Analyse de la variabilité génétique des races ovines canadiennes sur la base des informations généalogiques

Décembre 2013

CEPOQ
Centre d'expertise en production ovine du Québec

CDPQ
Centre de développement du porc du Québec inc.

Canadian Centre for Swine Improvement inc.
Centre Canadien pour l'Amelioration des Porcs inc.
CCSI CCAP

Remerciements

Ce projet a été financé en partie par les conseils d'adaptation du Québec, de l'Ontario, du Manitoba, de la Saskatchewan, d'Alberta et de Colombie-Britannique, qui gèrent le Programme canadien d'adaptation agricole (PCAA) pour Agriculture et agroalimentaire Canada. Le projet a été coordonné par le Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ) et la Société canadienne des éleveurs de moutons (SCÉM).

Les contributions importantes provenant du CDPQ (Centre de développement du porc du Québec), de l'Université de Guelph et de la Société canadienne d'enregistrement des animaux (SCEA) sont également grandement appréciées.

Analyse de la variabilité génétique des races ovines canadiennes à partir des informations généalogiques

Résumé

La variabilité génétique est essentielle dans les populations animales, car elle est une composante majeure du progrès génétique. La perte de la diversité génétique intra-race peut conduire à une augmentation de la consanguinité, qui est souvent la cause de défauts génétiques, et peut également affecter la productivité et rusticité à plus long terme en raison de la dépression de consanguinité. Une analyse généalogique des races ovines canadiennes enregistrées a été réalisée afin de fournir un portrait rétrospectif de la variabilité génétique, sur la base de l'évolution de la consanguinité et des probabilités d'origine de gènes. Les fichiers généalogiques fournis par la Société canadienne d'enregistrement des animaux (SCEA) et le programme GenOvis ont été regroupés et analysés pour cette étude. Le fichier initial contenait 1 085 583 animaux de race pure nés entre 1950 et 2012 dans 50 races différentes. Au total, 33 races ayant des animaux enregistrés au cours des dernières années ont été incluses dans une analyse généalogique détaillée, en utilisant des femelles nées entre 2009 et 2011 comme population de référence pour chaque race. Les populations de référence varient considérablement en terme de taille, avec 25 à 17 514 animaux. Les Intervalles de générations ont été calculés pour chaque race et toutes races confondues et variaient de 29 à 58 mois (43 mois en moyenne). La connaissance des généalogies était assez bonne en moyenne mais très variable, soit de 1,32 à 10,09 équivalents-générations connues en fonction de la race (5,27 générations en moyenne). Le niveau et la hausse annuelle de consanguinité ont été analysés pour chaque race, avec des coefficients de consanguinité moyens variant de 0,07% à 11,17% dans la plupart des cohortes récentes et les tendances de consanguinité allant de -0,45 à +0,98% par an entre 2000 et 2010. Huit races ont connu une hausse de consanguinité supérieure à 1% par génération au cours des dernières années. Le nombre d'ancêtres efficaces varie de 5 et 180 (moyenne = 31) et le nombre de génomes fondateurs résiduels varie de 2 à 66 (moyenne = 16) dans les 33 races étudiées. L'étude a révélé que certaines des grandes races actuelles ont une petite taille génétique. D'après les évolutions observées pour le nombre d'ancêtres efficaces et de génomes fondateurs au cours des 15 dernières années, il est évident que plus d'attention devrait être accordée très rapidement à la préservation de la variabilité génétique dans toutes les races. Certaines races, comme le Berrichon du Cher, British Milk Sheep, Ile de France, Lincoln, Outaouais Arcott, Romanov, Rouge de l'Ouest, se trouvent dans des conditions plus critiques car ces races traversent des hausses fortes de consanguinité et ont une taille génétique réduction forte re. Ces races devraient être adressées en priorité. De nouveaux outils sont maintenant disponibles sur le site internet de la SCEA et dans le programme GenOVis pour aider à surveiller et à contrôler les niveaux de consanguinité au niveau de la ferme. Pour toutes les races, certaines approches collectives seront également nécessaires pour gérer la diversité génétique de façon optimisée. En fonction de la taille de la population, son historique, les pratiques de sélection mises en place, le nombre de troupeaux concernés, ainsi que l'accès potentiel à des gènes étrangers, des solutions adaptées à chaque race devront être envisagées. Des recommandations spécifiques ont été fournies pour chaque race dans fiches techniques donnant des informations détaillées sur les évolutions passées et l'état actuel concernant les principaux indicateurs de variabilité génétique.

Analyse de la variabilité génétique des races ovines canadiennes sur la base des informations généalogiques

Rapport final

Sommaire

Remerciements....1

Résumé....2

Sommaire....3

Liste des figures....4

1. Introduction....5

2. Matériel et Méthodes....6

2.1. Fichiers de généalogie....6

2.2. Analyses....6

3. Résultats....8

3.1. Nombres d'animaux....8

3.2. Intervalles de génération....10

3.3. Connaissance des généalogies....10

3.4. Consanguinité....12

3.5 Probabilités d'origine de gènes....15

4. Discussion....18

5. Conclusions et Perspectives....21

Références....23

Liste des tableaux

Tableau 1 – Statistiques démographiques pour les 50 races ovines disponibles pour l'étude sur la variabilité génétique....8

Tableau 2 – Connaissance des généalogies dans les races étudiées....11

Table 3 - Statistiques de consanguinité par race....13

Tableau 4 – Principaux critères basés sur les probabilités d'origine de gènes pour 4 cohortes différentes....15

Tableau 5 – Contributions cumulées des ancêtres les plus influents à la population de référence (femelles nées en 2009-2011) dans chaque race....17

Tableau 6 – Tableau récapitulatif pour la connaissance des généalogies, l'évolution de la consanguinité et les probabilités d'origine de gènes....18

Tableau 7 – Regroupement des races ovines canadiennes selon les principaux indicateurs de variabilité génétique..... 20

Liste des figures

Figure 1 – Distribution de la taille de la population de référence (femelles nées en 2009-2011) pour les 33 races incluses dans l'analyse.....9

Figure 2 – Évolutions des intervalles de génération (4 voies) dans les races ovines canadiennes 10

Figure 3 – Connaissance des généalogies pour les femelles nées en 2009-2011 12

Figure 4 – Distribution de la moyenne annuelle des évolutions de consanguinité 14

Figure 5 – Distribution de F_a pour la plus récente cohorte (femelles nées en 2009-2011) 16

Annexes– Fiches techniques par race

- BERRICHON DU CHER
- BLACKFACE
- BORDER CHEVIOT
- BORDER LEICESTER
- BRITISH MILK SHEEP
- CANADIAN ARCOTT
- CHAROLLAIS
- CLUN FOREST
- CORRIEDALE
- COTSWOLD
- DORPER
- DORSET
- EAST FRIESIAN DAIRY
- FINNSHEEP
- HAMPSHIRE
- ICELANDIC
- ILE DE FRANCE
- JACOB
- KATAHDIN
- LINCOLN
- NORTH COUNTRY CHEVIOT
- OUTAOUAIS ARCOTT
- OXFORD
- POLYPAY
- RIDEAU ARCOTT
- ROMANOV
- ROMNEY
- ROUGE DE L'OUEST
- SHETLAND
- SHROPSHIRE
- SOUTHDOWN
- SUFFOLK
- TEXEL

1. Introduction

Au Canada, 51 races ovines sont officiellement reconnues par l'Association canadienne des éleveurs de moutons. Toutes les races ont vécu différents évènements depuis leur création, avec certaines races devenant plus populaires auprès des éleveurs de moutons canadiens dans les différentes provinces canadiennes. Dans les races les plus communes, des outils d'amélioration génétique ont été utilisés au cours des dernières décennies, particulièrement depuis la création du programme GenOvis pour les évaluations génétiques ovines.

La sélection génétique consiste à choisir les meilleurs animaux de reproduction et à maximiser la diffusion de leurs gènes de sorte que l'ensemble de la population bénéficie du progrès génétique sur un caractère spécifique ou un ensemble de caractères. La sélection diminue généralement le nombre d'animaux utilisés pour produire les prochaines générations, et conduit souvent à une utilisation déséquilibrée des différentes familles au sein de chaque race. Par conséquent, la sélection mène à une diminution de la variabilité génétique. Cependant, la variabilité génétique est nécessaire à la réalisation de progrès génétiques. La méthode la plus couramment utilisée pour décrire la variabilité génétique et son évolution au fil des générations est l'analyse des généalogies. La consanguinité est souvent utilisée pour quantifier l'évolution de la diversité génétique, mais il existe d'autres approches, également basées sur les données généalogiques historiques, qui peuvent aider à décrire la variabilité génétique intra-race. La consanguinité peut causer des anomalies génétiques récessives ainsi que des effets négatifs sur plusieurs caractères tels que la reproduction et la rusticité. La variabilité génétique est capitale pour garantir l'avenir du progrès génétique et pour avoir l'opportunité de réévaluer les objectifs de sélection. Il est crucial d'éviter la consanguinité dans les populations animales, mais il est encore plus important de préserver la variabilité génétique à long terme. La variabilité génétique a été étudiée dans plusieurs espèces animales différentes, plus particulièrement les espèces animales qui ont été soumises à la sélection intense au cours des dernières décennies. Les gains génétiques à court terme sont souvent la première priorité, aux dépens de la diversité à long terme.

Cette étude a été réalisée afin de fournir un portrait exhaustif de la variabilité génétique actuelle et de son évolution récente dans les populations ovines de race pure au Canada, afin d'identifier les besoins et les opportunités d'adopter une meilleure gestion de la variabilité génétique à l'avenir.

2. Matériel et Méthodes

2.1. Fichiers de généalogie

Les fichiers généalogiques provenaient de deux sources:

- La Société canadienne d'enregistrement des animaux, qui gère les livres généalogiques pour les espèces enregistrées (www.clrc.ca)
- La base de données GenOvis, gérée par l'Université de Guelph, qui comprend toutes les races sur le programme canadien d'évaluation génétique (www.genovis.ca).

Après différents tests et validations, des analyses ont été effectuées en utilisant des versions de fichiers généalogiques extraites en octobre 2012. Les deux fichiers ont été fusionnés pour créer pour les moutons de race pure un dossier de généalogies le plus complet possible. Une grande proportion des animaux dans le fichier issu de GenOvis étaient également dans le fichier de la SCEA. Au total, la version finale du fichier fusionné de généalogies contenait 1 085 583 animaux de race pure nés entre 1950 et 2012. Des données plus anciennes existent sur papier pour les races de moutons, qui remontent à la création de la Société canadienne des éleveurs de moutons du Canada (juin 1900), mais les livres généalogiques ont été informatisés dans les années 1960 et seulement quelques générations d'ancêtres ont été entrées à ce moment-là. Comme c'est souvent le cas pour ce genre d'étude, des analyses ont été effectuées sur des données de pedigree « informatiques » qui remontent jusqu'à un maximum de 60 ans dans cette étude et encore moins pour les races créées plus récemment, telles que les populations Arcott. À cause de cela, nous savons que la variabilité génétique est en fait surestimée puisque tous les fondateurs « informatiques » (les ancêtres sans parents) sont considérés comme non apparentés, ce qui est généralement faux.

2.2. Analyses

Le fichier généalogique constitué pour l'analyse a été formaté pour être traité à l'aide d'un ensemble de programmes disponibles dans le groupe de programmes *Pedig* (Boichard, 2002). Ces programmes ont été développés pour traiter de grands fichiers généalogiques et évaluer une liste d'indicateurs utiles décrivant la démographie et la variabilité génétique. Les programmes ont été légèrement modifiés pour cette étude, afin de lire les identifiants des moutons et d'effectuer des analyses intra-race et toutes races confondues.

Les principaux critères calculés suite au traitement du fichier de généalogies de moutons sont les suivants:

- **La connaissance des généalogies**: cette phase est nécessaire afin de vérifier si les données de pédigrée disponibles sont suffisamment complètes pour chaque race étudiée. Les critères couramment employés incluent:
  - La proportion d'ancêtres connus à chaque génération
  - Le nombre maximum des générations retracées
  - Le nombre moyen d'ancêtres connus
  - Le nombre équivalents-générations complètes: ce nombre est calculé afin de décrire la connaissance des généalogies moyenne d'une population. Il est défini comme la somme sur toutes les générations de la proportion des ancêtres connus à chaque génération. Par exemple, si les parents, grands-parents et arrière-grands-parents sont tous connus pour un animal, le nombre

d'équivalents de génération est égal à 3. Si seulement les parents et les deux grands-parents sont connus, le nombre équivalent-génération complet sera égal à 1,5

- **Intervalles de génération:** ce critère est l'âge moyen des parents au moment de la naissance de leur progéniture, et peut être calculé sur quatre voies différentes (père-fils, père-fille, mère-fils, mère-fille).

- **Consanguinité:** basé sur toutes les informations généalogiques disponibles, les coefficients de consanguinité individuels ont été calculés pour chaque animal dans le fichier de pédigrée. La consanguinité est définie comme la probabilité qu'à un locus donné, les deux allèles soient identiques par descendance, ce qui signifie transmis par un ancêtre commun. En d'autres termes, un animal consanguin est issu de deux parents apparentés, et son coefficient de consanguinité dépend du degré d'apparentement entre son père et sa mère.
    - L'effectif génétique (N_e) peut être calculé pour chaque race en utilisant l'évolution annuelle de consanguinité (ΔF) et l'intervalle de génération moyenn (L) de la race, à l'aide de la formule suivante:

$$N_e = \frac{1}{2 * \Delta F * L}$$

- **Probabilités d'origine de gènes:** les approches basées sur les contributions des ancêtres sont généralement plus précises parce qu'elles sont beaucoup moins dépendantes de la connaissance des généalogies et des stratégies d'accouplement. Différents critères peuvent être calculés pour une population de référence déterminée. Dans cette étude, les analyses ont été concentrées sur:
    - **Nombre de fondateurs efficaces** (F_e): nombre virtuel de fondateurs qui produiraient la même variabilité génétique que dans la population étudiée. Par exemple, un troupeau de 100 brebis peut être issue de 10 fondateurs initiaux, mais contribuant de façon déséquilibrée. Si chaque fondateur contribue pour 10% de la population, le nombre de fondateurs efficaces (F_e) est égal à est égal à 10. Si un fondateur contribue pour 91% de la population actuelle, et les 9 autres à 1% chacun, F_e est égal à 1,2.
    - **Nombre d'ancêtres efficaces** (F_a): nombre virtuel d'ancêtres, fondateurs ou non, qui produiraient la même variabilité génétique que dans la population étudiée. Par exemple, un troupeau de 100 brebis peut être issu de 10 fondateurs initiaux, mais provenir en fait de seulement 2 béliers et 2 brebis sur-utilisés à un moment donné, et qui se retrouvent dans la généalogie de tous les animaux actuels. Le nombre d'ancêtres efficaces (F_a) est alors égal à 4. Cette approche tient compte des goulots d'étranglement traversés par la population.
    - **Nombre de génomes fondateurs équivalents** (N_g) : en supposant que tous les fondateurs initiaux d'une population sont non apparentés et non consanguins, la transmission de tous les gènes présents initialement dans la population jusqu'à la population actuelle est simulée et le nombre de génomes initiaux que l'on pourrait reconstituer est calculée. Cette approche tient compte du déséquilibre de contribution des fondateurs, des goulots d'étranglement dans les généalogies, et de la dérive génétique (perte aléatoire d'allèles au cours du temps).

3. Résultats

3.1. Nombres d'animaux

Tableau 1 – Statistiques démographiques pour les 50 races ovines disponibles pour l'étude sur la variabilité génétique

		Animaux dans le fichier de généalogies				Année de naissance		Femelles nées en			
Code	Race[*]	Total	Femelles	Mâles	Autres	Min	Max	1994-1996	1999-2001	2004-2006	2009-2011
DC	BERRICHON DU CHER	247	147	100		1996	2009		6	40	25
FB	BLACKFACE[1]	407	268	139		1981	2012	4	4	23	66
BF	BLUEFACED LEICESTER	156	98	58		1977	2012	2		3	4
BC	BORDER CHEVIOT[2]	6164	3955	2209		1968	2012	244	129	172	210
BL	BORDER LEICESTER[3]	17764	11010	6747	7	1968	2012	896	611	439	288
BM	BRITISH MILK SHEEP	561	424	137		1990	2012		22	56	216
CD	CANADIAN ARCOTT	16537	9804	6733		1983	2012	837	1538	1359	1304
CO	CHAROLLAIS	6276	3399	2869	8	1982	2012	136	558	663	478
CF	CLUN FOREST	5083	3454	1223	406	1967	2012	400	331	220	356
CL	COLUMBIA	10784	7066	3635	83	1967	2010	513	466	110	13
CP	COOPWORTH	672	387	283	2	1980	2008				
CR	CORRIEDALE[1]	8816	5937	2689	190	1969	2012	204	70	28	69
CW	COTSWOLD[2]	1487	1039	446	2	1972	2012	113	105	81	80
DP	DORSET	211044	131055	78552	1437	1961	2012	11423	10537	10574	7397
DL	DORSET LEICESTER SUFFOLK	2755	1660	1095		1980	2008	470	127	20	
DO	DORPER	9028	6094	2926	8	1988	2012	34	381	1203	1799
EF	EAST FRIESIAN DAIRY	4122	2501	1619	2	1987	2012	236	543	457	126
LE	ENGLISH LEICESTER	144	72	72		1978	1998	7			
FN	FINNSHEEP	7078	4808	2268	2	1973	2012	493	295	291	501
HS	HAMPSHIRE[4]	40510	25144	15361	5	1950	2012	1870	1408	1214	1286
IL	ICELANDIC	20710	14045	6665		1984	2012	337	1849	3119	2638
IF	ILE DE FRANCE	2180	1151	1029		1993	2012	17	65	176	362
JA	JACOB[1]	597	381	216		1987	2012	17	55	45	26
KK	KARAKUL[1]	380	275	105		1975	2011	24	4	2	10
KA	KATAHDIN	5624	3335	2281	8	1976	2012	328	489	499	476
CU	LACAUNE	66	29	37		1995	2011	1	11	4	1
LI	LINCOLN[1]	6547	4010	2537		1972	2012	502	261	120	66
MM	MERINO	445	264	181		1974	2002	29	5		
MT	MONTADALE	880	670	210		1971	1998	28			
NC	NORTH COUNTRY CHEVIOT	33118	22558	10500	60	1967	2012	1410	1434	1065	1517
OU	OUTAOUAIS ARCOTT	11234	7544	3594	96	1969	2012	714	1250	959	360
OX	OXFORD[2]	14585	8740	5823	22	1963	2012	890	641	324	238
PE	PERENDALE	111	58	53		1977	1984				
PO	POLYPAY	56903	33576	23324	3	1967	2012	3179	4529	4906	3528
RG	RAMBOUILLET[3]	13060	10128	2917	15	1961	2010	643	438	194	17
RI	RIDEAU ARCOTT	160059	85188	71645	3226	1980	2012	4947	12822	15173	17514
RV	ROMANOV	49751	29768	19974	9	1971	2012	3922	2324	1633	5891
RM	ROMNELET	214	161	53		1971	1984				
RY	ROMNEY[2]	6161	4256	1905		1970	2012	651	334	211	121
RO	ROUGE DE L'OUEST	447	235	212		1997	2011		4	50	72
SL	SHETLAND	1194	774	420		1976	2012	113	104	123	37
SR	SHROPSHIRE[1]	5506	3338	2160	8	1969	2012	311	178	97	130
SY	SOAY[1]	60	35	25		1995	2008	1	8	7	
SA	SOUTH AFRICAN MEAT	452	261	191		1996	2004	7	60	22	
ST	SOUTHDOWN[3]	15763	10251	5499	13	1968	2012	918	711	389	360
SX	ST. CROIX[1]	92	49	43		1986	1996	32			
SU	SUFFOLK	282467	182216	97935	2316	1950	2012	9809	8593	6313	5306
TA	TARGHEE	1203	847	356		1965	2005	16		7	
TX	TEXEL	8826	5262	3564		1982	2012	305	455	1053	904
TU	TUNIS[1]	239	139	100		1982	2012	41	9	5	19

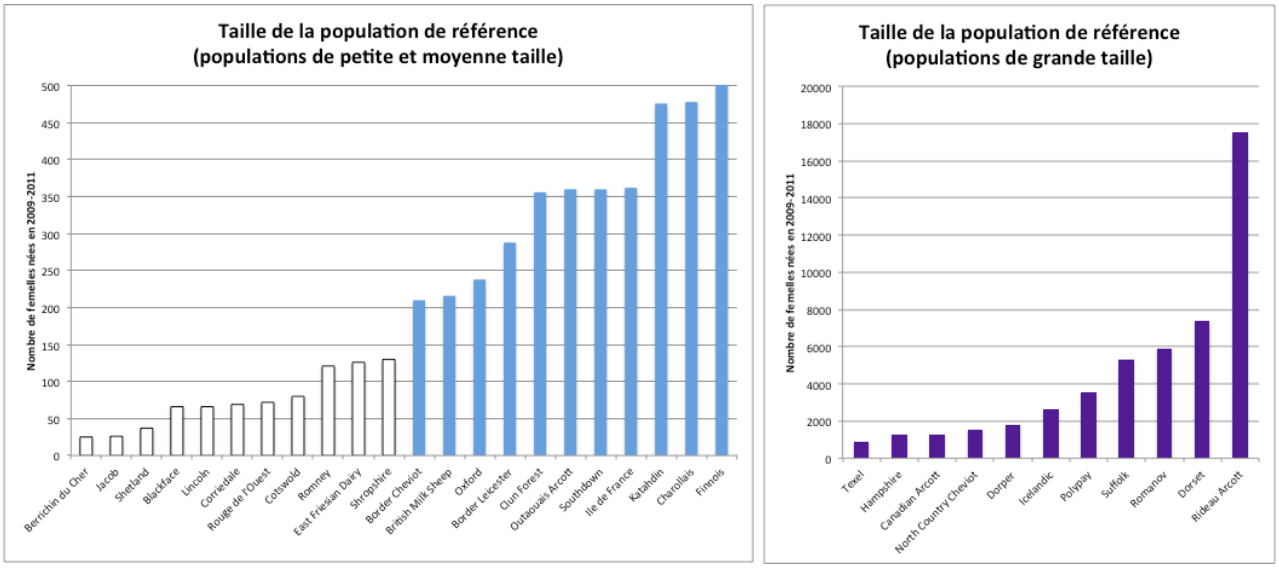
(*) Les races avec un indice sont listées avec Rare Breeds Canada (1=critique; 2=en voie de disparition; 3=vulnérable; 4=à risque)

Tel qu'indiqué dans le tableau 1, les 50 populations ovines (et leurs fichiers généalogiques) disponibles pour l'étude varient considérablement en taille, soit de 66 à 282 467 animaux dans le fichier généalogique fusionné. En 2012, des moutons provenant de 34 différentes races ont été enregistrés à la SCEA avec 11 races représentant 87% de toutes les enregistrements (Suffolk, Dorset, Rideau Arcott, Romanov, Icelandic, Dorper, North Country Cheviot, Hampshire, Polypay, Canadian Arcott, Texel) avec entre 381 à 2 243 animaux enregistrés en 2012. Les 23 autres races ont enregistré un total de 1 746 animaux, soit de 1 animal (Berrichon du Cher) à 224 animaux (Charollais) enregistrés au Canada en 2012 (SCEA, 2012).

Pour cette étude, quatre cohortes différentes ont été considérées pour décrire l'évolution de la variabilité génétique aux cours des années pour chaque population. Les femelles nées de parents connus en 1994-1996, 1999-2001, 2004-2006 et 2009-2011 ont été utilisées dans chaque race. La cohorte la plus récente (les femelles nées entre 2009 et 2011) a été choisie comme population de référence pour la plupart des résultats présentés dans les sections suivantes. Certaines races incluses dans le fichier de généalogie initial n'ont pas d'enregistrements récents (Coopworth, Dorset Leicester Suffolk, Anglais de Leicester, Merino, Montadale, Perendale, Romnelet, South African Merino, St Croix) tandis que d'autres ont des petites populations de référence (Bluefaced Leicester, Columbia, Lacaune, Karakul, Rambouillet, Soay, Tunis) et n'ont pas été incluses dans les analyses globales basées sur les animaux récents.

Un sous-groupe de 17 races (mentionné ci-dessus) a donc été exclu de l'analyse, en fonction de leur taille de population au cours des dernières années. Les résultats présentés dans les sections suivantes portent donc sur 33 races. La population de référence la plus récente (femelles nées en 2009-2011) contient de 25 à 17 514 animaux selon la race, avec une moyenne de 1 629 femelles par race. Ceci constitue un jeu de données très variable en termes de taille de population. Onze races peuvent être qualifiées de petites populations (en blanc sur la figure 1), avec moins de 200 animaux dans la population de référence, onze races pourraient être classées comme de taille moyenne avec de 200 à 500 animaux dans la population de référence (bleu pâle sur la figure 1), et onze races ont été considérées comme de grande taille (bleu foncé sur la figure 1), avec plus de 500 animaux dans la population de reference. Ces onze races ont représenté 87% des enregistrements de moutons à la SCEA en 2012.

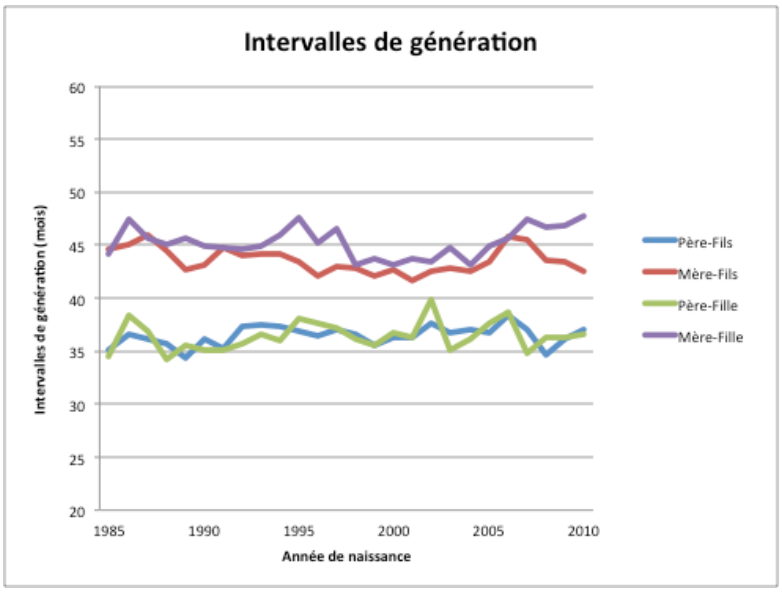
Figure 1 – Distribution de la taille de la population de référence (femelles nées en 2009-2011) pour les 33 races incluses dans l'analyse.



3.2. Intervalles de génération

En utilisant l'historique de l'information généalogique, il est possible de calculer des critères démographiques tels que les intervalles de génération. Ils ont habituellement tendance à diminuer dans les populations, à cause du renouvellement rapide des animaux de reproduction. Des intervalles de génération plus courts permettent des gains génétiques plus importants et une augmentation plus rapide de la consanguinité. Des intervalles de génération plus longs pourraient également mener à une diversité génétique réduite car ils signifient que les animaux de reproduction sont utilisés plus longtemps. Cela augmente leur contribution aux générations subséquentes aux dépens des plus jeunes animaux et augmente la probabilité qu'ils soient accouplés à certains de leurs descendants. Les intervalles de génération dépendent de la performance reproductive de la population (âge à la puberté, nombre d'agnelage par année, longévité, etc.) et sont aussi influencés par les décisions de sélection et de réforme. Les intervalles de génération font également partie de la stratégie pour gérer la variabilité génétique dans les populations d'animaux, avec un optimum à trouver en fonction de la taille de la population, les pratiques de sélection et les évolutions de consanguinité ciblées.

Figure 2 – Évolutions des intervalles de génération (4 voies) dans les races ovines canadiennes



La figure 2 montre les tendances dans des intervalles de génération pour toutes les races confondues, calculés comme la moyenne d'âge des parents pour chaque année de naissance. Le calcul a été fait seulement pour les progénitures qui sont finalement devenus eux-mêmes des animaux de reproduction. L'évolution a été relativement stable au cours des 20 dernières années avec une nette différence entre les voies père-descendant et mère-descendant. Par exemple, les pères d'agneaux nés en 2010 étaient en moyenne âgés de 37 mois, alors que les mères étaient âgées de 46 mois. Au cours des 5 dernières années, il semble y avoir eu une augmentation de l'intervalle mère-fille et une diminution de l'intervalle père-fils en moyenne. Ces valeurs varient selon les années et les races. L'intervalle de génération moyenn pour la période 2000-2010 était de 43 mois, allant de 29 mois (Blackface) à 58 mois (Clun Forest). Les intervalles de génération moyens sont fournis en annexe pour chaque race.

3.3. Connaissance des généalogies

Lorsque seules les généalogies sont utilisées pour évaluer la variabilité génétique d'une population, il est crucial d'évaluer la quantité d'information disponible. Les critères couramment utilisés tels que la

consanguinité sont très dépendants de la connaissance des généalogies. Dans une population avec en moyenne 10 générations d'ancêtres connus, les coefficients de consanguinité calculés seraient plus précis que dans une population avec seulement 3 générations d'ancêtres connus. La connaissance des généalogies dépend généralement de l'historique de la race et de son accès à des gènes étrangers. Le tableau 2 montre quelques statistiques sur la connaissance des généalogies. Il est classé en fonction du nombre d'équivalents-générations, qui est un critère synthétique couramment utilisé pour évaluer la qualité de la généalogie.

