Quelle stratégie pour une politique de conservation des races locales avicoles ? (Biodiva)

Geoffrey Chiron, Hervé Chapuis, Michèle Tixier-Boichard, Gwendal Restoux, Xavier X Rognon, S. Lubac-Paye, Agathe Vieaud, François Seigneurin, Florence Petitjean, Daniel Guemene

▶ **To cite this version:**

Geoffrey Chiron, Hervé Chapuis, Michèle Tixier-Boichard, Gwendal Restoux, Xavier X Rognon, et al.. Quelle stratégie pour une politique de conservation des races locales avicoles ? (Biodiva). Innovations Agronomiques, 2018, 63, pp.357-371. 10.15454/1.519118989168768E12 . hal-01839198

HAL Id: hal-01839198
https://hal.science/hal-01839198

Submitted on 13 Jul 2018

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.

Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

Innovations Agronomiques 63 (2018), 357-371

Quelle stratégie pour une politique de conservation des races locales avicoles ? (Biodiva)

Chiron G.[1], Chapuis H.[2], Tixier-Boichard M.[3], Restoux G.[3], Rognon X.[3], Lubac-Paye S.[1], Vieaud A.[3], Seigneurin F.[4], Petitjean F.[5], Guémené D.[4]

[1] ITAVI, 23 rue Baldassini, F-69364 Lyon Cedex 07

[2] 2GenPhySE, Université de Toulouse, INRA, INPT, ENVT, Castanet Tolosan, France

[3] UMR GABI, INRA, AgroParisTech, Université Paris-Sarclay F-78350 Jouy-en-Josas

[4] SYSAAF, Centre INRA Val de Loire, Recherches Avicoles, F-37380 Nouzilly

[5] Centre de Sélection de Béchanne, F-01370 Saint-Etienne du Bois

Correspondance : chiron@itavi.asso.fr

Résumé

La biodiversité aviaire régresse ces dernières années en lien avec la réduction voire l'arrêt des accompagnements financiers de la part des collectivités locales envers les collectifs de races locales, la non-inclusion en 2010 des volailles dans le dispositif pour la Protection des Races Menacées (PRM) et l'évolution incontrôlée de la consanguinité, faute de gestion génétique appropriée pour certaines races. La caractérisation de la diversité des races locales apporte des informations nouvelles sur la gestion génétique et l'organisation structurelle, et permet de construire un argumentaire pour le développement de politiques de conservations adaptés. D'une part, grâce à la remontée des données généalogiques, des outils de gestion génétique adaptés aux races locales ont pu être mis en place : procéder au choix des reproducteurs en conciliant une amélioration du niveau génétique des candidats sélectionnés avec une stabilisation de l'apparentement moyen et établir des plans d'accouplement limitant l'évolution de la consanguinité attendue à la génération suivante. D'autre part, le dispositif PRM a été adapté aux volailles permettant un accompagnement financier des collectifs de races locales avec deux mesures : la première pour les races en phase de valorisation économique, la seconde pour les races en phase de relance comptant un cheptel de reproducteurs réduit.

Mots-clés : races locales, gestion génétique, consanguinité, dispositif PRM, biodiversité, volailles

Abstract: Which strategy for a conservation policy of poultry local breeds?

Aviary biodiversity has been regressing these past few years with the reduction or even closure of local authority funding towards local breed associations, the non-inclusion of poultry in the Protection of Endangered Breeds (PEB) Program, and the uncontrolled evolution of coancestry for some breeds which lack proper genetic management. The characterization of diversity of local breeds brings new information on genetic management and structural organization, making it possible to build argument to develop proper conservation policies. On the one side, with genealogic data feedback, genetic management tools suitable for local breeds have been set up: choosing breeding stock by balancing improvement of genetic level of selected candidates with stabilization inbreeding rate and designing mating plans while limiting expected coancestry evolution for the next generation. On the other side, PEB Program was adjusted for poultry allowing a financial support for local breeds associations with two measures: one for breeds currently experiencing economic valorization, the other one for breeds experiencing a recovery plan with a limited breeding stock.

Keywords: local breeds, genetic management, coancestry, PEB Program, biodiversity, poultry

Introduction

Les races aviaires locales françaises constituent une biodiversité unique qui contribue au patrimoine historique, gastronomique et culturel, avec 47 races recensées pour la seule espèce *Gallus* dont 45 menacées d'abandon (Verrier et al., 2015). Toutefois, la diversité avicole française régresse ces dernières années, en lien avec la réduction voire l'arrêt des accompagnements financiers de la part des collectivités locales et l'absence de suivi de la consanguinité, faute de gestion génétique pour certaines races. Les débouchés commerciaux existent pour ces productions, mais à un prix de vente largement inférieur au coût de production réel, sélection et reproduction comprises. Le travail de sauvegarde et de gestion génétique déjà réalisé risquait d'être mis en péril pour certaines races faute de pouvoir entretenir un cheptel de reproducteurs en race pure. Dans un contexte de volonté de protection de la biodiversité dans le monde (FAO, 2007), et plus particulièrement en Europe et en France (MEDDE, 2012), un dispositif pour la Protection des Races Menacées (PRM) a été mis en place au sein des Mesures Agro-Environnementales de la PAC. Si les races de mammifères domestiques ont été prises en considération dans ce dispositif lors de la précédente programmation française (MAAF, 2011), ce ne fut pas le cas pour les volailles, en dépit de leur mention dans le texte européen. L'importance de la mise en œuvre de dispositifs d'accompagnement pour la sauvegarde des races a été démontrée pour les mammifères (Audiot et al., 2005) et paraît aujourd'hui indispensable pour les races de volailles. Il concerne donc à l'échelle nationale l'ensemble des collectifs de races locales mais également, et indirectement, les organismes qui gèrent leur sélection. De plus, le Syndicat des Sélectionneurs Avicoles et Aquacoles Français (SYSAAF) a officiellement déposé en 2007 un référentiel « Mode de sélection des lignées et de production de reproducteurs parentaux avicoles » qui est applicable chez l'ensemble de ses adhérents avicoles pour toutes leurs démarches de sélection généalogique, y compris pour les races locales. La gestion optimale des plans d'accouplement selon ce référentiel suppose de connaitre et de conserver en base de données les généalogies des individus sur plusieurs générations et de disposer d'un effectif suffisant de reproducteurs, ce qui n'est pas toujours le cas pour les micro-filières de races locales. L'accès aux données généalogiques est un atout précieux pour étudier des scénarios de conservation de la diversité génétique (Eding et al*.,* 2002) et tout particulièrement pour les races à petits effectifs, comme l'ont rappelé récemment Fernandez *et al.* (2011). Le projet Casdar BiodivA, financé par le ministère de l'Agriculture et la Région Rhône-Alpes a débuté en 2012 et a reposé sur un partenariat entre l'Institut Technique de l'Aviculture (ITAVI), l'Institut National de la Recherche Agronomique – Unité Mixte de Recherche Génétique Animale et Biologie Intégrative (UMR GABI), le Centre de Sélection de Béchanne (CSB), le SYSAAF, l'Institut Technique de l'Agriculture Biologique (ITAB) et la Chambre Régionale d'Agriculture de Rhône-Alpes (CRARA). Il a réuni des organismes complémentaires allant de la recherche fondamentale jusqu'aux professionnels en incluant dans les échanges les associations de races locales réparties sur le territoire français. Le projet s'est articulé en trois principaux objectifs autour du maintien de la biodiversité avicole :

