison qui mesure le niveau du déséquilibre de liaison entre A et B

Chromosome avec 8 SNP

Séquence chromosomique sur laquelle 8 SNP ont été identifiés; les losanges montrent des déséquilibres de liaison entre les SNP, qui sont d'autant plus grands que la couleur est foncée. Par exemple, entre SNP 1 et 4 il y a un déséquilibre majeur et entre 1 et 5 ce déséquilibre n'est pas si grand. Le graphique montre deux blocs de déséquilibres de connexion; entre les SNP 1, 2, 3 et 4 et entre les SNP 6, 7 et 8.

Représentation graphique des blocs de déséquilibre de liaison pour 1000 SNP

Les triangles rouges marqués à la base du triangle en pointillé révèlent d'importants déséquilibres de liaison entre les allèles, donc une diversité génétique.

Graphique 14.2. Exprimer l'étendue du déséquilibre de la liaison allélique avec les SNP et les haplotypes

Source: <https://www.youtube.com/watch?v=9FquiL7qDmw>.

Pour déterminer la diversité zootechnique des bovins, des haplotypes associés à des groupes sanguins sont utilisés. L'utilisation intensive d'un taureau (et de ses fils) peut augmenter la fréquence d'un groupe sanguin dans la population, comme ce fut par exemple le cas de l'haplotype *BO1Y2D'* qui a augmenté la fréquence de cette combinaison d'allèles dans le groupe sanguin *B*.

14.4. Surveillance de la taille de la population et du taux de consanguinité

La population faisant l'objet du suivi est constituée de tous les animaux pouvant être accouplés, respectivement le troupeau de femelles reproductrices qui donne la taille maximale de la population à amélioration. Dans une étude rétrospective, on peut voir que dans la formation et l'histoire d'une race, la taille de la population varie; cependant, la prémisse est que la taille de la population de la prochaine génération ne changera pas.

14.4.1. Taille de la population

Par conséquent, le premier paramètre à surveiller sur une population est la taille. Une population importante a l'avantage de ne pas être soumise au risque de dérive aléatoire et de consanguinité forcée. Dans le cas d'une sélection commerciale, la taille de la population est déterminée avant le début des programmes de sélection et est ensuite maintenue dans toutes les générations. Dans le cas d'un programme d'élevage moins contrôlé, par exemple chez les chevaux ou les chiens, la taille de la population dépend de plusieurs facteurs. Chez les chiens, la dynamique des populations dépend de la popularité de la race et chez les chevaux du prix des poulains. Car s'ils sont petits, ils peuvent générer peu de descendants et, à long terme, d'une diminution de la taille de la population.

Le nombre de descendants nés chaque année est le deuxième paramètre utilisé pour surveiller la taille de la population. Au fil des années, le nombre de produits est la garantie de la stabilité d'une race: quand il y en a beaucoup, il y aura une augmentation (favorable) et quand il y en aura peu, il y aura une diminution (défavorable) de la taille de la population. Cependant, il faut garder à l'esprit que chez les animaux reproducteurs, tous les animaux nés ne seront pas utilisés pour obtenir la génération suivante. Fondamentalement, chez les chiens et les chevaux, soit les individus ne se comportent pas comme reproducteurs, soit le propriétaire ne souhaite pas reproduire un animal, ce qui réduit la taille de la population.

14.4.2. La population idéale

La population idéale est la population dans laquelle le niveau de consanguinité est très faible, dans cette population, les mutations avec des effets secondaires ne se produisent pas et il n'y a pas de perte aléatoire d'allèles à faible fréquence.

Par conséquent, la population idéale est suffisamment grande et utilise suffisamment de mâles et de femelles pour la reproduction. Cela diminue la fréquence des accouplements forcés entre les animaux apparentés et, même si des mutations avec des effets indésirables se produisent, leurs porteurs ne sont pas utilisés pour produire une progéniture. La population idéale est une population importante: la littérature scientifique préconise l'utilisation de plus de 100 animaux comme parents pour la production de la prochaine génération.

Outre la taille de la population, la structure de la population (voir chapitre I.3) contribue à la population idéale. La structure dépend, entre autres, de la contribution des parents à la production de progéniture. Lorsque la contribution parentale est uniformément répartie (proportionnelle), la valeur de la relation génétique moyenne n'augmente pas plus que nécessaire. Si seulement quelques dizaines d'individus sont utilisés comme reproducteurs, la relation génétique entre les animaux augmente au cours des prochaines générations et, par conséquent, la consanguinité se produira également.

Le nombre constant de mâles, de femelles et de leur progéniture détermine la structure génétique de la prochaine génération. Dans les programmes d'élevage bien contrôlés, on tente de maintenir le moins de variation possible en obtenant et en sélectionnant un nombre égal de descendants. Cependant, dans de nombreuses espèces, les femelles polythoces génèrent toujours des variations dans le groupe de mise bas. Dans les programmes d'élevage moins contrôlés, il existe de nombreuses variations en termes de nombre de produits obtenus à partir d'un mâle. En raison de la popularité des mâles (champions de diverses compétitions), ils sont largement utilisés, souvent de manière illimitée, ce qui augmente la variation du nombre de descendants d'un mâle à l'autre.

14.4.3. Suivi de la consanguinité dans le programme de sélection

Les programmes d'élevage doivent être évalués non seulement pour quantifier l'amélioration génétique mais aussi pour observer le niveau de consanguinité. La consanguinité se produit lorsque des animaux apparentés sont associés à une relation génétique additive non nulle. La consanguinité dans la population peut être volontaire (intentionnelle) ou limitée (inévitable), principalement en raison de la petite taille de la population (voir chapitre II.3).

Tableau 14.1.

L'effet de la dépression de consanguinité sur certains personnages

Espèce	Personnage	Augmenter la consanguinité de 10%
Bétail	lait	moins de 3,2%
Mouton	la masse de la fourrure	moins de 5,5%
	masse corporelle mince	moins de 3,7%
Porc	prolificite	moins de 3,1%
	masse corporelle mince	moins de 4,3%
Souris	poulets sevrés	moins de 7,2%
	masse corporelle mince	moins de 0,6%

La consanguinité provoque la disparition des effets de dominance favorable, l'expression de défauts monogéniques récessifs et la manifestation d'une dépression de consanguinité, du fait de l'homozygotie des lieux. En ce sens, la consanguinité a l'effet inverse du croisement. Fondamentalement, là où le croisement génère de l'hétérozygotie, la consanguinité provoque l'homozygotie. La consanguinité affecte en particulier les caractéristiques de santé et de forme physique dans lesquelles la manifestation de la dépression de consanguinité est plus prononcée (voir le tableau 14.1).

14.4.4. Taux de consanguinité accepté

Le taux de consanguinité fournit une indication sur la probabilité accrue des problèmes causés par une homozygotie accrue. L'homozygotie peut avoir des effets à la fois positifs et négatifs. La survenue d'effets indésirables est quantifiée sous le terme de «risques». La FAO recommande de limiter le taux de consanguinité à moins de 1%, et de préférence en dessous de 0,5%.

Un taux de consanguinité de 1% indique une augmentation de l'homozygotie de 1% d'une génération à l'autre. Cependant, il n'est pas possible de prédire les conséquences de l'augmentation de l'homozygotie car les gènes ont des effets positifs et négatifs similaires. Les recommandations de la FAO concernent la gestion des risques et non l'assurance des risques. En pratique, on considère qu'à long terme, un taux de consanguinité supérieur à 1% augmente le risque d'extinction de la population (voir partie I.a du chapitre 6).

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

Dans le cas d'une reproduction équilibrée, un taux de consanguinité de 1% nécessite l'utilisation d'au moins 50 animaux : 25 mâles et 25 femelles. Le maintien d'un taux de consanguinité de 0,5% nécessite l'utilisation de 50 mâles et 50 femelles. Si la reproduction est utilisée sans garder un sex-ratio de 1 : 1, le nombre des deux sexes doit être choisi de manière à ce que le taux de consanguinité reste limité à des valeurs inférieures à 1 (de préférence inférieures à 0,5%). Selon l'espèce animale, cette approche peut être ou non une option réaliste. Cependant, lors de la mise en œuvre du plan de reproduction (appariement des couples ou établissement de couples reproducteurs), le nombre de femelles et le sex-ratio doivent être soigneusement pris en compte.

Alors:

La FAO recommande de limiter le taux de consanguinité dans une population à 0,5-1%. L'utilisation d'un nombre suffisant d'animaux d'élevage est essentielle dans la gestion de la population.

14.4.6. Suivi du taux de consanguinité

Afin d'éviter les problèmes de consanguinité, l'apparition de défauts génétiques récessifs et la dépression de consanguinité, le taux de consanguinité ΔF doit avoir des valeurs inférieures à 0,5% / génération. Au niveau international, il a été convenu que la valeur maximale acceptable de $\Delta F = 0,5\%$. Plus le taux estimé de consanguinité est élevé, plus le risque d'avoir des problèmes liés à la consanguinité est élevé (voir chapitre II.5 et tableau 14.2).