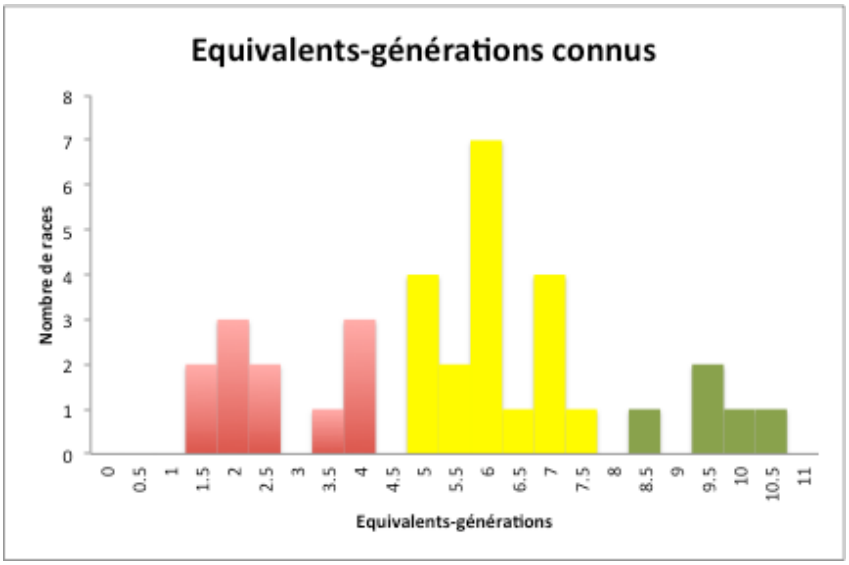
Tableau 2 – Connaissance des généalogies dans les races étudiées

	Animaux dans le fichier de la généalogie			Femelles nées en 2009-211			
Races	**total**	**Fondateurs**	**%fondateurs**	**Nombre de femelles**	**Générations maximales**	**Nombre moyen d'ancêtres**	**Équivalents-générations**
BORDER LEICESTER	17764	1282	7,2	288	23	12541	10,09
ROMANOV	49751	1958	3,9	5891	24	9044	9,52
NORTH COUNTRY CHEVIOT	33118	1943	5,9	1517	26	13721	9,28
OUTAOUAIS ARCOTT	11234	1003	8,9	360	11	142	9,28
CLUN FOREST	5083	289	5,7	356	22	2756	8,15
ICELANDIC	20710	607	2,9	2638	20	1163	7,32
SHROPSHIRE	5506	604	11,0	130	22	3389	6,82
SUFFOLK	282467	28882	10,2	5306	29	4525	6,82
RIDEAU ARCOTT	160059	4699	2,9	17514	20	457	6,77
DORSET	211044	14638	6,9	7397	29	4104	6,73
ILE DE FRANCE	2180	190	8,7	362	14	519	6,47
HAMPSHIRE	40510	3009	7,4	1286	26	6194	5,97
CHAROLLAIS	6276	539	8,6	478	25	698	5,81
CANADIAN ARCOTT	16537	967	5,8	1304	12	194	5,78
BERRICHON DU CHER	247	35	14,2	25	14	146	5,77
ROMNEY	6161	1166	18,9	121	16	150	5,58
OXFORD	14585	1010	6,9	238	22	2005	5,56
DORPER	9028	1105	12,2	1799	13	287	5,39
POLYPAY	56903	4293	7,5	3528	19	641	5,24
EAST FRIESIAN DAIRY	4122	566	13,7	126	12	152	4,93
FINNSHEEP	7078	953	13,5	501	21	1016	4,91
LINCOLN	6547	412	6,3	66	24	3140	4,85
ROUGE DE L'OUEST	447	48	10,7	72	10	175	4,59
TEXEL	8826	1637	18,5	904	22	876	3,87
BORDER CHEVIOT	6164	839	13,6	210	25	1615	3,85
SOUTHDOWN	15763	1910	12,1	360	22	272	3,71
CORRIEDALE	8816	1574	17,9	69	20	751	3,18
BLACKFACE	407	132	32,4	66	11	31	2,27
BRITISH MILK SHEEP	561	141	25,1	216	7	16	2,01
KATAHDIN	5624	841	15,0	476	9	9	1,86
JACOB	597	173	29,0	26	10	29	1,62
SHETLAND	1194	496	41,5	37	7	4	1,47
COTSWOLD	1487	359	24,1	80	19	1389	1,32

Le nombre d'équivalents-générations pour les femelles nées en 2009-2011 varie de 1,32 (Cotswold) à 10,09 (Border Leicester) avec une moyenne de 5,27, montrant que la quantité d'information disponible est en générale assez bonne mais très variable d'une race à l'autre. Cela signifie que les différents critères calculés sur

la base de l'information généalogique, surtout la consanguinité, auront des précisions différentes en fonction de la race. La figure 3 montre la distribution du nombre d'équivalents-générations pour les 33 races étudiées. Cinq races (Border Leicester, Romanov, North Country Cheviot, Outaouais Arcott, Clun Forest) ont une excellente connaissance des généalogies avec plus de 8 équivalents-générations connus pour la population de référence. Dix races ont moins de 4 équivalents-générations connus, ce qui est considéré comme faible. Dix-huit races ont entre 4 et 8 équivalents-générations connus. Le nombre maximum de générations retracées varie entre 7 et 29. Cela dépend de nombreux facteurs, tels que l'intervalle de génération de la race ou la date officielle de la création de la race. Par exemple, les trois races « Arcott » (Arcott Canadien, Arcott Rideau et Arcott Outaouais) ont été créées au début des années 1980, ce qui explique en grande partie leur connaissance plus limitée des généalogies.

Figure 3 – Connaissance des généalogies pour les femelles nées en 2009-2011



Dans l'ensemble, la connaissance des généalogies est relativement bonne pour les races ovines canadiennes (moyenne = 5,27 équivalents-générations), mais la quantité d'informations disponibles pour les analyses est très variable d'une race à l'autre, de moins de 1,5 à plus de 10 générations retracées en moyenne. Ce facteur doit être pris en considération avant d'interpréter les indicateurs de variabilité génétique présentés dans ce rapport. Idéalement, seules les races avec une généalogie de qualité similaire doivent être comparées. Pour chaque race, un graphique inclus en annexe montre la proportion exacte des ancêtres connus par génération pour la population de référence.

3.4. Consanguinité

Les coefficients de consanguinité individuels ont été calculés pour tous les animaux du fichier de généalogie. Le tableau 3 montre le nombre total d'animaux consanguins pour chaque race, leur coefficient de consanguinité moyen, ainsi que le coefficient moyen de consanguinité pour les quatre populations de référence définies précédemment. L'évolution de la consanguinité sur la peériode 1970-2011 est fournie pour chaque race en annexe. Les deux dernières colonnes du tableau 3 montrent la hausse annuelle de consanguinité (2000-2010) et la taille efficace de la population (N_e) calculée sur la base de cette hausse. Le tableau est trié en fonction de l'évolution moyenne de consanguinité.

Table 3 - Statistiques de consanguinité par race

	Animaux dans le fichier de généalogie				Consanguinité moyenne (%) pour différentes cohortes				Évolution annuelle de la consanguinité	
					Femelles nées en				2000-2010	
Races	total	Animaux consanguins	%	Consanguinité moyenne des consanguins	1994-1996	1999-2001	2004-2006	2009-2011	Moyenne (%/an)	N_e
COTSWOLD	1487	495	33,3	13,32	5,94	5,37	3,98	1,06	-0,45	
SHROPSHIRE	5506	2117	38,4	10,34	3,39	7,13	11,56	6,34	-0,35	
BLACKFACE	407	40	9,8	9,81			0,00	1,61	-0,32	
ICELANDIC	20710	16848	81,4	4,83	4,30	4,98	4,13	3,85	-0,11	
BORDER LEICESTER	17764	11998	67,5	7,84	6,82	7,32	8,60	7,43	-0,08	
JACOB	597	72	12,1	13,07	6,25	3,20	1,70	3,01	-0,08	
KATAHDIN	5624	960	17,1	8,47	1,86	0,99	0,95	1,03	-0,08	
ROMNEY	6161	1146	18,6	6,73	1,19	0,77	0,86	0,37	-0,07	
SHETLAND	1194	65	5,4	8,79	0,28	0,80	0,65	0,07	-0,07	
OXFORD	14585	9094	62,4	5,82	3,37	4,10	4,01	3,76	-0,06	
FINNSHEEP	7078	2456	34,7	9,81	2,26	8,86	8,45	5,81	-0,03	
BORDER CHEVIOT	6164	1642	26,6	7,02	0,77	1,47	3,21	3,78	+0,02	581
HAMPSHIRE	40510	19246	47,5	4,31	2,43	2,65	1,95	2,37	+0,04	313
DORSET	211044	118234	56,0	3,35	2,13	2,20	2,22	2,83	+0,07	166
SUFFOLK	282467	130945	46,4	3,56	2,39	2,31	2,76	3,25	+0,09	175
NORTH COUNTRY CHEVIOT	33118	21223	64,1	4,54	3,77	3,45	3,66	4,67	+0,09	142
CANADIAN ARCOTT	16537	9296	56,2	3,85	1,19	1,93	2,70	3,73	+0,10	114
CHAROLLAIS	6276	3123	49,8	3,80	0,22	1,94	2,16	2,80	+0,10	128
POLYPAY	56903	32917	57,8	3,53	1,46	2,40	2,18	3,63	+0,11	141
RIDEAU ARCOTT	160059	94222	58,9	4,23	2,18	2,07	2,36	3,30	+0,12	125
CLUN FOREST	5083	3629	71,4	7,13	4,55	6,68	7,52	7,80	+0,12	87
CORRIEDALE	8816	1924	21,8	9,18	5,01	2,81	4,95	3,13	+0,15	83
TEXEL	8826	2417	27,4	5,62	0,13	1,30	1,73	2,98	+0,15	97
SOUTHDOWN	15763	4287	27,2	6,57	1,57	1,20	1,76	2,72	+0,18	81
DORPER	9028	3834	42,5	5,51	0,55	0,87	2,24	3,82	+0,22	69
ROMANOV	49751	41727	83,9	5,48	3,66	3,91	6,00	5,66	+0,25	68
OUTAOUAIS ARCOTT	11234	4764	42,4	7,14	2,13	3,84	5,09	6,60	+0,28	47
LINCOLN	6547	4084	62,4	11,58	7,84	9,46	10,86	11,17	+0,29	45
EAST FRIESIAN DAIRY	4122	1685	40,9	5,27	0,24	2,09	4,16	4,45	+0,40	30
ROUGE DE L'OUEST	447	240	53,7	5,00				5,55	+0,51	36
ILE DE FRANCE	2180	1663	76,3	7,12	1,47	3,42	5,57	7,60	+0,54	23
BRITISH MILK SHEEP	561	348	62,0	13,33		6,25	10,18	7,85	+0,73	22
BERRICHON DU CHER	247	144	58,3	7,49				10,85	+0,98	14

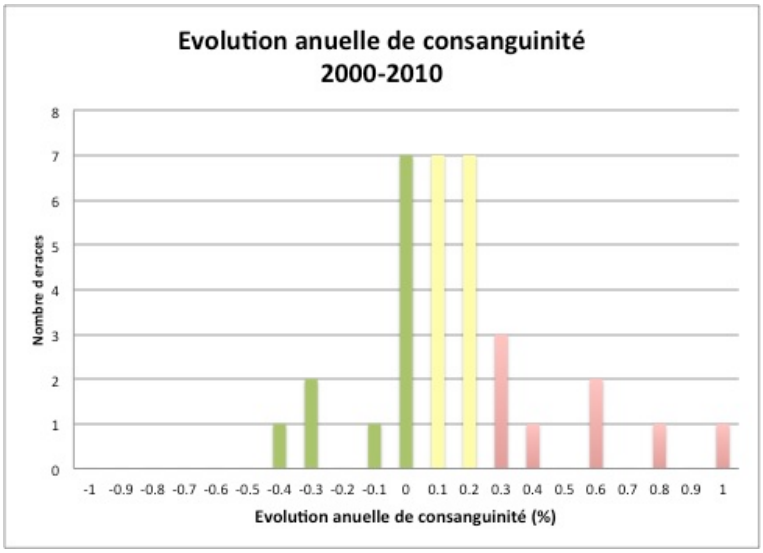
N_e = Effectif génétique basé sur l'évolution de la consanguinité et l'intervalle de génération.

Le coefficient de consanguinité moyen pour les brebis nées en 2009-2011 est de 3,66%, et varie de 0,07% (Shetland) à 11,17% (Lincoln). Le niveau de consanguinité est très dépendant de la connaissance des généalogies et des stratégies d'accouplement. Les races avec les plus hauts niveaux de consanguinité pour les plus récentes cohortes sont : Shropshire (6,34%), Outaouais Arcott (6,60%), Border Leicester (7,43%), Ile de France (7,60%), Clun Forest (7,80%), British Milk Sheep (7,85%), Berrichon du Cher (10,85%) et Lincoln (11,17%). Les plus bas niveaux de consanguinité sont observés pour les Shetland (0,07%), Romney (0,37%), Katahdin (1,03%), Cotswold (1,06%) et Blackface (1,61%). Toutefois, pour ces 5 races à l'exception du Romney,

la connaissance des généalogies est très faible, ce qui laisse supposer que le niveau de consanguinité est sous-estimé chez ces races.

Plus que le niveau, l'évolution de la consanguinité est un bien meilleur critère pour décrire l'évolution de la variabilité génétique et la taille génétique d'une population. Pour la plupart des races, le niveau de consanguinité moyen pour les quatre cohortes montre une nette augmentation au fil du temps, qui résulte de la combinaison de l'accumulation de consanguinité actuelle et de l'amélioration de la connaissance des généalogies au fil du temps. L'évolution de consanguinité annuelle entre 2000 et 2010 était de 0,12% par an en moyenne, allant de -0,45% par an (Cotswold) à +0,98% par an (Berrichon du Cher). La figure 4 montre la distribution de la moyenne annuelle des évolutions de consanguinité.

Figure 4 – Distribution de la moyenne annuelle des évolutions de consanguinité



Parmi les races étudiées, 11 ont montré une évolution de consanguinité négative entre 2000 et 2010, ce qui rend impossible de calculer l'effectif génétique. Parmi elles, 5 races ont moins de 4 équivalents-générations connus, ce qui pourrait indiquer que les niveaux et les tendances de consanguinité sont sous-estimés. Quatorze races ont une évolution de consanguinité croissante, allant de faible à modérée, entre 0 et 0,24% annuellement. Finalement, 8 races ont une évolution de consanguinité moyenne annuelle de 0,25% ou plus, ce qui résulte à une augmentation du taux de consanguinité de plus de 1% par génération, qui se traduit par un effectif génétique inférieur à 50 (généralement considéré comme un effectif génétique critique dans les populations animales). Ces races comprennent deux « grandes » races (Romanov et Arcott Outaouais), une race «moyenne» (Ile de France) et cinq « petites »races (Lincoln, East Friesian Dairy, Rouge de l'Ouest, Columbia, Berrichon du Cher), selon la classification de race montrée à la Figure 1. L'effectif génétique (N_e), calculé uniquement pour les races ayant une évolution de consanguinité positive, varie de 14 à 581 dans la population étudiée, avec une moyenne de 118.

Les niveaux et les tendances de consanguinité sont fortement influencés par la connaissance des généalogies et les stratégies d'accouplement, ce qui rend difficile de comparer les races et d'évaluer avec précision la variabilité génétique, surtout dans les petites races où les évolutions sont souvent irrégulières. D'autres approches, basées sur les probabilités d'origine de gènes, peuvent être utilisées pour corroborer les résultats trouvés avec la consanguinité. Quelques exemples sont présentés dans les sections suivantes.

3.5 Probabilités d'origine de gènes

Le tableau 4 montre des statistiques calculées à l'aide des contributions des fondateurs et ancêtres de chaque race à différentes cohortes de femelles. Le nombre de fondateurs efficaces (F_e) prend en compte le déséquilibre dans les contributions des fondateurs alors que le nombre d'ancêtres efficaces (F_a) prend également en considération les goulots d'étranglement relatifs à la sur-utilisation de pères ou de mères. Le nombre de génomes fondateurs restants dans la population (N_g) prend en compte les contributions asymétriques de fondateurs, les goulots d'étranglement dans les généalogies et la dérive génétique, qui est la perte aléatoire d'allèles. Des définitions plus détaillées sont fournies dans la section 2.2 du présent rapport. Les résultats sur les cohortes successives sont présentés pour montrer à quel point l'effectif génétique des différentes races a évolué au cours des dernières années, et ce qui aurait été trouvé si la même analyse avait été effectuée il y a 5 ans, 10 ans et 15 ans. L'analyse aide également à identifier des modèles d'évolution et à prédire comment les populations vont évoluer dans les années à venir si elles sont encore gérées de la même façon. Le tableau 4 est trié en ordre croissant de F_a pour la cohorte la plus récente.

Tableau 4 – Principaux critères basés sur les probabilités d'origine de gènes pour 4 cohortes différentes

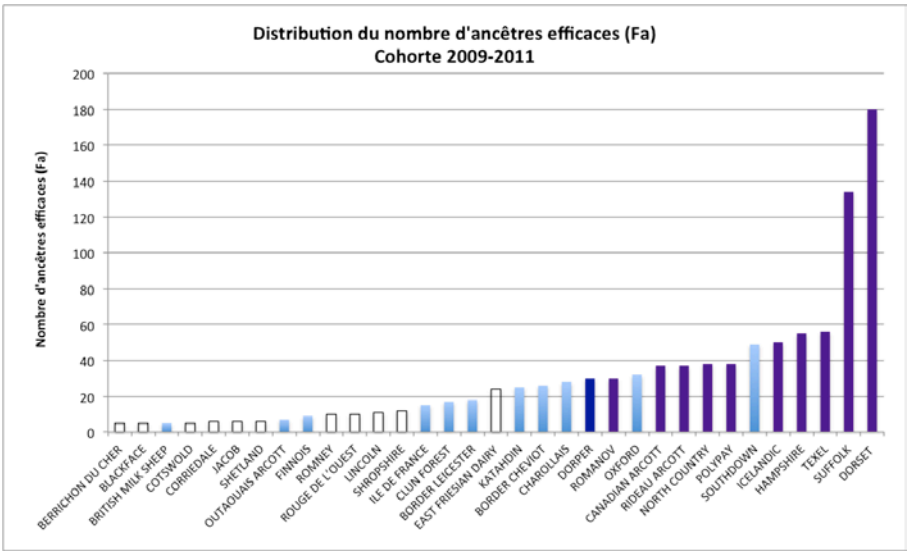
	Nombre de fondateurs efficaces (F_e)				Nombre d'ancêtres efficaces (F_a)				Nombre de génomes fondateurs (N_g)			
	Cohorte*				Cohorte*				Cohorte*			
Race	**I**	**II**	**III**	**IV**	**I**	**II**	**III**	**IV**	**I**	**II**	**III**	**IV**
BERRICHON DU CHER			26	22			6	5			3	3
BLACKFACE			3	23			3	5			2	5
BRITISH MILK SHEEP		4	5	5		4	5	5		3	3	2
COTSWOLD	14	13	16	14	10	9	9	5	7	5	4	3
CORRIEDALE	80	46	17	9	43	19	5	6	25	11	4	5
JACOB	5	18	27	13	3	13	15	6	2	8	10	4
SHETLAND	53	129	80	6	50	64	32	6	28	35	19	4
OUTAOUAIS ARCOTT	44	33	16	15	40	20	9	7	32	15	6	4
FINNSHEEP	33	20	23	20	16	10	11	9	8	4	5	3
ROMNEY	84	97	92	33	51	36	36	10	39	21	22	7
ROUGE DE L'OUEST			38	37			8	10			6	5
LINCOLN				20				11	8	5	5	5
SHROPSHIRE	108	60	25	31	34	12	10	12	23	7	4	6
ILE DE FRANCE	33	49	58	50	6	8	15	15	5	6	9	9
CLUN FOREST	45	50	45	44	15	18	16	17	8	8	7	7
BORDER LEICESTER	62	59	58	61	30	24	15	18	13	10	7	7
EAST FRIESIAN DAIRY	68	75	56	38	43	46	33	24	33	28	17	11
KATAHDIN	22	57	42	28	16	50	32	25	10	41	26	21
BORDER CHEVIOT	55	69	123	38	41	21	38	26	33	16	21	18
CHAROLLAIS	71	94	89	70	40	51	40	28	29	36	26	16
DORPER	34	180	138	90	12	60	44	30	8	42	27	16
ROMANOV	72	67	57	64	35	37	33	30	18	16	11	9
OXFORD	72	80	54	59	45	42	26	32	27	24	16	17
CANADIAN ARCOTT	57	51	60	56	51	41	42	37	36	24	22	17
RIDEAU ARCOTT	56	53	46	43	51	48	40	37	42	35	25	20
NORTH COUNTRY CHEVIOT	100	114	114	118	50	54	41	38	24	25	19	17
POLYPAY	55	69	107	87	43	45	51	38	29	28	29	18
SOUTHDOWN	436	72	97	76	82	59	58	49	65	41	35	28
ICELANDIC	29	27	39	58	25	25	35	50	15	13	19	25
HAMPSHIRE	171	164	109	131	97	91	61	55	59	50	37	28
TEXEL	52	87	117	87	50	79	89	56	40	58	58	35
SUFFOLK	10	276	192	178	274	202	149	134	168	120	85	66
DORSET	455	457	375	384	253	218	171	180	151	115	88	83

Cohortes: I=femelles nées en 1994-1996; II= femelles nées en 1999-2001; III= femelles nées en 2004-2006; IV= femelles nées en 2009-2011

Seize races ont moins de 20 ancêtres efficaces pour leur plus récente cohorte, dont 10 races «petites» et 6 races «moyennes» (British Milk Sheep, Arcott Outaouais, Finnois, Ile de France, Clun Forest et Border Leicester). Certaines races moyennes semblent plus performantes que d'autres en termes de variabilité génétique d'après le F_a, telles que les races Oxford et Southdown, qui semblent avoir une base génétique plus grande que d'autres «grandes» races. Les deux plus grandes races en fonction de F_a (Suffolk, Dorset) semblent être beaucoup plus variables que d'autres grandes races et ont probablement un accès à des gènes étrangers plus élargi. Il n'existe pas de directives claires sur le nombre minimum d'ancêtres efficaces et des génomes fondateurs. La FAO a publié des lignes directrices pour l'effectif génétique (N_e) basé dur l'évolution de consanguinité, qui devrait être au moins 50 (FAO, 2000). Dans plusieurs études, en règle générale, 20 et 10 sont souvent utilisés comme des minimums recommandés pour F_a et N_g, respectivement.

Figure 5 – Distribution de F_a pour la plus récente cohorte (femelles nées en 2009-2011)

La couleur de la barre indique la taille réelle de la population de référence (blanc = population de petite taille (<200), bleu clair = population de taille moyenne (200 à 500), bleu foncé = grande population (> 500))



Le nombre de génomes fondateurs (N_g) est très cohérent avec F_a dans la plupart des cas. Pour la cohorte 2009-2011, N_g varie de 2 à 83, avec une moyenne de 16. Le nombre de génomes fondateurs est de 1,5 à 2 fois plus faible que le nombre d'ancêtres efficaces pour la plupart des races, mais il est encore plus faible dans les races Clun Forest, Finnois et Romanov, montrant que ces races ont été affectées par la dérive génétique au cours des dernières années, ce qui a mené à la perte aléatoire de diversité génétique, fort probablement due à la perte de familles ou de lignées au cours de cette période. Le modèle d'évolution pour F_a et N_g sur les cohortes successives est similaire pour la plupart des races, montrant une diminution au cours des 15 dernières années, sauf pour les races Icelandic, Ile de France , Jacob et Katahdin . Certaines diminutions importantes relatives ont eu lieu même dans les races pour lesquelles les évolutions de consanguinité négatives ont été observées au cours des 10 dernières années (ex : Shetland, Shropshire, Romney). Les plus fortes baisses de F_a entre la première et la quatrième cohorte ont été observées dans les races suivantes: Shetland (-89 %), Corriedale (-86 %), Arcott Outaouais (-83 %) et Romney (-80 %). Même dans les deux plus grandes races basées sur le F_a (Suffolk et Dorset), les critères F_a et N_g ont tous deux diminué de 40 à 60% au cours des 15 dernières années.Le tableau 5 montre les contributions cumulées des ancêtres les plus influents aux populations de référence pour chaque race. Il présente un sommaire des statistiques pour la cohorte de femelles nées en 2009-2011, ainsi que la contribution de l'ancêtre le plus influent à leur génétique et le nombre d'ancêtres expliquant 10, 25, 50, 90 et 99% de la génétique actuelle. Le tableau est classé en fonction du nombre d'ancêtres efficaces (F_a).

Tableau 5 – Contributions cumulées des ancêtres les plus influents à la population de référence (femelles nées en 2009-2011) dans chaque race

					Ancêtres expliquant x % des gènes					
Race	**N**	**F**	**F_a**	**Contribution 1er ancêtre**	**10%**	**25%**	**50%**	**75%**	**90%**	**99%**
BERRICHON DU CHER	25	79	5	27.4	1	1	3	4	6	9
BLACKFACE	66	40	5	41.8	1	1	2	7	13	22
BRITISH MILK SHEEP	216	9	5	32.5	1	1	2	4	6	8
COTSWOLD	80	41	5	33.3	1	1	2	4	7	10
CORRIEDALE	69	192	6	29.6	1	1	3	5	8	17
JACOB	26	31	6	35.4	1	1	3	6	10	12
OUTAOUAIS ARCOTT	360	65	7	26.2	1	1	3	6	10	32
SHETLAND	37	31	7	31.3	1	1	2	4	7	9
FINNSHEEP	501	106	9	22.0	1	2	3	7	14	29
ROMNEY	121	189	10	27.4	1	1	6	14	22	30
ROUGE DE OUEST	72	50	10	15.4	1	2	4	7	11	14
LINCOLN	66	411	11	20.2	1	2	4	11	22	41
SHROPSHIRE	130	158	12	17.5	1	2	5	11	23	38
ILE DE France	362	97	15	13.5	1	2	6	11	16	23
CLUN FOREST	356	124	17	12.6	1	3	7	13	20	37
BORDER LEICESTER	288	409	18	14.4	1	2	7	19	34	77
EAST FRIESIAN DAIRY	126	169	24	9.7	2	3	9	19	30	49
KATAHDIN	476	176	25	12.7	1	3	10	37	89	158
BORDER CHEVIOT	210	807	26	9.3	2	4	10	21	38	70
CHAROLLAIS	478	1238	28	7.6	2	4	10	22	40	72
OXFORD	238	336	32	10.9	1	4	13	29	54	99
DORPER	1799	619	30	9.9	2	3	11	39	97	282
ROMANOV	5891	599	30	7.8	2	4	11	24	44	144
CANADIAN ARCOTT	1304	282	37	8.3	2	5	14	38	76	168
RIDEAU ARCOTT	17514	1043	37	7.2	2	5	12	34	74	376
NORTH COUNTRY CHEVIOT	1517	1882	38	9.3	2	5	14	40	91	252
POLYPAY	3528	634	38	7.3	2	5	14	35	68	230
SOUTHDOWN	360	599	49	6.9	2	6	20	55	111	193
ICELANDIC	2638	544	50	6.7	2	6	21	50	94	190
HAMPSHIRE	1286	1943	55	7.2	2	7	20	58	125	298
TEXEL	904	807	56	6.7	2	7	21	57	115	238
SUFFOLK	5306	4238	134	3.2	5	15	49	142	323	>1000
DORSET	7397	4270	180	2.0	6	20	68	180	397	>1000

N=taille de la population de référence; F=nombre de fondateurs; F_a=nombre d'ancêtres efficaces

L'ancêtre le plus influent explique plus de 10% du patrimoine génétique actuel pour 18 races , et plus de 20% pour 11 races, montrant que de nombreuses races dans cette étude ont des goulots d'étranglement majeurs dans leurs généalogies. Le nombre d'ancêtres expliquant la moitié de la génétique varie de 2 à 68, avec une moyenne de 12, tandis que le nombre d'ancêtres expliquant 99 % de la génétique varie de 8 à plus de 1 000. Cela montre que quelques ancêtres ont une grande contribution tandis que beaucoup d'ancêtres ont une très petite contribution, même dans la plupart des grandes races. Dans les fiches techniques individuelles fournies en annexe pour chaque race, la liste des 10 ancêtres les plus influents est fournie, et représente souvent une bonne partie de la diversité génétique. Un des principaux défis est de maintenir les contributions des ancêtres aussi équilibrée que possible afin d'éviter les goulots d'étranglement dans les généalogies et l'accumulation potentielle de consanguinité à long terme. Cela est particulièrement difficile dans les populations sous sélection, où les animaux élites sont souvent sur-utilisés et ont beaucoup de descendants retenus pour la reproduction.

4. Discussion

Cette étude a inclus beaucoup de races, pour lesquelles de nombreux critères ont été analysés. Si on ne considère que les principaux critères dans chaque section afin de résumer la situation en termes de variabilité génétique, un bon portrait peut être établi avec la connaissance des généalogies, les évolutions de consanguinité, le nombre d'ancêtres efficaces ainsi que le nombre de génomes fondateurs. Le tableau 6 présente une vue d'ensemble de ces critères pour les 33 races analysées. Les chiffres en rouge sont en dehors de ce qui pourrait être des lignes directrices possibles pour les indicateurs de la variabilité génétique (moins de 4 équivalent-générations connus, plus de 0,25% de consanguinité par an au cours des 10 dernières années, moins de 20 ancêtres efficaces ou 10 génomes fondateurs de la plus récente cohorte de femelles (2009-2011)).

Tableau 6 – Tableau récapitulatif pour la connaissance des généalogies, l'évolution de la consanguinité et les probabilités d'origine de gènes

Race	Femelles nées en 2009-2011	Équivalents-générations	Évolution de consanguinité annuelle moyenne 2000-2010 (%/an)	Nombre d'ancêtres efficaces (F_a)	Nombre de génomes fondateurs (N_g)
BERRICHON DU CHER	25	5.77	**+0.98**	**5**	**3**
BLACKFACE	66	**2.27**	-0.32	**5**	**5**
BORDER CHEVIOT	210	**3.85**	+0.02	26	18
BORDER LEICESTER	288	10.09	-0.08	**18**	**7**
BRITISH MILK SHEEP	216	**2.01**	**+0.73**	**5**	**2**
CANADIAN ARCOTT	1304	5.78	+0.10	37	17
CHAROLLAIS	478	5.81	+0.10	28	16
CLUN FOREST	356	8.15	+0.12	**17**	**7**
CORRIEDALE	69	**3.18**	+0.15	**6**	**5**
COTSWOLD	80	**1.32**	-0.45	**5**	**3**
DORPER	1799	5.39	+0.22	30	16
DORSET	7397	6.73	+0.07	180	83
EAST FRIESIAN DAIRY	126	4.93	**+0.40**	24	11
FINNOIS	501	4.91	-0.03	**9**	**3**
HAMPSHIRE	1286	5.97	+0.04	55	28
ICELANDIC	2638	7.32	-0.11	50	25
ILE DE FRANCE	362	6.47	**+0.54**	**15**	**9**
JACOB	26	**1.62**	-0.08	**6**	**4**
KATAHDIN	476	**1.86**	-0.08	25	21
LINCOLN	66	4.85	**+0.29**	**11**	**5**
NORTH COUNTRY	1517	9.28	+0.09	38	17
OUTAOUAIS ARCOTT	360	9.28	**+0.28**	**7**	**4**
OXFORD	238	5.56	-0.06	32	17
POLYPAY	3528	5.24	+0.11	38	18
RIDEAU ARCOTT	17514	6.77	+0.12	37	20
ROMANOV	5891	5.63	**+0.25**	30	**9**
ROMNEY	121	5.58	-0.07	**10**	**7**
ROUGE DE L'OUEST	72	4.59	**+0.51**	**10**	**5**
SHETLAND	37	**1.47**	-0.07	**6**	**4**
SHROPSHIRE	130	6.82	-0.35	**12**	**6**
SOUTHDOWN	360	**3.71**	+0.18	49	28
SUFFOLK	5306	6.82	+0.09	134	66
TEXEL	904	**3.87**	+0.15	56	35
Moyenne	**1627**	**5.27**	**+0.12%/an**	**31**	**16**

Dans les résultats sommaires présentés dans le tableau 6, 8 races ont des évolutions de consanguinité élevées et 17 ont un faible nombre d'ancêtres efficaces et/ou génomes fondateurs. Sept races ont un problème pour les deux critères en même temps, dont 3 petites races (Berrichon du Cher, Lincoln, Rouge de l'Ouest), 3 races moyennes (British Milk Sheep, Ile de France, Arcott Outaouais) et une grande race (Romanov). Plusieurs petites races montrant une connaissance limitée des généalogies ne montrent aucun problème de consanguinité, mais semblent avoir un très petit effectif génétique selon les contributions des ancêtres (Blackface, Corriedale, Cotswold, Jacob, Shetland). La race Romanov est un cas particulier, avec une forte évolution de consanguinité et un faible N_g, même si le F_a est acceptable (30), qui montre un plus grand impact de la dérive génétique dans cette population, très probablement en raison de la réduction drastique de la population entre 2002 et 2005.

