

NOTE SUR LE PROTOCOLE DE COMPARAISON DE LIGNEES MALES SPECIALISEES CHEZ LE PORC

P. SELLIER (*)

*I.N.R.A. - Station de Génétique quantitative et appliquée
C.N.R.Z. - 78 - Jouy-en-Josas*

Le schéma de croisement appelé à se généraliser dans l'espèce porcine est un croisement à double étage : les produits terminaux sont issus du croisement entre une truie croisée, de type Landrace x Large White dans la grande majorité des cas, et un verrat d'une lignée mâle spécialisée. L'expression "Lignée mâle" est prise ici dans un sens très large : le verrat spécialisé (dit verrat C) peut être de race pure ou provenir lui-même d'un croisement ou encore appartenir à une population synthétique de création plus ou moins récente.

Comme le note RUNAVOT (1971), un grand nombre de types génétiques seront bientôt proposés comme lignées mâles sur le marché français et leur intérêt zootechnique ne peut être évalué qu'expérimentalement.

Nous nous proposons de donner des éléments de réponse à la question suivante : quels effectifs faut-il prévoir dans le dispositif expérimental pour avoir une probabilité raisonnable de mettre en évidence des différences significatives entre lignées ?

1°/ POSITION DU PROBLEME

Les mâles d'une lignée spécialisée C devant être utilisés, pour la production de porcs d'abattage, en croisement avec des truies AB, le meilleur critère d'évaluation de cette lignée pour un caractère donné est la valeur des produits croisés C x AB. La performance propre de cette lignée ne donne qu'une idée imparfaite de sa valeur en croisement, sauf s'il s'agit d'un caractère hautement héritable. Pour la mise en place d'un protocole de comparaison entre lignées mâles, on peut se contenter de calculer la taille Y des échantillons de descendants croisés à mesurer. En fait, la seule détermination de Y ne spécifie pas complètement le dispositif expérimental : elle ne donne aucune indication sur le plan d'accouplement à réaliser pour obtenir l'échantillon de taille Y. On peut seulement recommander d'utiliser le plus grand nombre possible de pères dans chaque lignée, sans qu'il soit possible de se fixer un nombre minimum.

Pour arriver à une solution plus précise du problème, il est préférable de déterminer l'effectif des verrats de chaque lignée à contrôler sur un nombre donné de descendants. Cette seconde approche est d'ailleurs beaucoup plus satisfaisante sur le plan statistique. Comme le préconisent COMSTOCK et WINTERS (1942) dans une situation identique, l'estimation la plus valide de l'écart-type de la différence entre deux lignées et du nombre de degrés de liberté à utiliser dans le test est obtenue en considérant comme unité expérimentale non pas la performance individuelle d'un descendant mais la valeur génétique d'un verrat-père ou plus précisément son aptitude spécifique à la combinaison avec le matériel femelle utilisé. L'échantillonnage primaire porte en effet sur les verrats représentant les lignées à évaluer et l'augmentation du nombre de descendants mesurés par verrat n'a pour conséquence que d'améliorer la précision de l'estimation des valeurs génétiques. Comparer des lignées mâles revient donc à comparer des échantillons de valeurs génétiques de verrats, estimées par des moyennes de descendance.

2°/ SOLUTION GENERALE DANS LE CAS DE LA COMPARAISON DE DEUX LIGNEES

a) Remarque préalable :

Les lignées mâles à évaluer sont des populations de structure génétique très diverse et par ailleurs la mesure de la valeur génétique des verrats de ces lignées est basée sur leur descendance croisée. La validité de l'application à une telle situation des formules prédictives classiquement utilisées en génétique quantitative pose un problème ; ainsi le paramètre h^2 utilisé plus loin n'est pas une héritabilité au sens strict. Nous sommes donc

(*) Avec la collaboration technique de Nathalie BOUTLER et D. TASTU.