Le taux annuel de consanguinité peut être calculé en calculant le coefficient de consanguinité (ΔF) de tous les animaux nés les années suivantes, par la différence des coefficients de consanguinité entre deux années consécutives.

Taux de consanguinité ΔF par génération peut être calculé d'abord par le coefficient de consanguinité (ΔF) de tous les animaux nés en un an. En outre, dans le suivi du taux de consanguinité, l'intervalle entre les générations au niveau de la population doit être calculé. On obtient ainsi la période nécessaire au renouvellement de la population des parents (mâles et femelles).

Le taux annuel de consanguinité (ΔF) est calculé comme la différence entre les coefficients de consanguinité des générations successives divisée par l'intervalle de génération moyen:

$$\Delta F = (F2 - F1) / LP, 14,2$$

où

$F2$ et $F1$ sont les coefficients moyens de consanguinité et LP est l'intervalle entre les générations, au niveau de la population.

Tableau 14.2.

Risques liés au taux de consanguinité

Taux de consanguinité (ΔF)	Le risque auquel la population est exposée à la croissance ΔF
> 1%	Extinction par accumulation et manifestation d'éventuels défauts génétiques
0,5 à 1%	Défauts génétiques qui semblent associés à la consanguinité
0,25 à 0,5%	Défauts génétiques possibles
<0,25%	Faible risque de défauts génétiques



Définition

Intervalle de génération pour les mâles et les femelles (l'intervalle entre les générations calculé pour chaque parent) est l'âge moyen du parent à la naissance de la progéniture qui le remplacera. L'intervalle entre les générations, exprimé au niveau de la population, est la moyenne des deux premières valeurs, car les mâles et les femelles contribuent chacun à la moitié des gènes au renouvellement de la population.

L'écart de génération induit une accélération de l'amélioration génétique mais aussi du taux annuel de consanguinité. En conséquence, dans les petites populations où la reproduction (amélioration génétique) n'est pas une priorité élevée, il est recommandé d'allonger l'intervalle entre les générations. Un temps plus long permettant de surveiller les résultats de leurs divers schémas d'accouplement et de croisement. Pour un calcul fiable du taux de consanguinité, il est important que les pedigrees soient complétés pour au moins cinq générations d'ancêtres. Le faible degré d'exhaustivité du pedigree (incomplétude) entraîne la sous-estimation des coefficients de consanguinité et du taux de consanguinité.

14.4.7. Le lien entre la relation génétique additive et la consanguinité

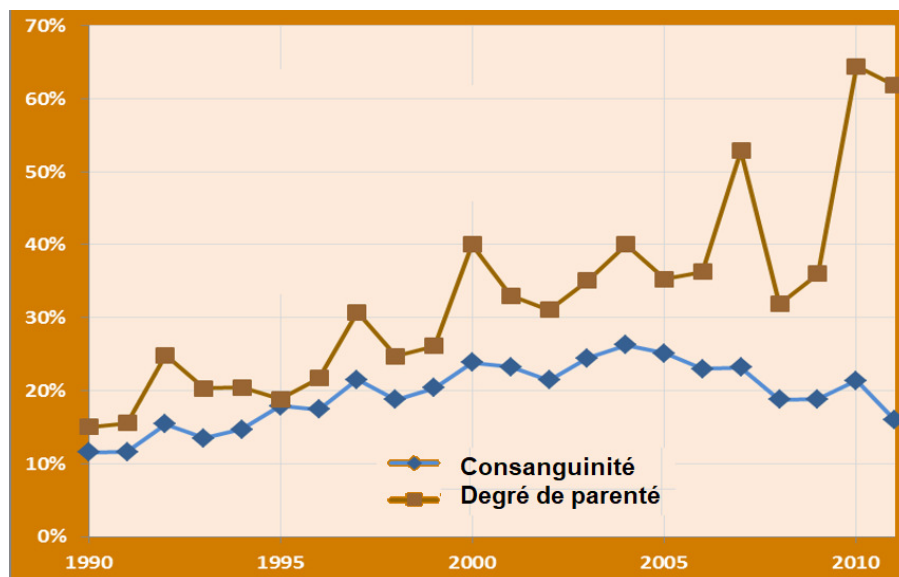
De la même manière que le taux de consanguinité est calculé, le taux de la relation génétique additive peut être calculé.

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

Au niveau de la population, les coefficients de consanguinité représentent la moitié des relations additives des parents. Fondamentalement, lorsque l'accouplement d'individus apparentés a lieu dans une population, le rapport additif moyen est deux fois plus élevé que le coefficient moyen de consanguinité.

- Si la consanguinité volontaire est pratiquée, le coefficient de consanguinité est supérieur à la moitié de la relation génétique additive moyenne.
- Si la consanguinité est évitée dans la population, le coefficient de consanguinité moyen est inférieur à la relation génétique additive moyenne.

Lorsque la consanguinité est observée dans la population, la conduite logique des éleveurs est d'abandonner l'accouplement de parents apparentés. Ainsi, les coefficients de consanguinité diminuent, de sorte que le rapport additif moyen est maintenu ou même augmenté dans la population. Après plusieurs générations, le risque d'accouplement d'individus liés est éliminé. Dans la figure 14.3 ce phénomène est illustré au sein d'une race de chien.



Graphique 14.3. Consanguinité et parenté chez le chien

Dynamique de la consanguinité et des relations de parenté au sein d'une race de chien, dans laquelle, depuis 2005, le coefficient moyen de consanguinité diminue grâce à l'utilisation d'accouplements hors croisement, et où la relation de parenté moyenne augmente à mesure de l'utilisation de certains mâles très populaires.

14.5. Prévention de la consanguinité

À long terme, le ratio additif moyen dans la population entraîne des contraintes de consanguinité. Par conséquent, la prévention de la consanguinité forcée (forcée) dépend dans une large mesure des méthodes de gestion des relations entre les animaux de la population. La population utilisée pour l'élevage commercial consacre beaucoup d'efforts à gérer cela, bien que des effets aléatoires (comme le fait qu'un animal sélectionné ne produit pas de descendance) peuvent perturber le programme d'élevage.

Dans les programmes d'élevage moins contrôlés, il est encore plus difficile de gérer le contrôle des relations de parenté. Il est clairement utile de diffuser des informations sur les implications de l'accouplement apparenté ainsi que de faciliter l'accouplement entre éleveurs non apparentés et de conseiller sur l'établissement de couples reproducteurs (couples appariés), visant à minimiser la parenté dans la population.

Les mesures efficaces qui aident à contrôler la relation additive et qui ont donc un effet favorable sur la gestion du taux de consanguinité sont:

1. augmentation de la taille de la population effective (expansion de la population);
2. restreindre le nombre de descendants / parents;
3. l'utilisation de schémas de montage pour la gestion des relations de parenté.

14.5.1. Augmentation de la taille de la population

La première mesure pour éviter la consanguinité est d'augmenter la taille de la population, ce qui a pour effet de diminuer l'intensité de la sélection sur les reproducteurs (mâles et femelles) sélectionnés comme parents de la génération suivante. Il facilite l'inclusion dans le troupeau de reines de plusieurs mâles et femelles de la population, ce qui garantira la présence de variation dans le pedigree².

² La situation inverse, engendrée par la forte intensité de sélection, génère l'utilisation d'un nombre limité de parents et, par conséquent, la diminution de la variance de la généalogie; par exemple, dans les programmes d'élevage moins contrôlés (par exemple chez les chevaux et les chiens), l'utilisation de plusieurs mâles augmentera le degré de parenté dans la prochaine génération et, par des accouplements dans les générations futures, entraînera la consanguinité. Fondamentalement, l'utilisation de plus de mâles et de femelles aura un effet favorable sur la relation génétique moyenne mais entraînera moins de progrès génétique.

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

La deuxième mesure de la croissance démographique est l'importation d'une population autochtone de la même race, mais qui est exploitée dans d'autres pays. Dans les populations indigènes, d'autres régions, des animaux avec des pedigrees différents peuvent être identifiés. De toute évidence, grâce aux biotechnologies de la reproduction, il est beaucoup plus facile d'importer du sperme ou des embryons afin de produire des descendants dans la population locale. En raison de l'utilisation d'individus non apparentés, il y aura une diminution de la moyenne de la relation génétique additive dans la population indigène. Lorsque des pedigrees sont disponibles, la mesure peut être utilisée sur les chiens et les chevaux car les races sont souvent composées d'un nombre limité d'ancêtres avec des descendants répartis dans plusieurs pays.

