



HAL
open science

La gestion génétique des petites populations

E. Verrier

► **To cite this version:**

E. Verrier. La gestion génétique des petites populations. *Productions Animales*, 1992, hs (hs), pp.265-271. hal-00896029

HAL Id: hal-00896029

<https://hal.science/hal-00896029>

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.

E. VERRIER

Institut National Agronomique Paris-Grignon,
Département des Sciences Animales
16, rue Claude Bernard, 75231 Paris Cedex 05

La gestion des populations

La gestion génétique des petites populations

Résumé. La conservation des races animales domestiques menacées dans leurs effectifs est un élément de la gestion des ressources génétiques exploitables par l'agriculture. Les programmes de conservation comportent, outre des actions visant à assurer une place de ces races dans l'économie, un volet de gestion génétique. L'objet de ce dernier est d'éviter au sein de ce type de populations, dont les effectifs sont limités, une élévation trop rapide de la consanguinité et la réduction concomitante de la variabilité génétique. Des outils de description de cette variabilité, comme les coefficients de parenté et de consanguinité ou les probabilités d'origine des gènes, permettent de raisonner les méthodes de gestion génétique, qui reposent sur l'uniformisation des tailles de descendance entre les reproducteurs, et la division des populations en groupes de reproduction. Les exemples de la race ovine Solognote et de la race bovine Parthenaise permettent d'illustrer l'efficacité de ces méthodes. Ils permettent également de souligner l'importance de définir des règles de gestion suffisamment simples pour être appliquées en pratique, et l'absolue nécessité qu'il y a de trouver des débouchés économiques viables pour ces races qui ont été délaissées par les systèmes de production habituels.

La modernisation de l'agriculture qui a suivi la seconde guerre mondiale s'est traduite dans la plupart des espèces animales domestiques par une intensification des productions, un agrandissement et une spécialisation des troupeaux et une industrialisation des systèmes d'élevage. Dans ce contexte, quelques grandes races, bien adaptées aux conditions de production et à la demande du marché, se sont imposées. A l'inverse, beaucoup d'autres races ont décliné, certaines ont disparu. Ce phénomène a touché tous les pays industrialisés, et se pose également aux pays en voie de développement. Face à ce constat, certaines voix se sont élevées, notamment à la FAO dans la fin des années 60, afin de mettre en garde contre la menace d'une forte réduction de la diversité des types génétiques exploités. En France, cette prise de conscience s'est manifestée au début des années 70, notamment au sein de la Société d'Ethnozootechnie et du Département de Génétique Animale de l'INRA. Le premier programme de conservation en ferme a concerné la race ovine Solognote en 1969. Depuis, de nombreux programmes de conservation ont vu le jour. Certains fonctionnent dans un cadre structuré, l'institut technique correspondant jouant un rôle majeur dans la coordination des programmes (espèces bovine et porcine). Dans de nombreux cas, ces programmes bénéficient d'un soutien financier national (Ministère de l'Agriculture et de la Forêt) ou régional. La gestion de ces populations en conservation, qui ont par la force des choses des effectifs réduits, pose de nombreux problèmes, à commencer par celui des motivations de tels programmes. Nous allons préciser la nature de ces problèmes et présenter certains outils et certaines méthodes mis au

point pour les résoudre. L'exposé de cas concrets permettra d'illustrer certains points importants.

1 / La conservation des races : motifs et principes généraux

1.1 / Motivations vis-à-vis de la conservation des races

En France, comme dans les pays d'Europe méridionale, la conservation des races s'inscrit généralement dans le cadre d'une production agricole, hormis quelques cas comme celui de l'aviculture de loisir. La situation est sensiblement différente dans les pays anglo-saxons où l'élevage "sportif" est beaucoup plus pratiqué. Les arguments en faveur de la conservation des races peuvent être, à l'instar de Molénat (1990), regroupés de la manière suivante :

- raisons génétiques : les races menacées possèdent des caractéristiques génétiques originales qu'il faut conserver en cas de besoin futur commandé par une réorientation du marché ;
- raisons zootechniques : ces races présentent des aptitudes intéressantes dans un contexte particulier ;
- raisons scientifiques : ces races peuvent constituer un matériel d'étude intéressant, notamment en ce qui concerne les phénomènes d'interaction génotype-milieu ;
- raisons culturelles : ces races font partie d'un patrimoine commun que nous devons transmettre aux générations futures.