Dans l'ensemble, la situation est très variable au niveau de la taille réelle de la population, de la connaissance des généalogies, de l'évolution de la consanguinité et des probabilités d'origine de gènes. En moyenne, la connaissance des généalogies est assez bonne (5,27 équivalents-générations complets), mais elle est assez faible pour environ un tiers des races dans cette étude, principalement les petites races, mais aussi dans les plus grandes races qui utilisent des gènes étrangers (Texel, Border Cheviot, Katahdin, Southdown). Dans une étude similaire menée récemment en France par l'Institut de l'Elevage sur 35 races ovines (Danchin-Burge, 2010), la connaissance des généalogies était légèrement plus élevée, avec en moyenne 5,96 de générations équivalentes. Ils ont également signalé un nombre approximatif de 66 ancêtres efficaces, ce qui est deux fois plus élevé que ce qui a été évalué dans cette étude pour les races ovines canadiennes. Cependant, l'étude française incluait de beaucoup plus grandes populations avec 7 274 animaux en moyenne dans la population de référence (de 96 à 33 200).

Par rapport à d'autres espèces, comme les porcs et les bovins laitiers, dans lesquelles la sélection a été très intense au cours des dernières décennies et où l'insémination artificielle a été largement utilisée, les indicateurs de la variabilité génétique paraissent beaucoup plus favorables dans les populations ovines canadiennes. Par exemple, le nombre moyen d'ancêtres efficaces se situe entre 20 et 30 dans la plupart des races de bovins laitiers en France (Boichard *et al.*, 1997). Les résultats récents dans les races canadiennes de bovins laitiers montrent des niveaux de consanguinité entre 5,98 et 6,61% pour les génisses nées en 2012, et les évolutions de consanguinité annuelles allant de -0,09 à 0,22%/an entre 2000 et 2010 (CDN, 2013).

Même si les différentes races étudiées dans ce projet sont très différentes et que chacune d'elles nécessite une analyse spécifique, il est possible de regrouper les différentes races étudiées selon certains indicateurs présentés précédemment. Le tableau 7 montre le regroupement proposé, basé sur la connaissance des généalogies, les évolutions récentes de consanguinité et l'effectif génétique basé sur les probabilités d'origine de gènes. Les races dans le même groupe semblent se comporter de la même façon et partagent des recommandations potentielles pour la gestion de la variabilité génétique à l'avenir. Presque tous les scénarios possibles pour la structure de la population ont été trouvés dans cette étude, ce qui reflète l'histoire de la race, et la stratégie actuelle (s'il y en a une) pour préserver la diversité. Dans certains cas, il pourrait y avoir des problèmes de taille génétique, qui ne conduit pas nécessairement à une augmentation de la consanguinité.

D'après les résultats présentés dans le tableau 4 concernant l'effectif génétique (sur la base de contributions des ancêtres), il est essentiel de réaliser que pour la plupart des races, il y a une tendance claire montrant une érosion de la diversité génétique, plus ou moins rapide selon la race. Par conséquent, il est essentiel de mettre en place des mesures visant à ralentir le processus, même dans les races qui ne semblent pas être dans une situation critique aujourd'hui. Ces mesures pourraient différer en fonction de la taille de population, le nombre

de fermes impliquées et l'accès potentiel à des gènes étrangers. Ces mesures demandent des efforts collectifs afin d'optimiser l'utilisation des ressources génétiques disponibles. Ils comprennent par exemple:

Initiatives à la ferme:

- Suivi de consanguinité et de d'autres indicateurs de la diversité génétique sur une base régulière
- Utilisation des outils pour gérer la consanguinité et la variabilité génétique à long terme, tels les plans d'accouplement optimisés
- Utilisation de plus animaux plus jeunes pour la reproduction lorsque c'est possible
- Préserver le plus de familles possible
- Éviter l'utilisation excessive d'animaux élites
- Utilisation de gènes provenant d'autres troupeaux ou provinces (ou pays si possible), en vérifiant toujours la parenté avec le troupeau
- Fixer des objectifs, en fonction de la taille du troupeau, tels qu'une augmentation annuelle maximale de la consanguinité, le nombre maximum de portées produites/bélier, nombre maximal de fils/filles gardés pour la reproduction/bélier

Initiatives au niveau de la race

- Suivi de consanguinité et d'autres indicateurs de diversité génétique sur une base régulière
- Définition des meilleures stratégies pour préserver la diversité: partager la génétique, développer des programmes d'IA, congeler de la semence/des embryons
- Fixer des objectifs, selon la taille de la race, tels qu'une augmentation annuelle maximale pour la consanguinité

Tableau 7 – Regroupement des races ovines canadiennes selon les principaux indicateurs de variabilité génétique

Connaissance des généalogies	Évolution de la consanguinité	F_a et N_g	Races	Commentaires
Bonne	Faible	Acceptable	Arcott Canadien, Charollais, Dorper, Dorset, Hamsphire, Icelandic, North Country Cheviot, Oxford, Polypay, Arcott Rideau, Suffolk	Races avec une large base Bonne attention accordée pour éviter la consanguinité
	Faible	Faible	Border Leicester, Clun Forest, Finnsheep, Romney, Shropshire	Races avec une petite base Bonne attention accordée pour éviter la consanguinité Besoin d'outils de gestion à plus long terme
	Élevé	Acceptable	East Friesian Dairy	Races avec une large base Besoin d'outils pour éviter la consanguinité
	Élevé	Faible	Berrichon du Cher, Ile de France, Lincoln, Arcott Outaouais, Romanov, Rouge de l'Ouest	Races avec petits effectifs génétiques et des problèmes de consanguinité Besoin d'outils pour éviter la consanguinité et pour la gestion de la variabilité génétique à long terme
Faible	Faible	Acceptable	Border Cheviot, Katahdin, Southdown, Texel	Aucun problème identifié mais les généalogies sont trop incomplètes pour savoir si les résultats trouvés sont réels.
	Faible	Faible	Corriedale, Cotswold, Blackface, Jacob, Shetland	Le niveau et l'évolution de consanguinité sont fort probablement sous-estimés à cause de la faible connaissance des généalogies
	Élevé	Acceptable		
	Élevé	Faible	British Milk Sheep	Races ayant un petit effectif génétique et des problèmes de consanguinité Besoin d'outils pour éviter la consanguinité et pour la gestion de la variabilité génétique à long terme. La situation est probablement pire que décrite à cause de la faible connaissance des généalogies

5. Conclusions et Perspectives

L'analyse généalogique des races ovines canadiennes a montré un large éventail de situations en termes de taille de population et de connaissance des généalogies. Trente-trois races avec des animaux nés au cours des dernières années ont été comparés pour les indicateurs de variabilité génétique communs tels que le taux de consanguinité, les évolutions de consanguinité et les probabilités d'origine de gènes. Pour certaines races, l'information généalogique étant très limitée, il était difficile de fournir une image précise en ce qui concerne la variabilité génétique. Plus d'attention devrait être accordée aux races telles que Berrichon du Cher, Ile de France, Lincoln, Arcott Outaouais, Rouge de l'Ouest et Romanov, qui sont actuellement aux prises avec la consanguinité et des problèmes d'effectif génétique. Les évolutions observées dans le nombre d'ancêtres efficaces au cours des 15 dernières années ont montré une nette tendance à l'érosion de la variabilité génétique dans la plupart des races et plus particulièrement dans les populations sélectionnées, ce qui n'est pas surprenant, car c'est une tendance typique quand l'objectif principal est la poursuite du progrès génétique. Les populations ovines canadiennes font également face à des moments difficiles afin de maintenir la diversité génétique dus aux programmes d'éradication de la tremblante, qui tendent à amplifier les goulots d'étranglement. Des mesures individuelles et collectives sont nécessaires pour contrôler et ralentir l'érosion de la diversité génétique, tout en maintenant le progrès génétique.

L'objectif des études d'analyses était de dresser un portrait de la situation actuelle et des évolutions récentes, qui est toujours utile pour identifier les problèmes potentiels et prévoir ce que les évolutions futures seraient si rien n'était changé dans la gestion des populations. Un intérêt croissant pour la variabilité génétique a vu le jour au cours des dernières années, menant à l'élaboration de nouveaux outils pour les éleveurs de moutons canadiens, comme le calcul des coefficients de consanguinité maintenant affichés dans GenOvis et sur le site de la SCEA, ainsi que de nouveaux outils pour visualiser la répétition des ancêtres dans les généalogies. Plus récemment, les plans d'accouplement basés sur les approches de contributions optimales des fondateurs ont été mis en œuvre. Ces outils peuvent être utilisés par les troupeaux et avoir un effet relativement rapide au niveau de la race. Il est également important d'examiner les approches collectives pour optimiser la préservation de la variabilité génétique à long terme.

Cette étude a été réalisée sur les animaux enregistrés et/ou existant dans le programme GenOvis. Les populations réelles de race pure sont probablement plus grandes, mais seule une proportion est enregistrée. En augmentant la taille de la population enregistrée et/ou le nombre d'animaux sur le programme d'évaluation génétique, il serait possible d'augmenter la taille des populations avec des données de généalogie fiables. C'est en général une bonne façon de découvrir de nouvelles lignées et familles. L'accès à la génétique étrangère est souvent perçue comme la seule façon de restaurer la variabilité génétique, et c'est peut-être le cas pour certaines petites races dans cette étude, mais il est important de commencer par passer en revue la diversité existante chez les populations canadiennes. La génétique étrangère, en particulier les nouvelles lignées, doit d'abord être évaluée de façon adéquate avant d'être diffusée largement, afin de ne pas compromettre des années de sélection sur les objectifs de sélection canadiens.

Cette étude devrait être répétée sur une base régulière (tous les 4-5 ans) pour surveiller les évolutions ainsi que les effets potentiels de nouvelles pratiques de gestion. Il serait également intéressant de valider ces résultats avec différentes sources d'information, telles que l'information génomique. Avec des puces à SNP maintenant disponibles et qui permettent le génotypage potentiel de 700 000 marqueurs individuels à travers

le génome ovin, il est maintenant possible de déterminer "la vraie" diversité génétique. Les analyses de généalogies sont basées sur des approches probabilistes qui sous-estiment ou surestiment parfois la situation réelle. Les approches moléculaires ont l'énorme avantage d'être totalement indépendantes de la qualité des généalogies.

C’est le moment idéal pour les éleveurs de moutons canadiens de travailler ensemble sur la gestion de la variabilité génétique dans leurs populations. Avoir de nombreuses races est un atout, mais il est également essentiel de maintenir la diversité des races, surtout de nos jours où les programmes de sélection et d'éradication ont tendance à diminuer la variabilité génétique à un rythme très rapide. Pourtant, la plupart des races dans cette étude montrent encore que la variabilité génétique est adéquate selon les indicateurs de généalogie, mais les évolutions récentes montrent que des mesures doivent être prises dès maintenant pour préserver cette diversité.

Références

Boichard D., 2002. Pedig: a fortran package for pedigree analysis suited to large populations. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, 19-23 août 2002, paper 28-13.

Boichard D., Maignel L., Verrier E., 1997. Value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genet. Sel. Evol. 29: 5-23.

Canadian Dairy Network, 2013. Inbreeding Update.

Canadian Livestock Registration Corporation, 2012. Annual Statistics by Breed http://www.clrc.ca/sheepbybreed2012.pdf

Danchin-Burge C., 2010. Bilan de variabilité génétique de 35 races ovines allaitantes. Institut de l'Elevage, 118pp.

Food and Agroculture Organization, 2000. Secondary guidelines for development of farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk. FAO, Rome.

Rare Breeds Canada. Conservation list for sheep breeds. http://www.rarebreedscanada.org/sheep-breeds

Annexes

Fiches par race

Genetic Variability Analysis

Race: BERRICHON DU CHER

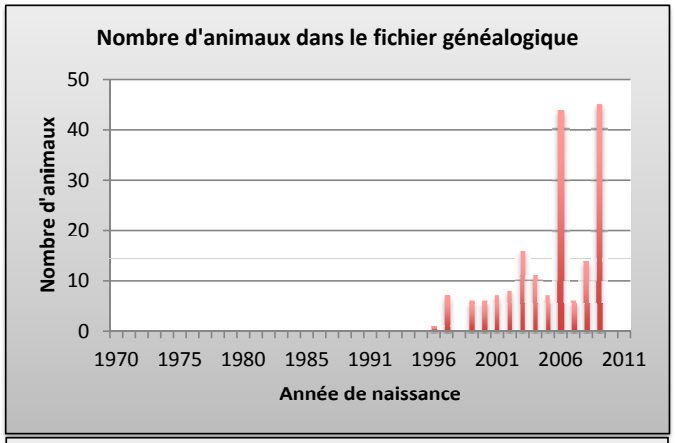
Animaux dans le fichier global	247	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	25	
Equivalents générations	5.8	générations
Maximum générations	14	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.94	ans
Consanguinité moyenne (2011)	10.85	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	-0.07	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	79	
Fondateurs efficaces (Fe)	22	
Ancêtres efficaces (Fa)	5.2	
Genomes équivalents (Ng)	3	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	27.34	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	3	ancêtres
90% des gènes actuels	6	ancêtres

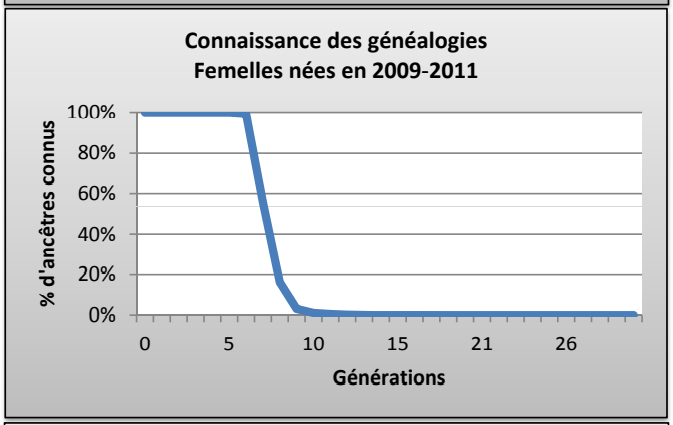
Ancêtres les plus influents à la population de référence

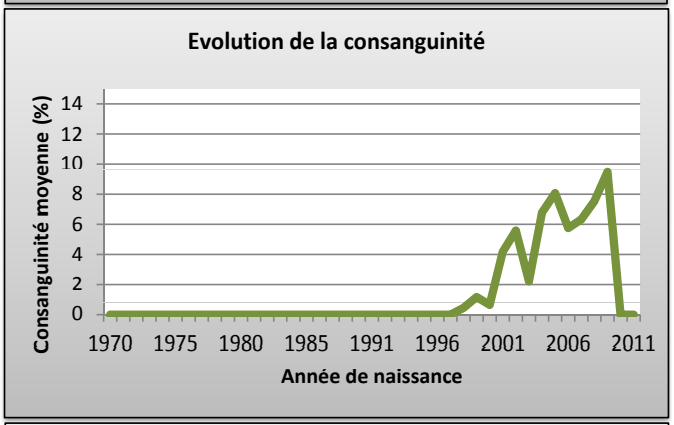
rang	ancêtre	contribution (%)
1	MAC5GC	27.34%
2	CANZ33513	22.56%
3	CANZ33520	20.21%
4	MAC1FC	13.15%
5	MAC2GC	6.58%
6	MAC36MC	5.73%
7	CANZ33526	2.34%
8	0	0.00%
9	0	0.00%
10	0	0.00%

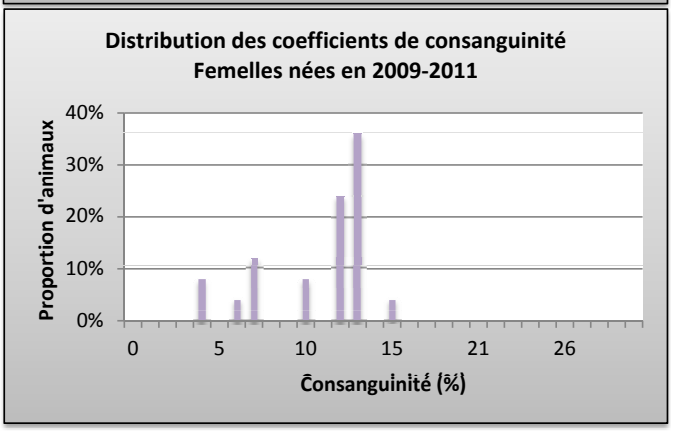
Comment

This population is very small with no animals registered in 2010 and 2011. This breed has a moderately good pedigree completeness, and the highest annual inbreeding rate between 2000 and 2009 among the breeds studied. The population originates from only 79 founders, and has 5.2 effective ancestors and 3 remianing founder genomes, which is very low. The population went through major bottlenecks and has a large proportion of very inbred animals. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: BLACKFACE

Animaux dans le fichier global	407	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	66	
Equivalents générations	**2.3**	générations
Maximum générations	11	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	1.02	ans
Consanguinité moyenne (2011)	1.61	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**-0.32**	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	40	
Fondateurs efficaces (Fe)	23	
Ancêtres efficaces (Fa)	**5**	
Genomes équivalents (Ng)	**5**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**41.83**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	3	ancêtres
90% des gènes actuels	13	ancêtres

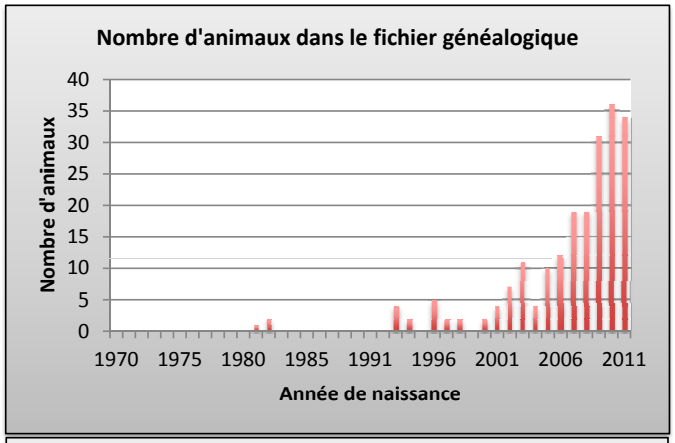
Ancêtres les plus influents à la population de référence

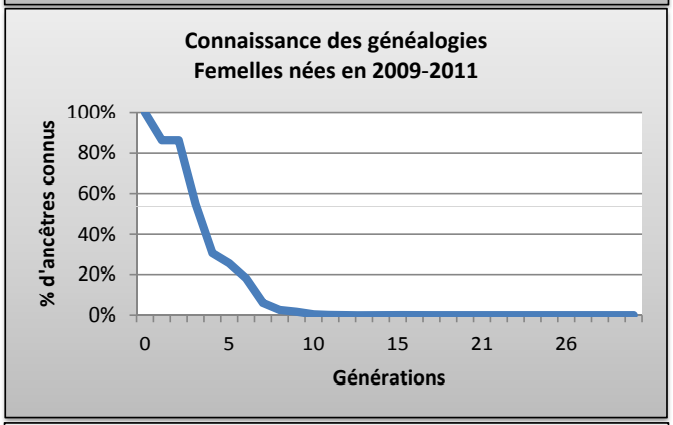
rang	ancêtre	contribution (%)
1	CAM1TC	41.83%
2	CWR2SC	7.69%
3	CAN633197	5.77%
4	CWR9SC	5.53%
5	CWR1SC	5.29%
6	CAN643819	4.81%
7	CWR11PC	4.81%
8	CWR13RC	4.09%
9	CWR16RC	2.88%
10	CWR12RC	1.92%

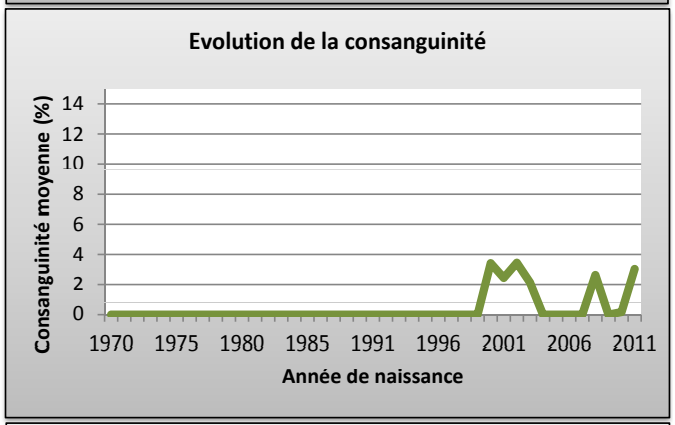
Comment

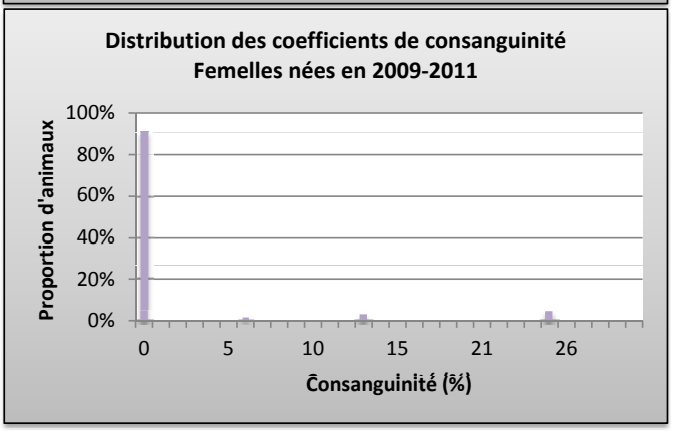
Pedigree completeness of this breed is poor, which might cause an underestimation of inbreeding level and rate. The reference population originates from only 40 founders, and has only 5 effective ancestors and 5 remaining founder genomes.

There is one major bottelneck in the pedigree, with the most influential ancestor explaining more than 40% of the current gene pool. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: BORDER CHEVIOT

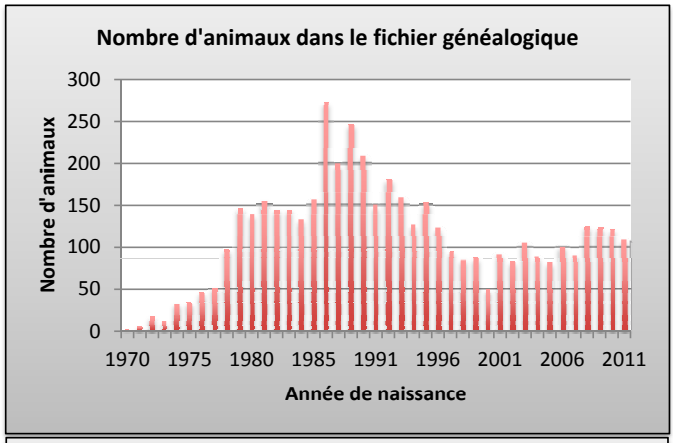
Animaux dans le fichier global	6164	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	210	
Equivalents générations	**3.9**	générations
Maximum générations	25	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.54	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.78	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.02	%
Effectif efficace	575	
Nombre de fondateurs (F)	807	
Fondateurs efficaces (Fe)	38	
Ancêtres efficaces (Fa)	26.2	
Genomes équivalents (Ng)	18	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	9.36	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	10	ancêtres
90% des gènes actuels	38	ancêtres

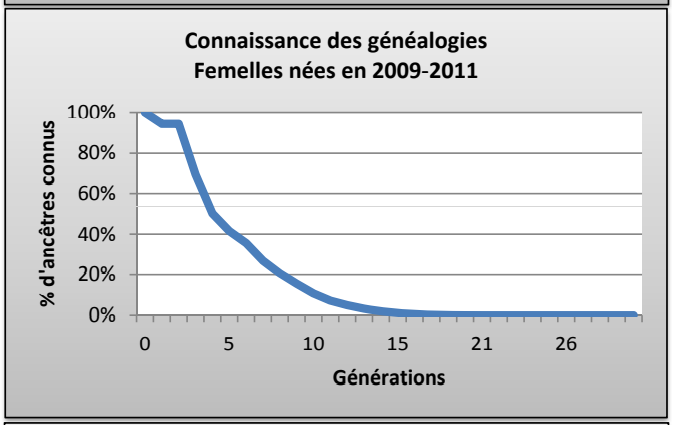
Ancêtres les plus influents à la population de référence

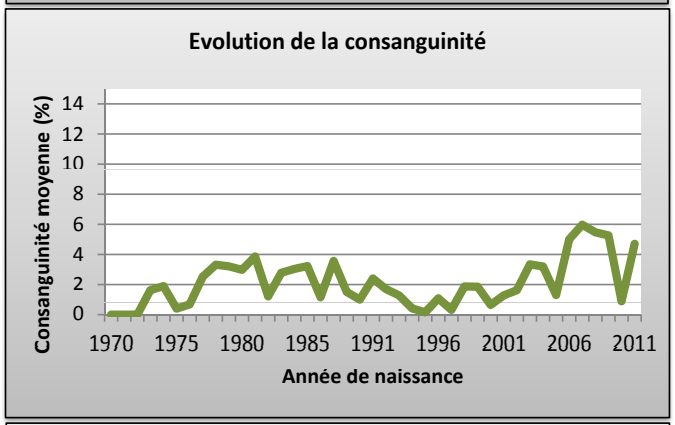
rang	ancêtre	contribution (%)
1	ROP639UC	9.36%
2	MI31731UC	7.09%
3	ROP1477GC	7.07%
4	LOKE631TC	5.35%
5	USA1093UC	5.21%
6	TDK97SC	4.95%
7	BYG70SC	4.56%
8	MI31748UC	3.21%
9	IMP2192MC	3.06%
10	ROP939MC	3.01%

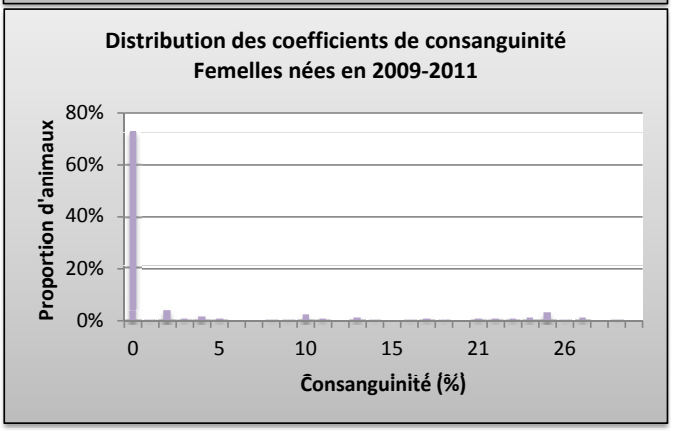
Comment

Pedigree completeness is quite low, which might cause the underestimation of inbreeding rates and trends. No major issues were identified based on effective number of ancestors (26) and number of genome equivalnets (18) for the reference population, and no major pedigree bottleneck was identified. The situation of the breed is not problematic, but should be monitored.