amenés à faire l'hypothèse que les populations croisées qui nous occupent présentent des paramètres phénotypiques et génétiques de même ordre de grandeur et des relations entre ces paramètres de même nature que les races pures. Un certain nombre d'études récentes nous autorisent à penser que cette hypothèse peut être supposée vérifiée pour les caractères d'héritabilité moyenne ou élevée concernés ici.

b) Méthode de résolution :

Nous nous plaçons dans le cas simple de la comparaison, pour un caractère donné, de deux lignées, notées 1 et 2, la comparaison étant effectuée à l'aide du test t. Dans chaque lignée, N verrats sont utilisés et un plan d'accouplement hiérarchique équilibré est appliqué pour le contrôle de leur descendance croisée : chaque verrat est accouplé à m truies non apparentées et n individus sont mesurés dans chaque portée. Les variables X_{1i} et X_{2j} , supposées normales, désignent la performance moyenne des mn descendants du i^e verrat de la lignée 1 et du j^e verrat de la lignée 2, respectivement. Nous supposons qu'il n'y a aucune cause de variation entre ces moyennes de descendance, autre que les différences entre pères, ce qui implique que le modèle d'analyse des données inclut, outre l'effet "père", des facteurs de variation tels que l'effet "sexe", l'effet "station-bande", éventuellement l'effet "date d'abattage" (pour les données de qualité de viande), l'effet "race de la mère" (si les truies utilisées pour le contrôle de descendance sont de plusieurs types génétiques) etc...

L'expérience nous fournit donc 2 N moyennes de descendance, c'est-à-dire 2 N estimées d'effet père :

pour la lignée 1, $X_{11}, X_{12}, \dots, X_{1i}, \dots, X_{1N}$, de moyenne \bar{X}_1

pour la lignée 2, $X_{21}, X_{22}, \dots, X_{2j}, \dots, X_{2N}$, de moyenne \bar{X}_2

Désignons par s^2 la variance phénotypique du caractère dans les populations croisées correspondantes. La variance des moyennes de descendance des verrats d'une lignée est :

$$V = K s^2$$

avec
$$K = \frac{1}{4} h^2 + \frac{1 + \frac{1}{4} h^2 (n-2) + c^2 (n-1)}{mn}$$

m et n comme définis précédemment

h^2 : héritabilité du caractère (intra-race)

c^2 : proportion de la variance due aux effets de portée.

le premier terme de K correspond à la variance due aux pères.

le second terme correspond à la variance d'échantillonnage.

En faisant l'hypothèse de l'indépendance des variables \bar{X}_1 et \bar{X}_2 et de l'égalité des variances de X_{1i} et X_{2j} , on a :

$$\text{var} (\bar{X}_1 - \bar{X}_2) = \frac{2V}{N} = \frac{2Ks^2}{N}$$

Si m_1 et m_2 désignent les espérances de \bar{X}_1 et \bar{X}_2 , l'hypothèse $m_1 = m_2$, opposée à $m_1 \neq m_2$, est rejetée au niveau de probabilité α si :

$$|\bar{X}_1 - \bar{X}_2| > t \frac{2K}{N} s \quad \text{avec un } t \text{ à } 2(N-1) \text{ degrés de liberté.}$$

Nous nous proposons ici de résoudre le problème inverse, à savoir évaluer le nombre minimum N de verrats à contrôler sur descendance pour que la différence vraie entre les lignées étant $m_1 - m_2 = d$, la probabilité de trouver, au niveau α , un résultat significatif soit égale à P.

La résolution d'un problème de ce type comporte d'abord le calcul de :

$$N_1 = \frac{2V}{d^2} (Z_a + Z_b)^2 = 2K \left(\frac{s}{d}\right)^2 (Z_a + Z_b)^2$$

où Z_a et Z_b sont des paramètres dépendant respectivement du niveau du test et de la probabilité P, dite puissance du test. Leur valeur, lue dans la table de t, dépend de N_1 et en toute rigueur, la valeur exacte de N doit être recherchée par approximations successives. La solution approchée que proposent SNEDECOR et COCHRAN (1967) pour le calcul de N a été appliquée ici.