La troisième mesure est le croisement d'un nombre limité de parents de race indigène avec des individus d'une autre race. Dans de nombreux cas, il est assez facile d'utiliser le sperme d'un nombre limité de mâles d'une autre race pour inséminer un certain nombre de femelles de la race indigène. Cependant, le choix de la race «étrangère» est crucial: par exemple, s'il y a des différences de conformation et de taille, il sera difficile pour les propriétaires d'accepter ces aspects et il faudra plusieurs générations pour obtenir une progéniture uniforme. Dans les races de nombreuses espèces, la «pureté de la race» est un réel problème qui doit être pris en compte afin de maintenir le standard de la race inchangé. Le schéma de réticulation approprié à appliquer est celui de la perfusion (voir page suivante et chapitre 11 - réticulation par introgression):

A x B

F1 (AB) x A

F2 x A, etc.

Si la course *UNE* est de race pure, originale et *B* est la race "étrangère" utilisée pour l'infusion, les animaux de la race *B* ne sont utilisés que pour la production de la génération *F1*. Dans le *F1* et *F2*, les animaux sont sélectionnés dans la mesure du possible pour les traits des objectifs d'élevage de la race *UNE*. Il est recommandé que l'organisation d'élevage ait un contrôle total sur l'utilisation des animaux pendant des générations *F1* et *F2*. Lorsque les traits de ces animaux sont loin de l'objectif d'élevage de la race *UNE* il est recommandé (toujours) d'arrêter l'introgression des gènes de la race *B*. Cette méthode de croisement n'est recommandée que lorsque le taux de consanguinité de la population est si élevé que les défauts génétiques constituent une réelle menace pour la dégénérescence de la population.

L'introgression a été effectuée plusieurs fois chez les races de chiens, plusieurs fois chez le cheval hollandais Gelderlander, chez les taureaux roumains Bălțată, etc. L'utilisation des deux dernières méthodes d'expansion de la population peut être entravée par des différences génétiques entre les races par rapport aux caractéristiques de la cible de sélection (exprimées par niveau et combinaison de caractères). Cependant, toutes les mesures présentées augmentent la taille réelle de la population; les trois mesures (diminution de l'intensité de la sélection, importation d'une population indigène ou métissage) se traduisent par une plus grande variabilité parmi les ancêtres dans le pedigree du troupeau de reines et diminuent donc la consanguinité contrainte de la progéniture. Dans ce cas, l'introgression (croisement par infusion) d'individus d'une autre race est très efficace; par la suite en rayant des individus sans ancêtres communs (out-cross) il y aura une forte diminution de la moyenne de la relation additive et donc, $F_1, \Delta F = 0$).

14.6.2. Restreindre le nombre de descendants / parents

Dans les programmes d'élevage bien configurés et contrôlés, le but est que l'utilisation des mâles et des femelles ait lieu à la même intensité afin que dans la génération suivante, un nombre égal de descendants soit obtenu de chaque parent. Cet aspect soutient le maintien de la variation génétique dans la population. De cette manière, tous les ancêtres des pedigrees des parents se retrouvent dans les pedigrees des descendants de la génération suivante. Ces schémas de sélection sont optimaux et durables, offrant la possibilité de sélection dans les générations futures.

Dans les populations moins contrôlées, il existe de nombreux exemples (chez les bovins laitiers, les chevaux et les chiens) dans lesquels certains mâles ont été utilisés de manière très intensive; l'utilisation excessive de plusieurs éleveurs a un effet significatif sur la relation additive moyenne à partir de laquelle elle pose des problèmes de consanguinité dans les générations futures. L'utilisation excessive de mâles populaires entraîne souvent une utilisation limitée d'autres mâles ou même la négligence de ceux qui ont été sélectionnés pour la reproduction, ce qui peut entraîner un blocage génétique (goulot d'étranglement).

La première mesure pour éviter une utilisation excessive d'animaux sélectionnés est de restreindre leur utilisation, par exemple en fixant un nombre maximal d'accouplements pouvant être effectués par un mâle. Dans les programmes d'élevage moins contrôlés, cela génère souvent des pressions et de la frustration de la part des propriétaires et des éleveurs, mais la règle est qu'un mâle n'est pas autorisé à produire plus de 5% du nombre total de descendants de la génération suivante.

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE

Une approche plus positive de la surutilisation des individus peut être de développer et de diffuser un plan de reproduction (ou même des couples de reproducteurs correspondants) pour tous les reproducteurs sélectionnés, chacun avec un nombre égal d'accouplements. Ce type d'approche, moins coercitive, peut conduire à des schémas de programmes de sélection contrôlée,

14.6.3. Schémas et méthodes de contrôle et de gestion de la parenté

Dans les programmes de sélection contrôlée, des schémas de montage mis en œuvre sur plusieurs générations sont utilisés. Ils sont élaborés selon deux principes:

i) chaque mâle et femelle produira une progéniture dont au moins un des descendants (mâle ou femelle) sera choisie comme parent dans la génération suivante;

ii) un système de montures rotatives sera appliqué, ce qui signifie que, par exemple, lorsque 25 mâles sont utilisés, il faudra 25 générations avant que sa progéniture ne s'associe et que la consanguinité commence après ce mâle. Ces systèmes d'élevage sont appliqués à l'élevage commercial de porcs et d'oiseaux pour maintenir et développer des lignées de bétail de race pure.

Dans des programmes d'élevage moins contrôlés, par exemple chez les moutons, le système de montage rotatif s'applique. Dans ces troupeaux, les femelles sont maintenues avec un certain nombre de béliers. Cela implique que pour un certain produit, la paternité n'est pas connue, mais seulement le groupe de mâles; Dans l'exemple illustré à la figure 14.4, six groupes de béliers dans six troupeaux participent à l'assemblage en rotation. Cela implique qu'il faut 6 (six) générations avant qu'un bélier avec 1/6 des gènes du troupeau rouge ne soit réutilisé, par des béliers nés dans le troupeau jaune foncé, dans le troupeau rouge; alors la consanguinité augmentera pour la première fois.



Graphique 14.4. Exemple de système de montage rotatif pour moutons.

Chaque endroit coloré est un troupeau. Par exemple, le troupeau rouge reçoit toujours (annuellement) des béliers du troupeau jaune foncé et livre, chaque année, des béliers au troupeau gris, etc. Il faudra des générations jusqu'à ce qu'un bélier rencontre 1/6 des gènes d'un ancêtre.

De toute évidence, si davantage de troupeaux participent au système de rotation, il faut plusieurs générations avant que le niveau de consanguinité ne commence à augmenter. C'est un programme de sélection très efficace pour maintenir le taux de consanguinité à un faible niveau. Lors de l'examen de l'application d'un tel système, les différences génétiques entre les troupeaux et l'ordre exact d'échange des béliers devraient être pris en considération, discutés et établis; pratiquement, chaque éleveur doit accepter de recevoir toujours des béliers d'un même troupeau et de transmettre ses béliers à un autre, toujours le même troupeau.

Pour la sélection et l'accouplement dans le noyau pour l'élevage de taureaux laitiers, la méthode des contributions optimales est utilisée. Cette méthode considère la valeur d'amélioration des taureaux et des vaches par rapport au degré de parenté entre mâles et femelles par rapport à la moyenne du noyau de sélection. Dans ce cas, pour chaque individu, le plan d'amélioration génère le nombre maximum de montages / matches des paires à effectuer. Les partenaires sont appariés en fonction de la relation de parenté mutuelle, visant à ce que la relation de parenté de chaque couple soit inférieure à la moyenne de la population. En dehors du noyau de sélection, les mâles et les femelles sont utilisés dans des programmes d'appariement de couples ciblant les accouplements compensatoires: les caractères avec un faible EBV chez les femelles sont compensés par des traits avec un EBV amélioré par les mâles.

Dans le cas de montages individuels, une suggestion pratique est de ne pas jumeler des mâles et des femelles qui ont des ancêtres communs au cours des trois dernières générations. Cela signifie que le rapport d'additivité entre le mâle et la femelle est toujours inférieur à 12,5%, ce qui donne à la progéniture un coefficient de consanguinité inférieur à 6,25%.

14.7. Aspects clés de la diversité génétique

1. La diversité génétique est l'ensemble des différences entre les espèces, les races au sein des espèces et les individus au sein de la race, exprimées à la suite de différences dans leur ADN,
2. Une source majeure d'informations fiables sur la variation génétique d'une race est le pedigree qui n'est autre que le registre des races. Les relations de parenté ascendantes doivent être surveillées de manière suffisamment approfondie pour identifier les hommes et les femmes apparentés. Plus le pedigree est détaillé, plus le calcul est précis;
3. Les marqueurs génétiques peuvent aider à mesurer la diversité génétique de deux manières: i) par le contrôle parental à l'aide de microsatellites qui permettent ainsi d'identifier les parents de tous les descendants et éventuellement de corriger les informations du pedigree et ii) par un génotypage étendu pour un très grand nombre de SNP étendu à tous les chromosomes du génome, afin d'estimer le plus précisément possible la proportion réelle d'ADN partagée par les parents dans le pedigree;
4. Le contrôle de la consanguinité de la population consiste à: surveiller le taux de consanguinité, l'intervalle entre les générations et les relations additives dans la population;
5. La diversité augmente avec la réduction du taux de consanguinité - qui peut être réduite en augmentant la taille de la population, en limitant le nombre de descendants pour chacun des parents sélectionnés de la prochaine génération et en utilisant des schémas d'élevage et des méthodes d'accouplement pour contrôler et gérer la parenté.