Il est difficile de hiérarchiser ces arguments. Certains pensent que compte tenu des écarts de productivité avec les grandes races commerciales, les races menacées ont une très faible probabilité de fournir des gènes intéressants pour le futur. Cependant, force est de constater que les caractéristiques génétiques et zootechniques de ces "petites" races sont très mal connues. Il paraît donc difficile de faire des paris sur l'utilité ultérieure de telle ou telle race. Un regard en arrière doit d'ailleurs inciter à la modestie dans ce domaine. Tout au plus peut-on préciser l'originalité génétique de différentes races (distances génétiques), ce qui nécessite des moyens d'investigation importants et des protocoles d'étude relativement lourds.

Aussi peut-on retenir l'ensemble des arguments évoqués plus haut. Et l'on peut considérer qu'à partir du moment où un groupe d'éleveurs souhaite maintenir une race dans le cadre d'une activité agricole et se sent concerné par sa conservation, il est nécessaire de lui apporter un appui technique et/ou financier, voire un soutien psychologique. Ce type d'action doit par ailleurs s'inscrire dans une politique globale de gestion de nos ressources génétiques.

1.2 / Méthodes disponibles pour la conservation de la diversité génétique

Si l'on ne considère que l'argument génétique, on peut limiter l'objectif à la seule conservation de gènes ou de combinaisons de gènes. Dans cette optique, plusieurs méthodes sont disponibles :

- Sans animaux sur pied : cryopréservation (conservation de semence ou d'embryons congelés), banques d'ADN (?) ;

- Avec animaux sur pied : pool de gènes (ensemble d'animaux d'origines diverses, se reproduisant en panmixie plus ou moins parfaite), populations (races) in situ, se reproduisant indépendamment l'une de l'autre.

Des programmes de conservation ne faisant pas intervenir d'animaux sur pied feraient prendre le risque d'une connaissance insuffisante du matériel conservé. Ainsi, la cryopréservation en tant que moyen de conservation unique n'est utilisée que dans le cas de certaines lignées de souris de laboratoire, très bien connues tant sur le plan génétique que sur celui des caractéristiques "zootechniques". Par ailleurs, l'existence d'animaux sur pied est seule garante du maintien de certaines aptitudes acquises par le jeune au moyen de l'apprentissage auprès de sa mère. Cela permet également d'assurer une évolution des populations conservées en fonction des changements des conditions d'élevage.

Ainsi, la conservation des ressources génétiques s'envisage actuellement essentiellement par le biais d'animaux sur pied. Le pool de gènes est une méthode efficace de maintien de gènes en ségrégation dans une grande population. A ce titre, cette méthode est utilisée chez les volailles (Hubert 1989). Chez les espèces de mammifères, la notion de race est fortement ancrée, en particulier chez les gros herbivores. Les objectifs culturels de la conservation ne peuvent alors être atteints qu'en préservant la notion de race. Ainsi, chez les mammifères, les programmes de conservation concernent des races dont on cherche à maintenir tant l'identité (d'aucuns parlent de pureté) que la cohésion des éleveurs qui y sont attachés.

1.3 / Principaux aspects de la conservation des races menacées

Le programme de conservation d'une race comprend plusieurs volets, qui doivent être menés de front : inventaire et localisation des éleveurs et des animaux, connaissance des aptitudes zootechniques de la race et des systèmes d'élevage associés, connaissance des caractéristiques génétiques de la race, gestion génétique de la race.

Les races nécessitant un programme de conservation sont souvent dans cette situation du fait d'un manque à gagner économique par rapport aux grandes races. La recherche de débouchés spécifiques et rémunérateurs doit donc se poursuivre en parallèle aux points évoqués plus haut. De même, un soutien financier est le plus souvent nécessaire pour promouvoir les activités techniques (état-civil, contrôles de performances) indispensables à la gestion génétique. Celle-ci revêt différents aspects selon les effectifs d'animaux :

- races reliques (quelques dizaines de femelles) : il s'agit ici d'éviter la disparition pure et simple du fait des aléas démographiques, et de permettre aux animaux de se reproduire, notamment en assurant l'élevage et la disponibilité des mâles ;

- races à très petits effectifs (quelques centaines à quelques milliers de femelles) : il s'agit de limiter les effets de la dérive génétique (voir plus loin) ;

- races à petits effectifs (quelques milliers à quelques dizaines de milliers de femelles) : on est ici à la limite de la conservation au sens strict ; il s'agit d'éviter d'atteindre des effectifs plus faibles et d'améliorer les programmes de sélection en veillant au maintien d'une certaine variabilité.

Notons qu'au sein des grandes races, au moins chez les ruminants laitiers, les porcs et les volailles, les programmes d'amélioration génétique mettent en oeuvre des intensités de sélection très élevées et s'appuient sur des effectifs de reproducteurs réduits. Le devenir de la variabilité génétique dans ces grandes races devrait être un souci croissant de leurs responsables.

