



L'évaluation de la diversité génétique des gros animaux de ferme

J.-J. Lauvergne

► To cite this version:

J.-J. Lauvergne. L'évaluation de la diversité génétique des gros animaux de ferme. *Productions Animales*, 1992, hs (hs), pp.263-264. <hal-00896028>

HAL Id: hal-00896028

<https://hal.science/hal-00896028v1>

Submitted on 11 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

J.-J. LAUVERGNE

INRA Laboratoire de Génétique factorielle 78352
Jouy-en-Josas Cedex

La gestion des populations

L'évaluation de la diversité génétique des gros animaux de ferme

Même s'il n'existe pas de corps de doctrine officialisée, l'évaluation de la diversité génétique domestique animale est un exercice auquel se sont livrés et se livrent encore de nombreux auteurs. Une telle démarche est évidemment fondamentale en phylogénie, sélection et gestion rationnelle des ressources génétiques de la planète. En ces quelques pages il ne peut être question d'épuiser le sujet, mais de dégager quelques notions de base.

1 / Apparition de la diversité

Avant Darwin (1859) cette diversité était confusément perçue. On est redevable à cet auteur d'avoir le premier clairement exprimé la différence de variabilité entre les deux états, sauvage et domestique, d'une même espèce. L'un se caractérise par une homogénéité de l'extérieur, l'autre par une diversité parfois énorme.

Les causes de l'apparition de cette diversité domestique ont été exposées par Lauvergne (1989) ce sont :

- la diminution de la pression de sélection à l'encontre de nombreux allèles ;
- l'augmentation du nombre de nouveaux allèles par simple multiplication des effectifs ;
- une certaine égalisation des chances de reproduction pour tous les génotypes.

Il n'y a pas encore de mesure globale au sein d'une espèce. Une première approche pourrait consister à considérer la variabilité au sein d'une catégorie de gènes susceptibles d'être conservés (gènes de coloration ou de structure de la toison par exemple) en estimant le nombre de générations et l'effectif moyen par génération.

Une autre approche, comparée celle-là, serait de comparer la variabilité accumulée dans une catégorie de gènes entre deux espèces. On s'apercevrait par exemple que le nombre d'allèles de couleur ségrégeant chez la chèvre est 3 ou 4 fois inférieur à celui des allèles homologues des bovins.

2 / Les premiers évaluateurs

Dans le monde Occidental ce sont les auteurs de l'Antiquité gréco-romaine (par ex. Ovide dans ses *Géorgiques*), puis ceux de la Renaissance qui ont commencé à évaluer la diversité.

Au XVIII^e siècle apparaissent les premiers "catalogues raisonnés" basés sur des enquêtes de terrain ou des suivis de marché : les moutons français de l'Abbé Carlier (1770), les bovins de la moitié nord de la France observés sur les marchés de Sceaux et de Passy par de Francourt (1789).

Ensuite sont venus les zootechniciens du XIX^e (en particulier Samson), puis du XX^e : Quittet pour la France à partir de 1946, Mason à partir de 1951 pour le monde entier.

Ces auteurs ne prennent en compte que des entités bien individualisées génétiquement, les races standardisées qui peuplent en majorité les pays développés, ce qui pose le problème de la classification de l'ensemble des stocks génétiques domestiques.

3 / Classification

En fait, à côté de ces races standardisées existent d'autres entités animales aux contours moins bien définis. Comme pour les ressources génétiques des plantes cultivées, une classification selon le degré d'évolution a dû être introduite pour tenir compte de tous les états génétiques que pourraient prendre les populations animales domestiques.

La classification proposée par Lauvergne (1982) est la suivante :

- espèce sauvage ;
- population traditionnelle ;
- race standardisée ;
- lignée sélectionnée.

4 / Mesure de la variabilité

Beaucoup de méthodes ont été proposées pour la mesure de la variabilité absolue et relative :

- Mesures absolues de la variabilité génétique : le coefficient de consanguinité d'une population et l'indice de diversité de Nei (1973).

- Mesures relatives de la variabilité. Elles font appel aux calculs des distances génétiques inaugurées par Kidd (1969) pour les races bovines standardisées.

Ces évaluations ont pu être faites à partir des fréquences géniques des polymorphismes du lait et du

sang (étude de Grosclaude *et al* (1990) sur les bovins français). On peut, de la sorte, non seulement comparer des races entre elles, mais également amorcer des études de phylogénie.

Récemment, Baker et Manwell (1990) ont fait une synthèse historique raisonnée de tous les travaux dans le domaine des marqueurs moléculaires pour les Bovins.

Actuellement on a tendance à appliquer les méthodes de distances génétiques à d'autres marqueurs que les marqueurs invisibles : gènes de couleur du pelage ou caractéristiques biométriques. Pour ces dernières, l'emploi d'indices - permettant de gommer les différences de format - se généralise : indice caudal, indice auriculaire pour le mouton, indice de gibbosité pour le boeuf.

Des études effectuées au Département de Génétique Animale de l'INRA ont démontré l'intérêt de cette méthode appliquée aux Ovins et Caprins (Benadjaoud 1987) ou aux Bovins (Souvenir 1991).