Genetic Variability Analysis

Race: BORDER LEICESTER

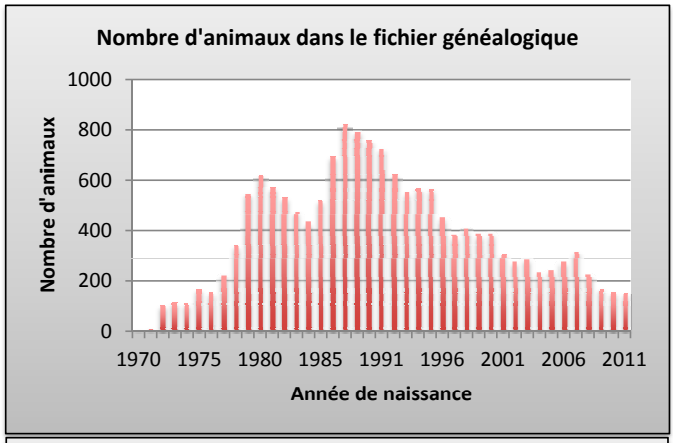
Animaux dans le fichier global	17764	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	288	
Equivalents générations	10.1	générations
Maximum générations	23	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	4.05	ans
Consanguinité moyenne (2011)	7.43	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	-0.08	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	409	
Fondateurs efficaces (Fe)	61	
Ancêtres efficaces (Fa)	18.1	
Genomes équivalents (Ng)	7	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	14.39	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	7	ancêtres
90% des gènes actuels	34	ancêtres

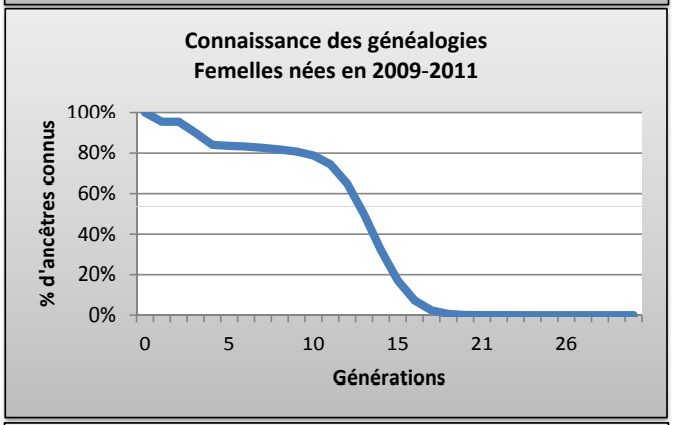
Ancêtres les plus influents à la population de référence

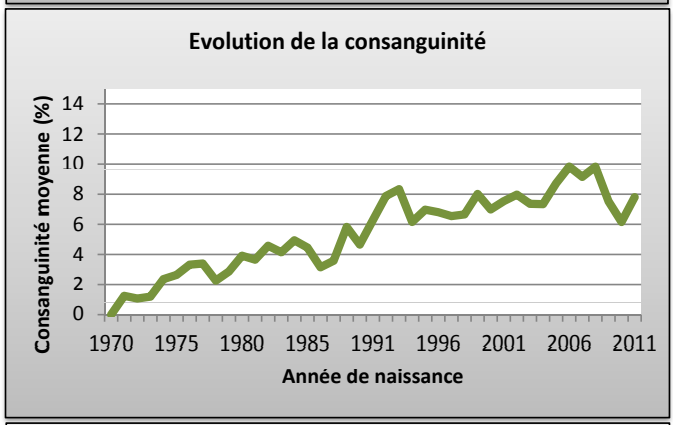
rang	ancêtre	contribution (%)
1	HXH27UB	14.39%
2	CLF11XB	10.76%
3	MAF9KC	7.56%
4	ROP1215TC	6.79%
5	MNJ1SB	5.81%
6	WD4KB	3.71%
7	MNJ38PB	3.36%
8	IJM56LC	2.94%
9	OKK106LC	2.78%
10	MP5KB	2.49%

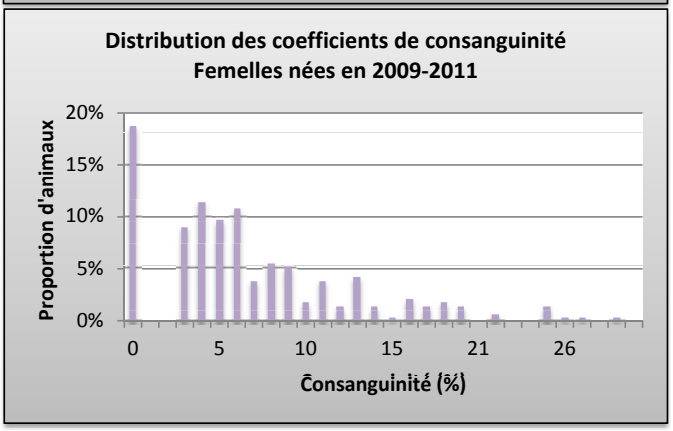
Comment

Pedigree completeness is very good on average. Inbreeding trends and levels have been high in the past, but seem to be better controlled since 2008. The reference poputlation has only 18 effective ancestors and 7 remaining founder genomes, and major pedigree bottlenecks were identified. The actual population size is decreasing, as well as its genetic size. The poulation is currently one of the most inbred on average. Measures need to be taken in order to keep decreasing inbreeding and to slow down the decrease in genetic diversity.









Genetic Variability Analysis

Race: BRITISH MILK SHEEP

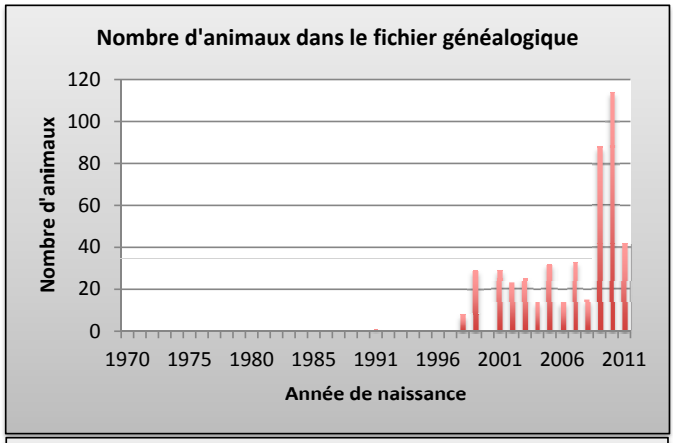
Animaux dans le fichier global	561	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	216	
Equivalents générations	**2.0**	générations
Maximum générations	7	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.08	ans
Consanguinité moyenne (2011)	7.85	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**0.73**	%
Effectif efficace	22	
Nombre de fondateurs (F)	9	
Fondateurs efficaces (Fe)	5	
Ancêtres efficaces (Fa)	**4.9**	
Genomes équivalents (Ng)	**2**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**32.47**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	2	ancêtres
90% des gènes actuels	6	ancêtres

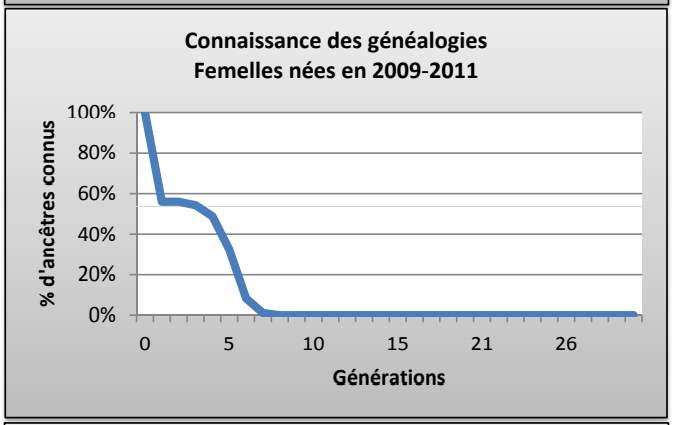
Ancêtres les plus influents à la population de référence

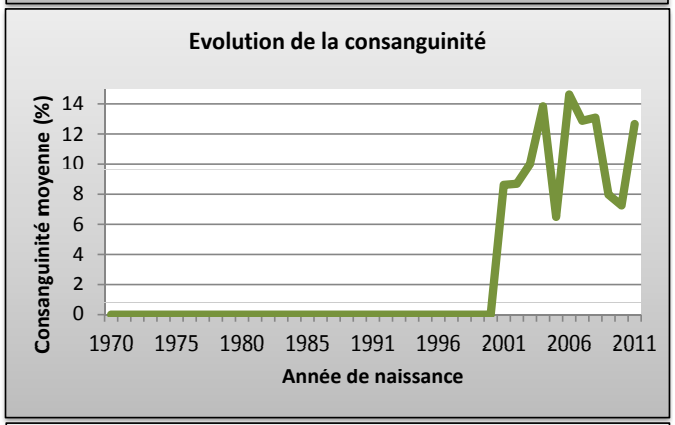
rang	ancêtre	contribution (%)
1	MWI91045AC	32.47%
2	BMBB431PC	22.29%
3	GST065HC	15.15%
4	AHB90095ZB	13.02%
5	AHB90021ZB	6.85%
6	AHB90009ZB	5.47%
7	AHB90016ZB	2.54%
8	AHB90061ZB	1.42%
9	0	0.00%
10	0	0.00%

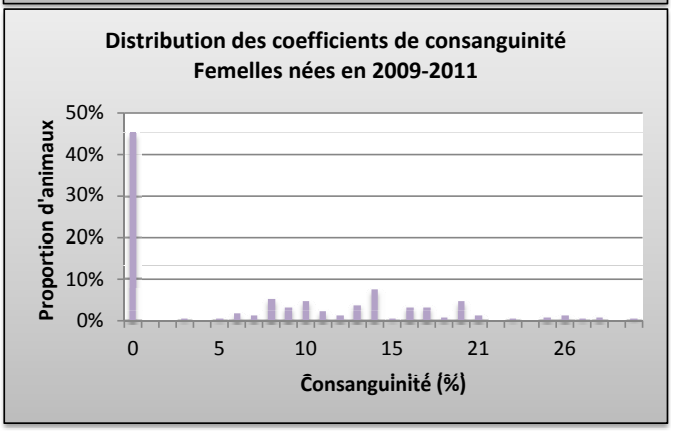
Comment

Pedigree completeness of this breed is poor, which might cause an underestimation of inbreeding levels and rates, which are already high (but probably even worst in reality). The reference population originates from only 9 founders, and has only 5 effective ancestors and 5 remaining founder genomes. There are major bottelnecks in the pedigree, with the most influential ancestor explaining more than 30% of the current gene pool. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: **CANADIAN ARCOTT**

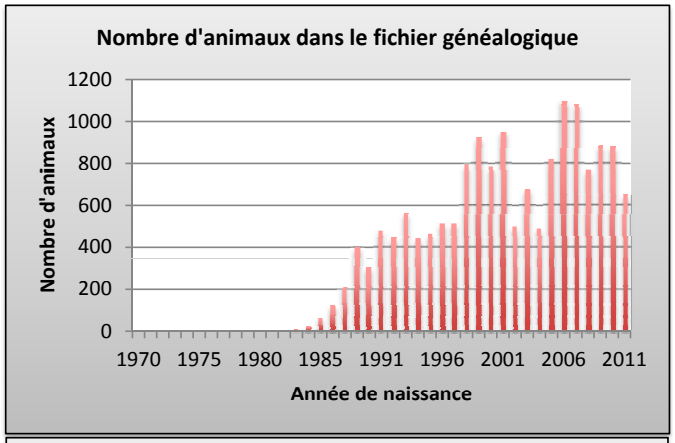
Animaux dans le fichier global	16537	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	1304	
Equivalents générations	5.8	générations
Maximum générations	12	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	4.26	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.73	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.10	%
Effectif efficace	113	
Nombre de fondateurs (F)	282	
Fondateurs efficaces (Fe)	56	
Ancêtres efficaces (Fa)	37.3	
Genomes équivalents (Ng)	17	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	8.27	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	14	ancêtres
90% des gènes actuels	76	ancêtres

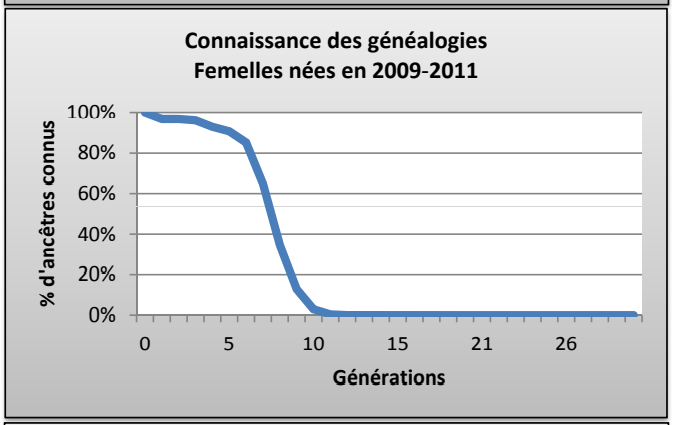
Ancêtres les plus influents à la population de référence

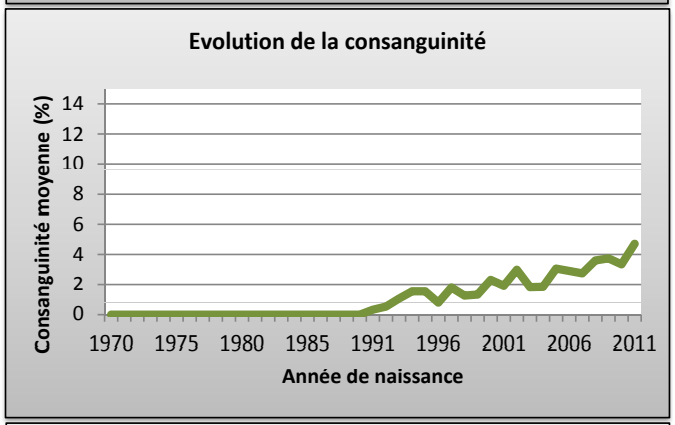
rang	ancêtre	contribution (%)
1	MRFA598HC	8.27%
2	PFR873DC	7.32%
3	CARC562XB	4.50%
4	CARC290XB	4.24%
5	CAJ16ZB	4.05%
6	GERA4399PC	3.40%
7	MRFA512CC	3.05%
8	MRFA518JC	2.87%
9	GERA93520TC	2.56%
10	SCH98ZB	2.47%

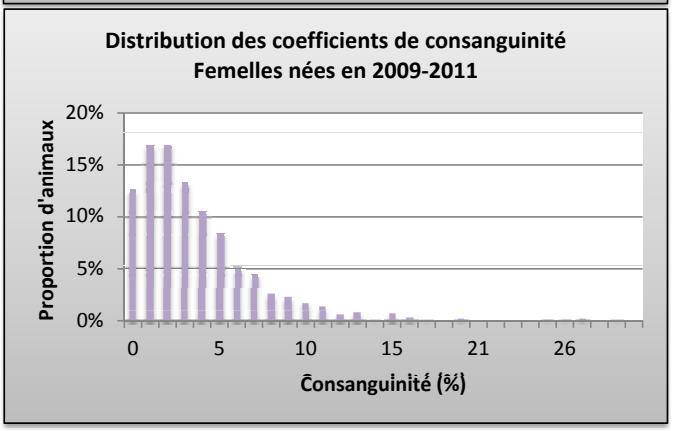
Comment

Pedigree completeness is quite good for this breed with a recent history. Inbreeding has increased at a slow pace since 1990 and most recent animals have low inbreeding. The reference population has 37 effective ancestors and 17 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain genetic diversity.









Genetic Variability Analysis

Race: CHAROLLAIS

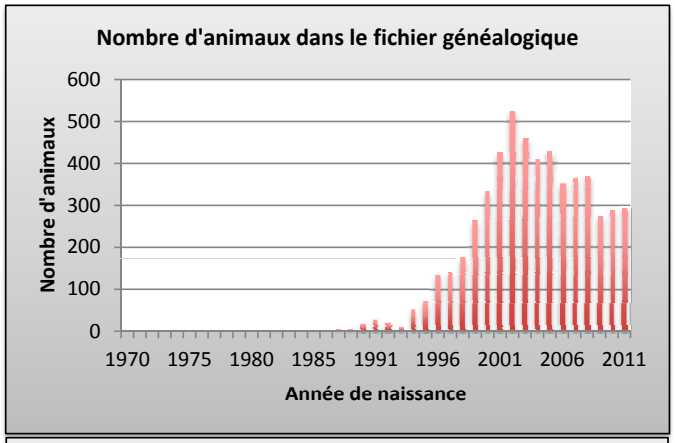
Animaux dans le fichier global	6276	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	478	
Equivalents générations	5.8	générations
Maximum générations	25	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.99	ans
Consanguinité moyenne (2011)	2.80	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.10	%
Effectif efficace	131	
Nombre de fondateurs (F)	1238	
Fondateurs efficaces (Fe)	70	
Ancêtres efficaces (Fa)	28.1	
Genomes équivalents (Ng)	16	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	7.59	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	10	ancêtres
90% des gènes actuels	40	ancêtres

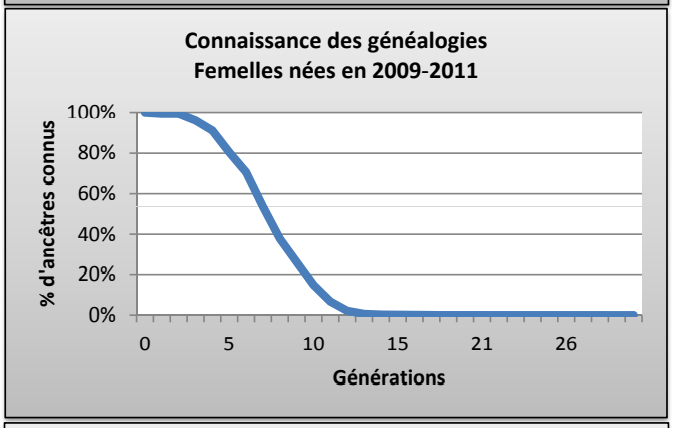
Ancêtres les plus influents à la population de référence

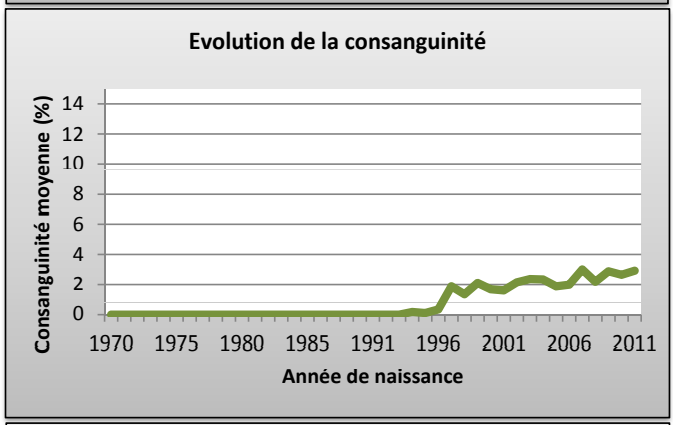
rang	ancêtre	contribution (%)
1	CANZ17817	7.59%
2	FSC9FC	6.89%
3	ZYV2061AC	6.45%
4	FSC111SC	5.51%
5	CANZ77351	5.36%
6	BCP9EC	4.98%
7	CANZ36493	4.39%
8	SU1094KC	3.66%
9	CANZ14099	3.60%
10	MRFA616FC	3.37%

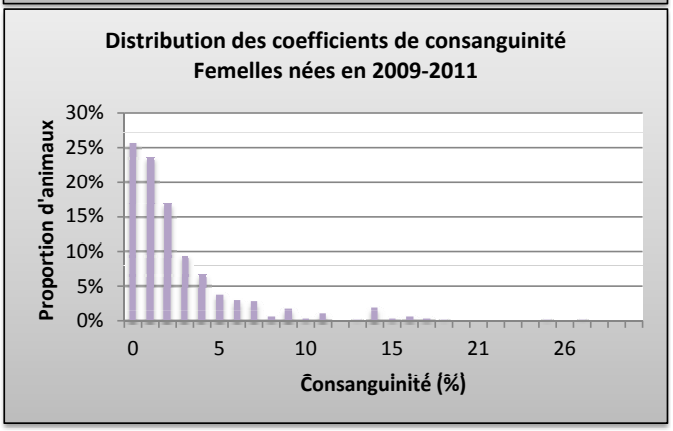
Comment

Pedigree completeness is quite good for this breed. Inbreeding has increased at a slow pace since 1995 and most recent animals have low inbreeding. The reference population has 28 effective ancestors and 16 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic diversity.









Genetic Variability Analysis

Race: CLUN FOREST

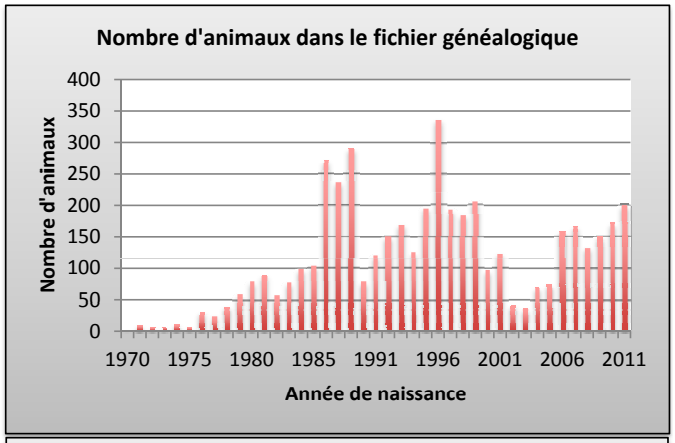
Animaux dans le fichier global	5083	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	356	
Equivalents générations	8.2	générations
Maximum générations	22	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	4.94	ans
Consanguinité moyenne (2011)	7.80	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.12	%
Effectif efficace	85	
Nombre de fondateurs (F)	124	
Fondateurs efficaces (Fe)	44	
Ancêtres efficaces (Fa)	17.4	
Genomes équivalents (Ng)	7	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	12.60	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	7	ancêtres
90% des gènes actuels	20	ancêtres

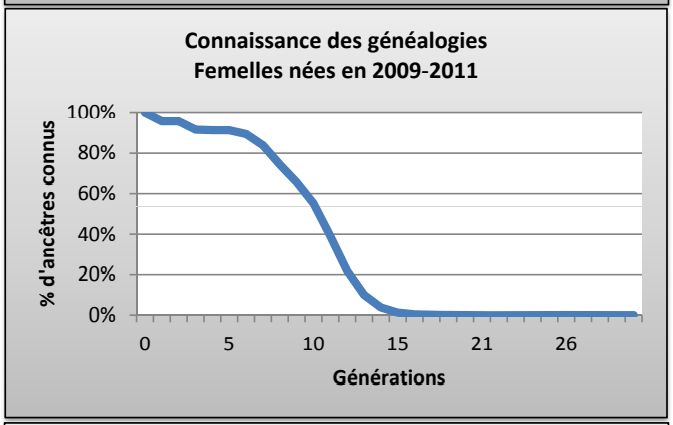
Ancêtres les plus influents à la population de référence

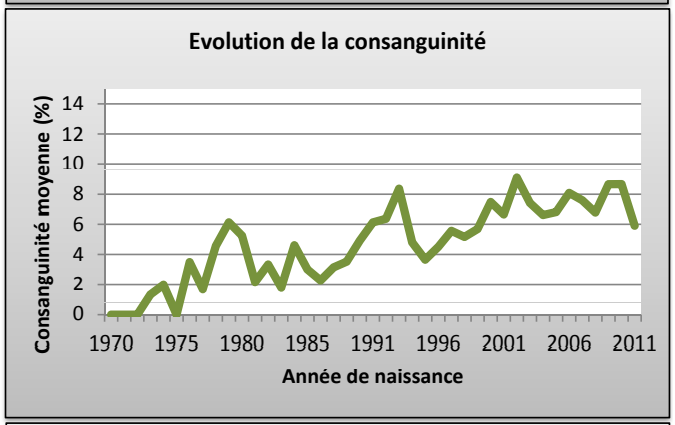
rang	ancêtre	contribution (%)
1	KW157DB	12.60%
2	CAN45	8.18%
3	LMM86HB	7.92%
4	OC38WB	7.75%
5	CAN236645	6.76%
6	MWY48UB	5.83%
7	CAN236643	4.54%
8	MWY61DC	4.47%
9	SPI4XB	4.33%
10	TSF043RC	4.13%

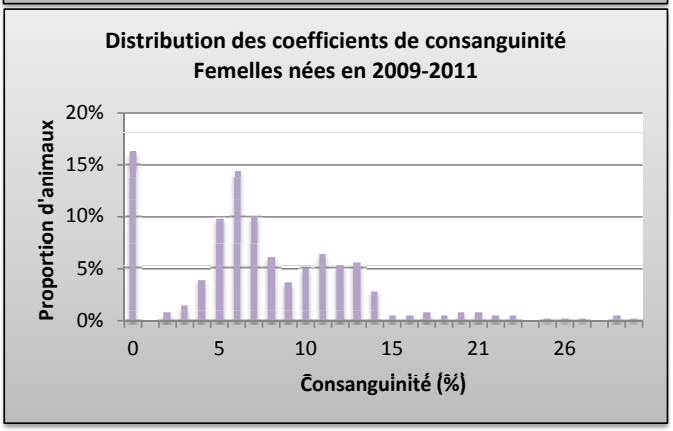
Comment

Pedigree completeness is very good. Inbreeding has increased in the past, but seems to be better controlled since 2000 with a slow increase. The reference poputlation has only 17 effective ancestors and 7 remaining founder genomes, and one major pedigree bottleneck was identified, which might be related to a decrease in actual population size between 1998 and 2002. The poulation is currently one of the most inbred on average. Measures need to be taken in order to keep decreasing inbreeding and to slow down the decrease in genetic diversity.









Genetic Variability Analysis

Race: CORRIEDALE

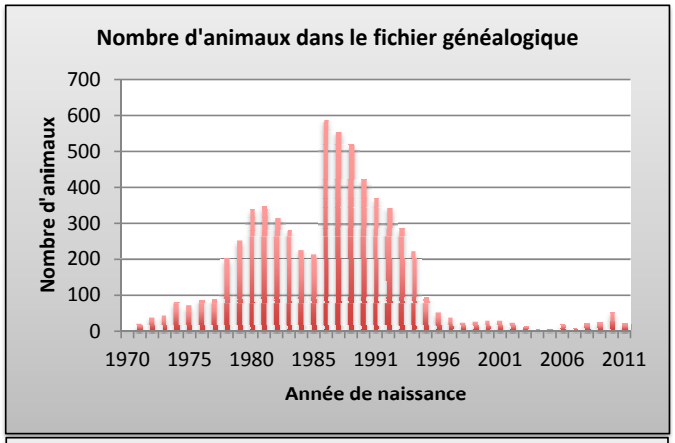
Animaux dans le fichier global	8816	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	69	
Equivalents générations	**3.2**	générations
Maximum générations	20	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	4.06	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.13	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.15	%
Effectif efficace	81	
Nombre de fondateurs (F)	192	
Fondateurs efficaces (Fe)	9	
Ancêtres efficaces (Fa)	**6.2**	
Genomes équivalents (Ng)	**5**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**29.63**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	3	ancêtres
90% des gènes actuels	8	ancêtres

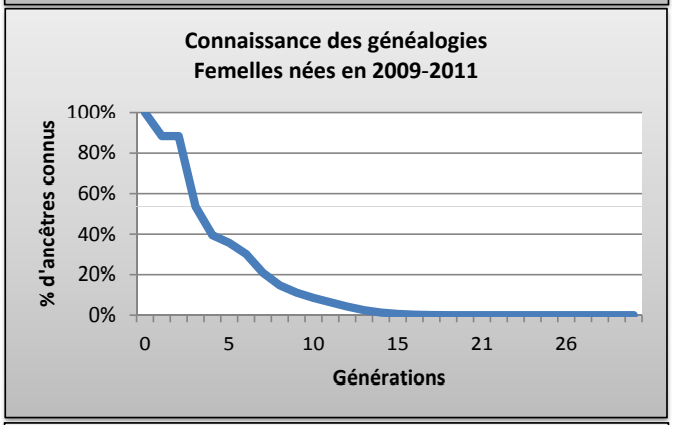
Ancêtres les plus influents à la population de référence

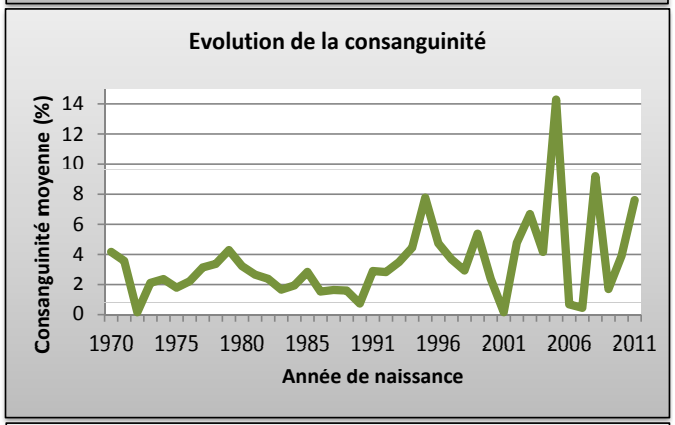
rang	ancêtre	contribution (%)
1	BOW6133SC	29.63%
2	MGF11MC	19.21%
3	SLR2HC	12.86%
4	GIN6UC	9.26%
5	JCV8NC	7.64%
6	CWT40PC	4.63%
7	JCV1KC	4.63%
8	JCV5JC	2.31%
9	JCV5NC	1.85%
10	ELM68CC	1.36%

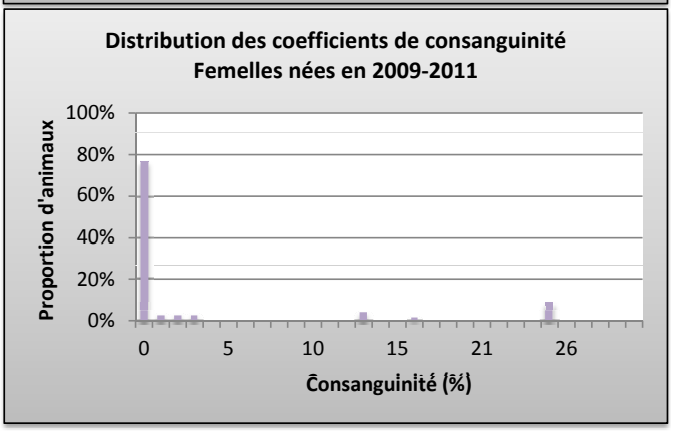
Comment

Pedigree completeness is poor, which might cause an underestimation of inbreeding levels and rates. The actual population size was large up until 1995 but decreased dramatically afterwards. The reference population has only 6 effective ancestors and 5 remaining founder genomes. There were several major bottelnecks identified in the pedigree, with the most influential ancestor explaining close to 30% of the current gene pool. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: COTSWOLD

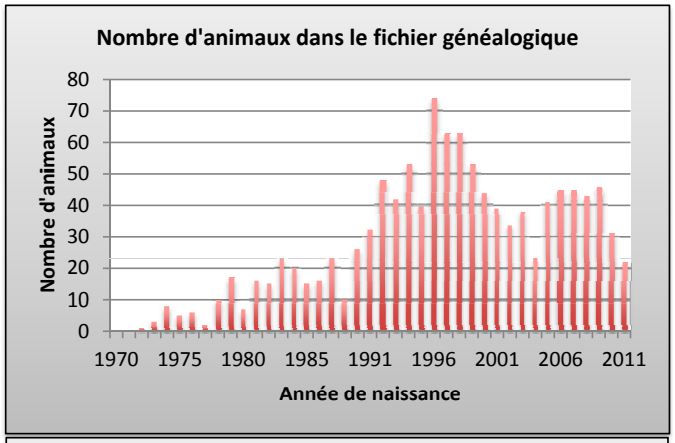
Animaux dans le fichier global	1487	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	80	
Equivalents générations	**1.3**	générations
Maximum générations	19	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.24	ans
Consanguinité moyenne (2011)	1.06	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**-0.45**	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	41	
Fondateurs efficaces (Fe)	14	
Ancêtres efficaces (Fa)	**4.8**	
Genomes équivalents (Ng)	**3**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**33.33**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	2	ancêtres
90% des gènes actuels	7	ancêtres

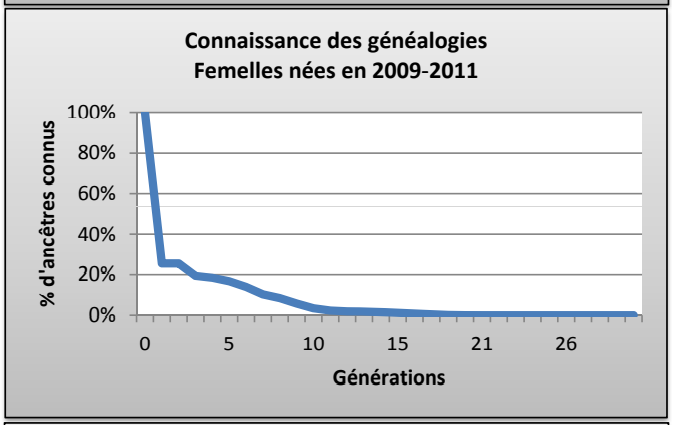
Ancêtres les plus influents à la population de référence