1. Améliorer les connaissances des races locales de volailles de l'espèce *Gallus* et caractériser le niveau de diversité actuel, étape préalable indispensable pour le développement de programmes de gestion adaptés
2. Proposer des outils de sélection et de gestion adaptés et une politique globale de conservation des races avicoles
3. Apporter les éléments scientifiques pour permettre aux structures souhaitant valoriser économiquement des races locales, de faire inscrire ces races au dispositif européen Mesures Agro Environnementales : Protection des Races Menacées (PRM), en prenant en compte leurs caractéristiques génétiques et l'organisation des micro-filières de race locales.

1. Caractérisation de la diversité des races locales

Afin de proposer une politique de conservation à l'échelle nationale des races avicoles menacées, de pouvoir inscrire ces races dans le dispositif des Mesures Agro-Environnementales et de mettre en place des outils pour cette sauvegarde, il était nécessaire de compléter les travaux antérieurs de Tixier-Boichard et al. (2006) afin de connaître les acteurs intervenant dans la gestion génétique, d'identifier les spécificités de leur organisation et de caractériser la diversité génétique des races locales par des analyses moléculaires.

1.1 Organisation des acteurs de la production des races locales avicoles

Les éleveurs de races avicoles se répartissent entre amateurs pratiquant une aviculture de loisir pour l'ornement et agriculteurs professionnels achetant des poussins et les élevant jusqu'à leur (ou dans un objectif à terme de) valorisation via la production de viande ou d'œufs de consommation. Notre étude s'intéresse uniquement à ce dernier cas, seule cible éligible dans le cadre des Mesures Agro-Environnementales de la PAC. L'ensemble de ces éleveurs adhèrent généralement à des collectifs, de type associatif, composés d'agriculteurs professionnels, souvent minoritaires, et/ou d'amateurs. De plus, des commerçants, des restaurateurs, des Parcs Naturels et des structures agricoles comme les Chambres d'Agriculture peuvent également être adhérents de ces collectifs. Plusieurs associations peuvent exister pour une même race et, une même association peut concerner plusieurs races de volailles et/ou espèces locales.

Le travail d'enquête réalisé par l'ITAVI (Lubac *et al*., 2015) a consisté à recueillir des informations, par entretiens et études bibliographiques, en vue de caractériser les types de structures et d'organisations collectives intervenant sur la gestion génétique des races locales. Afin de couvrir la diversité structurelle et organisationnelle, 10 structures associatives de sauvegarde ont ainsi été rencontrées permettant de couvrir 24 races (Tableau 1) ainsi que d'autres interlocuteurs de ces collectifs : la Fédération Française des Volailles FFV, l'Union des Races Locales Avicoles Françaises URLAF, le CSB spécialisé dans la gestion et la sélection des races locales, le SYSAAF et le Ministère en charge de l'Agriculture. Les enquêtes, de type qualitatif, ont été renseignées pour les cinq paramètres définissant une race à petit effectif d'après Audiot (1995). L'analyse a permis de caractériser les profils des acteurs du maintien des races locales ainsi que leur organisation et les spécificités de chacune des races. Pour s'assurer de leur cohérence, ces données ont été confrontées aux références disponibles en souches commerciales, au niveau de la sélection et de la reproduction (arrêté du 26 février 2008), ainsi que de la production de poulets en circuits courts (CERD, 2013) ou en filières Label Rouge (Chenut, 2013).

Tableau 1 : Races dont l'organisation a été documentée par les associations enquêtées

Alsacienne	Coucou de Rennes	Gauloise blanche	Houdan
Caumont	Crèvecoeur	Gauloise grise	Le Mans
Charollaise	Estaire	Gauloise noire	Le Merlerault
Contres	Faverolles	Géline de Touraine	Marans
Cotentine	Gasconne	Gournay	Noire du Berry
Cou nu du Forez	Gâtinaise	Grise du Vercors	Pavilly

Les enquêtes réalisées montrent que, excepté pour la Gauloise blanche, le cheptel reproducteur est dédié à la fois à la sélection et à la reproduction. Trois types majeurs d'organisation pour la gestion génétique des races ont été rencontrés (Figure 1) :

(1) Le collectif, propriétaire des reproducteurs, a recours à une prestation auprès d'un centre de sélection/reproduction qui gère le cheptel et approvisionne les agriculteurs du collectif en poussins en vue d'une valorisation économique de viande ou d'œufs, mais seulement une partie de l'année.

