

La corrélation génétique entre effets directs et effets sociaux peut-elle varier du fait de la sélection ?

Une étude par simulation

Alexandre M. MARTIN (1), Ingrid DAVID (1), Denis REALE (2), Dany GARANT (3), Laurianne CANARIO (1)

(1) GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, ENVT, 31320 Castanet-Tolosan, France

(2) Département des Sciences Biologiques, UQAM, H3C 3P8 Montréal, Qc, Canada

(3) Département de biologie, Université de Sherbrooke, J1K 2R1 Sherbrooke, Qc, Canada

alexandre.martin@inra.fr

Does the genetic correlation between direct and social effects vary due to selection? A simulation study

Quantitative genetics is based on studying phenotypes of related individuals expressed as the sum of genotypes and the environment. However, the social environment can also influence individuals' phenotype when, for instance, individuals have social interactions that involve heritable behaviours. An individual's performance depends on its group mates. Selection for individual performance maximises individual results but not necessarily those of the group. The heritable influence of an individual on another individual's phenotype is a social genetic effect (SGE) and is additional to the effects of its own genes on its own phenotype (the classic direct genetic effects, DGE). The DGE and SGE are thus two sources of genetic variation that should be accounted for in breeding systems in which animals live in groups. Considering SGE in breeding programs for traits that depend on social interactions is expected to i) increase genetic progress by improving estimates of the genetic compound and increasing the accuracy of genetic values and indices of selection, and ii) improve welfare issues by selecting individuals based on their direct effects plus the effects on the mean phenotype of their group mates. Moreover, experimental studies in evolutionary biology showed that (co)variances between traits can vary over time in selected populations. This project focuses on trends in genetic correlation between DGE and SGE that can impact selection response. A model simulating genetic selection was developed to explore the ability of breeding programs that target socially affected traits to influence the covariance between DGE and SGE. The simulation model is running and will yield predictions in a few months.

INTRODUCTION

La génétique quantitative se base sur l'étude des phénotypes d'individus apparentés en les exprimant comme la somme du génotype et de l'environnement (Falconer et Mackay, 1996). Mais cette modélisation ne permet pas de prendre en compte les effets de l'environnement social quand celui-ci fait intervenir des interactions sociales entre individus via des comportements héréditaires (Griffing, 1967). En effet, la performance d'un individu dépend de ses partenaires de groupe. L'influence héréditaire d'un individu sur le phénotype d'un autre individu s'appelle un effet génétique social (EGS) et est additionnelle aux effets de ses gènes sur son propre phénotype (les effets génétiques directs, EGD, classiquement étudiés). Les EGD et EGS sont donc deux sources de variation génétique qui doivent être considérées pour calculer correctement le progrès génétique en tenant compte de la composition du groupe dans lesquels vivent les porcs et de leur apparentement (Bijma *et al.*, 2007).

Prendre en compte des EGS dans les programmes d'accouplement permettrait 1) d'améliorer le progrès génétique en améliorant l'estimation de la composante héréditaire des caractères et la précision des valeurs génétiques et des indices de sélection (Bergsma *et al.*, 2008), et 2) de limiter les problèmes de bien-être en sélectionnant les individus selon leurs effets sur le phénotype moyen des

animaux avec lesquels ils partagent l'environnement (Ellen *et al.*, 2014). Prendre en compte des EGS dans le modèle d'évaluation d'un caractère qui dépend d'effets sociaux consiste à intégrer dans un indice la valeur génétique estimée pour les EGD et celles estimée pour les EGS pondérées par le nombre de partenaires de groupe de l'individu étudié (Canario *et al.*, 2010). La corrélation entre EGD et EGS peut potentiellement influencer le résultat de la sélection. Si elle est fortement négative et ignorée dans les programmes d'amélioration génétique, cette corrélation peut mener au cas extrême d'une réponse à la sélection qui soit inverse à la réponse attendue. Puisque le phénotype d'un individu résulte des EGS des individus avec qui il vit, le nombre d'individus dans le groupe peut également influencer la réponse à la sélection (Bijma *et al.*, 2007 ; Bijma, 2010).

Nous avons développé un programme de simulation de sélection génétique qui permet d'explorer si les schémas génétiques qui visent à améliorer des caractères affectés par des interactions sociales peuvent induire des changements au cours du temps dans la corrélation entre EGD et EGS. Ces simulations permettront de tester si et comment les paramètres génétiques de ces caractères peuvent changer en réponse à la sélection et en fonction de la taille de groupe. L'objectif est de savoir si le fait d'inclure les EGS dans les programmes de sélection peut améliorer la production et le bien-être des porcs en groupe à long terme.