2 / Suivi et gestion génétique des populations à effectifs limités

Nous allons nous intéresser essentiellement à la gestion de populations de quelques centaines à plusieurs milliers de femelles. Dans un premier temps, nous allons brièvement décrire les principaux phénomènes que vont subir ces populations. Ensuite, nous décrirons les principaux outils qui permettent de suivre l'évolution de ce type de populations et enfin nous présenterons les méthodes disponibles pour assurer leur gestion génétique.

2.1 / La dérive génétique et la consanguinité

Quand les effectifs d'une population ne peuvent plus être considérés comme infiniment grands, le passage d'une génération à l'autre constitue un échantillonnage des gènes. L'évolution de cette population sera le résultat d'échantillonnages successifs.

Cette notion de dérive génétique a été introduite par Wright (1931), et a donné lieu à de nombreux

développements. Pour décrire ce phénomène, on étudie le comportement en un locus neutre (c'est-à-dire ne donnant pas prise à la sélection) d'allèles ne pouvant pas muter, au sein d'une population "idéale". Cette dernière est une population fermée à générations séparées, d'individus diploïdes à sexes confondus se reproduisant en panmixie, autofécondation comprise. Considérons une population de ce type, d'effectif N fini et constant dans le temps. La fréquence d'un allèle en un locus neutre va pouvoir fluctuer dans le temps. Si nous connaissons la fréquence initiale de cet allèle (p_0), nous pouvons calculer a priori l'espérance et la variance de la fréquence au temps t (p_t):

$$E(p_t | p_0) = p_0 \quad (1)$$

$$\text{Var}(p_t | p_0) = p_0(1-p_0)(1-1/2N)^t \quad (2)$$

Ainsi, sous l'influence de la seule dérive génétique la fréquence de l'allèle évolue de façon non orientée (1). L'équation (2) quantifie la fluctuation de la fréquence de l'allèle, qui est d'autant plus importante que N est petit. A terme, et du seul fait du hasard, l'allèle sera fixé (avec une probabilité p_0) ou perdu (avec une probabilité $1-p_0$); dans les deux cas, le polymorphisme au locus considéré aura été perdu.

Une autre conséquence de la limitation des effectifs d'une population est le fait qu'un individu a un nombre borné d'ancêtres potentiels. Ainsi, même en panmixie, il apparaîtra des accouplements entre individus ayant un ancêtre commun (individus apparentés), donnant naissance à un individu consanguin. On montre que dans une population "idéale", non consanguine au départ, le coefficient de consanguinité moyen (F) évolue dans le temps selon l'équation suivante :

$$1 - F_t = (1 - 1/2N)^t \quad (3)$$

Au sein d'une population de taille limitée, la consanguinité s'accroît de façon inéluctable, pour tendre à l'infini vers 1 : en un locus donné, tous les gènes sont identiques (au sens donné à cet adjectif par Malécot en 1948) et il ne subsiste qu'un seul allèle. L'élévation de la consanguinité s'effectue au même rythme que l'accroissement de la variance des fréquences géniques, d'autant plus vite que l'effectif est faible.

En définitive, dans une population de taille limitée, certains allèles se retrouvent à l'état homozygote, d'autres disparaissent. La dérive génétique et la consanguinité sont les deux facettes du même phénomène. La conséquence en est une perte de variabilité génétique de la population au cours des générations.

2.2 / Les outils de description de la variabilité génétique

La variabilité génétique d'une population peut s'appréhender au travers des fréquences des gènes et des combinaisons génétiques en plusieurs locus. Encore faut-il disposer d'un nombre suffisant de locus polymorphes faciles d'étude. Les outils traditionnels que sont les gènes à effets visibles (sous-entendu visibles à l'oeil nu : coloration, cornage, etc) et le polymorphisme biochimique (mis en évidence par les techniques de sérologie et d'électrophorèse) ne donnent accès qu'à un nombre modéré de locus dûment identifiés chez les animaux domestiques. Les outils de la Génétique Moléculaire (RFLP, minisatellites) permettent de mettre en évidence un polymorphisme

sur une part bien plus importante du génome. Cependant, le coût de ces techniques interdit actuellement leur utilisation systématique à grande échelle, c'est-à-dire pour des mesures répétées dans le temps, dans un grand nombre de populations et sur de nombreux animaux. Aussi, est-il nécessaire d'utiliser d'autres outils, plus synthétiques, et qui s'appuyant sur la théorie de la Génétique des Populations permettent d'analyser a priori et a posteriori l'évolution de la variabilité génétique d'une population (voir Vu Tien Khang 1983).