30/ APPLICATIONS NUMERIQUES (Cas de deux lignées)

Elles sont présentées graphiquement.

a) Détermination de N :

La figure 1 donne les valeurs de K pour différentes valeurs de h^2 et de m ; pour établir ces courbes, on a supposé que n est toujours égal à 2 et que la proportion de la variance due aux effets de portée est négligeable (les variations du paramètre c^2 affecte d'ailleurs très peu la valeur de K).

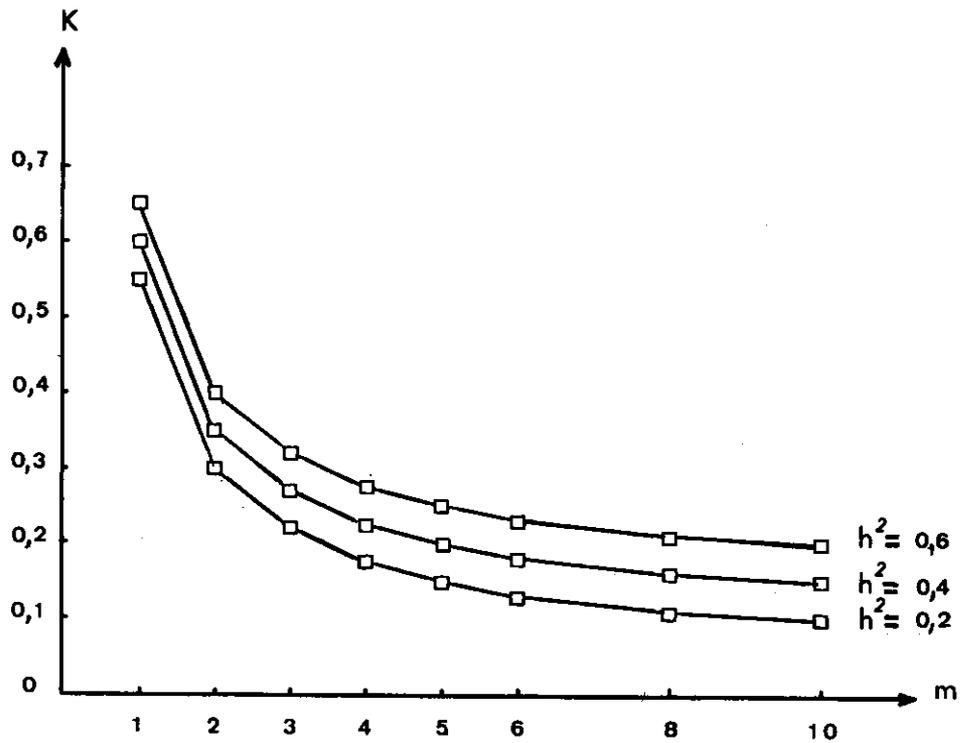


FIGURE 1 - Variations de K en fonction de m et h^2 (avec $n = 2$, $c^2 = 0$).

La figure 2 donne, en fonction de K et de $\frac{d}{s}$, les valeurs à donner à N pour que la puissance du test t , au seuil $\alpha = 5\%$, soit respectivement de 0,80 (figure 2 a) et 0,95 (figure 2 b). La valeur 0,80 est la plus couramment utilisée dans ce type de calcul ; les chiffres correspondant à $P = 0,95$ sont plutôt donnés à titre indicatif pour avoir une idée sur le nombre de verrats qu'il n'est pas utile de dépasser dans une situation donnée.