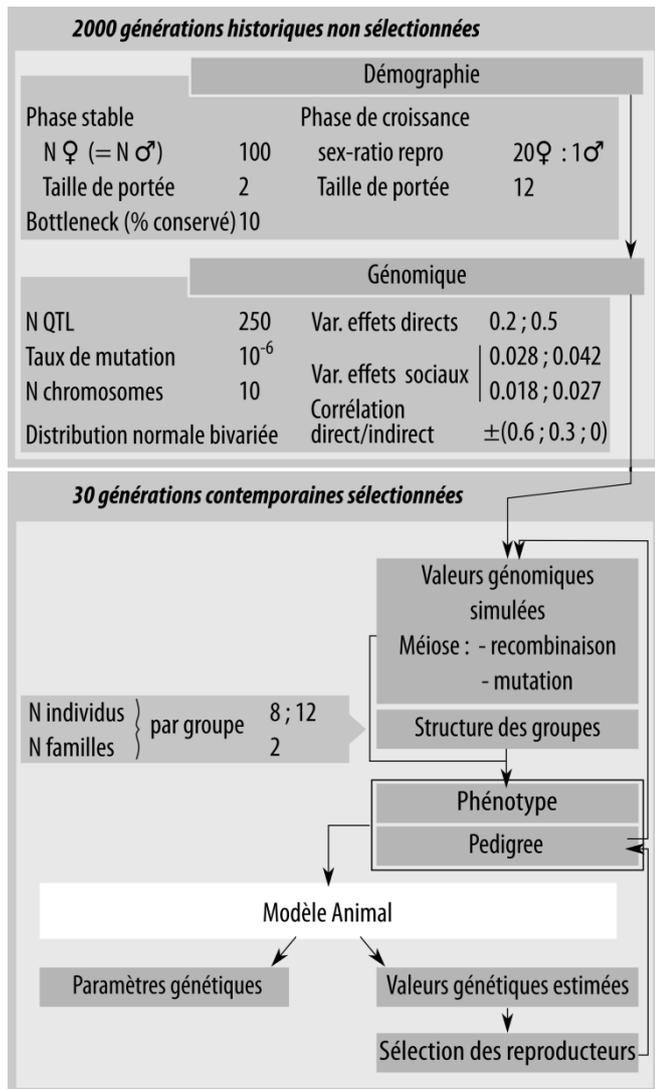


Figure 1 – Représentation du programme de simulation.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. Modélisation d'un caractère affecté par des interactions sociales

La performance d'un individu s'exprime comme la somme d'effets génétiques et environnementaux. Dans un groupe les effets génétiques incluent une composante directe et une composante sociale. Dans cette simulation nous avons considéré un modèle animal de la forme :

$$y = \mu + \text{Direct} + \text{Social} + \text{groupe} + e$$

où les effets aléatoires directs et sociaux sont liés par une structure de covariance. L'effet aléatoire du groupe n'est pas lié aux effets génétiques.

1.2. Démarche de simulation

Les combinaisons des paramètres génétiques et de différentes tailles de groupe portent à 40 le nombre de populations simulées (figure 1 pour détails). Les paramètres génétiques couvrent une large gamme de valeurs pour ne pas restreindre la généralisation des résultats à un phénotype particulier. Pour chaque population, la première phase consiste à simuler l'évolution du génome au cours de 2000 générations afin d'établir la structure génétique de la population fondatrice sur laquelle la sélection sera exercée. Pour des raisons de simplification et de rapidité du programme, le génome est constitué de 10 chromosomes sur lesquels sont répartis 250 QTL ayant une influence sur les EGD et/ou les EGS. La deuxième phase consiste à simuler pour 30 générations le cycle de vie des porcs selon la séquence suivante : i) production des descendants, ii) élevage, iii) sélection. Les descendants sont produits par la fusion des gamètes mâles et femelles, et le programme intègre les processus de création de diversité génétique. L'élevage consiste en la simulation du phénotype des individus qui vivent en groupes. La sélection combine des critères non génétiques pour mimer les réformes (pour cause de maladie ou conformation par exemple) et des critères génétiques sur la base de la combinaison des effets génétiques directs et des effets génétiques sociaux estimés pour chaque individu. Chacune des 40 populations est caractérisée par une combinaison unique de paramètres génétiques, mais toutes sont soumises à la même pression de sélection.

2. PERSPECTIVES

La programmation est terminée. Les simulations sont en cours. Les résultats seront analysés pour quantifier l'amélioration génétique réalisée en réponse à 30 générations de sélection. Il sera ainsi possible de savoir si des valeurs de paramètres génétiques particulières sont plus susceptibles que d'autres de donner une réponse marquée à la sélection sur des caractères affectés par des interactions sociales. Les résultats de ce travail permettront de mieux estimer si l'inclusion des EGS dans les schémas génétiques permet d'améliorer à la fois la production pour répondre aux impératifs économiques et le bien-être des porcs en groupes pour répondre aux exigences d'ordre éthique des consommateurs. Ils devraient permettre aussi de mieux estimer sur quelle échelle de temps la filière devra s'attendre à travailler pour observer ces améliorations.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Bergsma R., Kanis E., Knol E.F., Bijma P., 2008. The contribution of social effects to heritable variation in finishing traits of domestic pigs (*Sus scrofa*). *Genetics*, 178, 1559–70.
- Bijma P., 2010. Multilevel selection 4: modeling the relationship of indirect genetic effects and group size. *Genetics*, 186, 1029–1031.
- Bijma P., Muir W.M., Van Arendonk J.A.M., 2007. Multilevel selection 1: Quantitative genetics of inheritance and response to selection. *Genetics* 175, 277–288.
- Canario L., Rydhmer L., Roehe R., Lundeheim N., Lawrence A.B., Knol E., Bergsma R., Turner S., 2010. Compétition ou coopération pour la croissance : relations génétiques avec l'agressivité des porcs élevés en groupe. *Journées Rech. Porcine*, 42, 155-160.
- Ellen E.D., Rodenburg T.B., Albers G.A.A., Bolhuis J.E., Camerlink I., Duijvesteijn N., Knol E.F., Muir W.M., Peeters K., Reimert I., Sell-Kubiak E., van Arendonk J.A.M., Visscher J., Bijma P., 2014. The prospects of selection for social genetic effects to improve welfare and productivity in livestock. *Front. Genet.*, 5, 1–14.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C., 1996. *Introduction to quantitative genetics*. Longman: 4th edn. Harlow, UK, 464 p.
- Griffing B., 1967. Selection in reference to biological groups I. Individual and group selection applied to populations of unordered groups. *Aust. J. Biol. Sci.*, 20, 127–139.