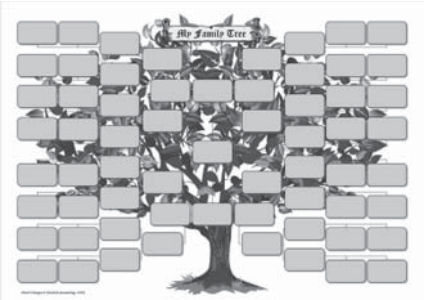
Laurence Maignel, Centre Canadien pour l'amélioration des porcs
Robie Morel, Léda Villeneuve, Johanne Cameron, Centre d'expertise en production ovine du Québec
Frédéric Fortin, Germain Blouin, Centre de développement du porc du Québec

Analyse de la **variabilité génétique** de 22 races ovines canadiennes sur la base de l'information généalogique



La sélection génétique consiste à choisir les meilleurs animaux pour la reproduction et à maximiser la diffusion de leurs gènes afin que l'ensemble de la population bénéficie du progrès génétique sur un groupe de caractères précis. La sélection diminue en général le nombre de géniteurs utilisés pour produire la génération suivante et mène souvent à un déséquilibre de la représentation des différentes familles au sein de chaque race. En conséquence, la sélection mène à une réduction de la variabilité génétique, ce qui conduit en général à une hausse de la consanguinité dans la population. Une consanguinité élevée peut conduire à l'émergence de défauts génétiques récessifs et avoir un impact négatif sur plusieurs caractères tels que la reproduction et la santé. La variabilité génétique est indispensable aux progrès génétiques futurs et permet de ré-orienter les objectifs de sélection au besoin. Il est capital d'éviter une hausse importante de la consanguinité dans les populations animales, mais il est encore plus important de préserver la variabilité génétique à long terme. Les progrès génétiques à court terme sont souvent prioritaires, aux dépens de la variabilité à long terme. La méthode la plus couramment employée pour décrire la variabilité génétique s'appuie sur l'analyse des généalogies. La consanguinité est fréquemment utilisée pour quantifier la variabilité génétique, mais il existe d'autres indicateurs, également basés sur l'étude des données de généalogie, pour décrire la diversité génétique intra-race, par exemple en utilisant la contribution des principaux ancêtres à la population actuelle.

Un projet a été réalisé récemment par le Centre d'expertise en production ovine du Québec (CEPOQ) et la Société canadienne des éleveurs de moutons (SCEM) pour évaluer la variabilité génétique des races ovines canadiennes sur la base de l'information généalogique disponible dans les bases de données de la Société canadienne d'enregistrement des animaux (SCEA) et du programme d'évaluation génétique GenOvis. Un total de 50 races ont ainsi été analysées. Cet article présente certains résultats trouvés pour les 22 races à plus grands effectifs (avec plus de 200 femelles nées entre 2009 et 2011).

Races analysées

Le **tableau 1** présente le nombre total d'animaux par race, le nombre d'animaux dans la population de référence (femelles nées en 2009-2011), ainsi que des indicateurs de connaissance des généalogies.

Les populations ovines analysées sont de taille très variable (de 210 à 17 514 animaux dans la population de référence) et varient également en termes de connaissance des généalogies. Le nombre d'équivalents-générations est une mesure du nombre de générations complètes connues. Par exemple, un animal avec 2 parents et 4 grands-parents connus a 2 équivalents-générations, alors qu'un animal avec 2 parents, 4 grands-parents et 2 arrière-grands-parents a 2,25 équivalents-générations. Dans

Tableau 1. Statistiques descriptives sur les 22 races étudiées et indicateurs de connaissance des généalogies