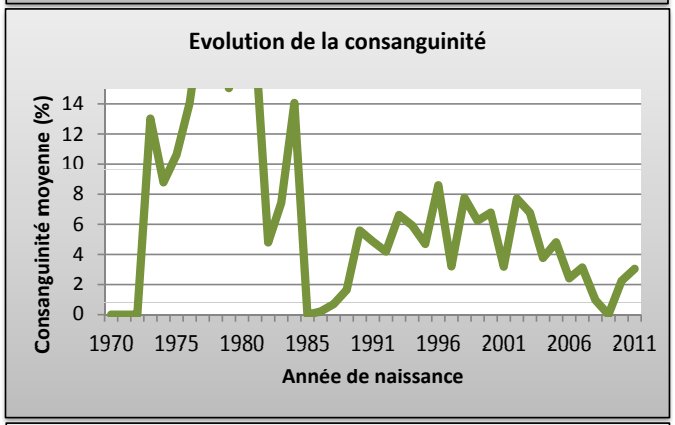
rang	ancêtre	contribution (%)
1	EHF13UC	33.33%
2	EHF71SC	27.78%
3	EHF58UC	8.33%
4	THU753GC	8.33%
5	EHF53UC	4.86%
6	EHF34RC	4.17%
7	EHF56UC	4.17%
8	EHF15TC	3.47%
9	EHF36TC	2.78%
10	0	0.00%

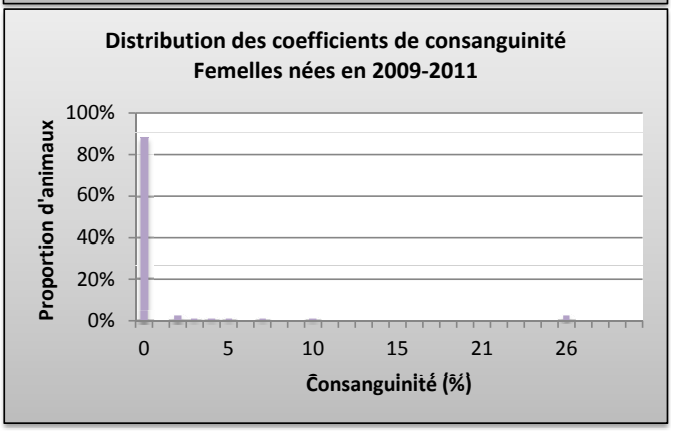
Comment

Pedigree completeness is very poor, which might cause an underestimation of inbreeding levels and rates. The reference population originates from only 41 founders, and has only 5 effective ancestors and 3 remaining founder genomes. There are two major pedigree bottelnecks, with the most influential ancestor explaining more than 30% of the current gene pool. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: DORPER

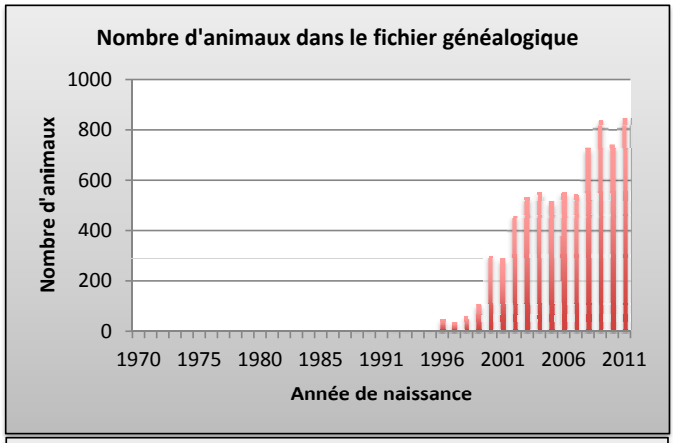
Animaux dans le fichier global	9028	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	1799	
Equivalents générations	5.4	générations
Maximum générations	13	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.24	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.82	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.22	%
Effectif efficace	69	
Nombre de fondateurs (F)	619	
Fondateurs efficaces (Fe)	90	
Ancêtres efficaces (Fa)	29.5	
Genomes équivalents (Ng)	16	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	9.91	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	11	ancêtres
90% des gènes actuels	97	ancêtres

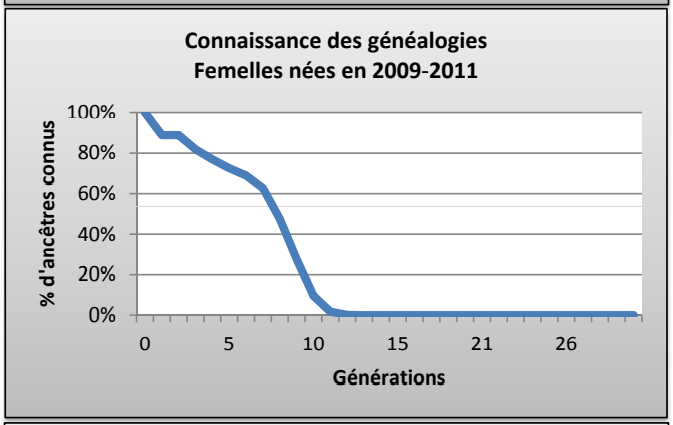
Ancêtres les plus influents à la population de référence

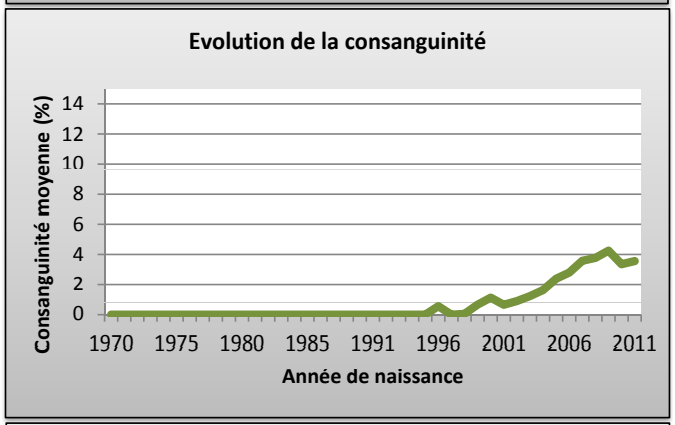
rang	ancêtre	contribution (%)
1	CANZ33349	9.91%
2	CANZ33173	8.39%
3	CANZ33391	7.89%
4	CANZ33180	4.15%
5	CANZ33123	3.60%
6	CANZ33395	3.57%
7	CANZ33385	3.56%
8	CANZ33368	3.44%
9	CANZ33220	2.15%
10	CANZ33415	1.73%

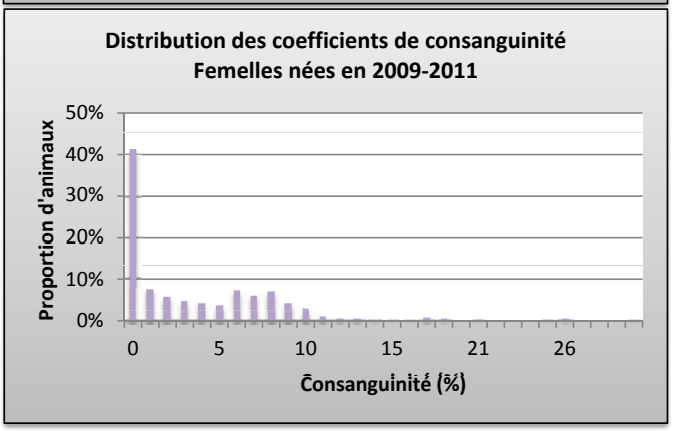
Comment

Pedigree completeness is quite good for this breed. Inbreeding has increased at a slow pace since 1995 and most recent animals have low inbreeding. The reference population has 29 effective ancestors and 16 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: DORSET

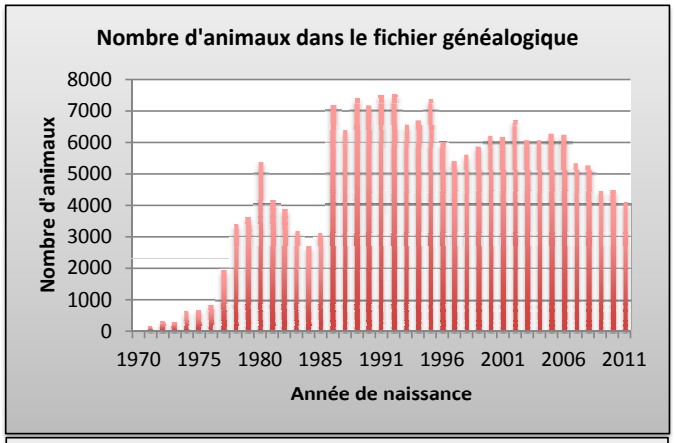
Animaux dans le fichier global	211044	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	7397	
Equivalents générations	6.7	générations
Maximum générations	29	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	4.06	ans
Consanguinité moyenne (2011)	2.83	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.07	%
Effectif efficace	166	
Nombre de fondateurs (F)	4270	
Fondateurs efficaces (Fe)	384	
Ancêtres efficaces (Fa)	180	
Genomes équivalents (Ng)	83	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	1.98	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	68	ancêtres
90% des gènes actuels	397	ancêtres

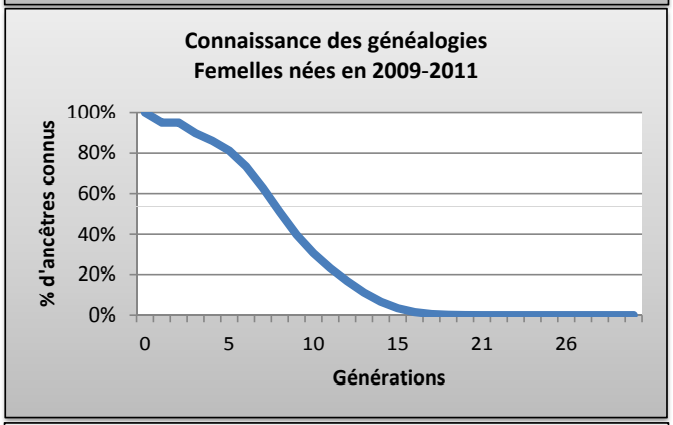
Ancêtres les plus influents à la population de référence

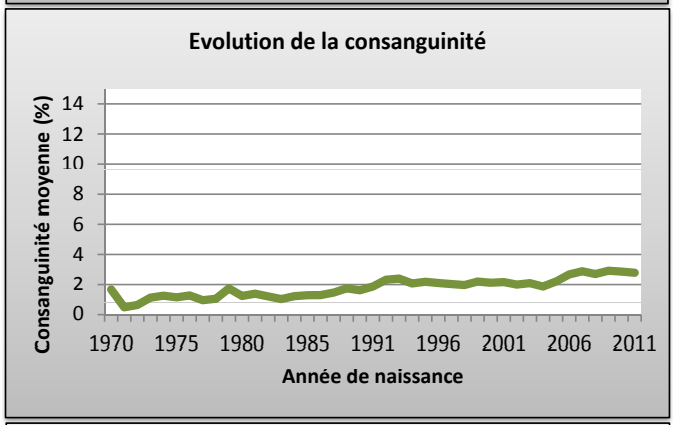
rang	ancêtre	contribution (%)
1	DCD12EC	1.98%
2	MVV57ZB	1.88%
3	RRWD99ZB	1.77%
4	MLG5RC	1.58%
5	ZOA25BC	1.57%
6	CLA59GC	1.54%
7	POYN719SB	1.42%
8	ROP236AC	1.35%
9	TATT8097GC	1.31%
10	PHP19PC	1.16%

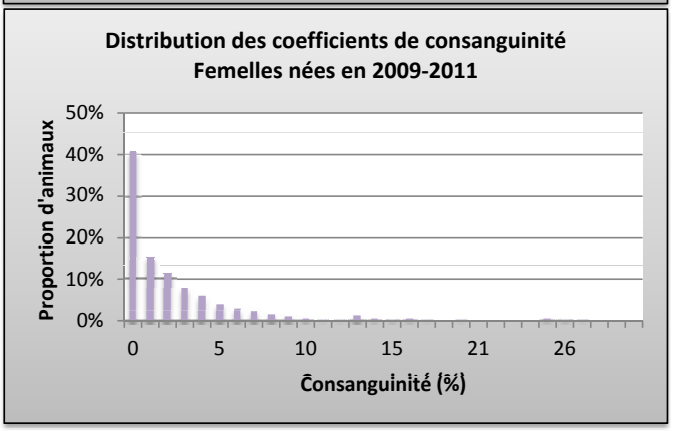
Comment

Pedigree completeness is good for this breed. Inbreeding has increased at a slow pace and most recent animals have low inbreeding. The reference population has 180 effective ancestors and 83 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: EAST FRIESIAN DAIRY

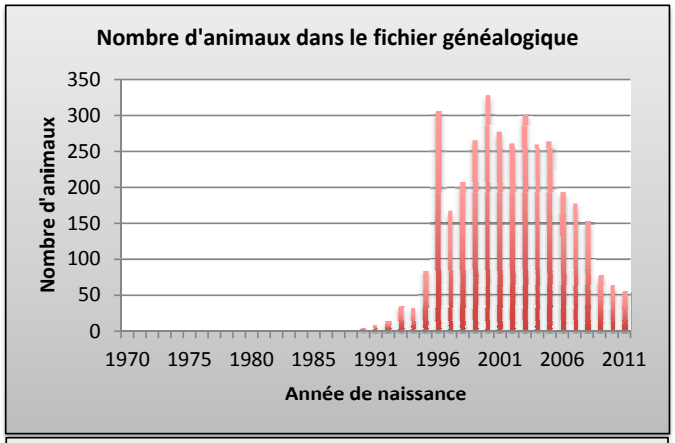
Animaux dans le fichier global	4122	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	126	
Equivalents générations	4.9	générations
Maximum générations	12	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	4.15	ans
Consanguinité moyenne (2011)	4.45	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**0.40**	%
Effectif efficace	30	
Nombre de fondateurs (F)	169	
Fondateurs efficaces (Fe)	38	
Ancêtres efficaces (Fa)	23.7	
Genomes équivalents (Ng)	11	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	9.71	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	9	ancêtres
90% des gènes actuels	30	ancêtres

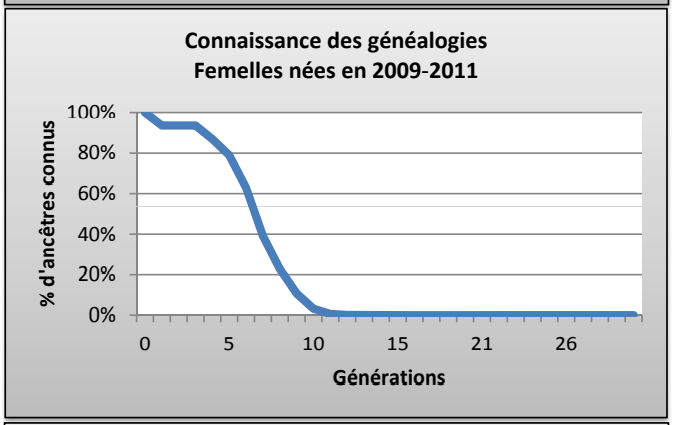
Ancêtres les plus influents à la population de référence

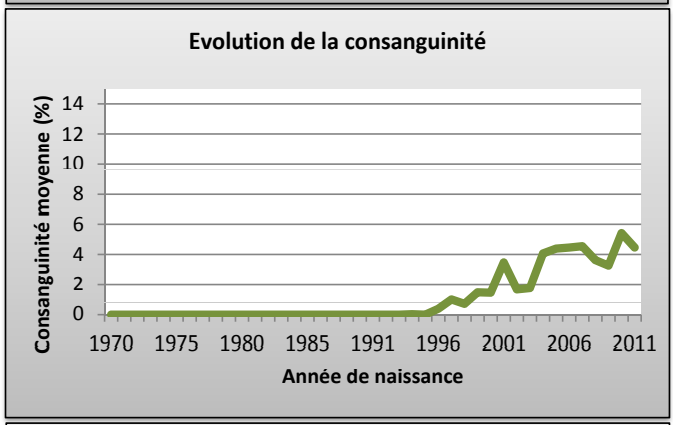
rang	ancêtre	contribution (%)
1	AXM254JC	9.71%
2	AXM154TC	9.11%
3	AXM842PC	7.36%
4	AXM358WC	5.19%
5	MILK46BC	4.79%
6	CANZ43214	4.26%
7	OFL30UC	3.81%
8	AXM66FC	3.55%
9	AXM63FC	3.10%
10	AXM060FC	2.83%

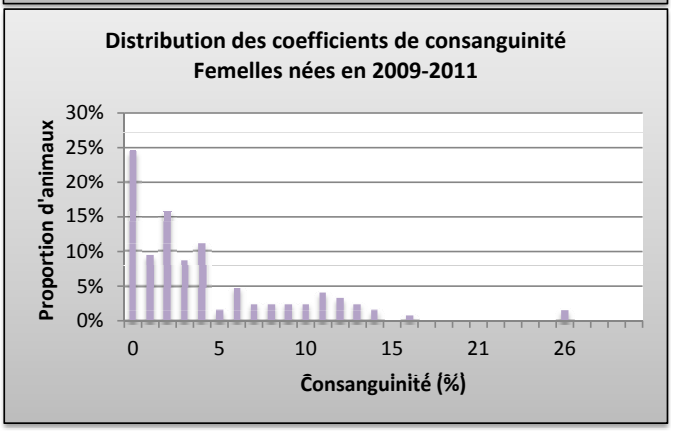
Comment

Pedigree completeness is moderately good for this breed. Inbreeding has increased fairly quickly since 1995 and some recent animals have high inbreeding levels. The reference population has 24 effective ancestors and 11 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed should be monitored to slow down inbreeding rates and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: FINNSHEEP

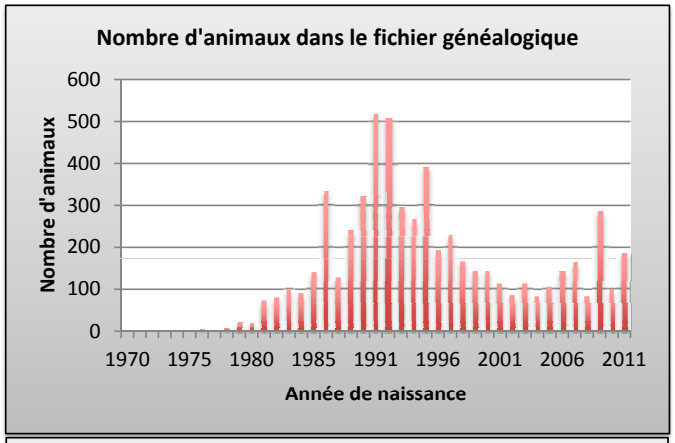
Animaux dans le fichier global	7078	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	501	
Equivalents générations	4.9	générations
Maximum générations	21	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.95	ans
Consanguinité moyenne (2011)	5.81	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	-0.03	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	106	
Fondateurs efficaces (Fe)	20	
Ancêtres efficaces (Fa)	9	
Genomes équivalents (Ng)	3	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	15.86	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	3	ancêtres
90% des gènes actuels	14	ancêtres

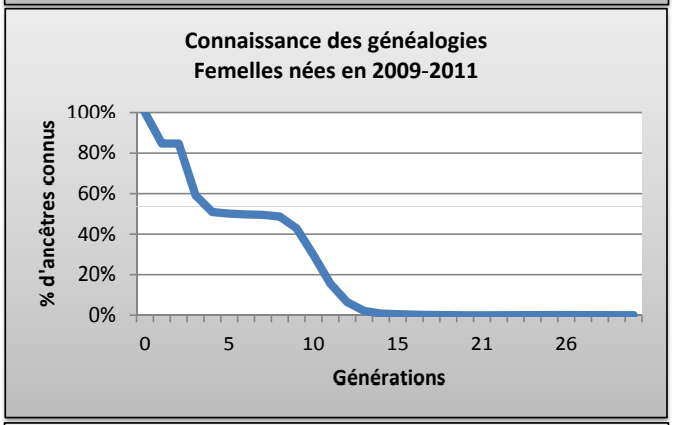
Ancêtres les plus influents à la population de référence

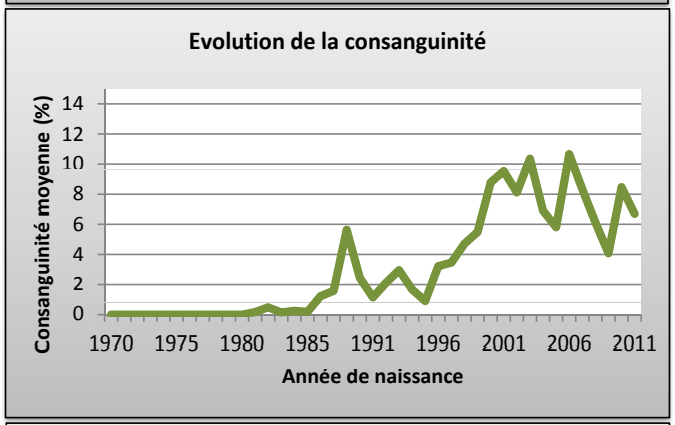
rang	ancêtre	contribution (%)
1	BEA287ZB	15.86%
2	BEA678AC	12.00%
3	CHAP41244SC	10.06%
4	BEA90YB	7.96%
5	BEA108RC	4.99%
6	BEA790NC	4.67%
7	CHAP04464SC	4.52%
8	BEA97CC	4.31%
9	BEA865GC	3.75%
10	FN7347	2.50%

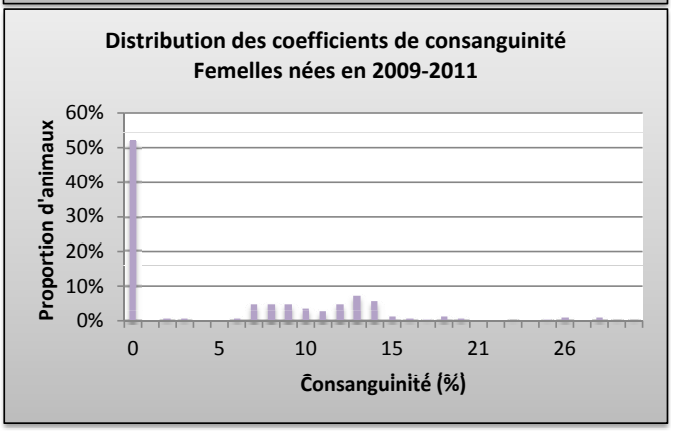
Comment

Pedigree completeness is moderately good on average. Inbreeding has increased in the past, with strong jumps betwen 1995 and 2000, but seems to be better controlled since 2000 with a slow decrease. The reference poputlation has only 9 effective ancestors and 3 remaining founder genomes, and several major pedigree bottleneck were identified, which might be due to a decrease in actual population size between 1992 and 2002. The poulation is currently one of the most inbred on average. Measures need to be taken in order to keep decreasing inbreeding and to slow down the









Genetic Variability Analysis

Race: HAMPSHIRE

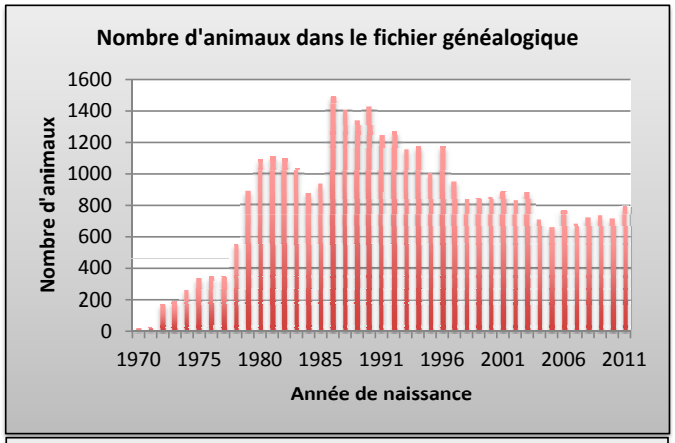
Animaux dans le fichier global	40510	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	1286	
Equivalents générations	6.0	générations
Maximum générations	26	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.93	ans
Consanguinité moyenne (2011)	2.37	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.04	%
Effectif efficace	310	
Nombre de fondateurs (F)	1943	
Fondateurs efficaces (Fe)	131	
Ancêtres efficaces (Fa)	54.5	
Genomes équivalents (Ng)	28	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	7.19	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	20	ancêtres
90% des gènes actuels	125	ancêtres

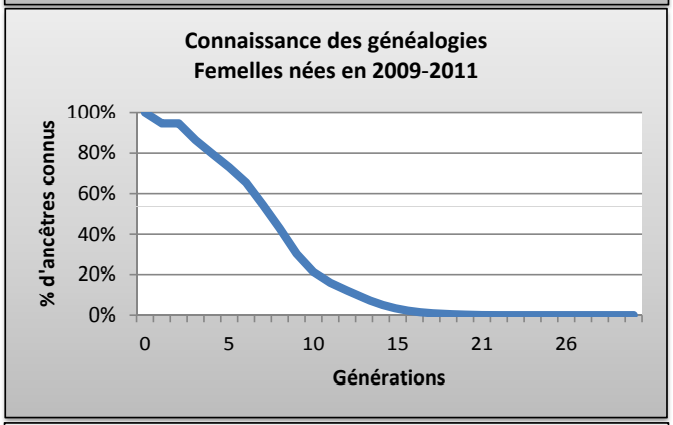
Ancêtres les plus influents à la population de référence

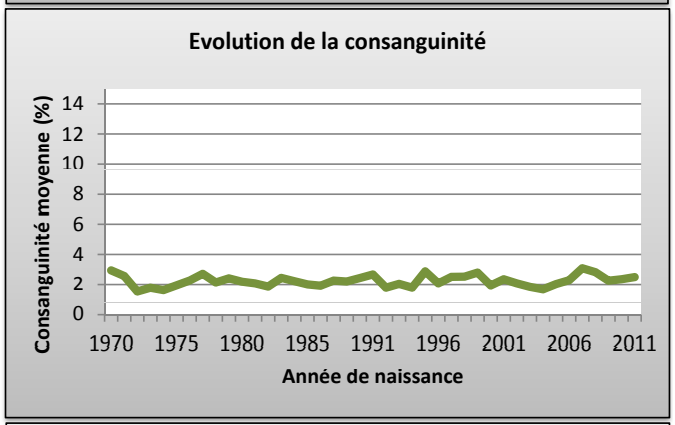
rang	ancêtre	contribution (%)
1	MUC1545TC	7.19%
2	GHR13UB	3.93%
3	IVH3SC	3.68%
4	CPO27TC	3.58%
5	MNM5CC	3.07%
6	ROP854JC	2.56%
7	FLEE9312CC	2.41%
8	GMED2777FC	2.41%
9	MFF65PC	2.36%
10	KFA3HC	2.01%

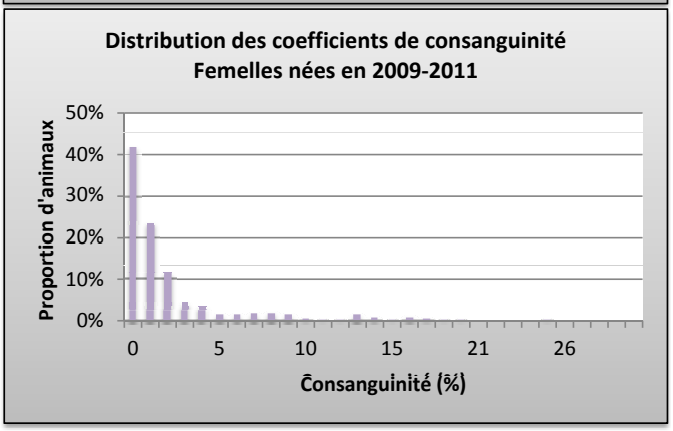
Comment

Pedigree completeness is fairly good for this breed. Inbreeding has been low and stable over time, and most recent animals have low inbreeding. The reference population has 55 effective ancestors and 28 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: ICELANDIC

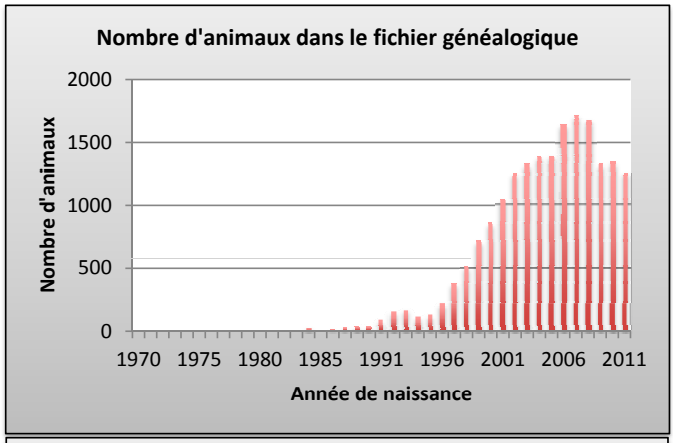
Animaux dans le fichier global	20710	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	2638	
Equivalents générations	7.3	générations
Maximum générations	20	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	2.98	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.85	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	-0.11	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	544	
Fondateurs efficaces (Fe)	58	
Ancêtres efficaces (Fa)	49.9	
Genomes équivalents (Ng)	25	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	6.74	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	21	ancêtres
90% des gènes actuels	94	ancêtres

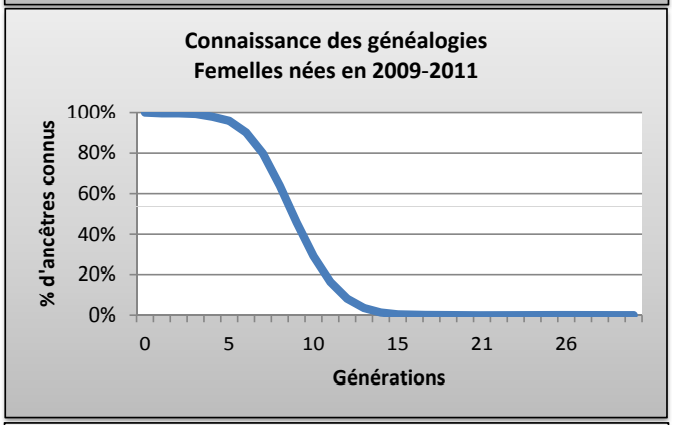
Ancêtres les plus influents à la population de référence