a / La notion d'effectif génétique

Introduit par Wright (1931) pour décrire le phénomène de dérive génétique dans des populations réelles, l'effectif génétique d'une population se définit comme la taille d'une population idéale dont le coefficient de consanguinité moyen ou la variance des fréquences géniques évolueraient asymptotiquement comme au sein de la population étudiée. D'une manière générale, le calcul de l'effectif génétique fait intervenir les éléments suivants :

- les effectifs de reproducteurs, l'effectif génétique croissant avec ceux-ci,
- les variances et covariances de tailles de familles, l'effectif génétique étant d'autant plus élevé que la contribution des individus d'une génération donnée à la procréation de la génération suivante est la plus uniforme possible.

La formule de calcul la plus utilisée est la suivante :

$$1/N_e = 1/4N_m + 1/4N_f \quad (4)$$

où N_e est l'effectif génétique, et N_m et N_f sont les effectifs de reproducteurs, mâles et femelles respectivement, à chaque génération. L'évolution de la variabilité de la population est prédite alors par l'utilisation des équations (2) et (3) en remplaçant N par N_e . Notons tout d'abord que (3) n'est qu'une approximation de l'élévation de la consanguinité dans une population bisexuée, puisque cette équation suppose la possibilité d'autofécondation. Par ailleurs, du fait des hypothèses nécessaires, le plus souvent la formule (4) est fautive et ne représente qu'un majorant de l'effectif génétique réel de la population étudiée. Ainsi, la notion d'effectif génétique n'est simple à appliquer que dans quelques cas particuliers, et s'adapte mal aux populations réelles, à structure et fonctionnement démographique compliqués.

b / Les coefficients de parenté et de consanguinité

Le coefficient de parenté caractérise des individus deux à deux, le coefficient de consanguinité caractérise les individus eux-mêmes. En retenant les définitions probabilistes de ces coefficients données par Malécot (1948), un calcul direct permet, en faisant l'hypothèse d'absence de sélection, de prédire simplement, en fonction des règles démographiques connues, leur évolution moyenne au sein de groupes d'animaux. Ces coefficients se calculent également a posteriori, au vu des pedigrees réels.

c / Les probabilités d'origine des gènes

L'analyse des pedigrees permet également de calculer pour un individu la probabilité pour qu'un gène pris au hasard en un locus neutre provienne de tel ou tel ancêtre. Ce calcul de probabilité d'origine des

gènes, réalisé à l'échelle de groupes, et en référence à des fondateurs (sans ascendance connue), permet de quantifier le poids génétique de différentes catégories de fondateurs (en fonction de l'année de naissance, du troupeau d'origine, etc.) dans la constitution de la population à un instant donné.

d / Le nombre de copies des gènes fondateurs

En considérant une population de N individus à un instant initial, en un locus donné, il existe $2N$ "gènes fondateurs". En calculant les probabilités relatives aux différentes situations d'identité possibles, en fonction des règles démographiques, on peut prédire l'évolution du nombre de copies de chaque gène fondateur au cours du temps. L'analyse de la distribution de ces nombres de copies donne une mesure de la variabilité génétique, cette dernière étant d'autant plus importante que la distribution est uniforme.

Les différents outils présentés ici permettent de décrire, en se complétant, divers aspects des phénomènes mis en cause. Ils reposent implicitement sur un ensemble commun d'hypothèses ; notamment, et c'en est une limite, hormis le calcul a posteriori des probabilités d'origine des gènes, ils décrivent ce qui se passe à un locus non soumis à sélection. Ces outils ont néanmoins permis de définir des règles de fonctionnement démographique permettant, a priori, de préserver au mieux la variabilité de populations à faibles effectifs.

2.3 / Les grands principes de la gestion génétique des petites populations

L'objectif ici est uniquement de préserver la variabilité génétique (ou de limiter l'élévation de la consanguinité), en l'absence de toute considération sur un éventuel progrès génétique. L'optimisation de la sélection dans des populations d'effectifs limités constitue un sujet de recherche en soi, et se heurte à d'autres difficultés méthodologiques. Les grandes règles, qui ne seront que présentées ici, ressortent de nombreux travaux théoriques, notamment ceux de Wright (1931), Kimura et Crow (1963) et Robertson (1964). En France, la mise au point de ces méthodes (Rochambeau *et al* 1979, Rochambeau et Chevalet 1985) a associé la recherche (Département de Génétique Animale de l'INRA et Département des Sciences Animales de l'INA-PG) et les associations de race en charge de la gestion des programmes au travers de leur organisme fédératif national (UNLG). Les principales règles de gestion sont les suivantes :

- Il faut rendre le plus uniforme possible la distribution des tailles de familles. Cela suppose de ne pas privilégier la descendance d'un reproducteur particulier (nous sommes donc loin du principe même de la sélection). En cas d'effectifs stables, l'idéal serait que tout reproducteur mâle laisse pour la reproduction un fils et un seul et que tout reproducteur femelle laisse une fille et une seule.