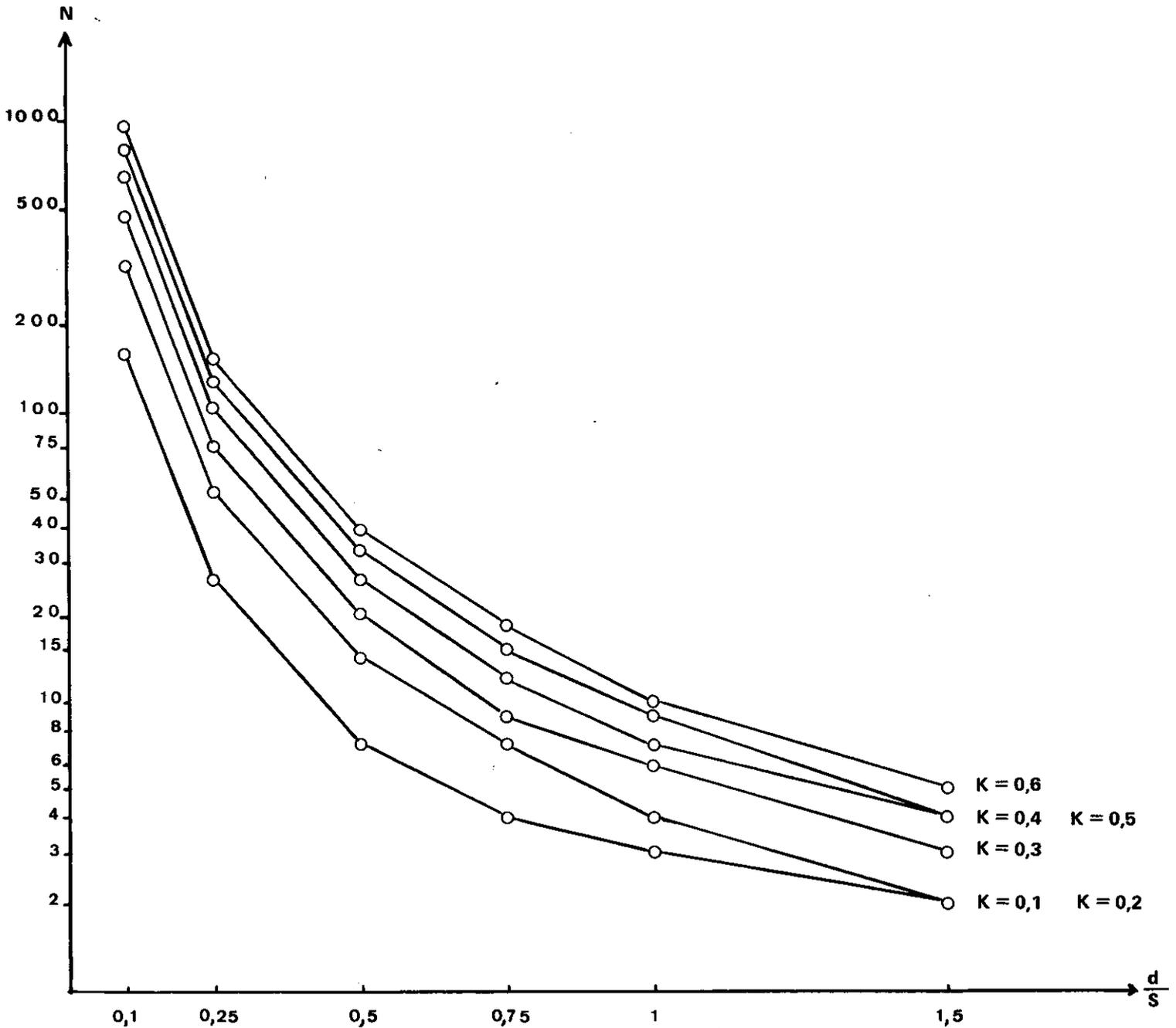


FIGURE 2 a - Variations de N en fonction de $\frac{d}{s}$ et de K pour $P = 0,80$ et $\alpha = 0,05$.
(Une échelle logarithmique a été adoptée sur l'axe des ordonnées).