Race	Nombre total d'animaux dans le fichier généalogique	Année de naissance minimum / maximum		Nombre de femelles nées en 2009-2011	Nombre maximum de générations connues	Équivalents générations
ARCOTT CANADIEN	16 537	1983	2012	1 304	12	5,78
ARCOTT OUTAOUAIS	11 234	1969	2012	360	11	9,28
ARCOTT RIDEAU	160 059	1980	2012	17 514	20	6,77
BORDER CHEVIOT	6 164	1968	2012	210	25	3,85
BORDER LEICESTER	17 764	1968	2012	288	23	10,09
BRITISH MILK SHEEP	561	1990	2012	216	7	2,01
CHAROLLAIS	6 276	1982	2012	478	25	5,81
CLUN FOREST	5 083	1967	2012	356	22	8,15
DORPER	9 028	1988	2012	1 799	13	5,39
DORSET	211 044	1961	2012	7 397	29	6,73
FINNOIS	7 078	1973	2012	501	21	4,91
HAMPSHIRE	40 510	1950	2012	1 286	26	5,97
ICELANDIC	20 710	1984	2012	2 638	20	7,32
ILE DE FRANCE	2 180	1993	2012	362	14	6,47
KATAHDIN	5 624	1976	2012	476	9	1,86
NORTH COUNTRY CHEVIOT	33 118	1967	2012	1 517	26	9,28
OXFORD	14 585	1963	2012	238	22	5,56
POLYPAY	56 903	1967	2012	3 528	19	5,24
ROMANOV	49 751	1971	2012	5 891	24	5,63
SOUTHDOWN	15 763	1968	2012	360	22	3,71
SUFFOLK	282 467	1950	2012	5 306	29	6,82
TEXEL	8 826	1982	2012	904	22	3,87

les races étudiées, le nombre moyen d'équivalents-générations pour la population de référence varie de 1,86 à 10,09. Pour certaines races, la connaissance des généalogies est très limitée avec moins de 4 équivalents-générations connus (Border Cheviot, British Milk Sheep, Katahdin, Southdown, Texel), ce qui peut conduire à des sous-estimations dans les calculs de consanguinité.

Évolution de la consanguinité au cours des 30 dernières années

Les **figures 1** et **2** présentent l'évolution de la consanguinité de 1981 à 2011 pour les races avec moins ou plus de 500 femelles dans la population de référence, respectivement. Sur la **figure 1**, on observe que le niveau de consanguinité a augmenté chez certaines races au cours des dernières années (British Milk Sheep, Border Leicester, Border Cheviot, Clun Forest, Ile de France) et diminué dans d'autres races. Sur la **figure 2**, qui inclut les 11 races avec la plus grande taille de population, on observe une hausse lente mais claire pour toutes les races, le niveau moyen actuel se situant entre 2 et 5 % pour la plupart des races. ►►►

La seule population au-dessus de ce niveau est la race Romanov, pour laquelle la consanguinité stagne récemment. Il est logique d'observer des niveaux de consanguinité plus élevés dans les petites populations. Cependant, la hausse de consanguinité est plus importante que le niveau lui-même, car elle reflète la taille génétique de la population. Seules 4 races ont connu une hausse de consanguinité supérieure à 1 % par génération entre 2000 et 2010 : British Milk Sheep, Ile de France, Arcott Outaouais et Romanov. Il est capital de garder à l'esprit que ces courbes reflètent également de grandes différences entre les races au niveau de la connaissance des généalogies.