- Il faut diviser la population en groupes de reproduction. La constitution de ces groupes peut se faire sur la base des coefficients de parenté (notion de "familles" d'individus plus apparentés entre eux qu'avec le reste de la population) ou s'appuyer sur la structuration en élevages. Ensuite, les descendants des deux sexes restent dans le groupe de leur mère. Les mâles d'un groupe ne s'accouplent jamais aux femelles de leur groupe, mais aux femelles d'autres

groupes, selon un "plan de rotation" permanent (schémas "sans décalage") ou variable dans le temps (schémas "avec décalage"). Le nombre idéal de groupes dépend de la taille de la population et de la présence ou non de décalage dans le plan de rotation.

- A nombre de femelles constant, le nombre de mâles doit être aussi élevé que possible (l'idéal serait la monogamie) et leur renouvellement rapide.

L'ensemble de ces règles, dont l'efficacité a été éprouvée par le calcul analytique et la simulation aléatoire, permet de gérer les populations d'effectif limité sans considérer l'ensemble des cas particuliers en matière d'apparentement. La principale difficulté réside dans l'adaptation de ces principes aux contraintes de l'élevage et à la structure réelle des populations domestiques.

3 / De la conception à la réalisation : deux exemples

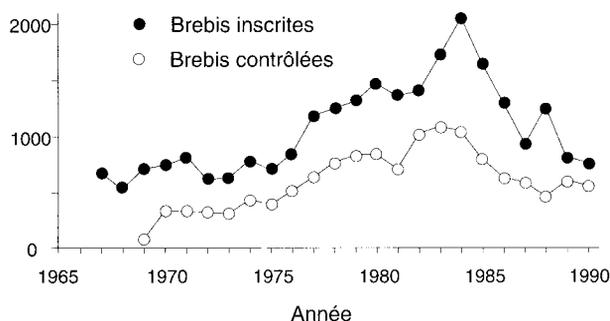
De nombreux programmes de conservation génétique fonctionnent actuellement en France, sur la base de tout ou partie des règles précédemment exposées (pour un recensement complet des actions réalisées en France dans les principales espèces domestiques, voir Société d'Ethnozootechnie 1983 et Audiot *et al* 1991). Peu d'études ont toutefois été réalisées pour dresser un bilan génétique de tels programmes. Une des raisons en est souvent le manque de recul nécessaire à une telle analyse. Nous présentons ici des résultats relatifs à une race ovine à très petits effectifs (selon la nomenclature décrite en I), la Solognote, et à une race bovine à petits effectifs, la Parthenaise.

3.1 / La race ovine Solognote

Originaire de la région qui lui a donné son nom, et y étant actuellement concentrée, la race Solognote présente de remarquables aptitudes de sobriété et d'adaptation aux variations des ressources fourragères dans le temps. Défavorisée tant par le recul de l'élevage ovin en Sologne que par le faible prix de vente de ses agneaux de race pure du fait de leur conformation médiocre, elle a failli disparaître à la fin des années 60. Le programme de conservation de cette race a été mis en place en 1969, avec un volet génétique (cf 2.3) à partir de 1975. La maîtrise d'oeuvre de ce programme est assurée par le Flock-Book Solognot (FBS).

En 1982, un recensement relativement complet avait permis de dénombrer 2100 brebis réparties dans 50 élevages (Verrier 1982). Les effectifs gérés par le programme (brebis inscrites au FBS) sont inférieurs à cet effectif total et ont fortement évolué (figure 1) : après une période d'augmentation régulière de 1975 à 1984, les effectifs au FBS et ceux soumis au contrôle de performances sont en chute libre (environ - 50 % en 6 ans). Le contexte économique de l'élevage ovin, qui perdure depuis une décennie, et les difficultés commerciales de l'agneau Solognot ne sont sans doute pas étrangères à cette évolution défavorable. De nombreux éleveurs se découragent et se désengagent du programme : en dehors du cas de deux éleveurs "accrochés" à leur race et présents depuis plus de 25 ans, on observe un renouvellement très rapide des adhérents au Flock-Book. Cette situation ne rend pas optimiste pour l'avenir de la race.