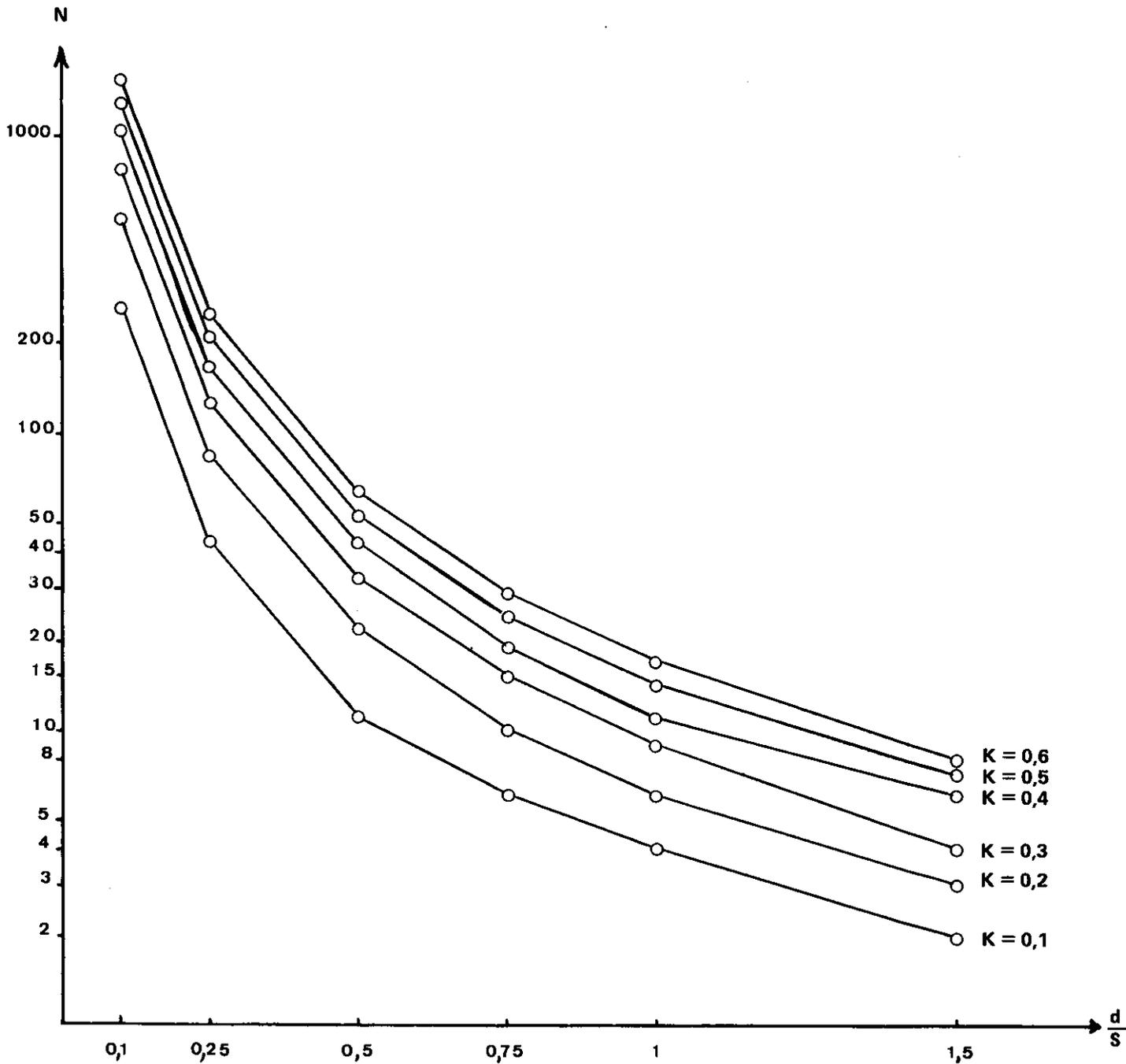


FIGURE 2 b - Variations de N en fonction de $\frac{d}{s}$ et de K pour $P = 0,95$ et $\alpha = 0,05$.
(Une échelle logarithmique a été adoptée sur l'axe des ordonnées)

Le rapprochement des figures 1 et 2 permet de déterminer le nombre N de verrats à contrôler dans chaque lignée quand on se donne les valeurs des paramètres h^2 , m , $\frac{d}{s}$ et P .