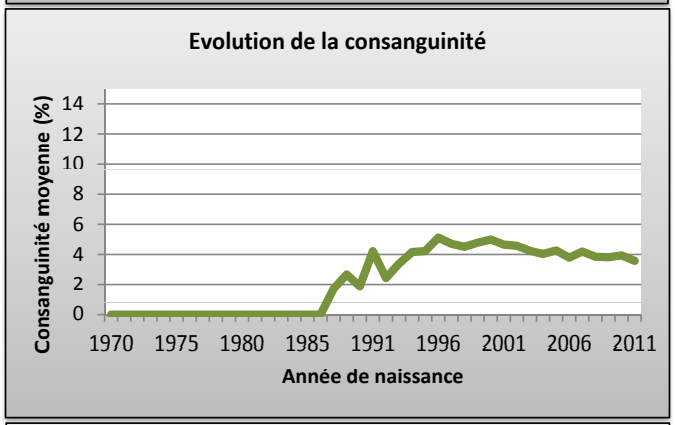
rang	ancêtre	contribution (%)
1	STS723SB	6.74%
2	STS31WB	6.02%
3	STS188ZB	4.57%
4	STS38YB	3.33%
5	STS830SB	3.21%
6	STS38ZB	2.68%
7	STS400SB	2.39%
8	STS108SB	2.24%
9	STS453SB	2.17%
10	CANZ4529	1.67%

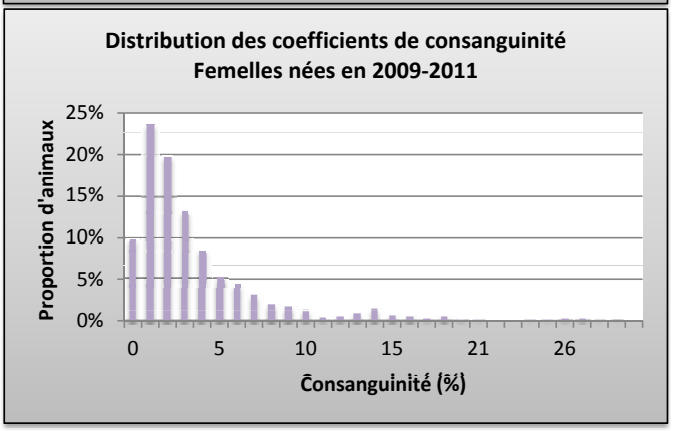
Comment

Pedigree completeness is good for this breed. Inbreeding has been decreasing in the last 10 years. The reference population has 50 effective ancestors and 25 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: ILE DE FRANCE

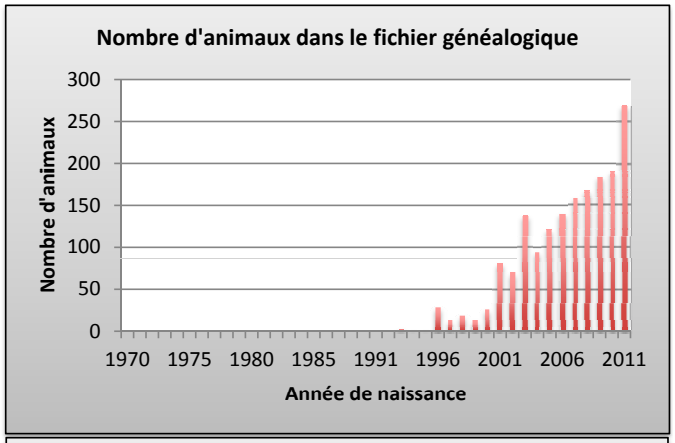
Animaux dans le fichier global	2180	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	362	
Equivalents générations	6.5	générations
Maximum générations	14	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	4.20	ans
Consanguinité moyenne (2011)	7.60	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**0.54**	%
Effectif efficace	22	
Nombre de fondateurs (F)	97	
Fondateurs efficaces (Fe)	50	
Ancêtres efficaces (Fa)	**15**	
Genomes équivalents (Ng)	**9**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**13.54**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	6	ancêtres
90% des gènes actuels	16	ancêtres

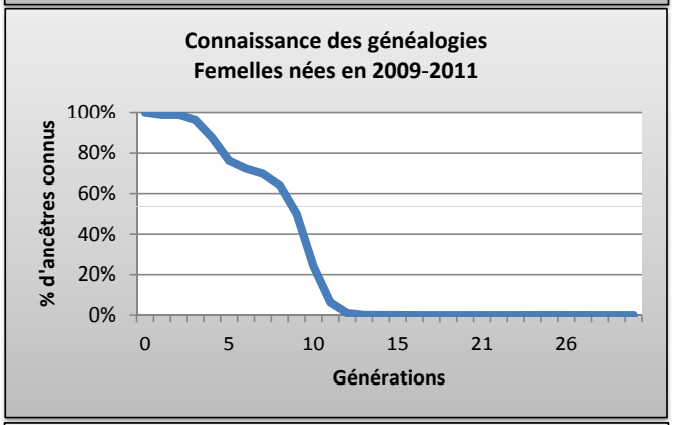
Ancêtres les plus influents à la population de référence

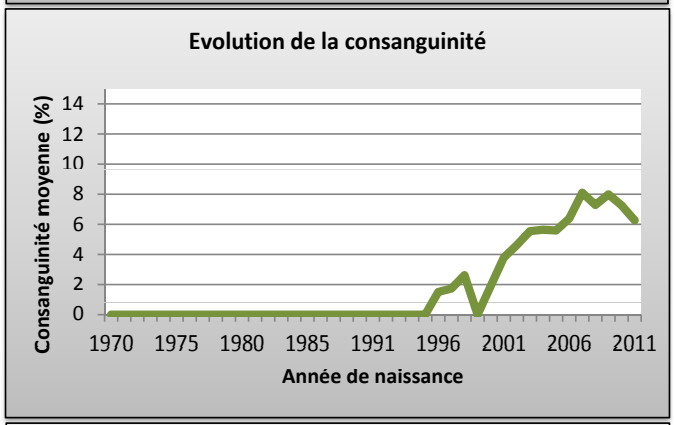
rang	ancêtre	contribution (%)
1	CANZ34476	13.54%
2	CANZ34518	10.16%
3	MRFA402GC	7.92%
4	CANZ34498	6.94%
5	CANZ34486	6.53%
6	CANZ34527	6.18%
7	FN142CC	6.11%
8	CANZ34537	5.65%
9	AC45HC	5.37%
10	CANZ34506	4.64%

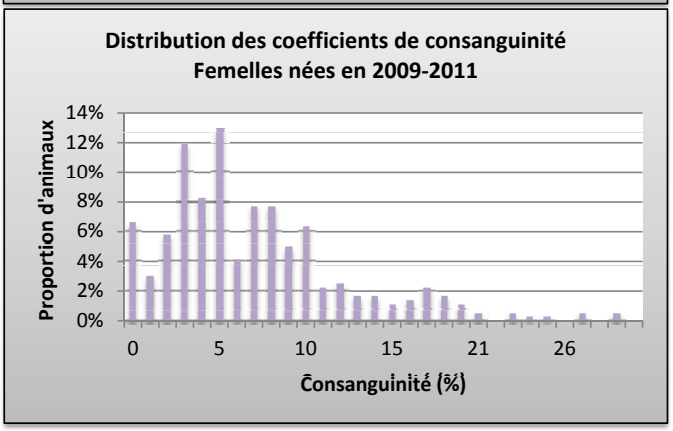
Comment

This population has been constantly increasing in size in the last 15 years. This breed has a good pedigree completeness, and a high annual inbreeding rate between 2000 and 2008, followed by a plateau since then. The population originates from only 97 founders, and has 15 effective ancestors and 9 remianing founder genomes, which is low. The population went through major bottlenecks and has a large proportion of inbred animals. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: JACOB

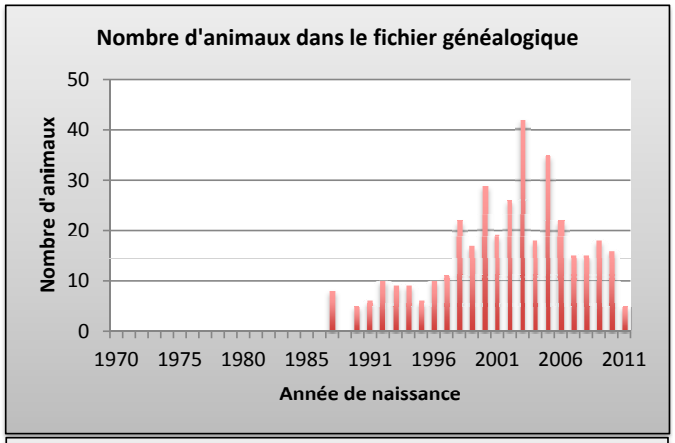
Animaux dans le fichier global	597	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	26	
Equivalents générations	**1.6**	générations
Maximum générations	10	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	2.32	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.01	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**-0.08**	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	31	
Fondateurs efficaces (Fe)	13	
Ancêtres efficaces (Fa)	**5.8**	
Genomes équivalents (Ng)	**4**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**35.42**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	3	ancêtres
90% des gènes actuels	10	ancêtres

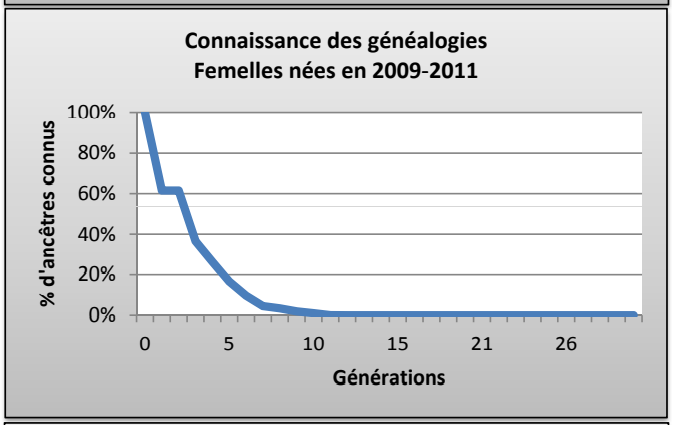
Ancêtres les plus influents à la population de référence

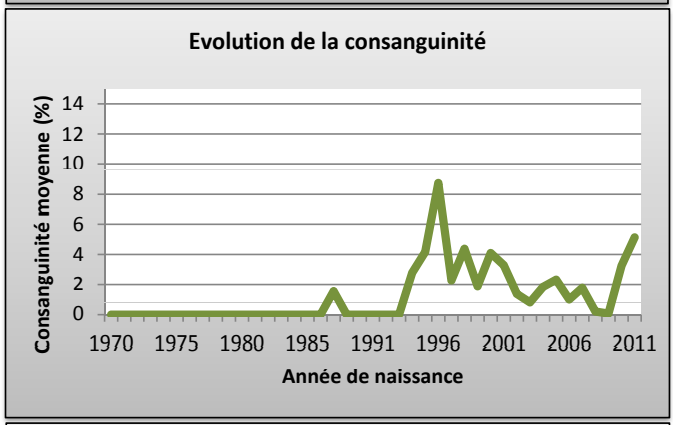
rang	ancêtre	contribution (%)
1	SNW8TC	35.42%
2	RKF34MC	12.50%
3	CAN630144	8.33%
4	CAN630148	8.33%
5	RKF123RC	6.25%
6	RKF81PC	6.25%
7	CAN628386	4.17%
8	CAN630140	4.17%
9	CAN630141	4.17%
10	RKF122RC	4.17%

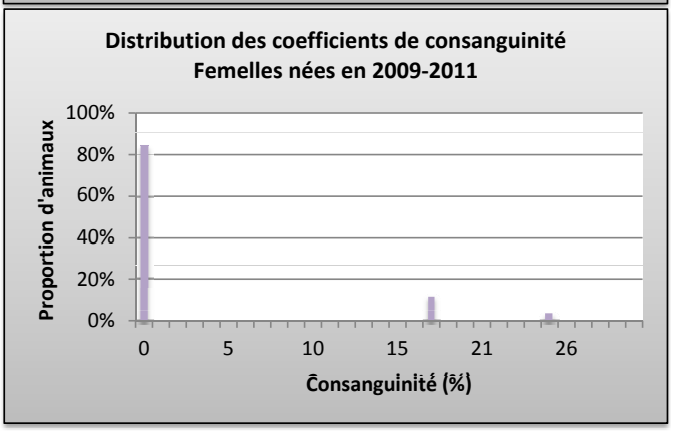
Comment

Pedigree completeness is poor, which might cause an underestimation of inbreeding levels and rates. The actual population size have been decreasing since 2005. The reference population has only 6 effective ancestors and 4 remaining founder genomes. There were several major bottelnecks identified in the pedigree, with the most influential ancestor explaining close to 30% of the current gene pool. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: KATAHDIN

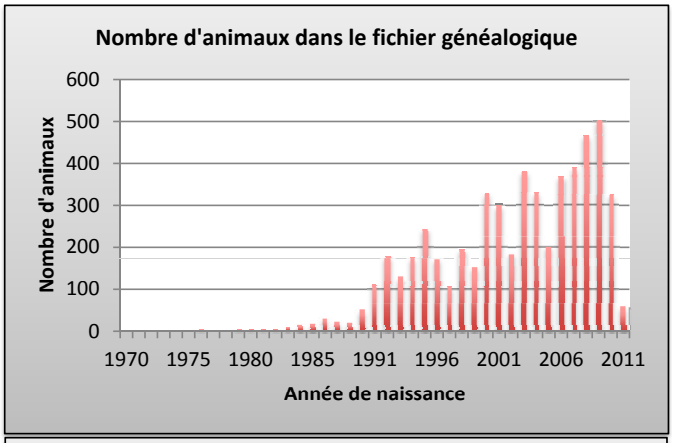
Animaux dans le fichier global	5624	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	476	
Equivalents générations	1.9	générations
Maximum générations	9	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	2.83	ans
Consanguinité moyenne (2011)	1.03	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	-0.08	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	176	
Fondateurs efficaces (Fe)	28	
Ancêtres efficaces (Fa)	25.3	
Genomes équivalents (Ng)	21	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	12.67	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	10	ancêtres
90% des gènes actuels	89	ancêtres

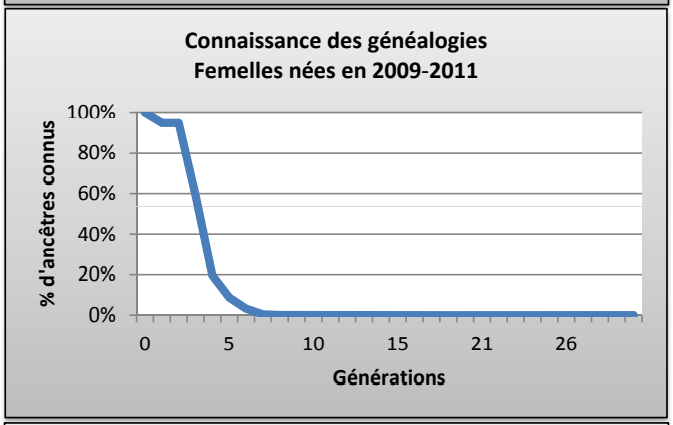
Ancêtres les plus influents à la population de référence

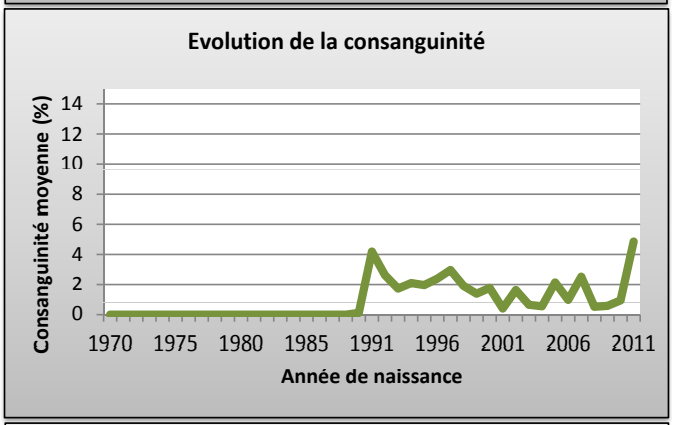
rang	ancêtre	contribution (%)
1	CCC6RC	12.67%
2	JJCM4TC	8.30%
3	BOE24LC	6.22%
4	AEC184TC	6.14%
5	RPF167SC	4.02%
6	VKD71TC	3.15%
7	COR22UC	2.88%
8	JJCM535RC	2.82%
9	RPF136SC	2.61%
10	NAB125NC	2.46%

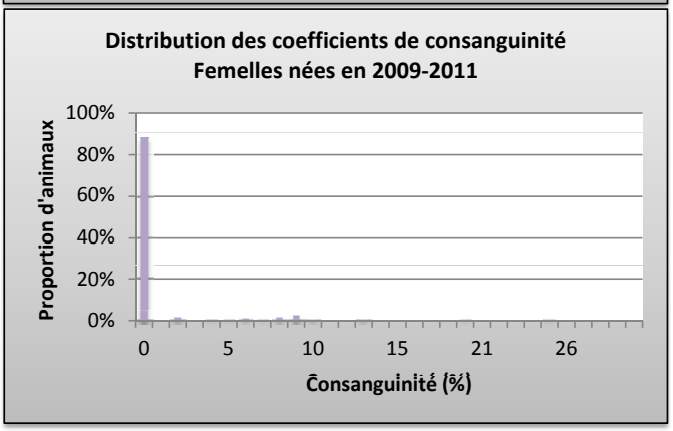
Comment

Pedigree completeness is very low, which might cause the underestimation of inbreeding rates and trends. No major issues were identified based on effective numbers of ancestors (25) and number of genome equivalents (21) for the reference population, but some major pedigree bottlenecks were identified. The situation of the breed is not problematic, but should be monitored.









Genetic Variability Analysis

Race: LINCOLN

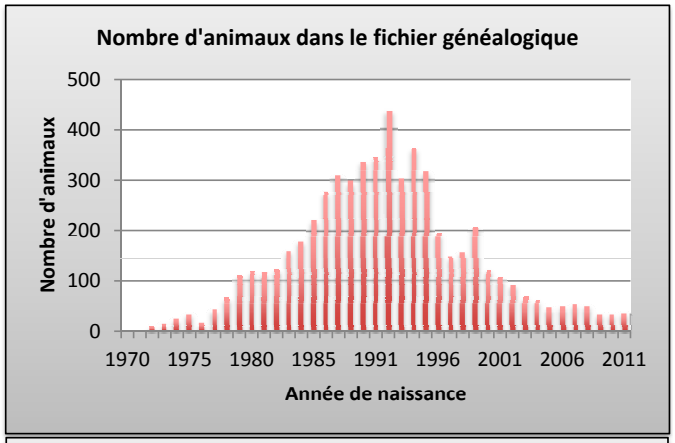
Animaux dans le fichier global	6547	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	66	
Equivalents générations	4.9	générations
Maximum générations	24	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.89	ans
Consanguinité moyenne (2011)	11.17	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**0.29**	%
Effectif efficace	45	
Nombre de fondateurs (F)	411	
Fondateurs efficaces (Fe)	20	
Ancêtres efficaces (Fa)	**10.5**	
Genomes équivalents (Ng)	**5**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**20.19**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	4	ancêtres
90% des gènes actuels	22	ancêtres

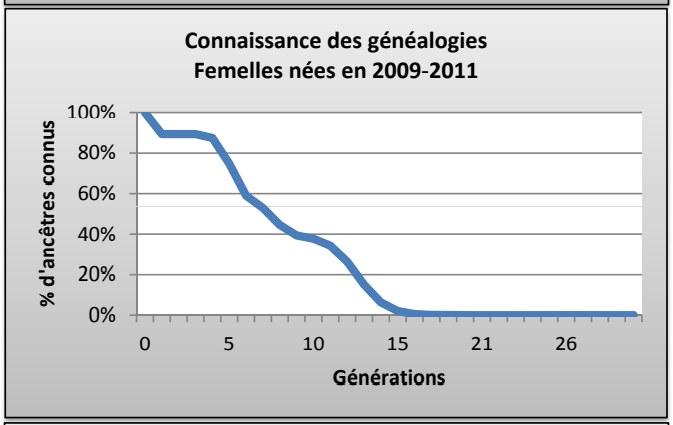
Ancêtres les plus influents à la population de référence

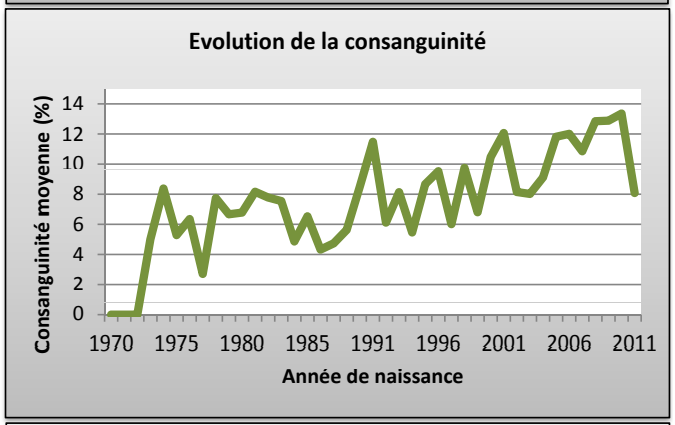
rang	ancêtre	contribution (%)
1	JGS72JC	20.19%
2	JGS51SB	17.71%
3	MAGU0056XB	7.87%
4	JGS35NB	7.22%
5	JGS70JC	5.62%
6	JGS78KC	4.93%
7	GAT26MC	3.26%
8	CAN226745	2.68%
9	MSR36UC	2.41%
10	BDG2UC	2.38%

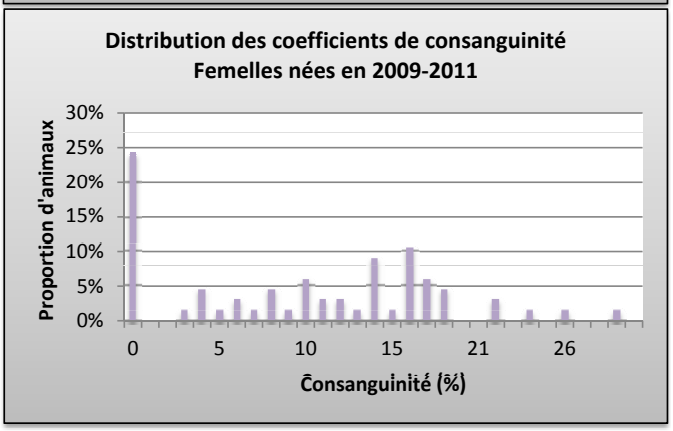
Comment

This population has been constantly decreasing in size in the last 20 years. This breed has a moderately good pedigree completeness, and a constant inbreeding increase since 1990. This is the most inbred population among the breeds in this study. The reference population has 11 effective ancestors and 5 remianing founder genomes, which is very low. The population went through major bottlenecks and has a large proportion of very inbred animals. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: **NORTH COUNTRY CHEVIOT**

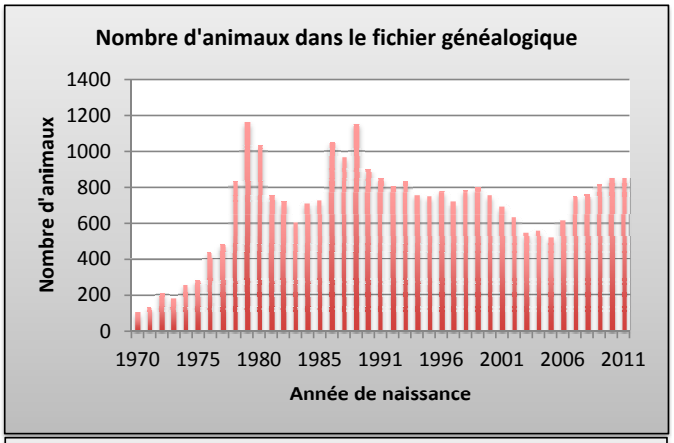
Animaux dans le fichier global	33118	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	1517	
Equivalents générations	9.3	générations
Maximum générations	26	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.74	ans
Consanguinité moyenne (2011)	4.67	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.09	%
Effectif efficace	142	
Nombre de fondateurs (F)	1882	
Fondateurs efficaces (Fe)	118	
Ancêtres efficaces (Fa)	38	
Genomes équivalents (Ng)	17	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	9.25	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	14	ancêtres
90% des gènes actuels	91	ancêtres

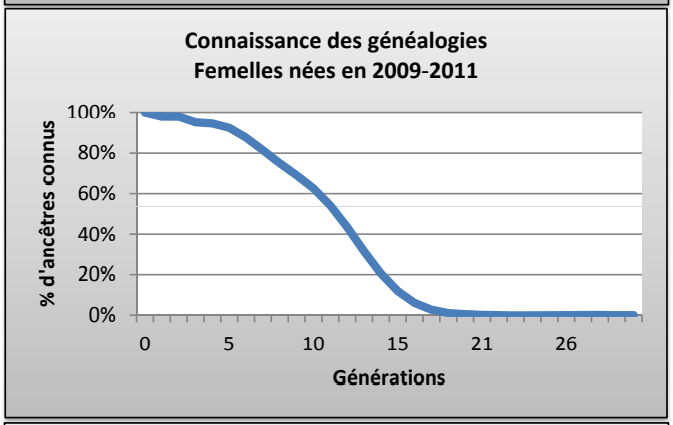
Ancêtres les plus influents à la population de référence

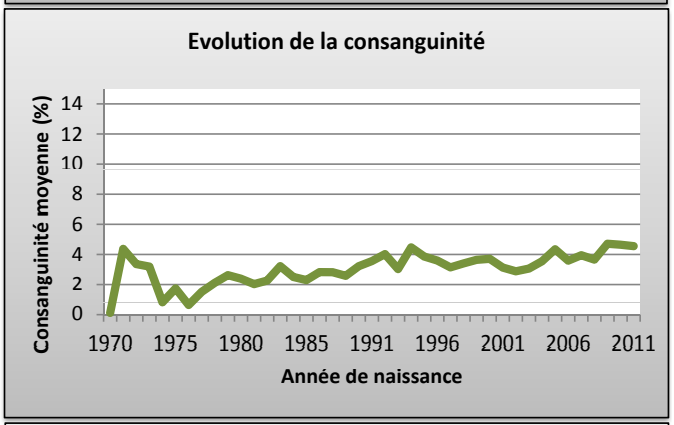
rang	ancêtre	contribution (%)
1	HZA71SB	9.25%
2	WDT15DC	5.34%
3	ZLS4HC	4.89%
4	LEV10JC	4.01%
5	EAN40JC	3.57%
6	TWB43CC	3.36%
7	MYR17GC	3.27%
8	EAN57HC	3.24%
9	CANZ2700	2.73%
10	CAN20100	2.34%

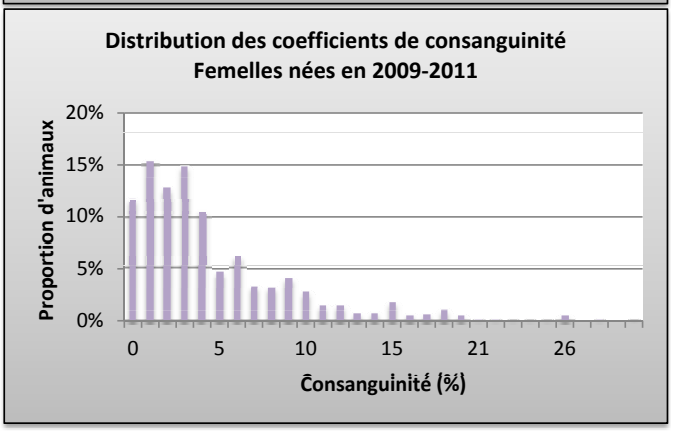
Comment

Pedigree completeness is very good for this breed. Inbreeding has increased at a slow pace since 1975 and most recent animals have low inbreeding. The reference population has 38 effective ancestors and 17 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: OUTAOUAIS ARCOTT

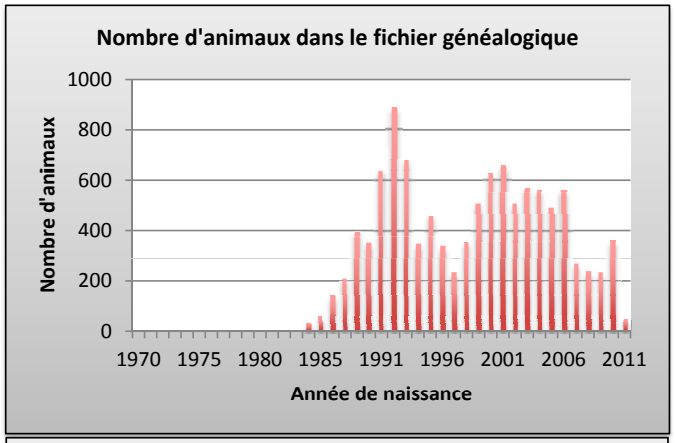
Animaux dans le fichier global	11234	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	360	
Equivalents générations	9.3	générations
Maximum générations	11	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.58	ans
Consanguinité moyenne (2011)	6.60	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.28	%
Effectif efficace	49	
Nombre de fondateurs (F)	65	
Fondateurs efficaces (Fe)	15	
Ancêtres efficaces (Fa)	6.8	
Genomes équivalents (Ng)	4	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	26.21	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	3	ancêtres
90% des gènes actuels	10	ancêtres

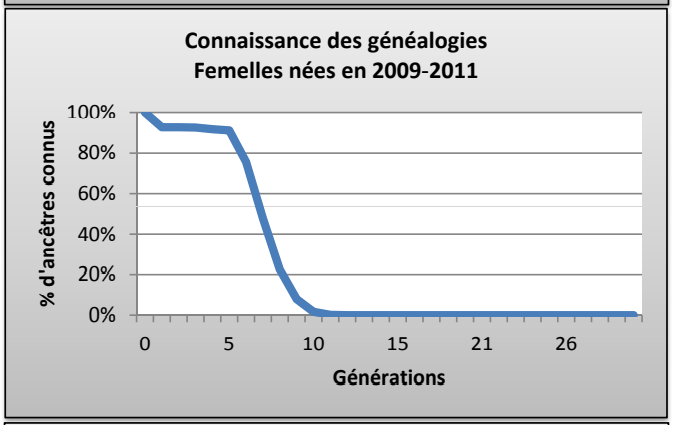
Ancêtres les plus influents à la population de référence