(2) L'association passe par une prestation auprès d'un centre de sélection/reproduction comme précédemment et un troupeau relais est mis en place chez un éleveur pour permettre un

approvisionnement en poussins lors des périodes non productives du centre de sélection et ainsi une commercialisation des produits continue sur l'année.

(3) La gestion génétique se déroule uniquement chez les éleveurs amateurs ou les agriculteurs de l'association. Cette situation a été rencontrée pour des associations composées soit exclusivement d'amateurs, soit en phase de relance de la race pour sa commercialisation. La production est normalement limitée et les éleveurs effectuent une sélection massale. Les volumes commercialisés sont généralement très faibles.

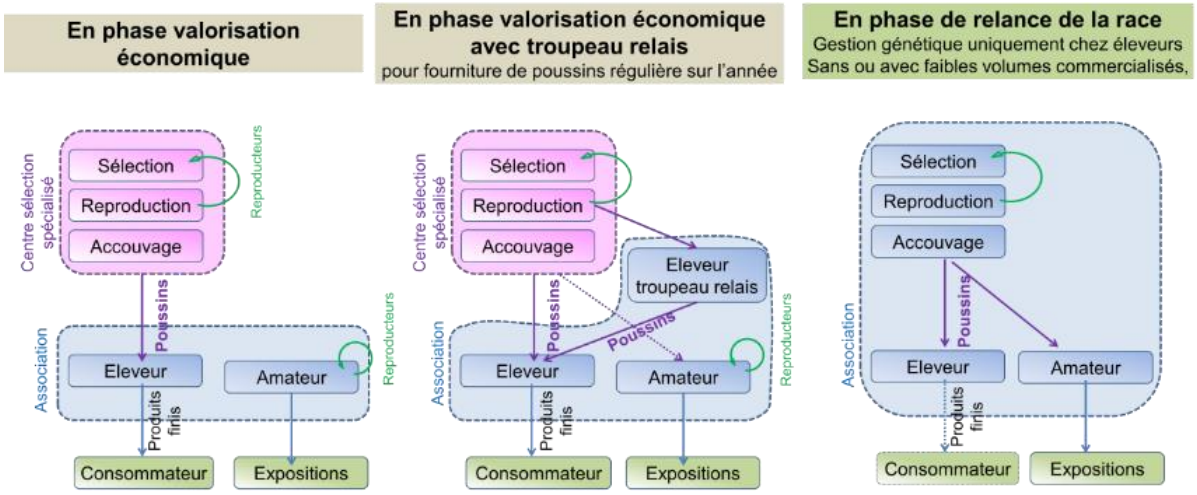

Figure 1 : Les trois types majeurs d'organisation pour la gestion génétique des races locales

Le premier schéma d'organisation a été majoritairement rencontré. Le cheptel reproducteur est ainsi fréquemment élevé dans une région autre que celle d'origine. Le coût des prestations pour la sélection et la reproduction (excepté pour la partie accouvage) n'est pas proportionnel aux nombres de mises en élevage. Le nombre de reproducteurs en race pure est alors limité à de petits effectifs : il est compris entre 70 et 130 femelles accompagnées de leurs mâles (ratio mâles/ femelles comprit entre 25 et 30%), par race enquêtée en centre d'élevage, à l'exception de la race Gauloise blanche (AOP Bresse) qui donne lieu à une production plus importante. Pour un renouvellement annuel du cheptel, le pedigree est généralement réalisé après 6 mois de ponte. Afin de connaitre la généalogie et d'optimiser la gestion de la diversité génétique, les reproducteurs sont identifiés individuellement et les femelles sont inséminées selon un plan de croisement prédéterminé. Suite à la période de pedigree, les poussins destinés aux éleveurs engraisseurs sont produits. Les volailles reproductrices sont ensuite réformées lorsque le nouveau troupeau est prêt à produire. La production de poussins pour l'élevage est ainsi saisonnière. Certaines races ont essayé ou souhaitent mettre en place un troupeau relai pour avoir un approvisionnement en poussins de façon régulière sur l'année. Certains échecs ont été rencontrés pour des raisons avant tout techniques. Pour les collectifs rencontrés, le nombre annuel de poussins commercialisés varie de quelques centaines lorsqu'elles sont en phase de lancement, à plusieurs milliers (de 2 000 à un peu moins de 25 000 pour les races en phase de développement), et jusqu'à 900 000 pour la Gauloise Blanche (AOP Bresse). Les élevages professionnels des races enquêtées (engraissement ou production d'œufs de consommation) sont le plus fréquemment localisés dans le berceau d'origine de la race. La durée d'élevage des poulets est de 120 à 150 jours. Les produits finis sont généralement destinés à des marchés de niche dans le cadre de circuits courts (Chiron *et al.,* 2015).

1.2 Caractérisation génétique des races locales françaises

1.2.1 Echantillonnage, génotypage et analyses des races locales

Une liste de 22 races anciennes (Tableau 2) a été établie à la suite d'une enquête préliminaire conduite pour identifier les races bénéficiant d'un programme de gestion ou de relance et qui étaient susceptibles de candidater au dispositif « Protection des Races Menacées ».