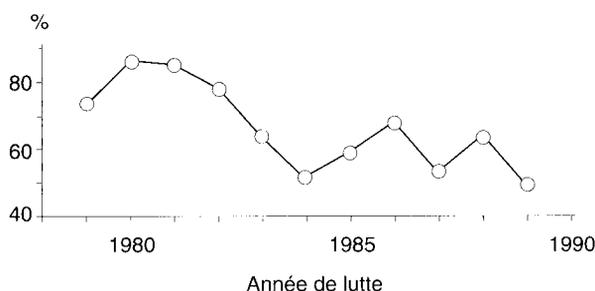
Figure 1. Evolution des effectifs de brebis Solognotes (D'après données FBS).



On peut cependant tenter un bilan du volet génétique du programme de conservation, ce qui avait été fait il y a une dizaine d'années (Verrier 1982), une actualisation récente permettant de dégager des tendances sur un plus long terme. Ce programme est fondé sur la décomposition de la population en 11 familles initiales (10 aujourd'hui) constituées sur la base des coefficients de parenté. Le schéma de rotation est un schéma sans décalage, c'est-à-dire selon un ordre permanent. Les principaux points qui se dégagent sont les suivants.

La constitution des familles sur la base des généalogies a entraîné une dispersion de ces familles dans de nombreux élevages. En corollaire, on peut observer dans un même élevage de nombreux sous-ensembles comprenant chacun un faible nombre de représentants d'une famille donnée. En conséquence, à l'intérieur des élevages, il est souvent difficile, économiquement et pratiquement, d'élever le nombre de béliers et de constituer le nombre de lots de lutte nécessaires au respect des accouplements selon le plan de rotation. A l'heure actuelle, et malgré la mise en place en 1979 d'un centre d'élevage de béliers, le taux de suivi du plan de rotation n'est que de l'ordre de la moitié (figure 2).

Figure 2. Proportion (%) de brebis Solognotes inscrites accouplées "en rotation" (D'après données FBS).



Sans doute en partie en conséquence de cela, les effectifs des différentes familles ont évolué de façon très inégale, nécessitant un remodelage des familles en 1982.

Malgré un taux de suivi du plan de rotation qui est loin d'être optimal, la maîtrise de l'évolution de la consanguinité au sein des femelles inscrites (accouplées selon ou en dehors du plan de rotation) semble assez bonne (figure 3). On notera en particulier une

diminution significative de la proportion des accouplements donnant naissance à des produits très consanguins ($F > 0,0625$, ce chiffre représentant le coefficient de consanguinité d'un individu issu de l'union de deux cousins germains).

Le nombre d'éleveurs fournisseurs de béliers a, malgré de nombreuses mesures incitatives, toujours été faible. Aujourd'hui un seul éleveur fournit des 2/3 aux 3/4 des béliers utilisés dans le cadre du programme. Un calcul des probabilités d'origine des gènes serait nécessaire pour préciser l'impact génétique de cette situation, a priori non optimale.

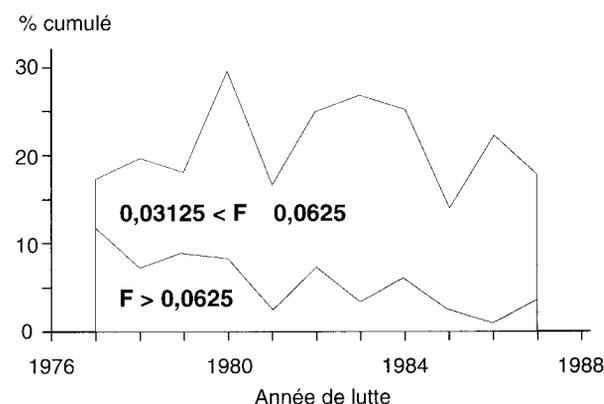
Comme on peut le remarquer, les contraintes liées aux structures d'élevage pèsent fortement sur le suivi des plans d'accouplements, et il est préférable d'adapter ces derniers aux structures en place. C'est la solution qui a été choisie pour de nombreux programmes postérieurs à celui de la Solognote.

3.2 / La race bovine Parthenaise

Originaires de l'ouest de la France, la race Parthenaise était anciennement exploitée pour l'aptitude triple travail-lait-viande. Au début du siècle, on comptait environ un million d'animaux Parthenais, ce qui situait cette race parmi les premières sur le plan numérique en France. A partir de l'entre-deux-guerres la Parthenaise a été supplantée par deux races plus spécialisées, l'une pour la production de lait, la Normande, l'autre pour la production de viande, la Charolaise. La Parthenaise n'a dû sa survie qu'à une orientation résolument tournée vers la production bouchère, à base d'animaux très bien conformés, prise par ses responsables au début des années 70.