5 / Etude de la diversité au stade génique et moléculaire

L'étude de la nomenclature génétique des espèces de ferme a commencé dès 1905. Son développement est tributaire des moyens d'investigation. Ils étaient au début seulement macroscopiques, d'où le développement des travaux portant sur la couleur du pelage et les anomalies congénitales.

Les moyens de détection sérologiques puis biochimiques divers ont causé une première révolution dans les années cinquante avec l'apparition des polymorphismes sérologiques : groupes sanguins et variants biochimiques du lait et du sang où les produits finaux des gènes sont directement analysables.

Actuellement on vit une seconde révolution dite de la cartographie génétique avec l'apparition de méthodes permettant d'identifier les segments d'ADN et de les rapporter, dans certains cas, à des loci identifiants.

Cette révolution fait suite à l'énorme effort fait pour cartographier le génome humain. De nombreuses réunions ont déjà eu lieu pour mettre en ordre cette masse d'informations nouvelles et la relier aux connaissances plus classiques sur les loci. Un atelier de nomenclature génétique des ruminants en juillet 1991 à Manosque a jeté les bases des futurs catalogues des séries alléliques des gros animaux de ferme.

Tout d'abord on a distingué 4 catégories de loci :

- 1 : traits visibles
- 2 : couleur du pelage
- 3 : sang et lait
- 4 : autres systèmes génétiques

Des comités ont ensuite été constitués pour chaque catégorie dans chaque espèce (au total 12 comités) ainsi qu'un comité sur la cartographie du génome des ruminants par les techniques de recombinaison de l'ADN (Comité ADN Ruminants), de manière à préciser le mieux possible l'information en ligne de la catégorie 4.

Ce travail est accompli sous la maîtrise d'œuvre du COGOVICA (Comité de Nomenclature Génétique des Ovins et Caprins) à qui la tâche a été confiée au cours du Congrès Mondial de Génétique Appliquée à la Production Animale d'Edimbourg (1990). L'ISAG

(International Society of Animal Genetics) est étroitement associée au projet auquel le Département de Génétique Animale de l'INRA apporte son concours. Le premier catalogue des séries alléliques des Bovins pourrait paraître en 1993, ceux des Ovins et Caprins déjà produits par le COGOVICA, mais qui doivent être révisés selon les principes nouveaux, suivront.

Conclusion

L'évaluation de la diversité génétique des animaux domestiques est entrée ces dernières années dans une phase de développement intensif. Ce développement permet d'intégrer harmonieusement tous les acquis du passé. L'axe de travail est en quelque sorte parallèle à celui suivi par Sewall Wright pour les populations naturelles (Provine 1986).

Références bibliographiques

- Baker, C.M.A. and Manwell C., 1990. Population genetics, molecular markers and gene conservation of bovine breeds. In C.G. Hickman : Cattle genetic resources; Elsevier, Amsterdam. 221-304.
- Benadjaoud, A., 1987. Etudes des profils génétiques de quelques populations traditionnelles et races de premières standardisation d'Ovicaprines en France : gènes à effets visibles et polymorphismes biochimiques. Thèse de Docteur de l'Université de Rennes I. 188 p.
- Carlier (Abbé), 1770. Traité des bêtes à laine.
- Darwin, 1859. The origin of species. John Murray, London. Réed. Penguins books, 1968, 71-100.
- Francourt M de, 1789. Observations sur la population des bestiaux et leurs différentes espèces. Mém. Agric. Econom. Rur. Domest., Paris, Trimestre d'été, 146-181.
- Grosclaude, F., Aupetit, R.Y., Lefebvre, J., Mériaux J.-C., 1990. Essai d'analyse des relations génétiques entre les races bovines françaises à l'aide du polymorphisme biochimique. Genet. Sel. Evol., 22, 317-338.
- Kidd, K.K., 1969. Phylogenetic analysis of cattle breeds. Ph.D. Diss. University of Wisconsin, Madison, Wisc.
- Lauvergne, J.-J., 1982. La génétique des populations domestiques animales après leur domestication. 2e Congrès Mondial Génét. Appl. Prod. Anim., Madrid, 6, 77-87.
- Lauvergne, J.-J., 1989. La constitution des ressources génétiques animales de ferme. In M. Molénat et E. Verrier : La gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques. Coll. Paris. BRG Paris, 9-18.
- Mason, L. L., 1951. World dictionary of breeds types and varieties of livestock, CABAG Technical Communication 8, CAB Farnham Royal, Bucks, 68, 267 p., (réed. en 1957, 1964 et 1988).
- Nei, M., 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc. Nat. Acad. Sci., U.S.A., 70, 3321-3323.
- Provine, W.B., 1986. Sewall Wright and evolutionary biology. University of Chicago Press, Chicago and London. 545 p.
- Quittet, E., 1946. Les races bovines française en 1943. Ministère de l'Agriculture. Paris, 59 p.
- Souvenir, P., 1991. Profils génétiques du zébu malgache. Thèse, Université Paris XI, 189 p.