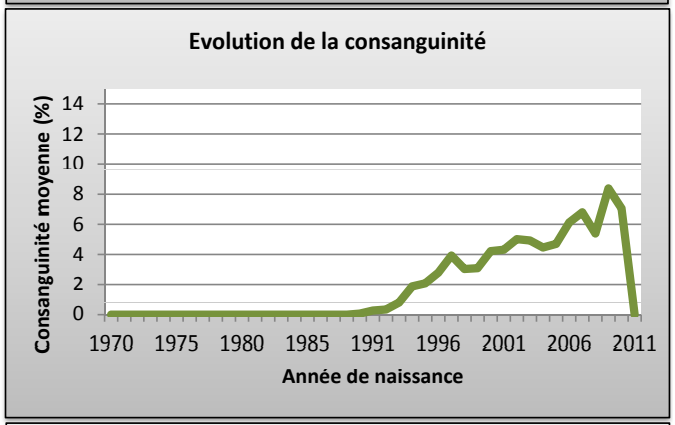
rang	ancêtre	contribution (%)
1	BB202PC	26.21%
2	BB848NC	21.62%
3	REO186GC	11.86%
4	OARC144WB	8.96%
5	JIH720EC	5.77%
6	DJP087FC	5.49%
7	OARC149WB	3.86%
8	REO109KC	3.16%
9	DJP013LC	2.97%
10	JIH790EC	2.07%

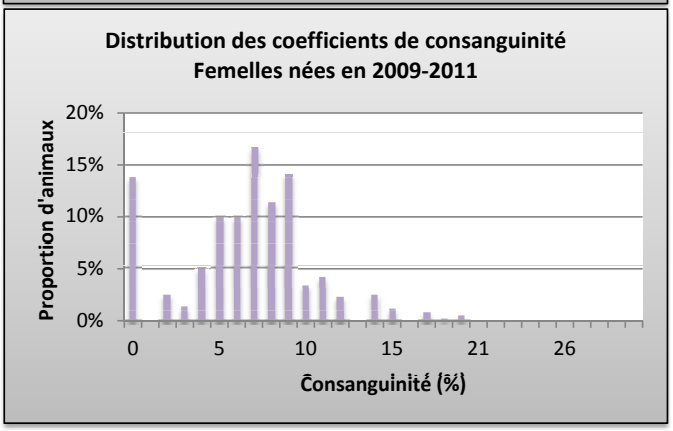
Comment

This breed has very good pedigree completeness, and a high annual inbreeding rate between 1995 and 2010. This is one of the most inbred population among the breeds in this study. The reference population originates from 65 founders and has only 7 effective ancestors and 4 remaining founder genomes, which is very low. The population went through major bottlenecks and has a large proportion of very inbred animals. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: OXFORD

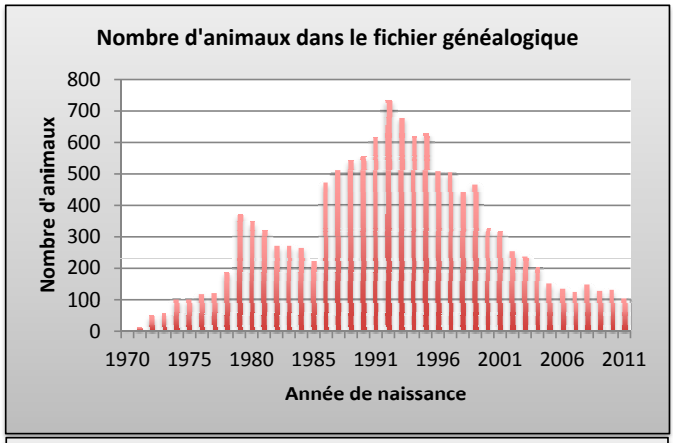
Animaux dans le fichier global	14585	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	238	
Equivalents générations	5.6	générations
Maximum générations	22	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.89	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.76	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	-0.06	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	336	
Fondateurs efficaces (Fe)	59	
Ancêtres efficaces (Fa)	31.5	
Genomes équivalents (Ng)	17	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	10.87	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	13	ancêtres
90% des gènes actuels	54	ancêtres

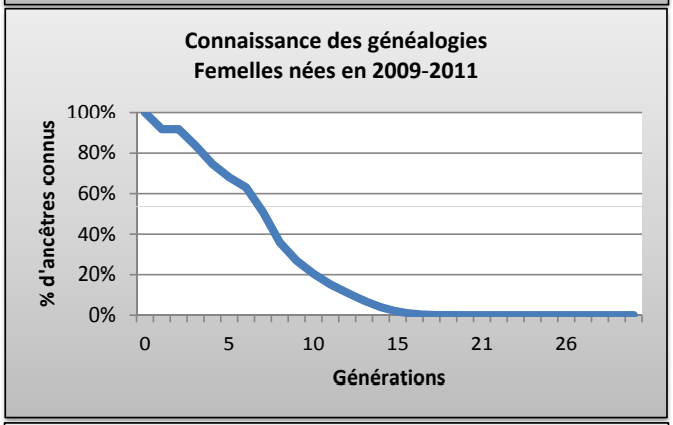
Ancêtres les plus influents à la population de référence

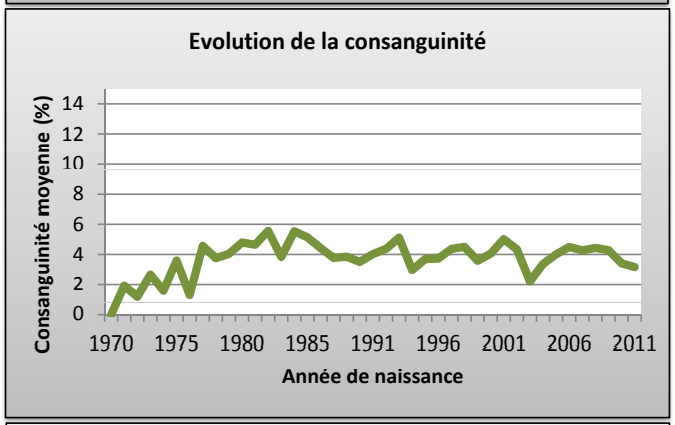
rang	ancêtre	contribution (%)
1	BKLD9104AC	10.87%
2	ZLS30TC	5.09%
3	ROP1025FC	4.91%
4	CRYD139NB	4.27%
5	ROP715LC	4.16%
6	JPO2RC	3.44%
7	USA801XB	3.14%
8	CRYD8408SB	2.89%
9	HHA6RB	2.88%
10	BKLD9829HC	2.79%

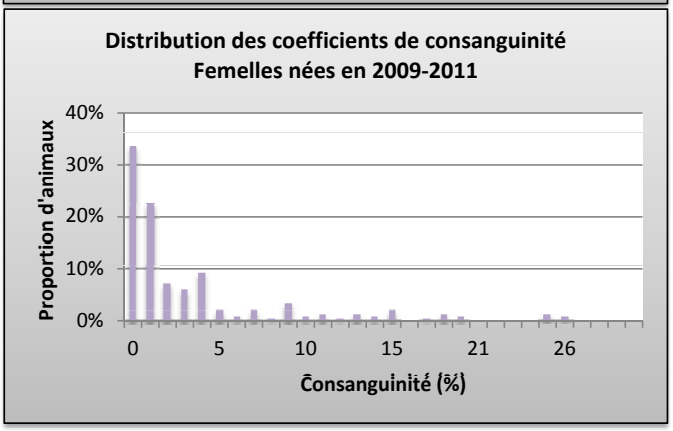
Comment

Pedigree completeness is moderately good for this breed. Inbreeding has been low and stable since 1975 and most recent animals have low inbreeding. The reference population has 32 effective ancestors and 17 remianing founder genomes, and one major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: POLYPAY

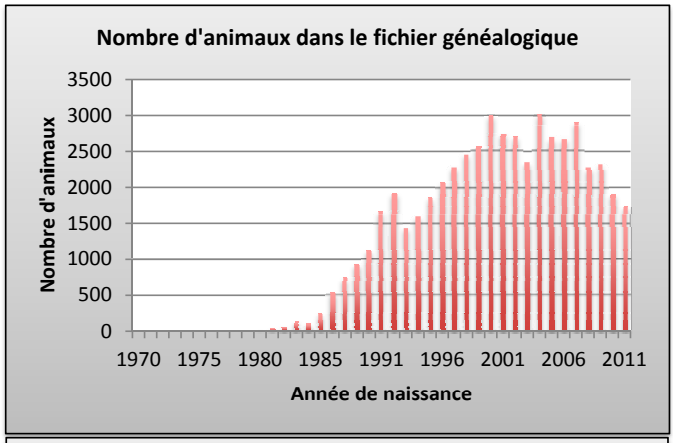
Animaux dans le fichier global	56903	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	3528	
Equivalents générations	5.2	générations
Maximum générations	19	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.30	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.63	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.11	%
Effectif efficace	142	
Nombre de fondateurs (F)	634	
Fondateurs efficaces (Fe)	87	
Ancêtres efficaces (Fa)	37.7	
Genomes équivalents (Ng)	18	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	7.30	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	14	ancêtres
90% des gènes actuels	68	ancêtres

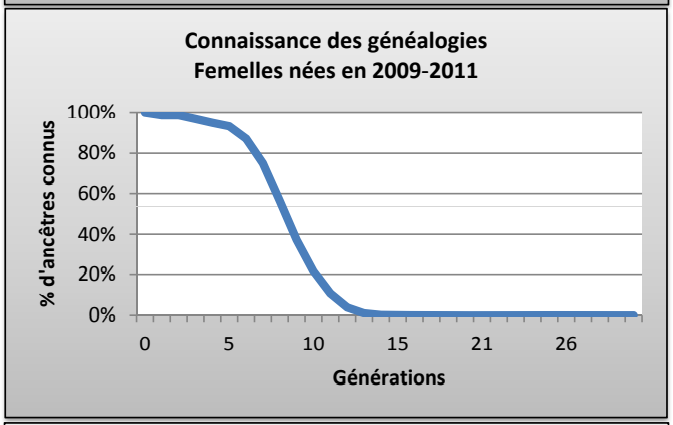
Ancêtres les plus influents à la population de référence

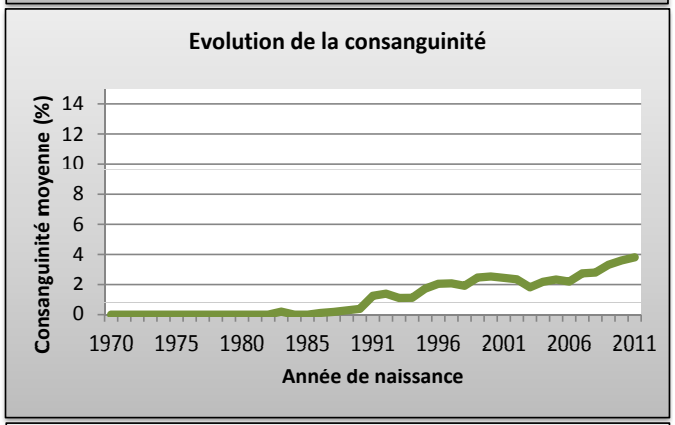
rang	ancêtre	contribution (%)
1	FSO71GC	7.30%
2	JBP90AC	7.16%
3	ROP725KC	5.88%
4	ECO95SB	3.47%
5	TFP49DC	3.45%
6	JBP1AC	3.28%
7	GIG186HC	3.01%
8	FDRS0151MC	2.92%
9	FSO279FC	2.63%
10	TRBL10JC	2.59%

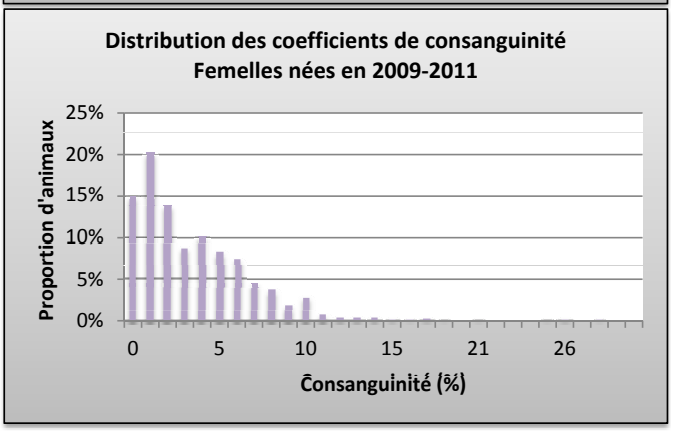
Comment

Pedigree completeness is moderately good for this breed. Inbreeding has been fairly stable up to 2005 and has been increasing since then. Most recent animals have low inbreeding. The reference population has 38 effective ancestors and 18 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: RIDEAU ARCOTT

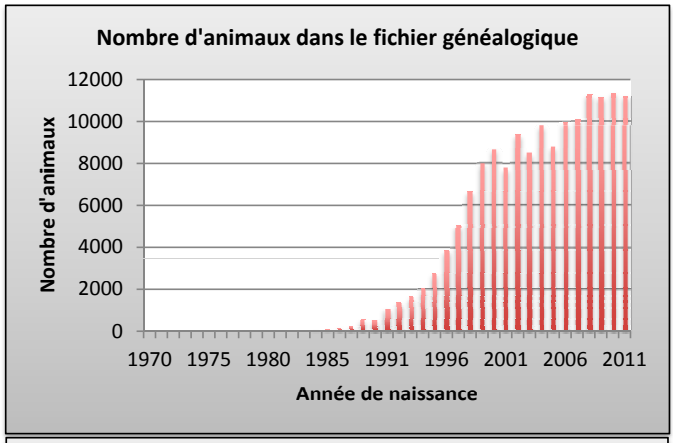
Animaux dans le fichier global	160059	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	17514	
Equivalents générations	6.8	générations
Maximum générations	20	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.18	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.30	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.12	%
Effectif efficace	126	
Nombre de fondateurs (F)	1043	
Fondateurs efficaces (Fe)	43	
Ancêtres efficaces (Fa)	36.5	
Genomes équivalents (Ng)	20	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	7.22	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	12	ancêtres
90% des gènes actuels	74	ancêtres

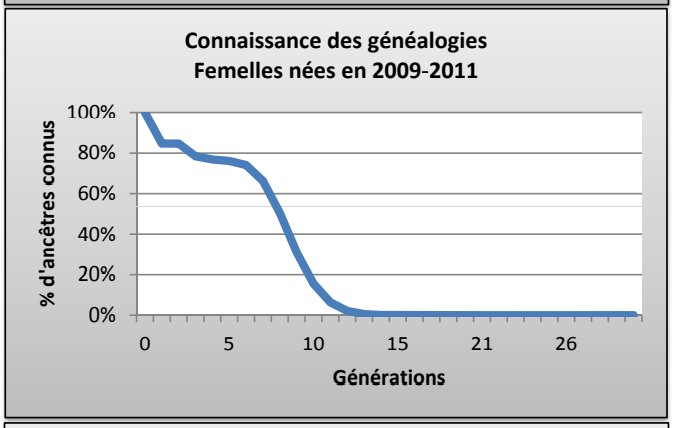
Ancêtres les plus influents à la population de référence

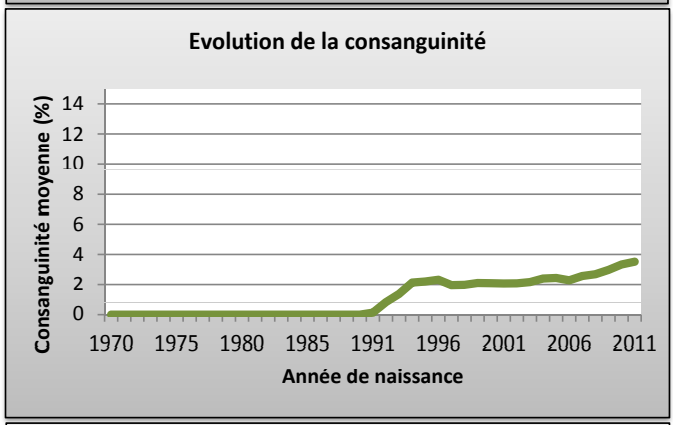
rang	ancêtre	contribution (%)
1	RARC3WB	7.22%
2	RARC291XB	5.81%
3	RARC648XB	5.32%
4	RARC19YB	5.01%
5	RARC244XB	4.49%
6	RARC820XB	4.31%
7	RARC281XB	3.81%
8	DMC918CC	3.51%
9	JN762MC	3.21%
10	RARC187WB	2.77%

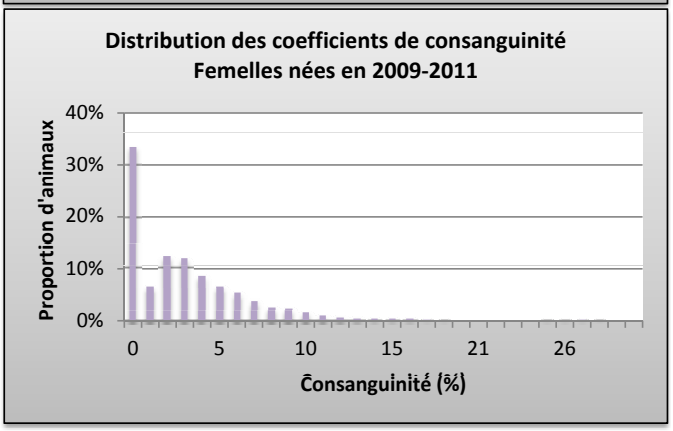
Comment

Pedigree completeness is good for this breed. Inbreeding has been fairly stable up to 2005 and has been increasing since then. Most recent animals have low inbreeding. The reference population has 37 effective ancestors and 20 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

Race: ROMNEY

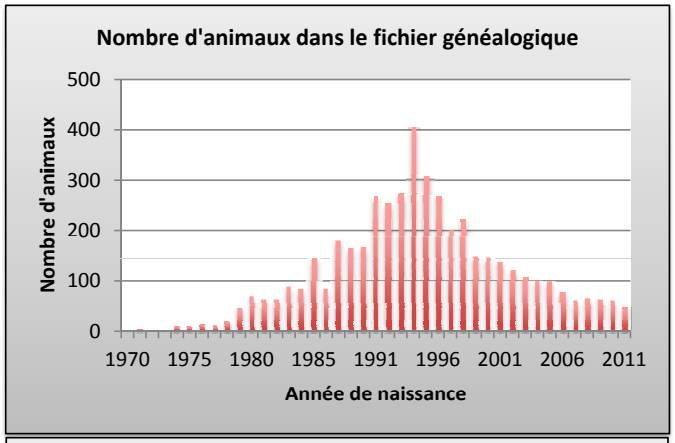
Animaux dans le fichier global	6161	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	121	
Equivalents générations	5.6	générations
Maximum générations	16	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.02	ans
Consanguinité moyenne (2011)	0.37	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	-0.07	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	189	
Fondateurs efficaces (Fe)	33	
Ancêtres efficaces (Fa)	10	
Genomes équivalents (Ng)	7	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	27.40	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	6	ancêtres
90% des gènes actuels	22	ancêtres

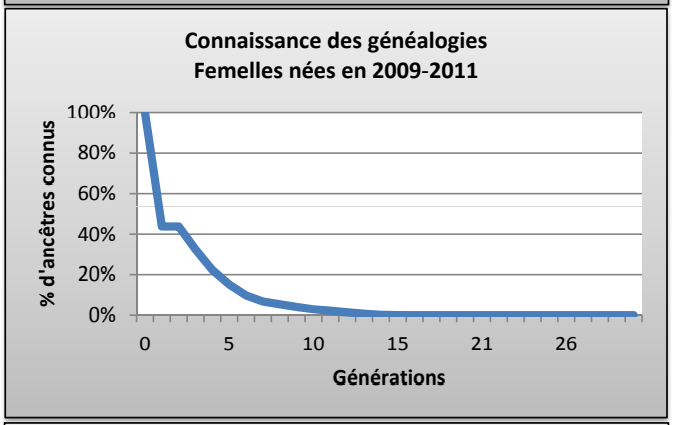
Ancêtres les plus influents à la population de référence

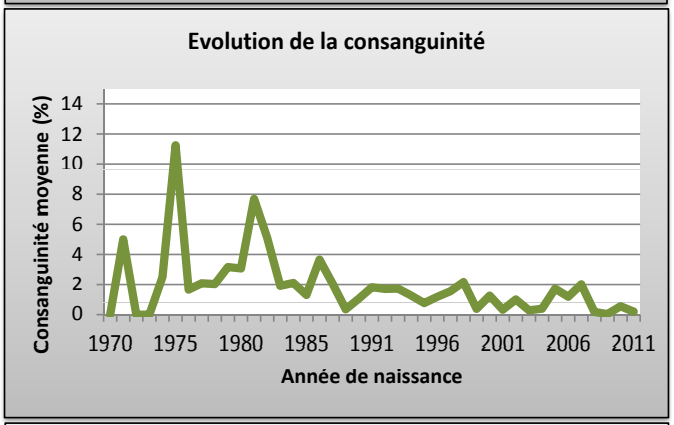
rang	ancêtre	contribution (%)
1	WJB1PC	27.40%
2	SLE23PC	8.65%
3	FCR36LC	4.81%
4	HMJ2UC	3.85%
5	KCK2PC	3.85%
6	SLE42SC	3.85%
7	WMS21MC	3.85%
8	WMS24RC	3.85%
9	WJB1MC	3.37%
10	SLE12PC	2.88%

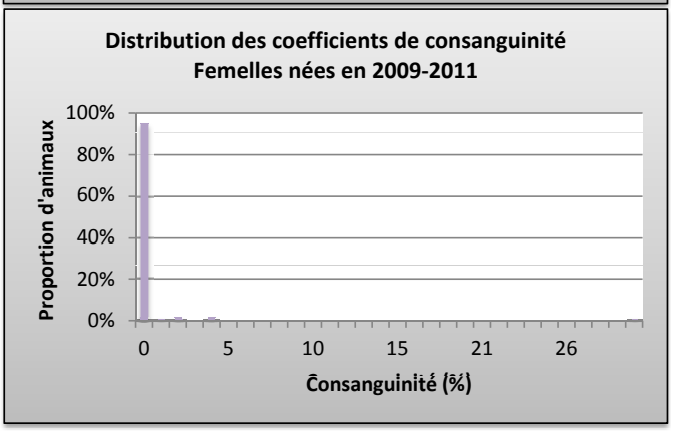
Comment

The actual population size has ben decreasing constantly since 1994. Pedigree completeness is moderately good on average. Inbreeding has decreased in the recent years. The reference poputlation has only 10 effective ancestors and 7 remaining founder genomes, and one major pedigree bottleneck was identified, with the most influential ancestor explaining more than 25% of the current gene pool. Measures need to be taken in order to keep inbreeding low and to slow down the decrease in genetic variability.









Genetic Variability Analysis

Race: ROMANOV

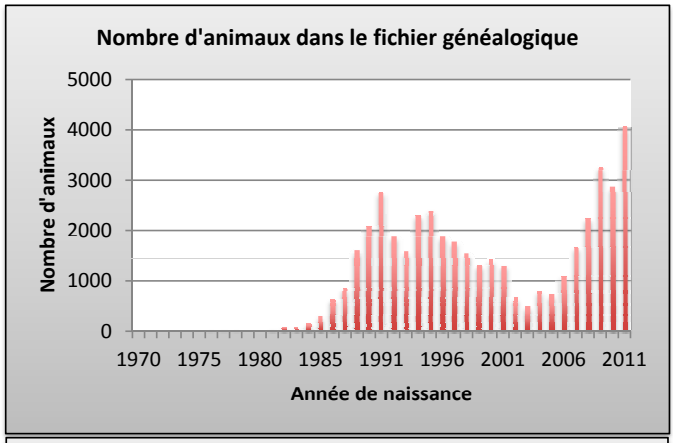
Animaux dans le fichier global	49751	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	5891	
Equivalents générations	9.5	générations
Maximum générations	24	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	2.96	ans
Consanguinité moyenne (2011)	5.66	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.25	%
Effectif efficace	69	
Nombre de fondateurs (F)	599	
Fondateurs efficaces (Fe)	64	
Ancêtres efficaces (Fa)	30	
Genomes équivalents (Ng)	9	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	7.84	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	11	ancêtres
90% des gènes actuels	44	ancêtres

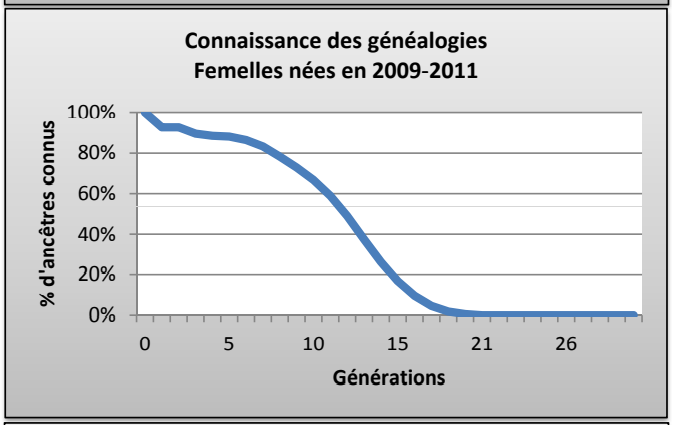
Ancêtres les plus influents à la population de référence

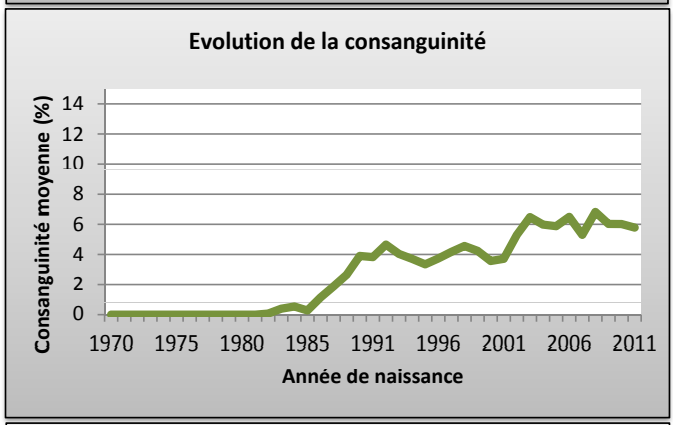
rang	ancêtre	contribution (%)
1	FRAN149KC	7.84%
2	FRAN119JC	7.50%
3	FRAN266HC	6.27%
4	FRAN245JC	5.54%
5	CAN348521	4.50%
6	CPL47FC	3.95%
7	LAU3KC	3.66%
8	CPL54BC	3.29%
9	ME0508CC	3.14%
10	FR770021	2.88%

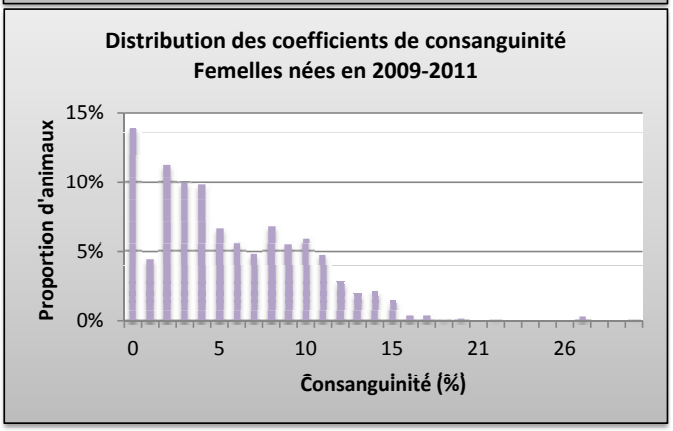
Comment

The population size has been increasing quickly since 2005. This breed has a very good pedigree completeness, and high inbreeding levels since the population size has increased. Inbreeding has been stabilized since 2003. The reference population and has only 30 effective ancestors and only 9 remianing founder genomes, which might be due to the reduction of the actual population size between 2000 and 2004. No major pedigree bottleneck has been identified, and a good proportion of recent animals are highly inbred. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: ROUGE DE L'OUEST

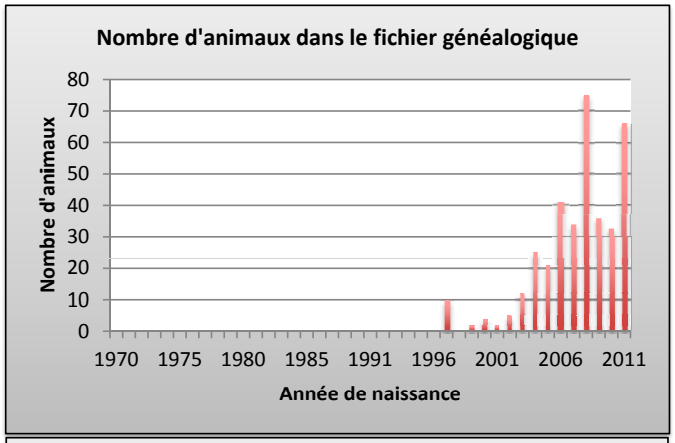
Animaux dans le fichier global	447	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	72	
Equivalents générations	4.6	générations
Maximum générations	10	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	2.83	ans
Consanguinité moyenne (2011)	5.55	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**0.51**	%
Effectif efficace	35	
Nombre de fondateurs (F)	50	
Fondateurs efficaces (Fe)	37	
Ancêtres efficaces (Fa)	**9.9**	
Genomes équivalents (Ng)	**5**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**15.42**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	4	ancêtres
90% des gènes actuels	11	ancêtres

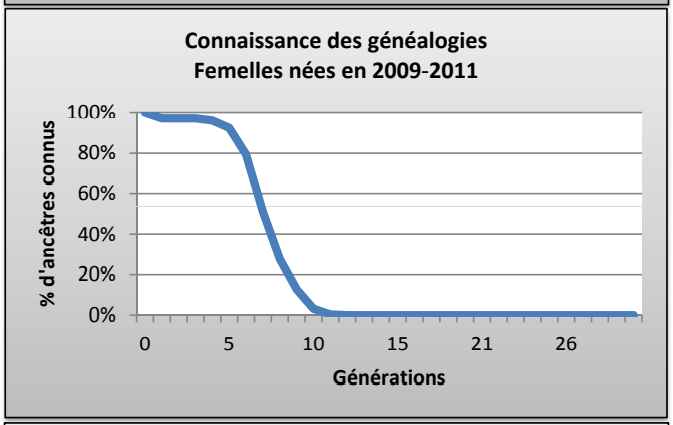
Ancêtres les plus influents à la population de référence

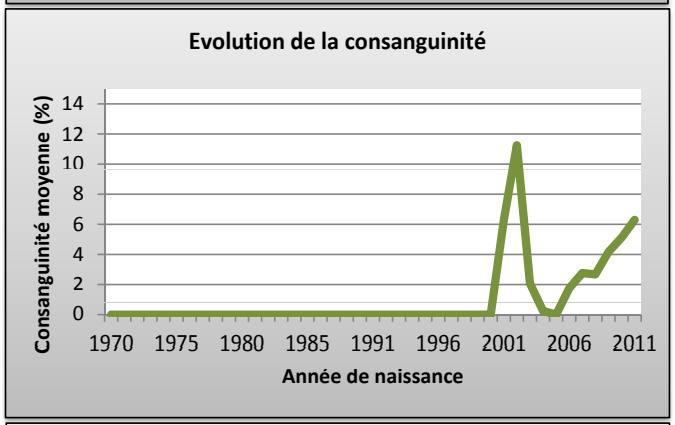
rang	ancêtre	contribution (%)
1	RO270KC	15.42%
2	RO735JC	14.20%
3	RO81NC	12.86%
4	RO82NC	12.41%
5	CANZ47639	9.17%
6	RO99NC	6.07%
7	RO770GC	5.89%
8	CANZ47646	5.55%
9	GIO771GC	4.41%
10	CANZ47652	3.62%