BIBLIOGRAPHIE

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES UTILISÉES (sélection):

1. **ALDERSON, L. (ED.)**, 1990. *Genetic Conservation of Domestic Livestock*. Wallingford, UK, CAB International.
2. **ALEMNEH T., GETABALEW M.**, *Factors Influencing the Growth and Development of Meat Animals*. Int J Anim Sci. 2019; 3(2): 1048.
3. **BENCSEK I**, 2001, *Genetică animală*, Editura Mirton, Timișoara.
4. **BROWN W.T.**, *In the Beginning: Compelling Evidence for Creation and the Flood* (7th Edition), Center for Scientific Creation., 2001.
5. **BULGARU, M.** 1996, *Dreptul de a mânca*, Ed. Economică, București
6. **BURGHART, C.A., CHERRY, J.A., VAN KREY, H.P., SIEGEL, P.B.**, 1983, *Genetic selection for Growth rate alters hypothalamic satiety mechanisms in chickens*. Behav.Genet. 13:295-300.
7. **BURLACU, GH., GEORGESCU, D., PARASCHIVESCU, V., PETRE, A.**, 1988, *Tratat de creștere a bovinelor*, vol. I, Ed. Ceres, București.
8. **CAMALESA N.**, 1983, *Zootehnie generală*, Editura Ceres, București
9. **CRICK, F., ORGEL, L.E.**, Directed Panspermia, Icarus, 1973, 19: 341-346.
10. **DANA, N., VAN der WAAIJ, L.H, DESSIE, T., VAN ARENDONK, J.A.M.**, *Production objectives and trait preferences of village poultry producers of Ethiopia: implications for designing breeding schemes utilizing indigenous chicken genetic resources*, Trop. Anim. Santé Prod. 2010, 42: 1519-1529.
11. **DARWIN Ch.**, *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*, 1859, p. 109. www.science-times.org/origin-of-species-chaper
12. **DIACONU, P., BURLOI, GH.**, 1975, *Biologie generală, genetică și ameliorare*, Ed. Didactică și Pedagogică, București.
13. **DIAMOND J.**, *Evolution, consequences and future of plant and animal domestication*, Nature, 2002, Vol 418(8):700-707.
14. **DINESCU, S.**, 1996, *Concepte moderne în zootehnie*, Ed Ceres, București.
15. **DINU, I.**, 1989, *Tendențe și perspective în zootehnia mondială*, Ed.Ceres, București
16. **DRAGĂNESCU C.**, 1964, *Heterozisul în ameliorarea animalelor*, Editura Agro-Silvică, București

BIBLIOGRAFIE

17. **DRONCA D.D.**, 2007, Ameliorarea genetică a populațiilor de animale, Editura Mirton, Timișoara.
18. **DRUCKER, A.G., GOMEZ, V., ANDERSON, S.**, 2001. *The Economic Valuation of Farm Animal Genetic Resources: a Survey of Available Methods*, Ecological Economics, 36 (1) pp. 1-18.
19. **DRUCKER, A.G., GOMEZ, V., ANDERSON, S.**, 2001. The Economic Valuation of Farm Animal Genetic Resources: a Survey of Available Methods, Ecological Economics, 36 (1) pp. 1-18.
20. **EBINGER, P.**, 1975, *Quantitative investigations of visual brain structures in wild and domestic sheep*. Anatomy and Embryology, 146:313-323.
21. **EBINGER, P.**, 1995, *Domestication and plasticity of brain organization in mallards (Anas platyrhynchos)*. Brain, Behaviour and Evolution, 45(5):286-300.
22. **FARBER, P.L.** *Buffon and the Concept of Species*, Journal of the History of Biology, Vol. 5, No. 2 (Autumn, 1972), pp. 259-284.
23. **FURTUNESCU, AL.**, 1965, *Zootehnie generală*, Ed. Agro-Silvică, București
24. **FURTUNESCU, AL.**, 1971, *Zootehnie generală și genetică*, Ed. Didactică și pedagogică, București
25. **GARCÍA-RUIZ, A., COLE, J.B., VANRADEN, P.M., WIGGANS, G.R., RUIZ-LÓPEZ, F.J., VAN TASSELL, C.P.**, *Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection*, Proc Natl Acad Sci USA 2016, 113:E3995–E4004; 10.1073/pnas.1519061113).
26. **GASTON, K. J.**, Global patterns in biodiversity. *Nature*. 2000, **405** (6783): 220–227.
27. **GEORGESCU, G., PETRACHE, E.**, 1990, *Tehnologia creșterii cabalinelor*, Ed. Ceres, București.
28. **GRIGOROIU E.**, 2000, *Management*, Ed. Agroprint, Timișoara.
29. **HAMMOND, J.**, *Measuring Growth in Farm Animals*, Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences, Vol. 137, No. 889 (Nov. 28, 1950), pp. 452-461 (10 pages), Published By: Royal Society, <https://www.jstor.org/stable/82596>.
30. **HANNULA P., NYGAERD, M.**, 2011. *Keys to top breeding*, ISBN 978-952-67306-5-3. Kirjapaino Jaarli Oy, Turenki, Finlande.
31. **HAVENSTEIN, B.G., FERKET, P.R., SCHNEIDER, S.E., LARSON, B.T.**, 1994. *Growth, liveability and feed conversion of 1957 vs. 1991 broilers when fed typical 1957 and 1991 broiler diets*. Poultry science 73, 1785-1794.
32. **HOCQUETTE, J.F., ORTIGUES-MARTY, I., PETHICK, D.W., HERPIN, P., FERNANDEZ, X.**, 1998a. *Nutritional and hormonal regulation of energy metabolism in skeletal muscles of meat-producing animals*. Livest. Prod. Sci., 56:115-143.

33. **HOMETKOVSKI, L.**, *Taxonomia (taxinomia) în terminologie: aspecte diacronice, concepții și definiții*, Revistă de lingvistică și știință literară, 2008, 5–6:121-128 2008.
34. **HUȚU, I., ONAN W.G.**, *Alternative swine management systems*, Ed. Academic Pres, 2019.
35. **HUTU I., 2015**, *Farm Animal Productions, Course for Veterinarians in Animal Production and Husbandry*, Ed Mirton, Timisoara.
36. **HUXLEY, J.**, *The New Systematics*, London, 1940. 7.
37. **IAVOROVSKY ALEXANDRU**, *Geometrii genetice la calcul de sport: gramatica echitației – VI*, Timișoara, 2020.
38. **JOHANSSON, A.M., PETTERSSON, M.E., SIEGEL, P.B., CARLBORG, Ö.**, (2010), *Genome-Wide Effects of Long-Term Divergent Selection*. PLoS Genet 6(11): e1001188. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1001188>.
39. **KRUSKA, D.** 1996, *The effect of domestication on brain size and composition in the mink (Mustela vison)*. Journal of Zoology, London, 239:645-661.
40. **KRUSKA, D., SCHREIBER, A.**, 1999, *Comparative morphometrical and biochemical -genetic investigations in wild and ranch mink (Mustela vison: Carnivora: Mammalia)*. Acta Theriologica, 44(4):377-392.
41. **LASLEY, P.** 1997. *Agricultural Change and Impacts on Rural Culture*. Swine Conference. Volume 24. 1997, College of Veterinary Medicine. University of Minnesota, pp. 116-118.
42. **LASLEY, P.** 1997. *Social Consequences of Environmental Concerns*. Dans Environmental Issues in Pork Production. The Allen D. Lemay Swine Conference. 20 septembre, pp. 5-8.
43. **LEE, S.J.**, *Sprinting without myostatin: a genetic determinant of athletic prowess* Trends Genet, .2007, 23(10):475-7., doi: 10.1016/j.tig.2007.08.008.
44. **LIU, G., DUNNINGTON, E.A., SIEGEL, P.B.**, 1995, *Correlated responses to long-term divergent selection for eight-week body weight in chickens: growth, sexual maturity and egg production*. Poultry Science 74:1259-1269.
45. **MARKS, H.L.**, 1996. *Long-Term Selection for Body Weight in Japanese Quail Under Different Environments*, Poultry Science 75:1198-1203.
46. **MCCARTHY, J.C., SIEGEL, P.B.**, 1983, *A review of genetical and physiological effects of selection in meat-type poultry*. Anim. Breed. Abstr. 51, 87-94.
47. **MCDONALD, B.A.**, 2004. *Systèmes de reproduction / d'accouplement*. In: *Population Genetics of Plant Pathogens. The American Phytopathological Society*, doi: 10.1094 / PHI-A-2004-0524-01.
48. **MERKS, J.W.M., MATHUR, P.K., KNOL, E.F.L.**, *New phenotypes for new breeding goals in pigs*. Animal, 2012, 6: 4, pp 535-543.