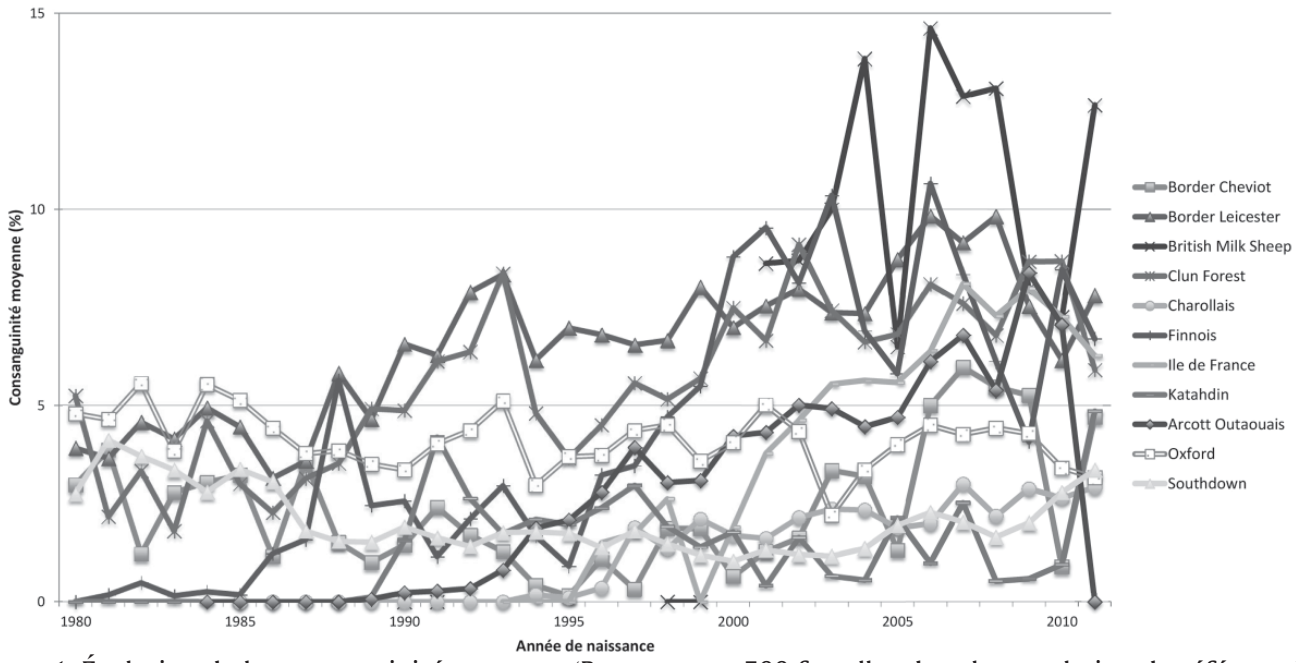


Figure 1. Évolution de la consanguinité moyenne (Races avec <500 femelles dans la population de référence)