Tableau 2. Races/souches ayant fait l'objet d'une caractérisation génétique

Races anciennes			Souches commerciales (témoins)
Alsacienne (ALS) Barbézieux (BAR) Bourbonnaise (BOU) Bresse Gauloise Blanche (BGB11) Bresse Gauloise Blanche à crête pâle (BGB22) Charollaise (CHA) Contres (CON)	Cou nu du Forez (CNF) Coucou de Rennes (CDR) Gasconne (GAS) Gâtinaise (GAT) Gauloise grise (GG) Gauloise noire (GN) Géline de Touraine (GDT)	Gournay (GOU) Grise du Vercors (GDV) Hergnies (HER) Houdan (HOU) Le Mans (MAN) Le Merlerault (MER) Marans (MAR) Noire du Berry (NDB)	Pondeuses Œufs bruns (HG) Lignée Label (SASSO) Lignée Cobb (COBB) Lignée Ross (ROSS)

L'objectif de cette caractérisation génétique menée par l'UMR GABI était d'étudier 60 animaux par race avec prise de sang individuelle, afin d'avoir une bonne représentativité de l'effectif génétique de chacune. Ainsi, l'échantillonnage des animaux a été réalisé sur la base des informations généalogiques lorsqu'elles étaient disponibles, de façon à représenter le plus grand nombre de familles différentes. En l'absence d'informations généalogiques, deux situations se sont présentées : échantillonnage en fonction de la variété de couleur (race Marans : 8 variétés de couleurs issus de 7 éleveurs) ou de la stabilité de la présence de la race dans l'élevage (races d'Hergnies, de Contres et Le Mans). Suite aux prises de sang, l'ADN a été extrait par le Centre de Ressources Biologiques de la plateforme @BRIDGe de l'INRA de Jouy-en-Josas, qui conserve également ces échantillons. Quatre populations commerciales ont été ajoutées à titre de témoin : une pondeuse à œufs bruns Hendrix Genetics, une lignée chair à croissance lente de la SASSO et deux lignées pures de poulets de chair à croissance rapide (Ross et Cobb). Le génotypage avec la puce Illumina Infinium 57K spécifique du poulet a été réalisé par la plateforme de génotypage Labogena DNA et financé en partie par le projet Casdar BiodivA et en partie par le projet d'infrastructure nationale CRB-Anim ANR-11-INBS-0003, financé par l'ANR dans le cadre du programme Investissements d'Avenir. Au total 1517 animaux ont été génotypés pour 57 636 marqueurs SNP. Les données génotypiques ont été analysées en utilisant le logiciel Plink 1.9 (Chang et al*.,* 2015). Dans un premier temps des filtres ont été appliqués afin de nettoyer le jeu de données. Ainsi, tous les individus et tous les SNP présentant plus de 10% de données manquantes ont été éliminés (15 individus et 1486 SNP). Les marqueurs avec des fréquences de l'allèle minoritaire inférieures à 1% ont également été supprimés (2904 SNP). La race Grise du Vercors (61 individus) et un individu de la race Barbezieux ont été éliminés pour des problèmes d'identification. Au final le jeu de données se composait de 1440 individus et 53246 SNP avec des taux de génotypage moyen de 99,4%.

Sur le jeu de données ainsi obtenu, les fréquences de l'allèle minoritaire (MAF), l'hétérozygotie observée (Ho), la proportion d'allèles fixés et le coefficient de consanguinité ont été estimés. Ce dernier a été estimé soit en utilisant les fréquences alléliques de la population totale (F1) soit celles au sein des races (F2). Les graphiques ont été réalisés sous R (R Core Team, 2016) avec le package « ggplot2 » (Wickham, 2009). Des arbres non-racinés obtenus par Neighbor-Joining (package APE, Paradis et al*.,* 2005 ; Popescu et al., 2012) ont été calculés à partir d'une matrice d'identité par état (distance de Hamming) pour l'ensemble des races ainsi que spécifiquement pour les variétés de race Marans en fonction de la couleur du plumage ou de l'identité de l'éleveur.

1.2.2. Diversité génétique intra et inter races

La diversité génétique au sein des races est globalement bonne, quelle que soit la métrique considérée (Figure 2), avec des MAF de 21,1% en moyenne (écart-type = 3,0%), des proportions d'allèles fixés de 16,5% (EC = 9,4%) et une hétérozygotie moyenne de 32,5% (EC = 2,3%). Le coefficient de consanguinité moyen par race est de 27,8% pour F1 (EC = 8,7%) et 3,0% pour F2 (EC = 6,0%). La diversité des races anciennes est comparable à celle des races « commerciales » malgré leurs effectifs plus restreints. Cependant il existe des variations entre populations probablement imputables à des pratiques de gestion différentes. Par exemple, les races MAR et BGB22 présentent toutes deux des niveaux de consanguinité F1 élevés alors que seule la race MAR présente un fort niveau de F2. Dans le cas de la population BGB22, le noyau initial de sélection étant très réduit et unique, beaucoup de diversité a été perdue par effet fondateur et dérive génétique ce qui est confirmé par la forte proportion d'allèles fixés. Cependant la diversité génétique restante est bien gérée par les accouplements permettant de conserver un niveau d'hétérozygotie, Ho, élevé. La diversité au sein de la race MAR est répartie entre plusieurs éleveurs (Figure 3-B et C) ce qui permet de la conserver malgré un Ho modéré (i.e. chaque éleveur pouvant fixer par hasard des allèles différents), ce qui est confirmé par des MAF plus élevés et moins d'allèles fixés sur l'ensemble du génome. L'estimateur de consanguinité F2 est particulièrement sensible à la structuration intra-race ce qui explique sa valeur élevée dans ce cas (effet Wahlund). Il en est de même pour la race ALS (Figure 3-A). Ceci met en évidence l'efficacité d'une gestion de la diversité à différentes échelles (entre races, intra-races et inter-éleveurs) pour le maintien d'une diversité globale importante.