Aujourd'hui les effectifs de la race sont stabilisés à environ 7 000 vaches reproductrices, réparties dans 660 élevages pratiquant majoritairement le système naisseur-engraisseur. Dans ce cadre, la production de jeune bovin (18 mois) ou de jeune vache engraisée après avoir sevré un veau permet d'obtenir des prix au kilo nettement supérieurs à ceux pratiqués pour des animaux de même âge mais d'autres races (de l'ordre de + 15 à + 25 % en 1989). L'association de race (UPRA) comprend dans son premier collège une centaine d'éleveurs jeunes (les 2/3 des élevages ont moins de 15 ans d'ancienneté) et dynamiques.

Figure 3. Evolution de la part respective des différentes classes de consanguinité (F) définies pour le suivi des accouplements en race pure des brebis Solognotes inscrites (D'après données FBS).



La race ne fait pas l'objet d'un programme de conservation au sens strict, mais d'un programme de sélection, comprenant un volet relatif à la gestion de la variabilité génétique. La maîtrise d'oeuvre du programme est assurée par l'UPRA Parthenaise en étroite collaboration avec la Coopérative d'Insémination Artificielle des Deux-Sèvres. L'Insémination Artificielle (IA) représente actuellement 20 % de la reproduction dans la race. En 1978, les taureaux d'IA avaient été répartis en 12 familles sur la base des coefficients de parenté (Malafosse et Régaldo 1978). Le choix des taureaux devait s'effectuer en tenant compte de cette structuration en familles. Une analyse récente du fichier racial (environ 24 000 animaux nés entre 1950 et 1989) a permis de voir ce qu'il en avait été et de mesurer l'évolution de la consanguinité dans la race (Giraudeau *et al* 1991).

Le coefficient de consanguinité moyen s'est maintenu à un niveau relativement faible tout au long des 10 dernières années (figure 4), et reste modéré pour une population de ce type.

Figure 4. Evolution du coefficient de consanguinité moyen (F) des animaux Parthenais selon leur année de naissance, 4 générations de généalogie étant considérées. (Source : Giraudeau *et al* 1991).

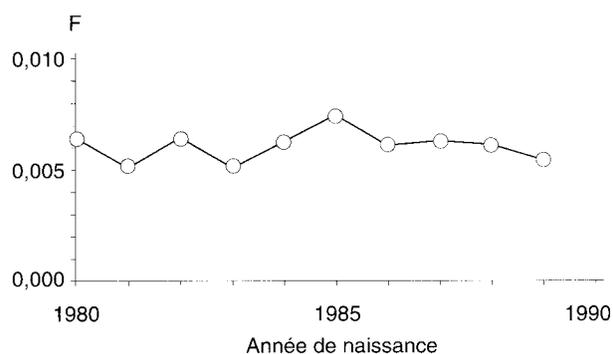
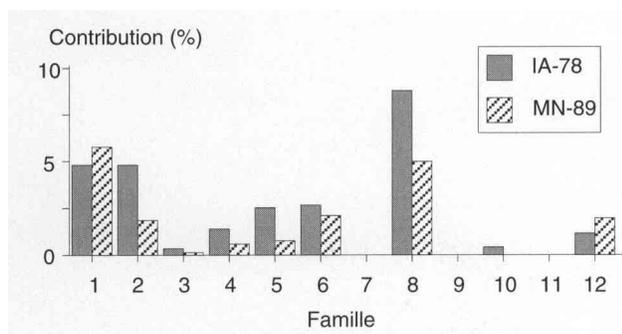


Figure 5. Contribution (%) des familles de taureaux d'IA définies en 1978 au stock génétique de deux catégories de taureaux Parthenais :

IA-78 = taureaux d'IA mis à l'épreuve après 1978
 MN-89 = taureaux de monte naturelle utilisés en 1989
 Le total des contributions n'est pas égal à 100% car il existe d'autres fondateurs que les taureaux d'IA mis à l'épreuve avant 1978. (Source : Giraudeau *et al* 1991).



Sur 12 familles de taureaux d'IA constituées en 1978, 6 n'ont plus de représentant dont on possède de la semence en stock.

Des calculs de probabilités d'origine des gènes montrent l'inégalité des contributions de ces familles au patrimoine génétique de certains animaux actuellement en service (figure 5).

