

Premiers pas vers une évaluation génétique européenne de la race Limousine

First steps towards a European joint genetic evaluation of the Limousine breed

E. VENOT (1), T. PABIOU (2), D. LALOË (1), B. WICKHAM (2), M.N. FOUILLOUX (3), L. JOURNAUX (3), G. RENAND (1)

(1) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée, Domaine de Vilvert - 78352 Jouy-en-Josas Cedex

(2) ICBF, Highfield House, Shinagh, Bandon - County Cork - Irlande.

(3) Institut de l'Élevage, Département Génétique, 149 rue Bercy - 75595 PARIS Cedex 12

INTRODUCTION

Les échanges internationaux d'animaux, de semences ou d'embryons congelés de races allaitantes se sont multipliés ces dernières décennies. L'Irlande, la France et le Luxembourg disposent désormais d'un matériel génétique commun permettant d'envisager une évaluation génétique conjointe de leurs reproducteurs et donc d'augmenter leurs gammes de choix de reproducteurs. Cet article présente l'estimation des paramètres génétiques du poids au sevrage (PS) entre ces pays pour la race Limousine, étape préliminaire à une évaluation génétique européenne.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. STRUCTURE DES DONNEES ET ECHANTILLONNAGE

Seuls les animaux de race pure Limousine pesés entre 1986 et 2005 sont considérés dans cette étude (tableau 1).

Tableau 1 : description des données (écart type)

	Irlande	Luxembourg	France
Nombre (nb) de PS	7040	13175	1439088
PS moyen pour les mâles	272 (42)	270 (36)	268 (39)
et pour les femelles	245 (38)	243 (36)	242 (32)
% de males	55,6	51,2	51,3
Nb de troupeaux (trp)	346	76	5620
Médiane [min,max] du nb :			
- de camp. de nais. par trp	2 [1,18]	5 [1,17]	7 [1,33]
- de PS par troupeau	6 [1,440]	29 [1,1750]	110 [1,3317]
Médiane du nombre de veaux par mère	1	3	3

Les poids au sevrage sont ajustés à 200 jours en Irlande et 210 jours au Luxembourg et en France. La population irlandaise se différencie des deux autres par : une plus grande proportion de mâles pesés, un nombre réduit de campagnes et de performances par troupeau, ainsi qu'un faible nombre de veaux pesés par mère.

Un échantillonnage des données a du être réalisé pour permettre l'estimation des paramètres génétiques : seules les données des élevages irlandais et luxembourgeois avec au moins 7 campagnes de naissance et plus d'une performance ont été conservées. Pour limiter le nombre de performances françaises, seuls les élevages français utilisant le plus large échantillon de taureaux également utilisés en Irlande (ou au Luxembourg) ont été sélectionnés.

1.2. CONNEXION

La connexion entre pays est un point essentiel pour assurer la fiabilité de l'estimation des paramètres génétiques. 37 % des veaux irlandais limousins de race pure sont des descendants de taureaux français aussi utilisés en France (32 % pour le Luxembourg). Ces liens génétiques directs entre pays assurent donc une connexion satisfaisante entre les différentes populations.

1.3 METHODE D'ESTIMATION DES PARAMETRES GENETIQUES

Le modèle statistique utilisé est équivalent à un modèle animal multicaractère avec effets maternels direct et permanent (Phocas *et al.*, 2005). Il permet de prendre en compte les différentes hétérogénéités de variance ainsi que les corrélations génétiques entre pays.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

Les estimations des paramètres génétiques entre France - Irlande et France - Luxembourg (tableau 2) montrent une grande hétérogénéité des composantes de la variance entre l'Irlande et les deux autres pays. La structure particulière des données irlandaises rend difficile l'estimation des composantes maternelles de la variance de ce pays.

Les valeurs des corrélations génétiques directe et maternelle entre la France et l'Irlande sont très proches de l'unité : aucune interaction Génotype x Pays n'est donc à considérer entre ces deux pays.

Les estimations luxembourgeoises sont plus proches des valeurs françaises. La valeur de la corrélation génétique directe entre ces deux pays est élevée, à l'inverse de la faible corrélation maternelle. Des reclassements de taureaux entre la France et le Luxembourg sont possibles, plus particulièrement pour leurs valeurs génétiques maternelles.

Tableau 2 : estimations des paramètres génétiques (écart type)

	France	Irlande	France	Luxembourg
Nombre de perf.	18360	2902	9975	9595
Variance:				
- phénotypique	754 (11)	1101 (34)	779 (14)	891 (16)
- génétique directe	218 (19)	158 (54)	206 (30)	200 (35)
- génétique maternelle	58 (10)	37 (31)	89 (22)	73 (24)
- d'environnement permanent	43 (8)	126 (34)	67 (13)	71 (15)
- résiduelle	435 (12)	780 (42)	474 (19)	591 (22)
r_{dm}^*	0**	0**	-0,41(0,11)	-0,36(0,14)
h_d^2	0,29 (0,02)	0,14 (0,04)	0,26 (0,04)	0,22 (0,04)
h_m^2	0,08 (0,01)	0,03 (0,03)	0,11 (0,03)	0,08 (0,03)
c^2	0,06 (0,01)	0,11 (0,03)	0,09 (0,02)	0,08 (0,02)
$r_{dFra-d2}^*$		1 (0,15)		0,78 (0,18)
$r_{mFra-m2}^*$		0,98**		0,12 (0,43)
$r_{dFra-m2}^*$		0**		- 0,09 (0,31)
$r_{mFra-d2}^*$		0**		0,05 (0,31)

(* r_{dm} la corrélation génétique entre les effets direct et maternel, h_d^2 les héritabilités directe et maternelle, c^2 la part de la variance d'environnement permanent maternel dans la variance phénotypique, les corrélations génétiques entre les effets direct ou maternel français et ceux du second pays (exemple: $r_{dFra-m2}$) ;

** ces valeurs ont du être fixées pour obtenir la convergence)

CONCLUSION

Tous les éléments nécessaires à la première évaluation génétique européenne de la race Limousine sont désormais disponibles.

Phocas F., Donoghue K., Graser H.U., 2005. *Genet Sel Evol*, 37, 361-380