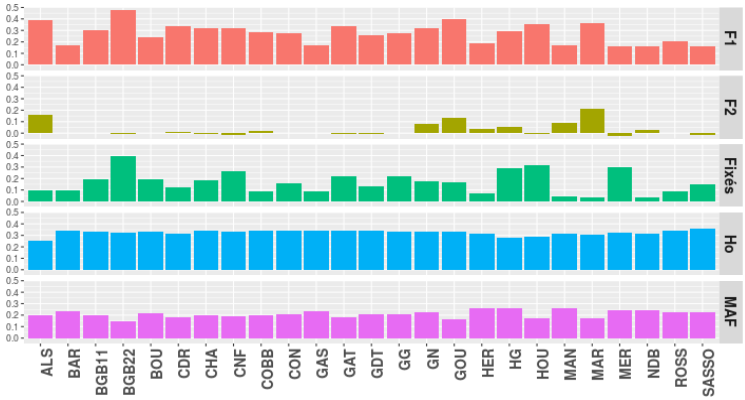

Figure 2 : Mesures de diversité au sein des races (Coefficients de consanguinité moyen, F1 et F2 ; Proportion d'allèles fixés au sein de chaque race ; Hétérozygotie moyenne observée, Ho ; Fréquence moyenne de l'allèle minoritaire, MAF)

La diversité inter-race est élevée ce qui se manifeste par une différentiation génétique marquée (Fst moyen = 0,25) permettant de retrouver une structure génétique correcte à l'aide des marqueurs (Figure 3-A). Ceci permet de retracer en partie l'histoire des populations ainsi que leurs usages. Ainsi les lignées BGB11 et BGB22, qui dérivent l'une de l'autre, se regroupent dans un clade relativement homogène ainsi que les races GAS et BOU et les races CHA et CNF issues de régions proches. Cependant la structuration selon de grandes régions géographiques ne peut être retrouvée sur l'ensemble des races. L'usage des races et donc leurs aptitudes permettent également d'observer des proximités génétiques. Par exemple, les lignées commerciales de poulet de chair, SASSO, COB et ROSS se rassemblent en un clade, de même pour les pondeuses à œufs bruns notamment les MAR et les HG qui se regroupent également. Finalement la race MAR a permis de mettre en évidence la structuration selon la couleur au sein d'une même population (Figure 3-B). Les couleurs forment des groupes relativement homogènes au moins pour certains d'entre eux. La variété MNC (Marans noire cuivrée) se retrouve à deux endroits distincts. Ceci s'explique par le cas d'un éleveur qui a mis en place 3 lignées séparées en fonction de la couleur avec un programme de sélection chacune, engendrant une structure génétique bien plus forte que celle observée chez les autres éleveurs (Figure 3-C). En effet,

les 3 variétés de l'éleveur 3 sont isolées des autres variétés de Marans mais également bien dissociées entre elles. Ceci confirme que le maintien d'un phénotype peut s'effectuer avec des modalités différentes, selon les degrés d'échange qui est pratiqué entre les éleveurs, avec des populations différenciées sur l'ensemble de leur génome. Globalement, les niveaux de diversité actuels sont très corrects montrant un effort et une efficacité de la gestion actuelle de la diversité génétique par les éleveurs. Cependant, une gestion des accouplements raisonnée est primordiale puisque les effectifs limités rendent les races plus vulnérables à la dérive génétique.

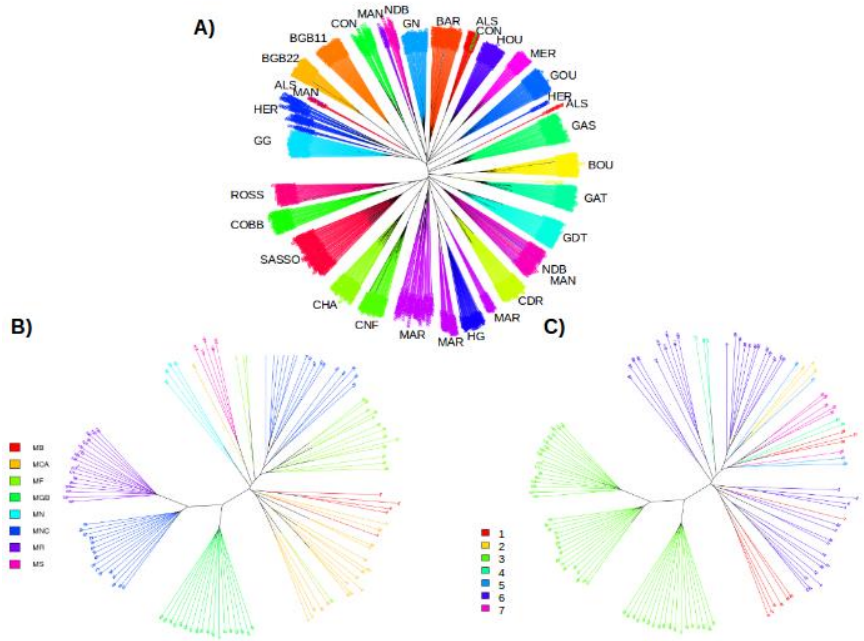

Figure 3 : Structure génétique de l'ensemble des races (A) et des variétés de couleurs et de l'origine des éleveurs chez la Marans (B et C respectivement).

2. La mise en place d'outils de gestion génétique de races locales

Afin de préserver les ressources zoogénétiques, de nombreux travaux ont été conduits sur les méthodes permettant une bonne gestion des populations sélectionnées depuis les années 1990 et ont permis d'identifier deux piliers pour la durabilité (Meuwissen et Woolliams, 1994 ; Wray et Goddard, 1994 ; Meuwissen, 1997). En premier lieu il s'agit de procéder au choix des reproducteurs en conciliant une amélioration du niveau génétique des candidats sélectionnés avec une stabilisation de l'apparentement moyen. La seconde étape consiste à établir des plans d'accouplement limitant l'évolution de la moyenne et/ou de la variance de la consanguinité attendue à la génération suivante.

2.1 Evaluation de l'état de menace de chaque race : taille efficace

Les 20 races locales présentées ci-dessous (Tableau 3) ont bénéficié dès 2013 de la remontée des données (transmises par le CSB) de leurs généalogies en base de données et de l'expertise technique du SYSAAF en matière d'évaluation et gestion génétique.