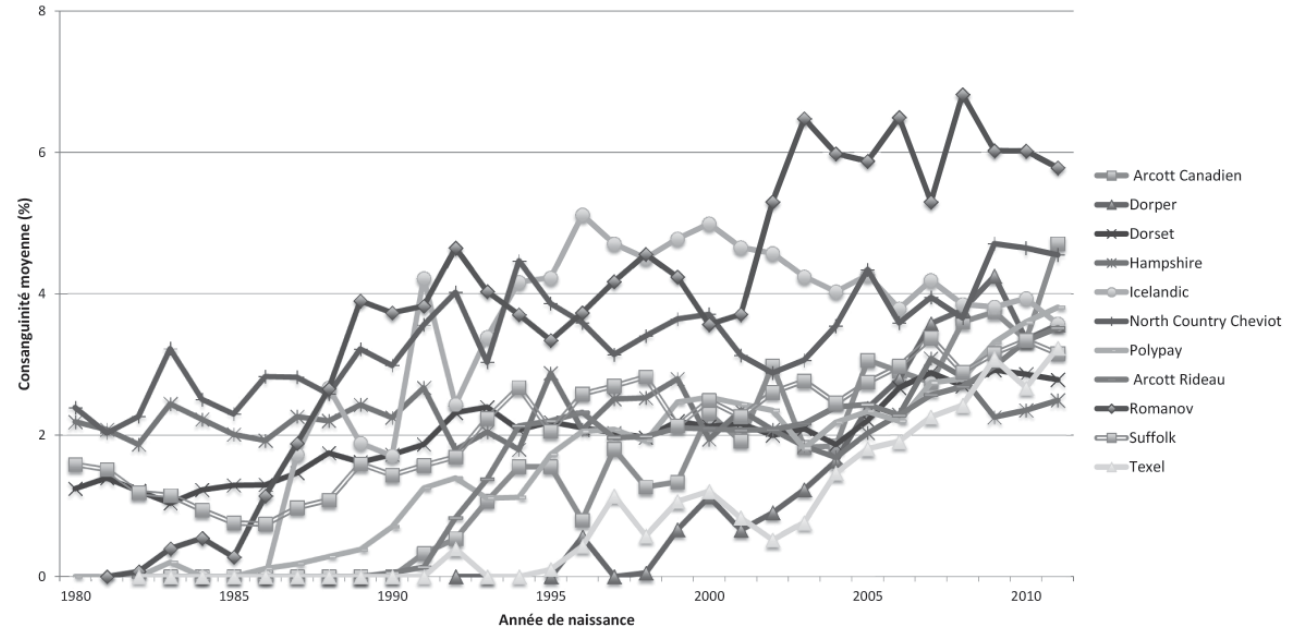


Figure 2. Évolution de la consanguinité moyenne (Races avec >500 femelles dans la population de référence)

Probabilités d'origine de gènes

Les approches basées sur la contribution des principaux ancêtres à la population actuelle sont généralement préférées à la consanguinité, car elles sont moins dépendantes de la qualité des généalogies et des stratégies d'accouplements. Plusieurs critères peuvent être calculés pour une population de référence donnée. Le **tableau 2** présente certains des critères utilisés communément pour décrire les populations soumises à des programmes de sélection ou de conservation.

- **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 issu 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 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. Ce phénomène se produit lorsqu'une population est fortement réduite sur au moins une génération. Le faible nombre de reproducteurs restants transmet donc seulement une fraction de la diversité génétique initiale aux générations ultérieures. Il en résulte un appauvrissement de la variabilité génétique de 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, 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).

►►►

Tableau 2. Principaux critères basés sur les probabilités d'origine de gènes

Race	Nombre de femelles nées en 2009-2011	Fondateurs efficaces F_e	Ancêtres efficaces F_a	Génomes de fondateurs N_g
BRITISH MILK SHEEP	216	5	5	2
ARCOTT OUTAOUAIS	360	15	7	4
FINNOIS	501	20	9	3
ILE DE FRANCE	362	50	15	9
CLUN FOREST	356	44	17	7
BORDER LEICESTER	288	61	18	7
KATAHDIN	476	28	25	21
BORDER CHEVIOT	210	38	26	18
CHAROLLAIS	478	70	28	16
DORPER	1 799	90	30	16
ROMANOV	5 891	64	30	9
OXFORD	238	59	32	17
ARCOTT CANADIEN	1 304	56	37	17
ARCOTT RIDEAU	17 514	43	37	20
NORTH COUNTRY CHEVIOT	1 517	118	38	17
POLYPAY	3 528	87	38	18
SOUTHDOWN	360	76	49	28
ICELANDIC	2 638	58	50	25
HAMPSHIRE	1 288	131	55	28
TEXEL	904	87	56	35
SUFFOLK	5 306	178	134	66
DORSET	7 397	384	180	83

Le **tableau 2** est classé en ordre croissant selon le nombre d'ancêtres efficaces. Il montre que F_e varie de 5 à 384, F_a de 5 à 180 et N_g de 2 à 83 dans les 22 races étudiées. Certaines des races les plus grandes numériquement ne sont pas nécessairement grandes sur le plan variabilité génétique, en particulier les races Romanov, Arcott Rideau et Polypay. Les deux races les plus grandes selon F_a (Suffolk, Dorset) sont beaucoup plus variables que les autres grandes races et sont probablement celles qui bénéficient d'un large accès aux gènes étrangers. En théorie, il n'existe pas de recommandations précises concernant le nombre d'ancêtres efficaces et de génomes de fondateurs. Le nombre de génomes de fondateurs (N_g) est très cohérent avec F_a dans la plupart des cas. Il est en général 1,5 à 2 fois plus faible que le nombre d'ancêtres efficaces pour la plupart des races, mais il est encore plus faible chez les races Clun Forest, Finnois et Romanov, ce qui semble montrer que ces races ont été soumises à la dérive génétique par le passé, ce qui a conduit à la perte aléatoire de diversité génétique, fort probablement à cause de la perte de familles ou de lignées durant la période étudiée.

