



# Étude de la variabilité génétique de 31 races françaises

La diversité génétique est une notion importante pour l'élevage, sa diminution excessive au sein d'une race rendrait la sélection impossible et pourrait entraîner une augmentation significative des problèmes de santé. Nous nous sommes inspirés du projet VARUME, Variabilité génétique des RUMInants et des Équidés, qui produit régulièrement des indicateurs de variabilité génétique pour les espèces de rente. Dans cette idée, l'objectif de ce stage a été de développer des indicateurs de diversité génétique dans les races gérées par la SCC et adaptés à l'espèce canine, afin d'identifier plus précisément les races vulnérables et d'envisager des stratégies de conservation.

◆ Par Alicia Jacques

L'outil PEDIG, développé par l'INRA en 2002, a permis l'étude des données généalogiques pour un ensemble de 31 races françaises. PEDIG contient différents modules permettant de calculer des indicateurs de diversité génétique. Pour chaque race, ce travail a été réalisé sur 3 cohortes (2001-2006, 2007-2012 et 2013-2018) afin d'identifier les principales tendances d'évolution.

La précision des indicateurs calculés dépend de la qualité des généalogies, c'est l'un des principaux biais de l'étude. Le nombre d'équivalent-génération, soit le nombre moyen d'ancêtres enregistrés en moyenne pour un chien, permet de mesurer la qualité des pedigrees. L'évolution entre 2001 et 2018 est positive pour la plupart des races, ce qui était attendu car plus le temps avance, mieux les généalogies sont connues.

Les indicateurs dits de la « probabilité d'origine des gènes » déterminent le nombre de fondateurs efficaces, correspondant aux nombres de fondateurs qui généreraient, à contribution égale, une population de même niveau de variabilité génétique que la population étudiée. Les résultats sont très variables et ne présentent pas le même type d'évolution selon les races. La plus faible valeur est de 8,9, traduisant un niveau bas de variabilité génétique, tandis que la plus forte valeur est de 311,3. La majorité des races étudiées révèle une augmentation de ce nombre de fondateurs

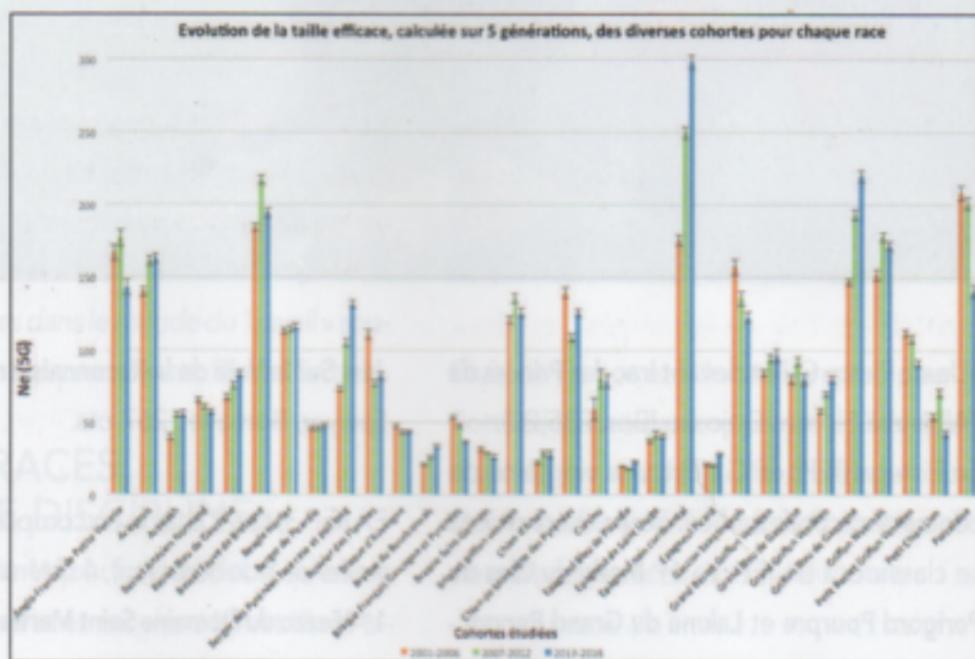


Tableau 1.