La remontée des généalogies est indispensable pour établir les pedigrees nécessaires à l'indexation des individus, préalable à une sélection raisonnée. Elle donne également accès à de précieux indicateurs de la variabilité génétique ; le plus communément utilisé étant la taille efficace *Ne*. Cet indicateur permet de comparer entre elles différentes populations soumises à des modes de gestion très différents. C'est un critère couramment utilisé pour classer les races selon le degré de mise en danger (FAO, 1998 ; Duchev et al., 2006). Leroy et al. (2013) ont passé en revue différentes formules permettant de calculer cette taille efficace. Ils retiennent notamment deux indicateurs : le premier

proposé par Gutiérrez et al. (2009) qui utilise un calcul du taux individuel d'accroissement de la consanguinité et le deuxième introduit par Cervantes et al. (2011) qui se fonde sur le taux d'apparentement moyen entre deux individus. Ces deux indicateurs s'appuient sur une connaissance étendue de la généalogie et tiennent compte de la profondeur du pedigree. Ils s'opposent à un indicateur communément utilisé bien que plus simpliste, le *Ne* « démographique », calculé simplement pour une génération donnée à partir du nombre de reproducteurs mâles et femelles dont elle est issue.

Tableau 3 : Liste et caractéristiques des populations de races locales ayant bénéficié à partir de 2013 d'une expertise technique en matière d'évaluation et de gestion génétique.

Race	Nombre total de générations	Race	Nombre total de générations	Race	Nombre total de générations
GAULOISE BLANCHE (4 lignées)	25	GATINAISE	10	BARBEZIEUX	14
	17	NOIRE DU BERRY	7	COUCOU DE RENNES	3
	25	FAVEROLLES	6	MARANS-NOIRANS (8 lignées)	6
	24	GASCONNE	6		18
GAULOISE GRISE	5	GOURNAY	13		18
GAULOISE NOIRE	18	GELINE DE RACAN	8		18
CHAROLAISE	14	HOUDAN	10		8
ALSACIENNE	7	MERLERAULT	8		8
BOURBONNAISE	12	VERCORS	7		8
COU-NU DU FOREZ	12	GELINE DE TOURAINE	20		8

Comme on pouvait s'y attendre, les races locales présentent des tailles efficaces inférieures aux populations commerciales (*Ne* Cervantes = 98,4 *vs*. 147,2). Si la taille moyenne des races locales est suffisamment importante pour ne pas craindre l'extinction, cette taille est bien plus faible pour certaines de ces races (inférieure à 30), qui nécessitent une attention toute particulière. Les deux indicateurs « whole pedigree » (*i.e. Ne* Cervantes et *Ne* Gutiérrez) doivent en principe donner des résultats proches et présenter des évolutions similaires au cours du temps. Quand ce n'est pas le cas, cela témoigne souvent d'un soin tout particulier accordé à la constitution des plans d'accouplement (souvent mieux réalisée que le choix des reproducteurs en utilisant des règles simples de rotation). Faute de prise en compte d'une information suffisante, le *Ne* démographique, bien que très simple d'utilisation, surestime souvent largement la taille efficace et ne devrait plus être utilisé quand les informations généalogiques existent.

2.2 Le développement d'outils pour le choix des reproducteurs et des plans d'accouplement

Les choix des reproducteurs et des plans d'accouplement réalisés au SYSAAF avec les logiciels du Pack OptiVar qui ont été développés sont basés sur l'algorithme de Recuit Simulé. Le Recuit Simulé (Kirkpatrick et al., 1983) est une méthodologie adaptée quand une optimisation est conduite dans un espace discret, par exemple un nombre entier de reproducteurs, qui sont soit retenus soit écartés, situation où les méthodes analytiques sont inexistantes ou peu efficaces. Le principe consiste à faire évoluer le système en procédant par des permutations simples (par exemple, on substitue un animal sélectionné avec un animal éliminé au tri) en partant d'un point de départ arbitraire. On évalue l'impact de cette permutation sur la fonction objectif. Si l'objectif est amélioré, la permutation est validée. Dans le cas contraire, la permutation peut néanmoins être acceptée, en fonction d'un paramètre appelé température. Cette température décroit au fur et à mesure de la progression de l'algorithme, si bien qu'à

la fin, le système se fige et plus aucune permutation ne sera acceptée, car un optimum sera atteint. L'acceptation de permutations détérioratrices en début de processus permet d'éviter le piège d'un optimum local. L'algorithme a été complété pour prendre en compte des contraintes en maximisant un indice principal (objectif), tout en fixant le niveau à la fois pour des caractères accessoires et pour la consanguinité tolérée. En effet, si des caractères sont liés par une corrélation génétique défavorable, l'amélioration d'un objectif principal pourrait, à terme, conduire à écarter le produit du marché car il serait devenu non compétitif sur un caractère annexe. Les deux types de contraintes (Chapuis et al., 2014 et 2016) permettent donc de viser une sélection durable (Colleau et al., 2009).

Grâce à l'application de la méthode du Recuit Simulé à travers de logiciels développés (Pack OptiVar), le SYSAAF propose, en interaction avec les centres gestionnaires, d'abord une liste de reproducteurs mâles et femelles conciliant la sauvegarde de la diversité et la création de progrès génétique, puis un plan d'accouplement qui prévoit des éventuels remplacements pour tenir compte des mortalités. En pratique, le logiciel OptiChoix permet de choisir de futurs reproducteurs à partir d'une liste de candidats indexés. Il maximise l'index moyen des retenus sur l'objectif principal, tout en fixant à la fois l'évolution de l'apparentement moyen et le niveau d'index secondaires. Ainsi il contribue à la durabilité de la sélection en proposant une liste de reproducteurs aux indices équilibrés sans réduire trop vite la variabilité génétique (équilibre entre le gain génétique souhaité et la maitrise de la consanguinité). Le logiciel OptiConsang permet, quant à lui, de minimiser l'apparentement des retenus en fixant le niveau génétique moyen de plusieurs caractères ou indices. Il est donc plus adapté aux populations pour lesquelles la priorité est donnée au maintien de la diversité. Ensuite, le logiciel OptiParquet permet d'établir des accouplements optimisés suivant les pratiques observées sur le terrain. Il évite par exemple de regrouper des sœurs dans le même parquet : bien que cette pratique facilite la minimisation de la consanguinité attendue à la génération suivante, elle pourrait par contre induire un risque de perte d'origines génétiques si le mâle est déficient. A partir de la liste des mâles et femelles à apparier et du pedigree disponible, ce logiciel recherche les appariements qui minimisent la moyenne ou, au choix, la variance de la consanguinité attendue à la génération suivante.