Exemple : soit à comparer deux lignées mâles pour la vitesse de croissance ($h^2 = 0,3$), en appliquant le schéma actuellement retenu en France dans les stations de contrôle de la descendance ($m = 4$, $n = 2$), on a alors $K = 0,2$.

Si, d'après ce que l'on sait par ailleurs, on évalue à priori à 0,75 s la différence vraie entre les deux lignées (c'est-à-dire la différence entre les performances des deux types de porcs croisés) et si, dans l'essai qu'on met en place, on veut avoir une probabilité de 80 % de détecter cette différence au seuil de 5 %, on voit sur la figure 2 a, qu'il faut contrôler 7 verrats de chaque lignée sur 8 descendants, donc mesurer au total 112 porcs. On voit, par ailleurs, d'après la figure 2 b qu'on gagne peu à contrôler sur descendance plus de 10 verrats de chaque lignée.

b) Variation de la capacité de contrôle requise en fonction de N et de m :

La figure 2 laisse apparaître que, pour une différence d donnée, plusieurs combinaisons de N et de K permettent d'obtenir la puissance de test que l'on se fixe a priori. Quelle combinaison doit-on retenir ? Le critère de choix le plus approprié semble être le nombre total de porcs à mesurer, qui conditionne en grande partie le coût de l'expérimentation. On peut montrer que la capacité de contrôle requise est d'autant plus faible que N et K sont grands, c'est-à-dire, h^2 et n étant donnés, que N est grand et m petit. En d'autres termes, il y a intérêt de ce seul point de vue à retenir l'option qui consiste à contrôler un plus grand nombre de verrats sur un plus petit nombre de descendants. Ce résultat est illustré dans la figure 3 où sont indiquées (courbes en trait plein) les capacités de contrôle requises pour assurer une probabilité de 80 % de détecter, au seuil de 5 %, une différence égale à 0,5 écart-type phénotypique. Il apparaît sur ce graphique - comme on pouvait le pressentir - que l'avantage relatif obtenu en choisissant une valeur faible de m est d'autant plus net que l'héritabilité du caractère sur lequel porte la comparaison est plus élevée.