De nombreuses races… et des situations variées

Chaque race a sa propre histoire, sa conduite d'élevage, un accès différent à l'importation, une politique d'accouplement et un processus de sélection spécifique, tous ces éléments conduisant à un portrait différent en termes de variabilité génétique. Cette étude visait à décrire les évolutions passées et le statut récent en termes de diversité génétique afin d'évaluer le besoin de mettre en place des stratégies de préservation de la diversité. Elle a été réalisée sur l'ensemble des animaux enregistrés et/ou connus dans GenOvis, ce qui n'est peut-être pas exhaustif, mais donne une bonne idée de la situation pour les animaux avec une généalogie officielle. Les 22 races présentées ici sont très variables en termes de taille de population et de connaissance des généalogies, ce qui rend difficiles les comparaisons de leurs niveaux de consanguinité. D'après les critères basés sur les origines de gènes, la plupart des races ont une base génétique de taille réduite, et la hausse de leur consanguinité s'est accentuée au cours des dix dernières années. Dans toutes les races, il est nécessaire de rester attentif quant à la variabilité génétique afin de garantir les progrès génétiques futurs et éviter une hausse trop importante de la consanguinité. Il est nécessaire de trouver un compromis entre amélioration génétique, sélection sur d'autres caractères tels que la santé et la conformation, tout en maintenant la diversité génétique. De nouveaux outils désormais disponibles, tels que les coefficients de consanguinité sur le site de la SCEA et les plans d'accouplements dans GenOvis apportent de nouvelles opportunités pour mieux gérer la variabilité à court et à long terme. Dans un avenir proche, les nouveaux outils de génomique déjà disponibles permettront de gérer la 'vraie' variabilité génétique sur la base du génotype en des milliers de marqueurs ADN. Le rapport final du projet sera disponible en 2014 (en français sur le site Internet du CEPOQ et en anglais sur celui de la SCEM), avec un total de 50 races analysées et des fiches individuelles pour chaque race comportant des recommandations personnalisées.

Par ailleurs, les résultats du projet ont été présentés le 3 décembre dernier à Guelph à plusieurs intervenants en production ovine et aux directeurs provinciaux de la SCEM. Ils sont maintenant conscients de la situation des diverses races en terme de variabilité génétique et peuvent à leur tour transmettre l'information dans toutes les provinces canadiennes. Préserver la variabilité génétique au sein des races ovines canadiennes nécessite un effort collectif dans lequel chaque éleveur de chaque province a un rôle à jouer.

Une partie du financement de ce projet a été fournie par l'entremise des conseils sectoriels du Québec, de l'Ontario, du Manitoba, de la Saskatchewan, de l'Alberta et de la Colombie-Britannique qui exécutent le Programme canadien d'adaptation agricole (PCAA) pour le compte d'Agriculture et Agroalimentaire Canada.

CDPQ Centre de développement du porc du Québec inc.
Canadian Centre for Swine Improvement inc. / Centre Canadien pour l'Amélioration des Porcs inc. CCSI CCAP
CEPOQ Centre d'expertise en production ovine du Québec

Une partie du financement de ce projet a été assurée par Agriculture et Agroalimentaire Canada, par l'entremise du Programme canadien d'adaptation agricole (PCAA). Au Québec, la part destinée au secteur de la production agricole est gérée par le Conseil pour le développement de l'agriculture du Québec.

Agriculture et Agroalimentaire Canada / Agriculture and Agri-Food Canada