Le pack contient également le logiciel OptiContrib, qui permet d'optimiser la contribution des mâles, quand le nombre de reproducteurs femelles n'est pas un multiple du nombre de mâles disponibles. En général, pour des raisons de simplicité, tous les mâles sont accouplés à un nombre identique de femelles. Dans des populations de très petite taille, si l'on souhaite utiliser tous les reproducteurs disponibles, il faut parfois attribuer plus de femelles à certains mâles. OptiContrib permet de décider quels mâles doivent être plus utilisés (afin de minimiser l'apparentement moyen) puis réalise les plans d'accouplement minimisant la consanguinité attendue.

2.3 La mise en application des outils pour les races locales

Les évolutions génétiques sont présentées sous deux formes : un tableau de l'évolution des performances, complété par un tableau des évolutions génétiques. Celui-ci donne l'évolution génétique pour trois caractères clés (poids vif, poids des œufs et ponte) et traduit les orientations choisies de la lignée (exemple de la Poule Grise du Vercors en Figure 4). C'est un outil de travail précieux car les évolutions génétiques sont obtenues par BLUP (acronyme signifiant « meilleur prédicteur linéaire non biaisé ») et corrigent donc les effets de milieu qui pourraient fausser le jugement. Elles traduisent globalement les évolutions observées sur les performances brutes mais sont plus lissées car elles ne sont pas sensibles à un effet de milieu particulier rencontré sur le terrain de façon accidentelle.

De plus, il est également possible de représenter les courbes d'évolution de la consanguinité moyenne par lignée qui constituent un outil d'appréciation de la gestion de la diversité. La Figure 5 représente l'évolution de la consanguinité moyenne au sein de trois races locales : Bresse Blanche (sélectionnée depuis plus de 25 générations par le CSB en collaboration avec le SYSAAF), Géline de Touraine (Population reconstituée et initialement gérée par l'INRA et le SYSAAF à partir de 1996), et la Noire du Berry, dont la démarche de conservation raisonnée est plus récente et les effectifs de reproducteurs

(surtout les mâles) plus réduits. La pente d'augmentation de la consanguinité est nettement moins importante dans la lignée Bresse que dans les deux autres (0,21 vs. 0,31), ce qui est dû au nombre de reproducteurs (100 pères et 400 mères) nettement supérieur et constant depuis 20 générations. On observe également un ralentissement de la progression de la consanguinité dans la lignée Bresse, concomitant avec la prise de conscience de l'importance de variabilité génétique pour une gestion durable et l'adaptation des outils mis en œuvre. De manière globale, avec la mise en place d'une meilleure gestion des accouplements et une optimisation des croisements par le SYSAAF, la pente est mieux maîtrisée et parfois même inversée.

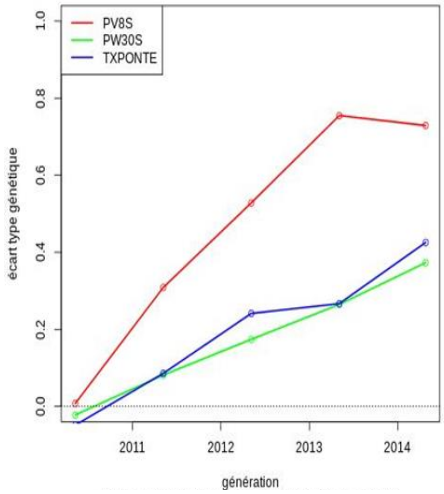

Figure 4 : Evolution génétique du poids vif (PV8S), du poids des œufs (PW30s) et du taux de ponte (Txponte) pour la race Poule Grise du Vercors

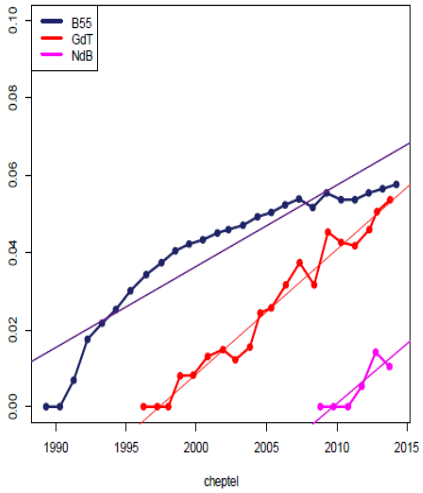

Figure 5 : Evolution de la consanguinité pour 3 races locales : Bresse Blanche (B55), Géline de Touraine (Gdt) et Noire du Berry (NdB)

La remontée des données généalogiques ainsi que les outils développés permettent dès à présent de proposer divers modes de gestion, adaptés aux populations de races locales à petits effectifs sous réserve, toutefois, de disposer d'un pedigree ou de toute autre information permettant de calculer une distance génétique entre les individus. Selon que l'on soit dans une démarche de sélection ou de conservation, il existe un outil adapté pour optimiser la gestion génétique de la population considérée.

3. L'adaptation du dispositif « Protection des Races Menacées » aux races avicoles

Le dispositif protection des races menacées en place lors du début du projet BiodivA (circulaire 2010 Mesures Agroenvironnementales (DGPAAT)) concernait les espèces bovines, ovines, caprines, équines et porcines mais omettait les volailles. L'aide apportée était fonction des UGB appartenant à des races menacées et était versée aux éleveurs disposant d'un numéro PAC. Pour débloquer cette aide pour les races avicoles locales, il était nécessaire d'évaluer la pertinence d'intégrer les volailles dans le dispositif existant et le cas échéant, mettre en place une nouvelle mesure spécifique pour les races avicoles.