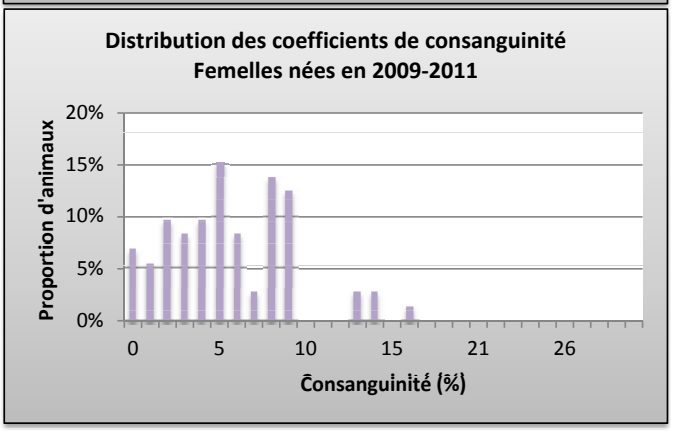
Comment

This breed has a moderately good pedigree completeness, and a high annual inbreeding rate between 2000 and 2010. The population originates from only 50 founders, and has 10 effective ancestors and 5 remaining founder genomes, which is low. The population went through major pedigree bottlenecks. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: SHETLAND

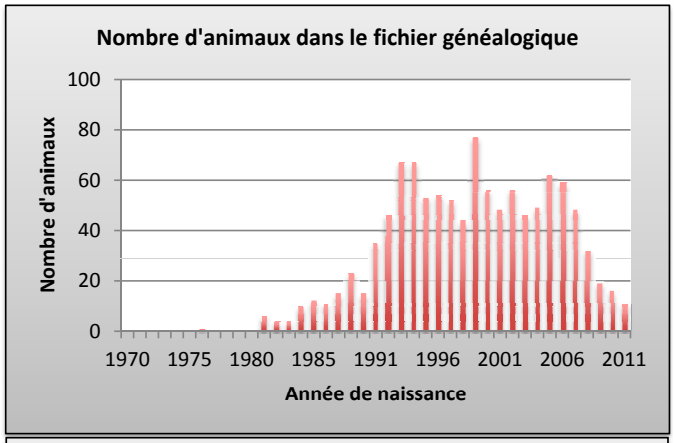
Animaux dans le fichier global	1194	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	37	
Equivalents générations	**1.5**	générations
Maximum générations	7	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	2.96	ans
Consanguinité moyenne (2011)	0.07	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	**-0.07**	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	31	
Fondateurs efficaces (Fe)	6	
Ancêtres efficaces (Fa)	**5.6**	
Genomes équivalents (Ng)	**4**	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	**31.25**	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	2	ancêtres
90% des gènes actuels	7	ancêtres

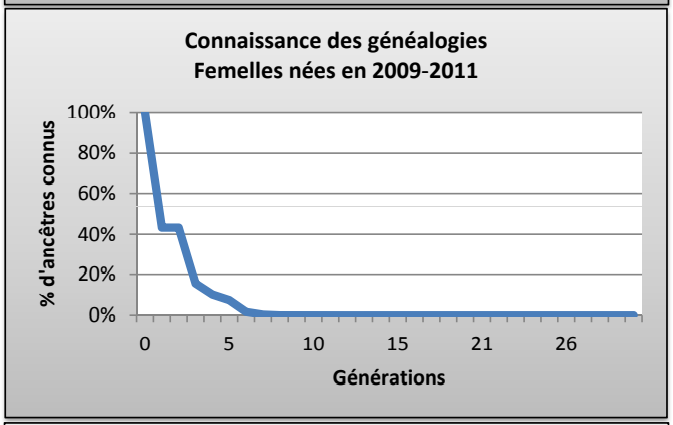
Ancêtres les plus influents à la population de référence

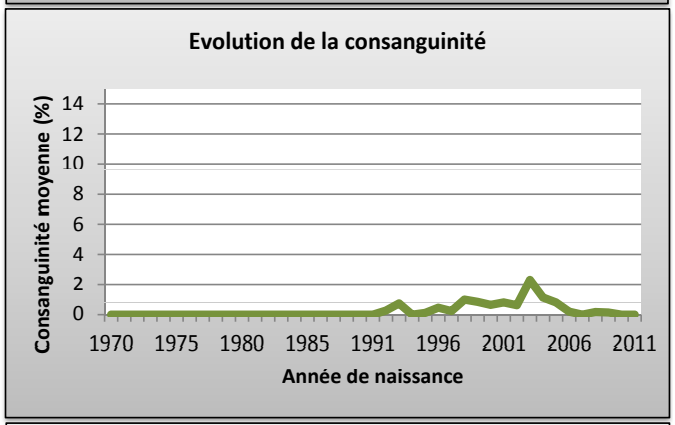
rang	ancêtre	contribution (%)
1	CAN641049	31.25%
2	CAN641052	18.75%
3	CAN641051	12.50%
4	USAS32656	12.50%
5	CAN632303	6.25%
6	USAS14697	6.25%
7	USAS32572	6.25%
8	0	0.00%
9	0	0.00%
10	0	0.00%

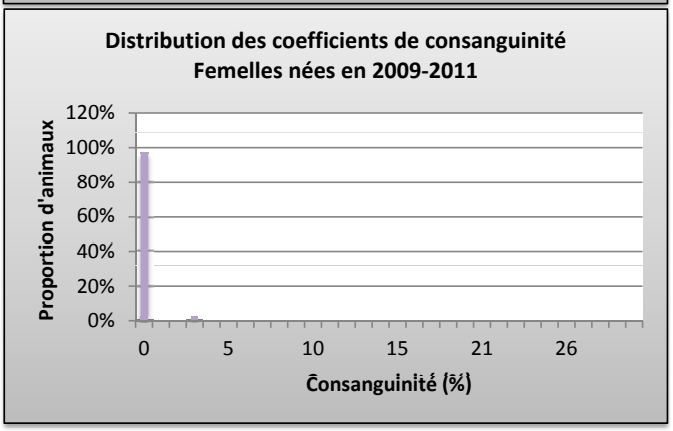
Comment

Pedigree completeness is very poor, which might cause an underestimation of inbreeding levels and rates. The actual population has been decreasing since 2005. The reference population has only 6 effective ancestors and 4 remaining founder genomes. There were several major bottelnecks identified in the pedigree, with the most influential ancestor explaining more than 30% of the current gene pool. The current situation of the breed is critical.









Genetic Variability Analysis

Race: SHROPSHIRE

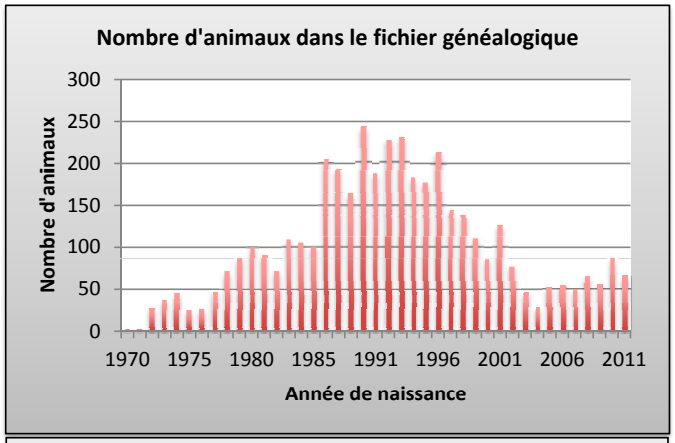
Animaux dans le fichier global	5506	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	130	
Equivalents générations	6.8	générations
Maximum générations	22	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	4.14	ans
Consanguinité moyenne (2011)	6.34	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	-0.35	%
Effectif efficace	-	
Nombre de fondateurs (F)	158	
Fondateurs efficaces (Fe)	31	
Ancêtres efficaces (Fa)	12	
Genomes équivalents (Ng)	6	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	17.50	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	5	ancêtres
90% des gènes actuels	23	ancêtres

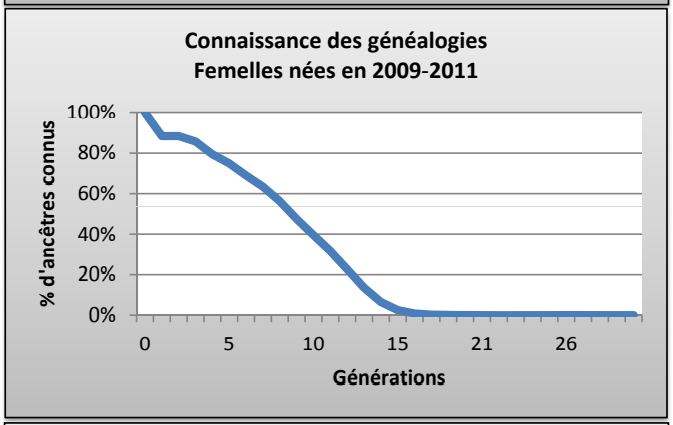
Ancêtres les plus influents à la population de référence

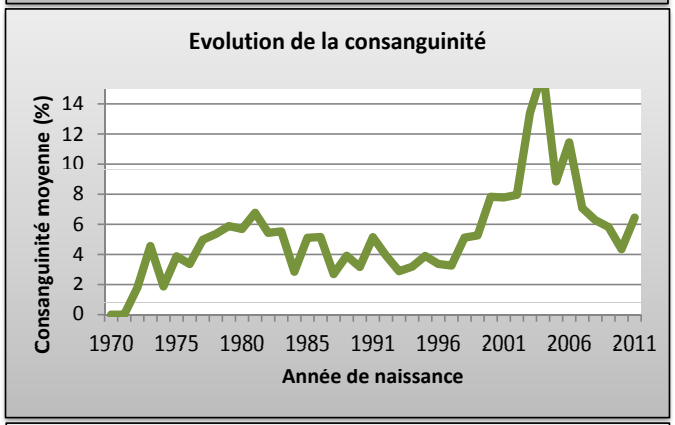
rang	ancêtre	contribution (%)
1	JK1FC	17.50%
2	PDN4UC	15.37%
3	CSL17UB	10.69%
4	CAN118450	6.30%
5	AXO6BC	5.91%
6	OOG593KC	5.66%
7	HS18GB	3.70%
8	CSL22RB	3.30%
9	RIFE91017AC	3.02%
10	RIFE865UB	2.77%

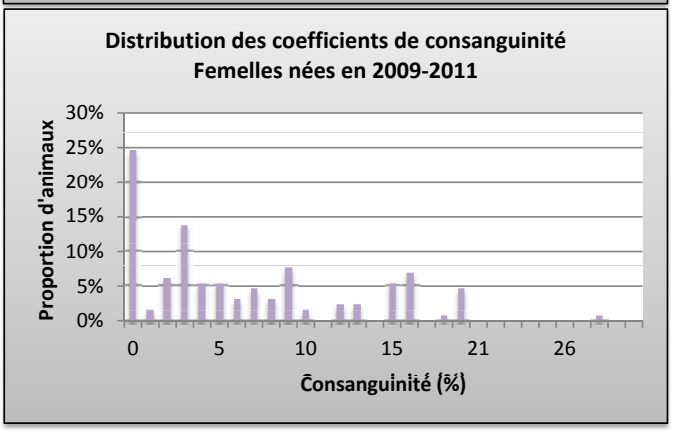
Comment

Pedigree completeness is good on average. Inbreeding has decreased in the recent years, after a strong increase up to 2005. The reference poputlation has only 12 effective ancestors and 6 remaining founder genomes, and several major pedigree bottlenecks were identified, with the most influential ancestor explaining more than 17% of the current gene pool. Measures need to be taken in order to keep inbreeding low and to slow down the decrease in genetic variability.









Genetic Variability Analysis

Race: SOUTHDOWN

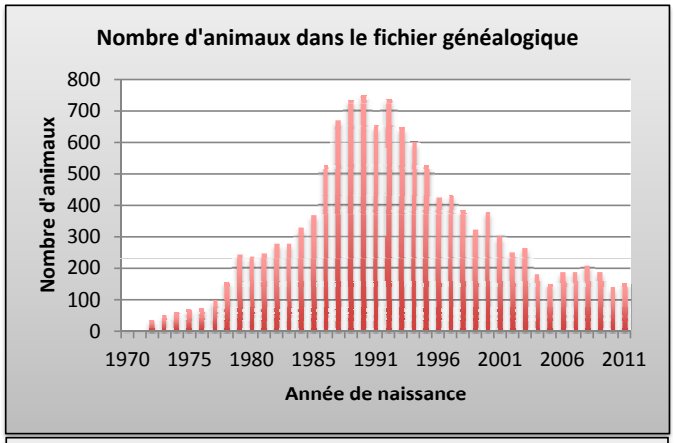
Animaux dans le fichier global	15763	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	360	
Equivalents générations	**3.7**	générations
Maximum générations	22	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.52	ans
Consanguinité moyenne (2011)	2.72	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.18	%
Effectif efficace	81	
Nombre de fondateurs (F)	599	
Fondateurs efficaces (Fe)	76	
Ancêtres efficaces (Fa)	49.3	
Genomes équivalents (Ng)	28	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	6.92	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	20	ancêtres
90% des gènes actuels	111	ancêtres

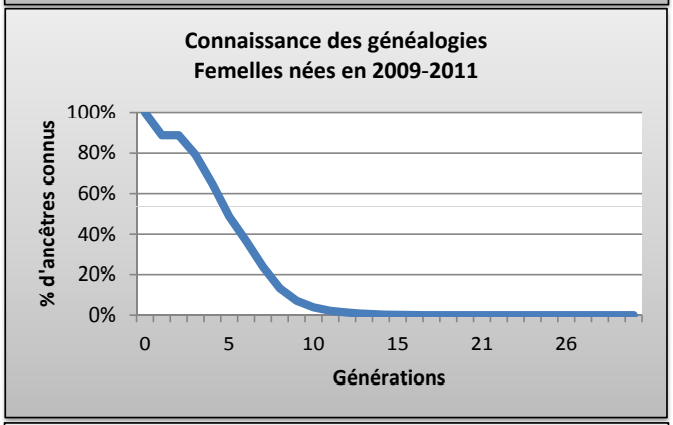
Ancêtres les plus influents à la population de référence

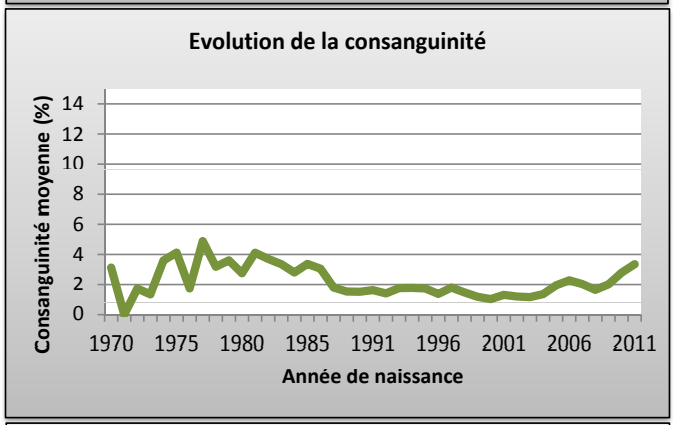
rang	ancêtre	contribution (%)
1	BHM72NC	6.92%
2	SPL472GC	6.40%
3	COLE492ZB	4.27%
4	TIM1RC	3.60%
5	AMD1UC	2.72%
6	JAH6TC	2.70%
7	BHM76LC	2.52%
8	TLA183SC	2.51%
9	FF12SC	2.34%
10	JLO68TC	1.96%

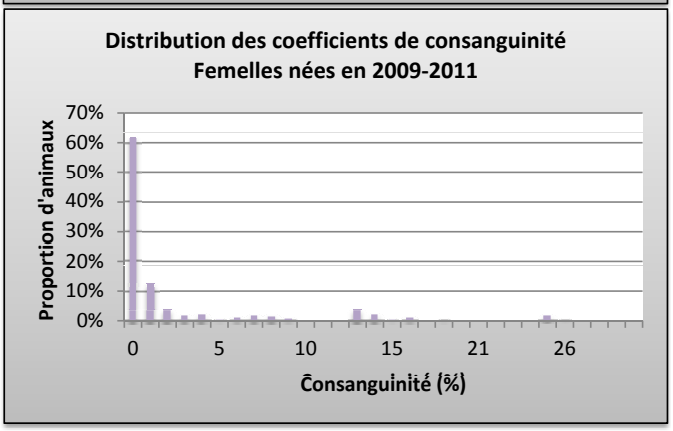
Comment

Pedigree completeness is low, which might cause the underestimation of inbreeding rates and trends. No major issues were identified based on effective number of ancestors (49) and number of genome equivalnets (28) for the reference population, and no major pedigree bottlenecks were identified. The situation of the breed is not problematic, but should be monitored.









Genetic Variability Analysis

Race: SUFFOLK

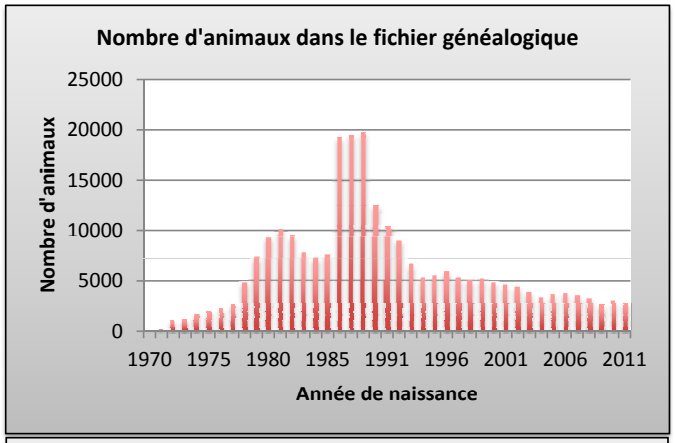
Animaux dans le fichier global	282467	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	5306	
Equivalents générations	6.8	générations
Maximum générations	29	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.34	ans
Consanguinité moyenne (2011)	3.25	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.09	%
Effectif efficace	176	
Nombre de fondateurs (F)	4238	
Fondateurs efficaces (Fe)	178	
Ancêtres efficaces (Fa)	133.5	
Genomes équivalents (Ng)	66	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	3.21	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	49	ancêtres
90% des gènes actuels	323	ancêtres

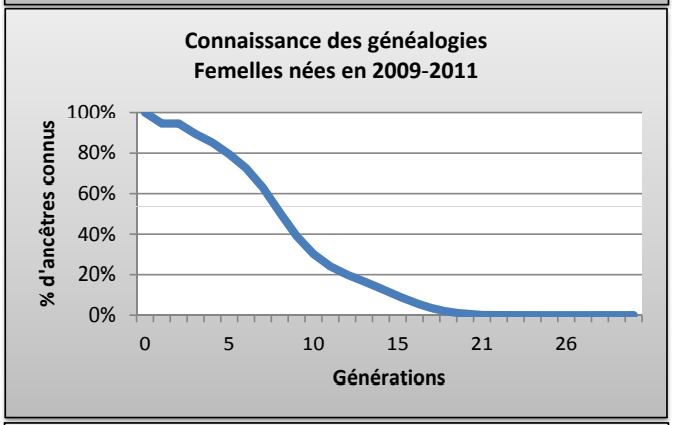
Ancêtres les plus influents à la population de référence

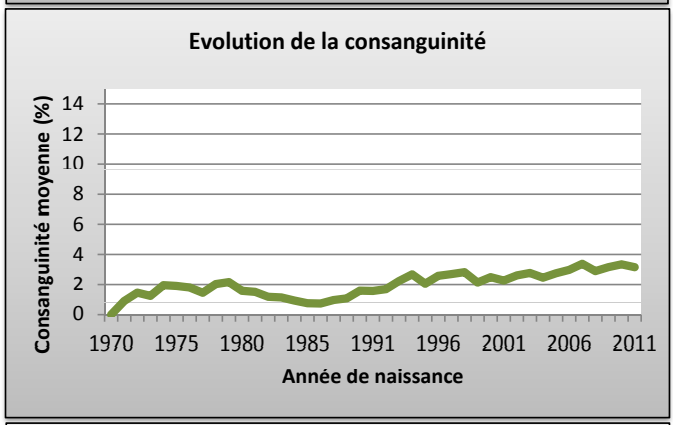
rang	ancêtre	contribution (%)
1	HK33110AC	3.21%
2	FORD4DC	2.60%
3	KMP062ZB	1.84%
4	KRB82MC	1.75%
5	FF538BC	1.71%
6	BEYE039RB	1.66%
7	GBR79274	1.58%
8	DORR57ZB	1.46%
9	SFS805TB	1.45%
10	H24469AC	1.44%

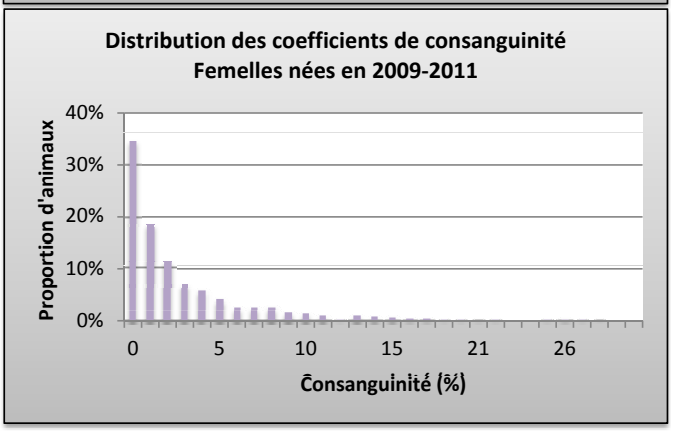
Comment

Pedigree completeness is good for this breed. Inbreeding has been slowly increasing over time. Most recent animals have low inbreeding. The reference population has 134 effective ancestors and 66 remianing founder genomes, and no major pedigree bottleneck was identified. The current situation of the breed is not problematic but should be monitored to keep inbreedng rates low and maintain the genetic population size.









Genetic Variability Analysis

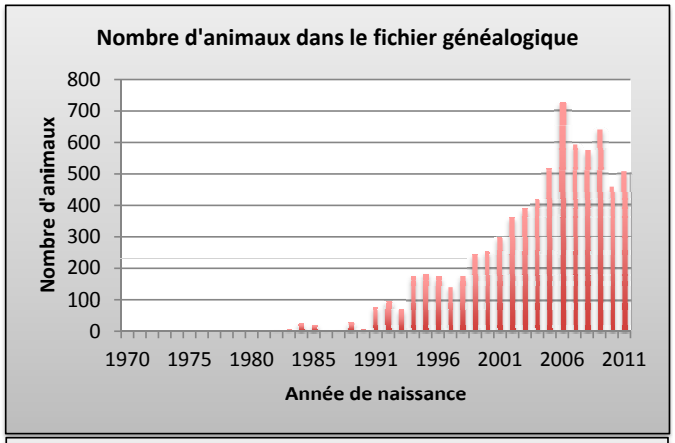
Race: TEXEL

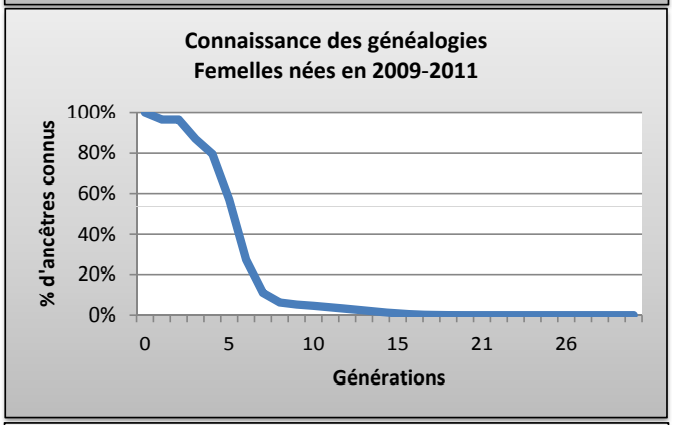
Animaux dans le fichier global	8826	
Population de référence (femelles nées de 2009 à 2011)	904	
Equivalents générations	**3.9**	générations
Maximum générations	22	générations
Intervalle de génération (2000-2010)	3.55	ans
Consanguinité moyenne (2011)	2.98	%
Evolution annuelle moyenne de la consanguinité (2000-2010)	0.15	%
Effectif efficace	96	
Nombre de fondateurs (F)	807	
Fondateurs efficaces (Fe)	87	
Ancêtres efficaces (Fa)	56	
Genomes équivalents (Ng)	35	
Contribution de l'ancêtre le plus influent à la population de référence	6.67	%
Nombre d'ancêtres à l'origine de		
50% des gènes actuels	21	ancêtres
90% des gènes actuels	115	ancêtres

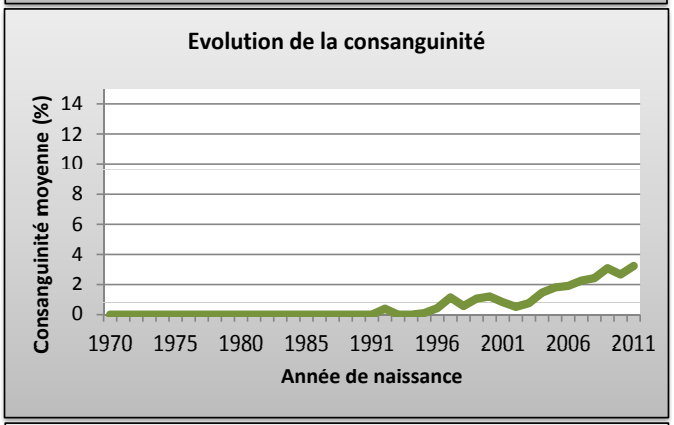
Ancêtres les plus influents à la population de référence

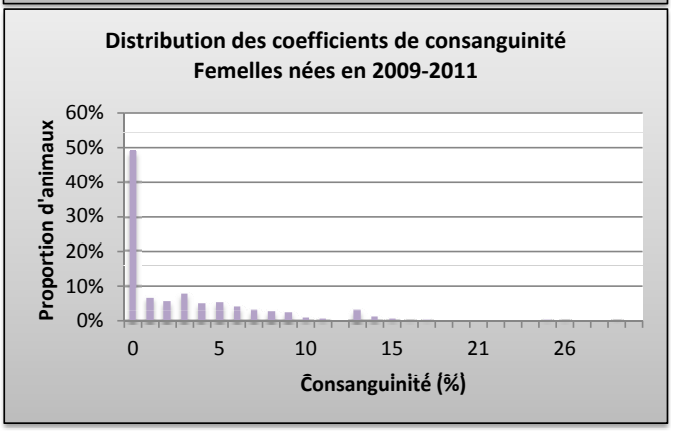
rang	ancêtre	contribution (%)
1	TXLL0134PC	6.67%
2	TEX87LC	3.89%
3	RET11GC	3.58%
4	CANZ52758	3.36%
5	VID3PC	3.27%
6	MA11EC	3.22%
7	RET2MC	2.96%
8	VID3734TC	2.46%
9	TXLL0015MC	2.32%
10	CANZ74195	2.00%

Comment
Pedigree completeness is quite low, which might cause the underestimation of inbreeding rates and trends. No major issues were identified based on effective number of ancestors (56) and number of genome equivalnets (35) for the reference population, and no major pedigree bottleneck was identified. The situation of the breed is not problematic, but should be monitored.









Variabilité Génétique - Glossaire

- ✓ **Coefficient de Consanguinité** (F) : valeur individuelle variant de 0 à 100% et indiquant la probabilité pour qu'un animal ait reçu des allèles génétiques identiques en un locus, provenant d'un ou plusieurs ancêtres communs à ses deux parents. Le coefficient de consanguinité d'un animal est égal au coefficient de parenté entre son père et sa mère.
  Exemples de coefficients de consanguinité pour un animal issu d'un accouplement :
  - Père/fille, mère/fils, frère/sœur : 25%
  - Grand-père/petite-fille, grand-mère/petit-fils : 12,5%
  - Demi-frère/demi-sœur : 12,5%
  - Oncle/nièce, tante/neveu : 12,5%
  - cousins germains : 6,25%
- ✓ **Effectif génétique** (N_e) : taille « génétique » de la population calculée sur la base de la hausse de consanguinité. Par exemple, l'effectif génétique d'un troupeau ayant une hausse de consanguinité de 1% par génération est égal à 50.
- ✓ **Équivalent-génération** : quantité d'information équivalente à une génération complète d'ascendants. Par exemple, un animal avec ses 2 parents, 4 grands-parents et 8 arrière-grands-parents a 3 équivalents-générations (3 générations complètes connues) alors qu'un animal avec ses 2 parents, 1 grand-parent et 2 arrière-grands-parents a 1,75 équivalents-générations (génération 1 complète + 50% de la génération 2 + 25% de la génération 3).
- ✓ **Nombre de fondateurs efficaces** (F_e): nombre virtuel de fondateurs qui produiraient la même variabilité génétique que dans la population étudiée. Par exemple, un troupeau de 100 brebis peut être issue de 10 fondateurs initiaux, mais contribuant de façon déséquilibrée. Si chaque fondateur contribue pour 10% de la population, le nombre de fondateurs efficaces (F_e) est égal à est égal à 10. Si un fondateur contribue à 91% de la population actuelle, et les 9 autres à 1% chacun, F_e est égal à 1,2.
- ✓ **Nombre d'ancêtres efficaces** (F_a) : nombre virtuel d'ancêtres, fondateurs ou non, qui produiraient la même variabilité génétique que dans la population étudiée. Par exemple, un troupeau de 100 brebis peut être issu de 10 fondateurs initiaux, mais provenir en fait de seulement 2 béliers et 2 brebis sur-utilisés à un moment donné, et qui se retrouvent dans la généalogie de tous les animaux actuels. Le nombre d'ancêtres efficaces (F_a) est alors égal à 4. Cette approche tient compte des goulots d'étranglement traversés par la population.
- ✓ **Nombre de génomes fondateurs équivalents** (N_g) : en supposant que tous les fondateurs initiaux d'un population sont non apparentés et non consanguins, on simule la transmission de tous les gènes présents initialement dans la population jusqu'à la population actuelle, et on calcule le nombre de génomes initiaux que l'on pourrait reconstituer. Cette approche tient compte du déséquilibre de contribution des fondateurs, des goulots d'étranglement dans les généalogies, et de la dérive génétique (perte aléatoire d'allèles au cours du temps).