BIBLIOGRAFIE

49. **MILLER, L.L., SIEGEL, P.B., DUNNINGTON, E.A.**, 1992, *Inheritance of antibody response to sheep erythrocytes in lines of chickens divergently selected for 56-days body weight and their crosses*. Poultry Science 71:47-52.
50. **MOCHNACS, M., TAFTĂ, V., VINTILĂ I.**, 1978, *Genetica și ameliorarea ovinelor*, Editura Ceres, București.
51. **MORA, P.T.**, 1963, Nature 199:212-2.
52. **NEAGU I., CULEA C., PETROMAN C.**, *Zootehnie generală*, Editura Mirton, 2002.
53. **NEGRUȚIU, E., PETRE, A.**, 1975, *Ameliorarea animalelor domestice*, Editura Didactică și Pedagogică, București.
54. **NORMAN., M; RUSSELL M.A.; MITTERMEIER, C.G.; DA FONSECA, G.A. B.; KENT, J.**, *Biodiversity hotspots for conservation priorities*. Nature. 2000. 403(6772): 853–858.
55. **OLDENBROEK K., VAN DER WAAIJ L.**, *Textbook Animal Breeding and Genetics for BSc students. Centre for Genetic Resources The Netherlands and Animal Breeding and Genomics Centre, 2015*.
56. **OLDENBROEK, B., WAAIJ L.**, *Textbook of animal breeding – course for BcS*. [https://wiki.groenkennisnet.nl / display / TAB /](https://wiki.groenkennisnet.nl/display/TAB/)
57. **OLDENBROEK, K.**, 2007, *Utilization and conservation of farm animal genetic resources*. Wageningen Academic Publishers, Nederland.
58. **OLDENBROEK, K.**, 2012, *Het fokken van rashonden” (Kor Oldenbroek en Jack Windig, Raad van Beheer op Kynologisch gebied in Nederland, 2012; in Dutch, Amsterdam, The Netherlands; ISBN: 978-90-71101-00-7*.
59. **OPRESCU S., OȚEL, V.** 1982, *Genetica reproducției animale*, Ed. Academiei republicii socialiste România, București.
60. **OWENS, F. N., DUBESKI, P., HANSONT,C.F.**, *Factors that Alter the Growth and Development of Ruminants*, J. Sci. 1993. 71:3138-3150
61. **PANFIL, C.**, 1974 *Genetică*, Editura didactică și pedagogică , București
62. Pearce, D., Moran, D., 1994. *The Economic Value of Biodiversity*, Earthscan, London.
63. **PEARCE, D., MORAN, D.**,1994. *The Economic Value of Biodiversity*, Earthscan, London.
64. **PETHICK, D.W.**, 1984. *Energy metabolism of skeletal muscle*. În Gawthorne, J.M., Baker S.K., Mackintosh, J.B., Purser, D.B. (ed), *Ruminant Physiology. Concepts and Consequences*, 277-287. University of Western Australia
65. **PIPERNEA N.**, 1979, *Îmbunătățirea structurii genetice a populațiilor de animale*, Editura Ceres, București.
66. **PIPERNEA, N.**, 1974, *Ereditatea principalelor caractere și însușiri la animalele domestice*, Editura Ceres, București.

67. **POP, A., LABUSCA, I., PETRESCU, RODICA, MOCHNACS, M.**, 1978, *Tehnologia creșterii ovinelor și caprinelor*, Ed. Did. și Ped., București.
68. **POPESCU-VIFOR, ȘT.** *Genetica procesului de dezvoltare la animale*, Editura Ceres, București, 1985.
69. **PRICE, E.O., KING, J.A.**, 1968, *Domestication and adaption*. In: Hafez, E.S.E. (ed.). *Adaption of domestic animals*. Lea & Fibiger, Philadelphia, pag:34-45.
70. **RAUW, W.M., KANIS, E., NOORDHUIZEN-STASSEN, E.N., GROMMERS, F.J.**, 1998, *Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: a review*. *Livestock Production Science*, 56:15-33.
71. **RISHKOWSKY B., PILLING, D.**, *The state of the world's Animal Genetic* **ALDERSON, L.** (ed.), 1990. *Genetic Conservation of Domestic Livestock*. Wallingford, UK, CAB International.
72. **RISHKOWSKY B., PILLING, D.**, *The state of the world's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*, FAO, 2007, Rome.
73. **SANDU, GH.**, 1983, *Genetica și ameliorarea păsărilor*, Editura Ceres, București.
74. **SAS, E.**, 1996, *Tratat elementar de Zootehnie aplicată*, Ed. Helicon, Timișoara.
75. **SILIVAȘ, E.**, 1999, Șanse și restricții în modernizarea tehnologiilor de creștere a bovinelor” Al XXIV-lea simpozion „Actualități în patologia animalelor Domestice” Cluj-Napoca 26-27 noiembrie,
76. **SIMIENER, H., MEYER, J.-N.**, 2003, *Past and future activities to harmonize farm animal biodiversity studies on a global scale*, *Arch. Zootec.* 52: 193-199
77. **SIMPSON, G.** *The New New Systematics*, New York, 1953.
78. **SØRENSEN, M.K., NORBERG, E., PEDERSEN, J., CHRISTENSEN, L.G.**, *Invited Review: Crossbreeding in Dairy Cattle: A Danish Perspective*. *Journal of Dairy Science* 2008, Vol. 91(11): 4116-4128.
79. **ȘTEFĂNESCU, C., CIOLCA, N., TAFTA, V.**, 1973, *Zootehnia României*, vol. III, Ed. Academiei.
80. **ȘTEFĂNESCU, GH., BĂLĂȘESCU, M., SEVERIN, V.**, 1960, *Avicultura*, Ed. A. Silvică, București.
81. **TAFTA, V.**, 1983, *Creșterea și exploatarea intensivă a oilor*, Ed. Ceres, București.
82. **THAXTON, CH., OLSEN, R.L., BRADLEY, W.**, 1984, *The Mystery of Life's Origin: Reassessing Current Theories*.
83. **TITTENSOR D.**; et al. (2011). *Global patterns and predictors of marine biodiversity across taxa*. *Nature*. **466** (7310): 1098–1101
84. **VINKE, C.M.**, 2001, *Some comments on the review of Nimon and Broom on the welfare of farmed mink*. *Animal welfare*, 10:315-323.
85. **WATSON J.D., CRICK, F.H.**, 1953, *Nature* 171:137-1.

BIBLIOGRAFIE

86. **WILCKENS, M.** *Die Rinderrassen Mittel-Europas; Wilhelm Braumüller:* Wien, Austria, 1876.
87. **WILLEMART, J.P., TOUTAIN, P.,** 1977, *Croissance in „Le veau”,* Ed. Maloine, Paris
88. **WILSON, E.O.,** 1988. *Biodiversity.* National Academy Press.
89. **WOOLLIAMS J., TOROIN, M.,** *Chapter 3. What is genetic diversity?* In: *Utilization and conservation of farm animal genetic resources*, 2007. Editor. Kor Oldenbroek. Wageningen Academic Publishers.

*** Concepts in Growth and Development, http://animalbiosciences.uoguelph.ca/~swatland/ch8_1.htm

*** EU Biodiversity Strategy for 2030. *European Commission website.* European Union. Retrieved 25 May 2020.

*** FAO, 1999. The Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources, www.fao.org/dad-is

*** FAO, 2000 (a). Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS 2.0):<http://dad.fao.org/dad-is/home.htm>

*** OECD, 1996. *Saving Biological Diversity: Economic Incentives*, Paris.

*** slideplayer.com/slide/4373307/

*** www.slideshare.net/Anilkumar2120/mollecular-taxonomy

*** http://www.gesfokwaarden.eu/en/breedingvalues/pdf/E_09_EN.pdf

TUTORIELS ET CONTEXTE EN GÉNÉTIQUE (en anglais):

1. Introduction to heredity: <https://www.khanacademy.org/science/biology/classical-genetics/mendelian--genetics/v/introduction-to-heredity>
2. Heredity 2: <https://www.khanacademy.org/science/biology/classical-genetics/mendelian--genetics/v/punnett-square-fun>
3. Alleles and genes: <https://www.khanacademy.org/science/biology/gene-expression-central-dogma/central-dogma-transcription/v/alleles-and-genes>
4. Allele frequency: <https://www.khanacademy.org/science/biology/her/heredity-and-genetics/v/allele-frequency>
5. What are phenotypes? <https://www.youtube.com/watch?v=kLpr6t4-eLI>
6. Where do your genes come from? <https://www.youtube.com/watch?v=-Yg89GY61DE>