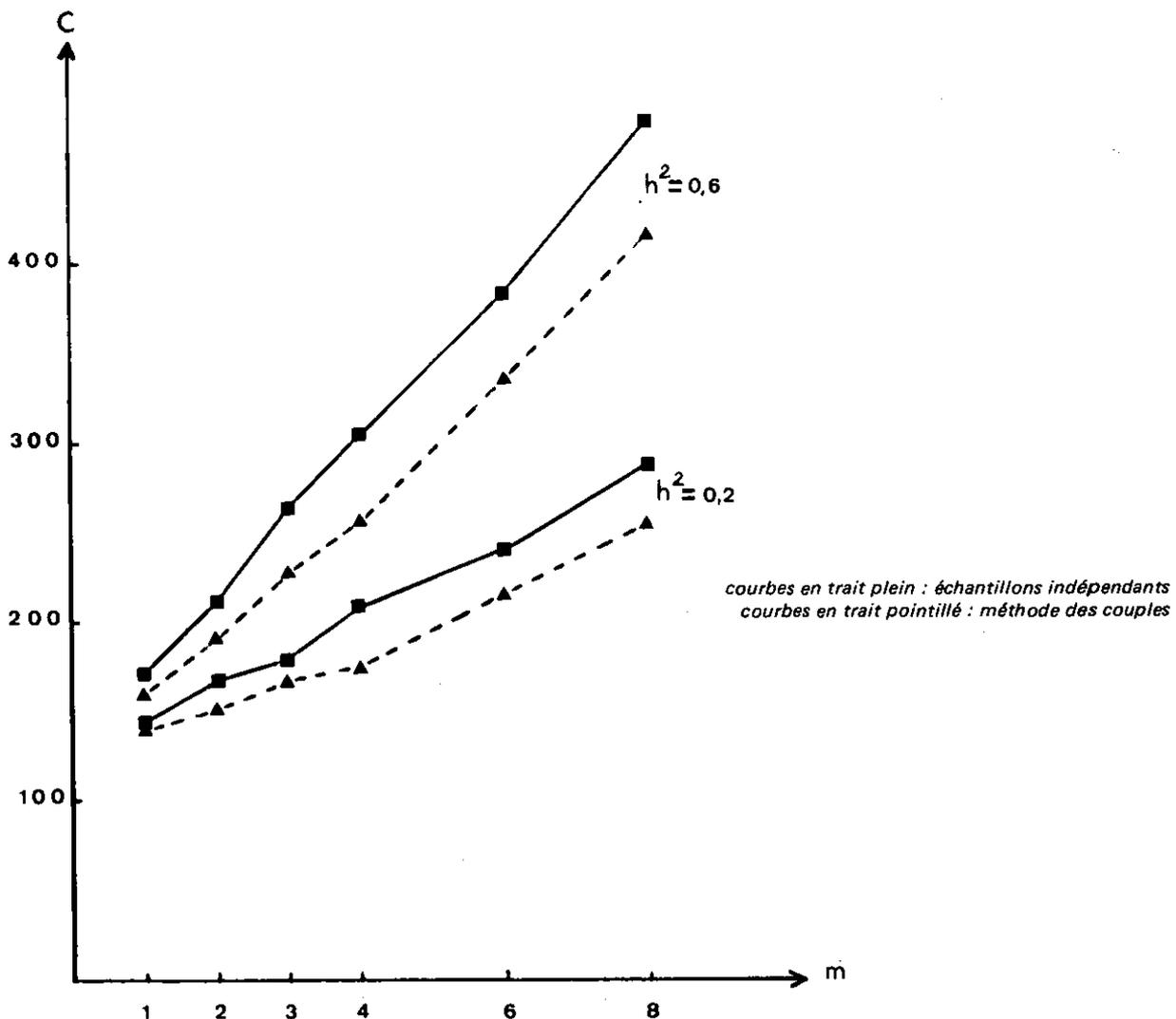


FIGURE 3 - Variations de la capacité de contrôle requise C en fonction de m et h^2
(avec $d = 0,5 s$, $P = 0,80$, $\alpha = 0,05$, $n = 2$, $c^2 = 0$)

4°/ UTILISATION DE LA METHODE DES COUPLES

Les calculs précédents correspondent au cas où les échantillons de verrats des deux lignées à évaluer sont choisis indépendamment l'un de l'autre. L'application de la méthode des couples à une comparaison de ce type est une solution à envisager pour augmenter sa précision : elle suppose la constitution préalable de couples de verrats, cet appariement s'appuyant sur un critère lié à la variable étudiée.

Dans la situation présente, la liaison entre les éléments du couple peut être de nature génétique et il est alors possible de prévoir a priori le gain de précision obtenu en utilisant la méthode des couples. A titre d'exemple, on peut citer le cas de la comparaison de 2 lignées mâles représentant des croisements simples ayant pour composante commune la race A : chaque couple est constitué de verrats issus d'un même père de race A. Les moyennes de descendance X_{i1} et X_{i2} des verrats du couple i ne sont donc pas des variables indépendantes et la variance s_d^2 de la différence est égale à la somme des variances de X_{i1} et X_{i2} , diminuée d'une quantité correspondant au double de la covariance des moyennes de descendance de demi-frères ; on a :

$$s_d^2 \neq (2K - \frac{h^2}{8}) s^2$$

Les capacités de contrôle requises en utilisant la méthode des couples ont été déterminées pour les situations envisagées au paragraphe 3 b. On peut voir à la figure 3 (courbes en pointillé) que, par rapport à la comparaison d'échantillons indépendants, la capacité de contrôle requise est réduite en moyenne de 9 et 12 % respectivement pour un caractère d'héritabilité 0,20 et 0,60.