Ainsi, dans ce cas, l'évolution de la consanguinité ne décrit qu'une partie de la réalité. L'utilisation d'un autre outil pour suivre l'évolution de la variabilité génétique, les probabilités d'origine des gènes, a permis de préciser les conséquences sur la variabilité génétique d'une utilisation non équitable des taureaux disponibles. Si rien n'était fait à pour atténuer cette pratique, l'avenir génétique de la race pourrait s'en trouver affecté.

Conclusion

La gestion des petites populations met en oeuvre des méthodes originales. Elle s'appuie sur des outils de description de la variabilité génétique, qui permettent de raisonner a priori le choix de ces méthodes et d'en mesurer l'efficacité a posteriori. La description, très succincte, qui a été faite de deux exemples concrets permet de faire quelques remarques.

Il est nécessaire de diversifier au maximum les outils de description de la variabilité génétique, afin de bien prendre en compte toutes les facettes des phénomènes mis en cause. A ce titre, le bilan complet d'un programme concret, mettant en oeuvre tous les outils décrits ici, y compris ceux de la Génétique Biochimique voire de la Génétique Moléculaire, reste à entreprendre.

Les méthodes de gestion génétique doivent tenir compte au mieux des structures d'élevage et du fonctionnement démographique des populations considérées. En cas contraire, elles risquent d'être difficilement applicables et ... non appliquées.

Un volet génétique ne suffit pas à lui seul à maintenir une race et ses éleveurs. Il est nécessaire de trouver un débouché spécifique et rémunérateur, sous peine de découragement. Les deux exemples décrits contrastent fortement de ce point de vue, la race bovine Parthenaise ayant trouvé sa voie et ainsi une dynamique nouvelle, la race ovine Solognote tardant à s'engager sur un tel chemin.

Enfin, le fonctionnement de tels programmes nécessite un minimum d'encadrement technique et d'animation, avec les difficultés financières que des petites structures peuvent rencontrer pour assurer ce travail. Cet aspect est particulièrement important pour ces races en conservation, dont les éleveurs ressentent un fort sentiment d'isolement. A ce titre, le terme de soutien psychologique employé plus haut n'est pas trop fort.

Références bibliographiques

- Audiot Annick, Verrier E., Flamant J.C., 1991. National and regional strategies for the conservation of animal inheritance in France. 2nd World conference on gene conservation and rare breeds survival, Budapest, 20-26 August 1991,
- Giraudeau L., Casane D., Verrier E., Rochambeau H. de, Ménessier F., 1991. Analyse de la structure génétique d'une race à petits effectifs : le cas de la race bovine Parthenaise. *Elevage & Insémination*, (242), 3-14.
- Hubert G., 1989. Le problème des souches en aviculture. In : M. Molénat et E. Verrier (Ed.), *La gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques*. Colloque, Paris, 18-19 avril 1989, Lavoisier, 81-89.
- Kimura M., Crow J.F., 1963. On the maximum avoidance of inbreeding. *Genet. Res.*, 4, 399-415.
- Malafosse A., Regaldo D., 1978. Etude de la structure génétique de la race Parthenaise. Document I.T.E.B.-U.N.L.G., 20 p.
- Malecot G., 1948. *Les mathématiques de l'hérédité*. Masson, Paris, 60 p.
- Molénat M., 1990. Les races locales porcines françaises : étude et conservation. *World Rev. Anim. Prod.*, 25, 9-22.
- Robertson A., 1964. The effect of non random mating within inbred lines on the rate of inbreeding. *Genet. Res.*, 5, 164-167.
- Rochambeau H. de, Chevalet C., Malafosse A., 1979. Le contrôle de la consanguinité dans les petites populations. *Bull. Tech. Dep. Génét. Anim. INRA*, 31.
- Rochambeau H. de, Chevalet C., 1985. Minimisation des coefficients de consanguinité moyens les petites populations d'animaux domestiques. *Génét. Sél. Evol.*, 17, 459-480.
- Société d'éthnozootecnie (Ed.), 1983. *Races domestiques en péril*. *Ethnozootecnie*, (33), 90 p.
- Verrier E., 1982. La race ovine Solognote et ses systèmes d'exploitation : histoire, situation actuelle, orientations. *Mémoire de fin d'études I.N.A.-Paris-Grignon*, 151 p.
- Vu Tien Khang Jacqueline, 1983. Méthodes d'analyse des données démographiques et généalogiques dans les populations d'animaux domestiques. *Génét. Sél. Evol.*, 15, 263-298.
- Wright S., 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics*, 16, 97-159.