TUTORIELS ET CONTEXTE EN STATISTIQUES (en anglais):

1. Introduction: mean, median and mode:
<https://www.khanacademy.org/math/probability/data-distributions-a1/summarizing-center-distributions/v/statistics-intro-mean-median-and-mode>
2. Correlation and regression: https://www.youtube.com/watch?v=jmB_wK6iLCs
3. Variance rules for statistics: <https://www.youtube.com/watch?v=rsMGeseIDNg>
4. Rules to calculate covariances:
<https://www.youtube.com/watch?v=3Z2cngD54Qw>
5. Introduction to the normal distribution:
<https://www.khanacademy.org/math/statistics-probability/modeling-distributions-of-data/normal-distributions-library/v/introduction-to-the-normal-distribution>

TUTORIELS - AMÉLIORATION ANIMALE (en anglais):

1. Why Animal Breeding?
https://www.youtube.com/watch?time_continue=4&v=wbLTe_1bKVE
2. The Seven Steps of a Breeding Program -
<https://www.youtube.com/watch?v=b3r30EZc3IM>
3. The Value of Information in Animal Breeding
<https://www.youtube.com/watch?v=tffqHe8q4eY>
4. The Concept of Inbreeding
https://www.youtube.com/watch?time_continue=462&v=Fk4OpMZx0B4
5. Consequences of Inbreeding
https://www.youtube.com/watch?time_continue=280&v=7Eh21o0QLXM
6. Animation Inbreeding and Genetic Relationships
https://www.youtube.com/watch?time_continue=21&v=eRG3RSVIWIE
7. The Concept of Genetic Models
https://www.youtube.com/watch?time_continue=131&v=mN6VX4mx9z4
8. The Genotypic Value
https://www.youtube.com/watch?time_continue=19&v=FiIWZ4IDSH0
9. Heritability
https://www.youtube.com/watch?time_continue=295&v=dCkK7oil-0o
10. The Transmission Model
https://www.youtube.com/watch?time_continue=202&v=B7PJBn1uG8
11. Permanent and Common Environment
https://www.youtube.com/watch?time_continue=73&v=_3CiIGNx6ks
12. Breeding Values – Genetic Concept
https://www.youtube.com/watch?v=qqJN0t_8PeI

BIBLIOGRAFIE

13. Estimating Breeding Values and Predicted Performance
https://www.youtube.com/watch?time_continue=4&v=MB7WBeF41fw
14. Using Genomic Information
https://www.youtube.com/watch?time_continue=1&v=MTN3tfBiF74
15. Animation Estimated Breeding Value
https://www.youtube.com/watch?v=X3fQ3__FLEE
16. Video: Calculating Genetic Gain
<https://www.youtube.com/watch?v=Sx7JWz0FD54>
17. Mating
<https://www.youtube.com/watch?v=05DDmOlzBqs>
18. Inbreeding at the Population Level
https://www.youtube.com/watch?time_continue=1&v=hJh491hBUjg

TABLE DES MATIÈRES

PREMIER PARTIE L'ÉLEVAGE	9
I.1. COMMENCER SUR L'ÉLEVAGE	11
1.1. Définition, objet et importance de l'étude de l'élevage	11
1.1.1. <i>L'objet de l'élevage</i>	12
1.1.2. <i>L'importance de l'élevage d'animaux</i>	12
1.2. L'évolution historique de l'élevage	13
1.2.1. <i>Interférences culturelles, religieuses et mythiques</i>	13
1.2.2. <i>Dynamique et évolution de l'élevage</i>	14
1.3. Questions clés en élevage	17
I.2. ORIGINE ET DOMESTICATION DES ANIMAUX	18
2.1. L'origine de la vie	18
2.2. Origine des animaux domestiques	21
2.3. Domestication des animaux	22
2.3.1. <i>Les centres de la domestication</i>	23
2.3.2. <i>Les étapes et les facteurs de la domestication</i>	26
2.4. Des changements surgis par suite de la domestication	27
2.4.1. <i>Des changements morphologiques</i>	27
2.3.3. <i>Des changements physiologiques et productifs</i>	29
2.4.2. <i>Succès et effets indésirables de la domestication</i>	30
2.4.3. <i>L'influence de la domestication sur la société</i>	33
2.5. Aspects clés de l'origine de la vie animale et de la domestication	34
I.3. SYSTEMATIQUE ZOOTECHNIQUE ET ACCLIMATATION	35
3.1. Le début de la taxonomie	35
3.2. La systématique zootechnique déterminant la structure et la classification des populations	36
3.2.1. Les critères de la systématique zootechnique	37
3.2.2. <i>L'ontogénie des populations</i>	39
3.3. Le concept d'espèce	41
3.3.1. <i>Les caractères d'espèce</i>	42
3.4. Le concept de race	44
3.4.1. <i>La formation des races</i>	45
3.5. Les caractères raciaux	47
3.5.1. <i>Les caractères morphologiques</i>	47
3.5.2. <i>Les caractères physiologiques, productifs et reproductifs</i>	50
3.5.3. <i>Les caractères statistiques populationnels</i>	51
3.6. Standard de race	52

TABLE DES MATIÈRES

3.7. La structure interne des races	53
3.8. La classification des races	55
3.9. Adaptation et acclimatation des races	58
3.9.1. La capacité d'acclimatation	60
3.9.2. La crise d'acclimatation.....	62
3.10. La dégénérescence des races.....	66
3.11. Aspects clés de la systématique de l'élevage	68
I.4. CARACTÉRISTIQUES MORPHO-PHYSIOLOGIQUES ET PRODUCTIVES DES ANIMAUX DOMESTIQUES	69
4.1. L'évaluation de l'extérieur et le potentiel productif du cheptel	71
4.2. Marquage et identification des animaux	72
4.3. Méthodes utilisables d'évaluation de l'extérieur	72
4.3.1. Somatoscopie	73
4.3.2. La somatometrie (mesures corporelles)	73
4.3.3. La somatographie.....	75
4.4. Inspection de l'extérieur des animaux	77
4.4.1. L'inspection sommaire	77
4.4.2. L'inspection analytique.....	77
4.4.3. L'inspection de synthèse de l'extérieur	78
4.5. Analyse synthétique de l'extérieur	79
4.5.1. Développement corporel.....	79
4.5.2. Conformation des animaux	80
4.5.3. Le tempérament des animaux domestiques	90
4.5.4. La constitution des animaux domestiques.....	91
4.5.5. La condition corporelle des animaux.....	97
4.5.6. Le type productif.....	100
4.6. Facteurs de l'affaiblissement de la constitution	101
4.7. Aspects clés de la morphologie animale	103
I.5. CROISSANCE ET DÉVELOPPEMENT ANIMAUX	104
5.1. La base biologique de la croissance et du développement	106
5.2. Particularités de la croissance	106
5.3. Particularités du développement.....	108
5.4. Facteurs influençant la croissance et le développement	110
5.4.1. Facteurs internes.....	110
5.4.1. Facteurs externes.....	113

5.5. Manifestations phénotypiques en relation avec le milieu de vie.....	116
5.5.1 Influences dans la période intra-utérine.....	117
5.5.2. Influences sur l'allaitement.....	118
5.5.3. Influences juvéniles.....	119
5.5.4. Influences environnementales après la puberté.....	119
5.5.5. Influences survenues après avoir quitté la reine.....	120
5.6. Potentiel génétique, capacité de production et production réelle.....	120
5.6. Principaux enjeux de la croissance et du développement.....	122
I.6. BIODIVERSITÉ ET DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE	123
6.1. La biodiversité.....	124
6.1.1. Perte de biodiversité.....	124
6.2. Diversité zootechnique.....	126
6.2.1. Diversité inter et intra- raciale.....	127
6.2.2. L'origine des différences interraciales.....	127
6.2.3. L'origine des différences intra- raciales.....	128
6.3. Plan mondial de gestion des ressources génétiques de la FAO.....	129
6.2.4. Actualités et tendances sur la gestion de la diversité zootechnique ...	132
6.2.5. La valeur de la diversité zootechnique.....	134
6.2.6. Les avantages de la diversité zootechnique.....	136
6.4. Diversité génétique des animaux d'élevage.....	136
6.5. Diversité génétique chez le chien.....	137
6.6. Pratique néerlandaise dans la conservation des races indigènes.....	139
6.5.1. Préservation des races à taches blanches et rouges.....	141
6.7. Aspects clés de la biodiversité.....	142
SECOND PARTIE L'AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DES ANIMAUX	143
II.1. INTRODUCTION À L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX	145
1.1. Eléments de l'élevage: science et application.....	146
1.2. Sélection naturelle et artificielle.....	147
1.3. Origine de l'élevage: une histoire de la science.....	148
1.3.1. Le début du XVIIIe siècle.....	148
1.3.2. Etablissement des livres généalogiques.....	149
1.3.3. Création de races.....	150
1.3.4. Elevage au 19ème siècle.....	150
1.3.5. L'amélioration génétique des animaux au 20ème siècle.....	151
1.3.6. Introduction de l'ADN dans l'élevage animal.....	153
1.4. Elevage: lien avec les exigences sociétales.....	154
1.4.1. Élevage d'animaux et degré de développement du pays.....	154
1.4.2. Développements qui affectent l'amélioration génétique des animaux.....	154
1.4.3. Espèces impliquées dans la production alimentaire.....	155