5°/ DISCUSSION ET CONCLUSION

a) Si l'on prend comme critère de référence la capacité de contrôle requise pour la comparaison de deux lignées mâles, il apparaît que l'optimisation du dispositif expérimental implique :

- le choix d'un "schéma de testage minimum" pour chaque verrat.
- quand cela est possible, le recours à la méthode des couples de verrats apparentés.

La capacité de contrôle requise n'est cependant pas le seul facteur intervenant dans le choix de la meilleure combinaison de N et de K . En restant sur le plan du coût de l'expérimentation, le nombre de verrats est souvent limité par leur prix d'achat, en particulier quand il s'agit d'évaluer des races étrangères. Par ailleurs, le rôle secondaire de telles expériences est éventuellement de fournir une estimation précise de la valeur génétique individuelle des verrats utilisés, ce qui impose la mesure d'un nombre suffisamment élevé de leurs descendants et fixe la valeur du paramètre K .

b) Sur un autre plan, on peut se demander dans quelle mesure les résultats concernant la comparaison de deux lignées avec emploi du test t s'étendent à la comparaison simultanée de 3 lignées et plus. Si l'on s'en réfère à CUNNINGHAM (1970), qui étudie un problème analogue dans le cas des bovins à viande, l'effectif de mâles requis est très peu affecté par le nombre de lignées mises en comparaison, tant que ce nombre reste faible, comme c'est généralement le cas pour de telles études.

c) Enfin, il ne faut pas accorder en pratique une signification trop absolue aux valeurs trouvées dans cette étude, étant donné les approximations qui sont à la base de leur détermination et l'incertitude associée aux hypothèses faites a priori sur la valeur de certains paramètres : héritabilité et surtout ampleur de la différence à détecter. Le choix de ces valeurs suppose d'ailleurs que la comparaison porte sur un seul caractère, ce qui est rarement le cas. Si plusieurs caractères sont mesurés, le dispositif expérimental doit être défini en fonction du caractère pour lequel la différence présumée est la plus faible.

On doit donc considérer que nos chiffres donnent seulement un ordre de grandeur des effectifs à contrôler. En tout cas, si, comme on peut le supposer, les différences entre les lignées mâles à évaluer sont relativement minimales, ces valeurs approchées suffisent à nous faire comprendre qu'il sera nécessaire de mettre en place des expériences de grande taille pour avoir une chance raisonnable de les détecter. En dehors de cet aspect, il convient aussi de garder à l'esprit les difficultés qui s'attachent aux comparaisons de types génétiques : problèmes d'échantillonnage, interaction génotype-milieu, limite dans le temps de la validité d'une comparaison (au moins pour les caractères très héréditaires), toutes raisons qui doivent nous inciter à la prudence quant à la portée générale des conclusions.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

COMSTOCK R.E., WINTERS L.M., 1942

Design of experimental comparisons between lines of breeding in livestock.
J. Agric. Res., 64, 523-532.

CUNNINGHAM E.P., 1970.

The design of beef breed comparisons. - 12e Session de la Commission de Génétique de la F.E.Z., Gödölloö ,
24-28 août, 10 pp. (ronéoté).

RUNAVOT J.P., 1971.

Les schémas de sélection intégrée basée sur l'utilisation des reproducteurs en croisement : la situation en France.
10e Congrès International de Zootechnie, Versailles, 17-23 juillet, 12 pp.

SNEDECOR G.W., COCHRAN W.G., 1967.

Statistical methods, 6ème édition, The Iowa State University Press, Ames, Iowa, U.S.A.