Niveau de variabilité génétique estimé - Tendances globales observées depuis 2001	Correct	Limité	Très réduit
Situation constante	Berger des Pyrénées Epagneul nain continental Griffon Bleu de Gascogne	Azawakh Basset Artésien Normand Grand Basset Griffon Vendéen	Braque du Bourbonnais Chien d'Artois Epagneul Bleu de Picardie Epagneul Picard
Déclinaison modérée	Anglo-Français de Petite Venerie Ariégeois Basset Fauve de Bretagne Beagle Harrier Briquet griffon vendéen Chien de Montagne des Pyrénées Griffon Nivernais	Basset Bleu de Gascogne Bouvier des Flandres Cursus Grand Griffon Vendéen Grand Bleu de Gascogne	Berger de Picardie Braque Français Braque Saint-Germain Epagneul de Saint Usuge Braque d'Auvergne Petit Chien Lion
Déclinaison intense	Porcelaine Gascon Saintongeais	Petit Basset Griffon Vendéen	

Tableau 2.



Bergers des Pyrénées au Championnat de France 2018.

© Coline Derin

étudiées et seront utilisées pour envisager des stratégies à adopter pour leur avenir. Le travail de structuration de ces stratégies est à poursuivre par le Service Santé et Ressources génétiques, en collaboration avec les clubs de races.

Sur l'ensemble des races étudiées, 12 sont considérées comme étant dans une situation convenable. Pour les 19 autres races, la situation est un peu moins favorable, et pour 9 d'entre elles, une perte progressive de diversité génétique est observée,

efficaces au cours du temps, ce qui est une évolution positive pour la diversité génétique.

La taille efficace de la population ( $N_e$ ) est un bon indicateur de variabilité génétique, qui correspond à la taille d'une population idéale ayant le même niveau de variabilité génétique que la population étudiée à partir de mariages aléatoires. Cet indicateur a été calculé pour les cohortes de chaque race en utilisant la méthode Cervantes (recommandée pour les espèces comme le chien où le nombre de générations étudiées est restreint). Il est considéré qu'en-dessous d'un  $N_e$  de 100, soit une diminution du taux de consanguinité de 0,50 % par génération, la perte de diversité génétique d'une population augmente considérablement et met la race en danger [FAO, 1992]. Dans le cas où une population présente un  $N_e$  inférieur à 50, soit une diminution du taux de consanguinité de 1,00 % par génération, l'avenir de cette population pourrait être considéré à risque [FAO, 2010]. Un dernier indicateur est le taux de consanguinité moyen de la race. En effet, dans les populations à effectif limité, la consanguinité

globale de la race augmente inévitablement. L'effectif des reproducteurs étant limité, l'union entre des individus apparentés s'impose de plus en plus au cours du temps, et la consanguinité des descendants de ces accouplements s'additionne au cours des générations. Le rythme d'accroissement de la consanguinité permet de visualiser la perte de diversité génétique des races. L'objectif est donc d'essayer de ralentir la croissance du taux de consanguinité moyen au sein de la race. Le coefficient de consanguinité moyen des cohortes devrait, dans la mesure du possible, être le plus bas possible. Pour les 31 races étudiées, les coefficients de consanguinité moyens de chaque cohorte ont été calculés. Les résultats sont très dépendants de la qualité des généalogies et souvent sous-estimés. Dans l'ensemble, 19 races présentent une stabilité au cours du temps, 9 une diminution et seulement 3 une augmentation de ce coefficient.

Pour conclure, ces indicateurs mettent en évidence les grandes tendances d'évolution de la diversité génétique des races françaises

mais le niveau critique n'a pas encore été atteint. La mise en place de stratégies de conservation est à envisager afin de ralentir la vitesse d'accroissement de la consanguinité et de préserver ces races. Pour les 10 races montrant les situations les plus inquiétantes, il faut s'attendre à de forts risques d'effets néfastes de la consanguinité, si ce n'est déjà le cas. Les clubs de races seront associés aux mesures correctives éventuelles par l'intermédiaire du service Santé et de Fleur-Marie Missant.

La sauvegarde de la diversité génétique est un objectif important dans la promotion de la santé et du bien-être du chien de race et ces indicateurs vont permettre à la Société Centrale Canine de guider les éleveurs et les clubs de race dans ce travail. ■

**Alicia Jacques**

Étudiante AgroParisTech  
 Université Paris-Saclay  
 Master 1 Biologie Intégrative et Physiologie Animale  
 Stagiaire à la SCC, Service Santé et Ressources génétiques, en avril-mai 2019.