TABLE DES MATIÈRES

1.5. Organisation d'activités d'élevage.....	156
1.5.1. Début de l'organisation des activités d'élevage.....	156
1.5.2. Organisation de l'élevage de nos jours.....	157
1.6. Élevage d'animaux et société moderne.....	158
1.6.1. Les défis de l'élevage pour l'avenir.....	159
1.7. Résultats de l'amélioration génétique des animaux.....	160
1.7.1. Résultats obtenus en élevage bovin.....	161
1.7.2. Résultats obtenus en élevage avicole.....	162
1.7.3. Résultats obtenus en élevage de chevaux.....	163
1.7.4. Résultats obtenus en élevage porcin.....	164
1.8. Les effets négatifs de l'élevage animal.....	164
1.8.1. Les effets négatifs dans l'élevage de chiens.....	165
1.8.2. Les effets négatifs de l'élevage chez les animaux de ferme.....	167
1.9. Principaux enjeux de l'élevage.....	169
II.2. LES BASES DE L'ÉLEVAGE DES ANIMAUX.....	170
2.1. Mise en place d'un programme d'élevage.....	172
2.1.1. Système de production.....	172
2.1.2. Objectif d'élevage.....	172
2.1.3. Collecte d'informations.....	172
2.1.4. Estimation de la valeur d'élevage et critères de sélection.....	173
2.1.5. Sélection et accouplement.....	173
2.1.6. Diffusion du gain génétique.....	173
2.1.7. Évaluation des résultats.....	174
2.2. Base génétique de l'élevage animal.....	174
2.2.1. Structure et composition des chromosomes.....	175
2.2.2. Le transfert des chromosomes et des gènes du parent à la progéniture.....	176
2.2.3. L'expression des gènes, de leurs allèles, dans le phénotype.....	177
2.2.4. Différences entre les descendants apparentés.....	180
2.2.5. Relation entre parents partageant un ADN similaire.....	180
2.3. Systèmes de production l'élevage.....	181
2.4. Caractéristiques qui font l'objet de la sélection animale.....	182
2.8. Questions clés dans les bases de l'élevage animal.....	184
II.3 L'OBJECTIF ÉLEVAGE.....	185
3.1. Défis pour l'élevage.....	187
3.1.1. Défis pour les besoins de la société humaine.....	187
3.1.2. Les défis de l'élevage en fonction du système de production.....	187
3.1.3. Les défis de l'élevage en petites populations.....	188

3.2 L'objectif d'élevage	189
3.2.1. <i>La mesure, la valeur et l'orientation des caractères sont incluses dans les objectifs de sélection</i>	190
3.2.3. <i>La complexité des objectifs de sélection</i>	190
3.2.4. Les catégories d'objectif d'élevage	192
3.2.5. <i>Pesée des caractères dans l'objectif de sélection</i>	193
3.4. Définition des objectifs de sélection à différents niveaux	196
Annexe II. Objectifs d'élevage chez les races laitières	198
Annexe III. Objectifs d'élevage de porcs	201
Annexe IV. Objectifs d'élevage des chevaux	203
Annexe V. Objectifs d'élevage pour l'agriculture villageoise en Éthiopie	207
Annexe VI. Méthodes d'élevage des meilleurs éleveurs de chiens	208
3.5. Les principaux problèmes liés aux raisons de garder les animaux déterminent l'objectif d'élevage	209

II.4. COLLECTE D'INFORMATIONS POUR LES DÉCISIONS D'ÉLEVAGE.... 209

4.1. Collecter des informations à partir du pedigree en élevage animal	211
4.1.2 <i>Un système d'identification unique pour les animaux est essentiel</i> ...	212
4.2. Collecte de phénotypes, de caractères monogéniques et polygéniques..	214
4.2.1. <i>Moyenne, variation, écart type et coefficient de variation</i>	215
4.2.2. <i>Distribution normale des mesures</i>	216
4.2.3. <i>Covariance et corrélation</i>	217
4.2.4. <i>Régression des valeurs phénotypiques</i>	218
4.2.5. <i>Erreurs de mesure</i>	219
4.2.6. <i>Fréquence des mesures</i>	220
4.2.7. <i>Mesures phénotypiques directes et indirectes</i>	221
4.2.8. Valeur des traits indicateurs	222
4.3. Valeur des informations des proches	222
4.3.1. <i>Information des ancêtres</i>	223
4.3.2. <i>Information sur l'animal lui-même</i>	223
4.3.3. <i>Information des frères et sœurs - groupes demi-frères ou complets</i>	223
4.3.4. <i>Combinaison de sources d'informations</i>	224
4.4. Les possibilités de l'analyse ADN	225
4.5. Utilisation / application de marqueurs ADN	226
4.5.1 <i>Contrôle de la filiation</i>	226
4.5.2 <i>Sélection génomique et assistée par marqueurs</i>	227
4.5.4. Sélection génomique	229
4.5.5. <i>Séquençage du génome entier</i>	230
4.6. Questions dans la collecte d'informations pour les décisions	231

TABLE DES MATIÈRES

II.5. LA CONSANGUINITE ET RELATION GENETIQUE ADDITIVE	232
5.1. Qu'est-ce que la diversité génétique?.....	234
5.2. Forces qui influencent la diversité génétique.....	236
5.3. Changement de diversité: consanguinité	236
5.3.1. Causes de la consanguinité.....	237
5.3.2. Consanguinité volontaire et consanguinité forcée.....	238
5.4.3. Dépression de consanguinité.....	239
5.4. Relation entre consanguinité et diversité génétique.....	240
5.5. Calcul de la consanguinité.....	240
5.6. Relation génétique additive	242
5.6.1. Calcul des relations additives.....	242
5.6.2. Calcul de la relation génétique additive à l'aide d'informations génomiques.....	244
5.7. Relation additive réalisée	245
5.8. Coefficient de consanguinité et relation additive.....	245
5.9. Relation génétique additive lorsque l'ancêtre commun est consanguin ...	247
5.10. Consanguinité au niveau de la population: le taux de consanguinité.....	249
5.11. Relation entre le taux de consanguinité et la taille de la population	252
5.12. Systèmes d'accouplement et consanguinité.....	253
5.12.1. Outcross pour réduire la consanguinité.....	255
5.13. Prédire le taux de consanguinité	255
5.14. Questions clés sur la diversité génétique et la consanguinité	258
II.7. HÉRITAGE DES CARACTÈRE MONOGÈNES	259
6.1. Calcul des fréquences alléliques.....	261
6.2. Equilibrium de Hardy et Weinberg.....	261
6.3. Effets aléatoires dans les accouplements.....	263
6.4. Aspects de la reproduction des gènes avec des effets importants	263
6.4.1. Double gène musclé.....	263
6.4.2. Gènes de protéines de lait	264
6.4.3. Gène de qualité de la viande	265
6.4.4. Gènes de fertilité	265
6.5. Gènes de couleur.....	265
6.4.2. Gènes de couleur chez les ruminants	267
6.4.3 Gènes de couleur chez les porcs.....	268
6.4.4 Couleurs de robe chez les chiens.....	268
6.4.5 Gènes de couleur chez la volaille	269
6.5. Aspects des caractères monogéniques ayant des effets négatifs	269
6.6. Test des parents pour les caractères monogéniques quand aucun marqueur génétique n'est disponible	271
6.7. La valeur des marqueurs génétiques dans le test des parents pour les défauts génétiques.....	272

6.8. Élimination des allèles récessifs pour les défauts génétiques avec des marqueurs génétiques	273
6.9. Principaux problèmes liés à l'hérédité des caractères monogéniques.....	275
II.7. MODÈLES GÉNÉTIQUES.....	276
7.1. Phénotype dans un modèle.....	278
7.2. Variation génétique monogénique	278
7.3. Variation génétique polygénique.....	279
7.4. Composants de la variance	281
7.5. Simplifier le modèle génétique.....	283
7.6. Nouvelle génération: modèle de transmission.....	283
7.7. Héritabilité.....	285
7.7.1. Restrictions aux estimations de l'héritabilité.....	286
7.7.2. L'estimation de l'héritabilité: régression parent-progéniture	288
7.7.3. Idées fausses sur l'héritabilité	289
7.8. Influences non génétiques: la variance due à un environnement commun.....	291
7.8.1 Importance de l'environnement commun	292
7.8.2 Exemples d'effets environnementaux courants.....	293
7.8.3 Cas particulier d'un effet environnemental commun: l'effet maternel.....	293
7.8.4. Un effet environnemental commun spécial: effet génétique social	295
7.9. Questions clés des modèles génétiques.....	297
II.8. CLASSEMENT DES ANIMAUX.....	298
8.1. Classement des animaux: un aperçu des méthodes.....	300
8.2. Plus en détail: estimation de la valeur génétique.....	300
8.3. Optimiser les informations phénotypiques.....	302
8.3.1. Les statistiques de supériorité phénotypique.....	303
8.4. Estimation de la valeur d'élevage: sélection de masse.....	304
8.4.1. EBV par observations répétées sur un seul animal.....	305
8.5. Estimation de la valeur d'élevage par valeurs phénotypiques obtenues à partir de multiples sources d'information	307
8.5.1. Calcul de la EBV par valeurs phénotypique d'un parent.....	307
8.5.2. Calcul de la EBV par valeurs phénotypique des deux parents.....	308
8.5.3. Calcul de la EBV par autres types de sources d'informations	308
8.5.4. Exemples d'estimation des valeurs d'amélioration génétique.....	310
8.6. Estimation de la valeur d'élevage: le modèle animal.....	312
8.6.1. Meilleure prédiction linéaire impartiale	314
8.7. Précision de la valeur d'élevage: le concept de base.....	315
8.8. Exactitude des valeurs d'amélioration génétique estimées.....	317
8.8.1: Effet des informations supplémentaires sur l'exactitude	319

TABLE DES MATIÈRES

8.8.2. Effet de précision (r_{IH}) sur EBV.....	319
8.8.3. Effets du nombre de descendants sur la précision (r_{IH}) de l'EBV.....	321
8.8.4. Optez pour l'EBV le plus élevé ou la plus haute précision?	322
8.8.5. Surpasser l'EBV et la précision du EBV	323
8.9. Sélection génomique.....	324
8.9.1 Principes de la sélection génomique.....	325
8.9.2. Composition de la population de référence	327
8.9.3. Précision de la sélection génomique.....	328
8.9.4. La taille de la population de référence	329
8.10. Questions clés sur le classement des animaux	331
II.9. PRÉVOIR LA RÉPONSE À LA SÉLECTION	332
9.1. L'amélioration génétique consiste à prédire l'avenir.....	334
9.1. Réponse à la sélection: un aperçu	335
9.3. Réponse génétique: le principe de base	337
9.4. Valeur de «R» dans la sélection de masse	339
9.5. Proportion sélectionnée et intensité de la sélection	341
9.6. Estimation de la réponse de sélection	343
9.6.1: Un exemple du calcul de ΔG pour le Cheval arabe.....	345
9.6.2. Un exemple du calcul de ΔG pour l'amélioration génétique de lapins	346
9.7. Intervalle de génération.....	347
9.8. Optimiser le gain génétique	350
9.9. Chemins de sélection.....	351
9.9.1: Amélioration génétique des bovins à viande.....	353
9.10. Chemins de sélection différenciée.....	354
9.10.1: Exemple de sélection différenciée chez les bovins laitiers.....	355
9.11. Intensité de sélection et taux de consanguinité.....	359
9.12. Sélection indirecte, basée sur les caractères indicateurs	360
9.12.1. Sélection indirecte dans la fourbure de la vache.....	362
9.13. Problèmes pratiques liés à la prédiction de la réponse à la sélection	363
9.14. Principaux problèmes liés à la prédiction de la réponse à la sélection...	366
II.10. SÉLECTION ET ACCOUPLEMENT	367
10.1. Critères de sélection et décisions d'accouplement.....	369
10.1.1. Relation entre la sélection des partenaires et la consanguinité.....	370
10.2. Accouplement compensateur	370
10.3. Contribution génétique à long terme	371
10.3.1: Exemple de contributions génétiques.....	373
10.3.2. Relation entre contribution génétique et consanguinité	375
10.3.3: Exemple de l'effet d'un bélier populaire sur la consanguinité.....	375

10.3.3. Exemple de l'effet d'un bélier populaire sur la consanguinité.....	375
10.4. Limites de reproduction	377
10.4.4. Limitations d'élevage et taux de consanguinité les chevaux Frison ...	377
10.5. Apports génétiques et survenue de troubles récessifs.....	378
10.5.1. Utilisation intensive d'un taureau pour la fréquence des défauts génétiques	380
10.6. Confirmation de la parentalité.....	381
10.7. Questions clés sur la sélection et la consanguinité.....	383
II.11. CROISEMENT D'ANIMAUX.....	384
11.1. Définitions d'une race	386
11.2. Hétérosis	387
11.3. Le fond génétique de l'hétérosis.....	387
11.4 Effets de l'hétérosis.....	388
11.5. Motivation pour le croisement.....	389
11.6. Les différents systèmes de croisement et leur applicabilité.....	391
11.6.1. Croisement interspécifiques.....	392
11.6.2. Introgression.....	393
11.6.3. Transformation croisée	393
11.6.4. Croisement bidirectionnel.....	394
11.6.5. Croix à trois voies.....	394
11.6.6. Croix à quatre voies	395
11.6.7. Rotation bidirectionnelle (entrecroisée)	396
11.6.8. Rotation à trois voies (entrecroisée)	397
11.6.9. Créer une race synthétique.....	397
11.7. Problèmes clés sur les croisements	398
II. 12. STRUCTURE DU SYSTÈME D'AMÉLIORATION	399
12.1. Progrès génétique dans le système de sélection	401
12.1.1. Elevage de race pure - élevage par sélection	401
12.1.2. Amélioration des croisements.....	402
12.2. Types structurels de systèmes d'amélioration	403
12.3. Systèmes d'amélioration avec une structure horizontale	404
12.3.1. Exemple de programme d'amélioration horizontale	405
12.4. Systèmes d'élevage avec noyau de sélection	407
12.4.1. Programme d'amélioration du CRV grâce à des systèmes d'amélioration de base ouverts	408
12.4.2. Programme d'amélioration du CRV par sélection génomique	413
12.5. Systèmes d'amélioration avec une structure pyramidale	415
12.6. Éléments essentiels des programmes de sélection.....	418

II.13. ÉVALUATION DU PROGRAMME D'AMÉLIORATION	419
13.1. Quantifier le progrès génétique	421
13.2. Tendances génétiques	422
13.3. Facteurs influençant le progrès génétique	423
13.3.1. Tester des hypothèses pour évaluer le progrès génétique	423
13.4. Limites de sélection	425
13.4.1. La pression de la sélection naturelle sur le potentiel génétique.....	425
13.4.2. Effets environnementaux sur l'expression du potentiel génétique ..	426
13.5. Actions au programme de sélection sur réponse de sélection	428
13.6. Interaction génotype-environnement (G x E).....	429
13.6.1. Les locaux générés par l'environnement	430
13.6.2. Conséquences de l'interaction sur les programmes de sélection ...	432
13.6.3. La réponse génétiquement corrélée	434
13.6.4. Le rôle de l'environnement.....	438
13.6.5. Preuve du modèle d'allocation des ressources.....	439
13.6.6. Corrélations et interactions génotype-environnement.....	440
13.7. Solutions pour contrer les corrélations indésirables	440
13.8. Attentes et tendances d'amélioration.....	442
13.9. Équilibre entre progrès et diversité génétique	443
13.10. Questions clés de l'évaluation du programme d'amélioration.....	445
II.14. ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ ZOOTECHNIQUE	446
14.1. Diversité génétique	448
14.2. Utilisation des pedigrees pour mesurer la diversité génétique	449
14.3. Mesurer la diversité génétique à l'aide d'informations ADN	450
14.3.1. Modèles pour quantifier la diversité dans tout le génome.....	451
14.4. Surveillance de la taille de la population et du taux de consanguinité	456
14.4.1. Taille de la population	456
14.4.2. La population idéale	457
14.4.3. Suivi de la consanguinité dans le programme de sélection	457
14.4.4. Taux de consanguinité accepté	458
14.4.6. Suivi du taux de consanguinité	459
14.4.7. Le lien entre la relation génétique additive et la consanguinité	460
14.5. Prévention de la consanguinité	462
14.5.1. Augmentation de la taille de la population.....	462
14.6.2. Restreindre le nombre de descendants / parents	464
14.6.3. Schémas et méthodes de contrôle et de gestion de la parenté.....	465
14.7. Aspects clés de la diversité génétique	467

Tipar executat la Tipografia AGROPRINT
a Universității de Științe Agricole și Medicină Veterinară a Banatului „*Regele
Mihai I al României*” din Timișoara, Calea Aradului, Nr. 119, 300645 Timișoara