3.1 Adéquation de la spécificité des races locales avicoles avec les dispositifs d'aides déjà en place

Les enquêtes auprès des collectifs de race et la nécessité d'une sélection adaptée ont confirmé l'urgence de la mise en place d'un dispositif d'aide pour la sauvegarde des races avicoles françaises au regard du coût incompressible que représente la gestion génétique d'un cheptel de reproducteurs. Elle nécessite en effet un nombre minimum de reproducteurs pour la sauvegarde de la race et la gestion de la consanguinité, une organisation collective, des équipements et des savoir-faire spécifiques (Tixier-Boichard et al., 2006). Des aides financières étaient antérieurement apportées par les collectivités

locales, mais cette démarche a été remise en cause. Ainsi, le SYSAFF et l'ITAVI ont conduit un travail avec les interlocuteurs du Bureau des Actions Territoriales et Agroenvironnementales (BATA) pour proposer une PRM spécifique pour les volailles. En effet, le fait que la prime existante au début du projet BiodivA ne puisse être versée qu'aux éleveurs disposant d'un numéro PAC apparaissait inadapté à l'organisation des races avicoles locales. Ces financements ne sont accessibles qu'aux races faisant l'objet d'un minimum de production, or dès qu'il y a organisation d'une filière de production en volailles, il y a structuration d'un collectif pour gérer un cheptel de reproducteurs. Il semblait dès lors pertinent que ce soit ces collectifs qui perçoivent un financement puisqu'ils gèrent les reproducteurs. De plus, en raison de la durée potentielle de l'intervalle de génération, il semblait préférable d'envisager un montant forfaitaire versé au-delà de seuils d'effectifs minimum, plutôt que de tenir compte du nombre d'animaux présents à un instant donné. Une évaluation du coût de la gestion génétique était donc nécessaire pour déterminer ce montant en fonction de deux situations définies suite aux enquêtes réalisées : pour les races en phase de valorisation économique et pour celles en phase de relance qui ont un cheptel de reproducteurs très réduit.

3.2. Evaluation des coûts de gestion génétique pour déterminer le montant d'aide nécessaire

Les hypothèses de calcul ont été posées, considérant la situation théorique suivante :

(i) La gestion et la traçabilité des reproducteurs sont réalisées selon le référentiel « RefAvi » (Bailliard et al., 2014) validé au niveau de la Commission nationale d'amélioration Génétique sous l'égide du Ministère en charge de l'Agriculture ;

(ii) L'association est propriétaire de reproducteurs d'une race dite à diffusion limitée selon le référentiel « RefAvi », avec un minimum de 100 femelles, 20 mâles, et 500 descendants futurs reproducteurs pour les races en phase de valorisation et de 30 femelles, 10 mâles et 100 descendants pour les races en phase de relance ;

(iii) En vue de l'amélioration de la race, la sélection est prévue sur deux critères mesurés en plus du phénotype en accord avec le standard de la race. 1000 candidats futurs reproducteurs sont alors nécessaires pour progresser pour les races en phase de valorisation et 150 pour les races en phase de relance ;

(iv) Le cheptel est élevé dans un centre d'élevage spécialisé dans les races à petits effectifs, assurant :

- L'élevage puis la reproduction par insémination du cheptel pendant 30 semaines, avec une intensité de ponte fixée à 60%, et un taux d'éclosion à 60%. Ceci inclut deux séries successives de pedigrees de 18 jours, comptant l'incubation et l'éclosion des poussins destinés au troupeau de renouvellement et l'incubation des œufs, hors période de pedigree, et l'éclosion de poussins destinés à la mise en élevage pour leur engraissement et leur commercialisation au consommateur (5000 poussins pour les races en phase de valorisation et 2 000 pour les races en phase de relance),
- L'élevage des candidats futurs reproducteurs avec deux mesures de sélection et un tri des volailles à 10 et à 18 semaines,

(v) L'identification individuelle des reproducteurs, et le report des généalogies dans une base de données conservée dans le centre d'élevage et disponible *ex situ* dans un organisme extérieur compétent ;

(vi) La cotisation au SYSAAF assurant la mise à disposition des logiciels informatiques spécifiques, le stockage et l'archivage des données généalogiques, de performance et phénotypiques, la réalisation du calcul des paramètres génétiques, le choix des reproducteurs et des plans d'accouplement de la génération n+1, et la tenue du livre généalogique ;

Le coût global a été évalué à 17 909 € par race en phase de valorisation et 5 511 € pour les races en phase de relance (Tableau 4). Il correspond à une hypothèse basse et ne prend pas en compte de marge sécuritaire de 20 % des individus, pour les cas de mortalité ou de tri en cours de lot. Dans notre situation théorique avec une association de race en phase de valorisation mettant en élevage 5 000 poussins, le coût de production par poussin est alors de 3,64 €, soit 3,11 € de plus qu'un poussin de souche commerciale en circuits courts (CERD, 2013). Malgré un prix de vente supérieur, la marge par poulet est inférieure et ne permet pas de pallier les surcoûts. Un appui financier est indispensable pour ces micro-filières en races pures.

Tableau 4 : Estimation du coût de la gestion génétique pour les races en phase de valorisation et les races en phase de relance

Éléments techniques	Montant annuel en phase de valorisation	Montant annuel en phase de relance
Coût de la reproduction (femelles dites équipées pendant 30 semaines)	25,13€ par poule soit 2 513 € pour 100 femelles	25,13€ par poule soit 754 € pour 30 femelles
Réalisation du pedigree	1 761 €	398 €
Élevage des candidats futurs reproducteurs	9,66 €/poussin * 1000 poussins = 9 660 €	9,66 €/poussin * 150 poussins mis en place = 1 449 €
Production de poussins à mettre en élevage	1 975 €	910 €
Suivi du pedigree selon référentiel Sysaaf Ref Avi	Prestation annuelle : 2 000 €	Prestation annuelle : 2 000 €
Total	**17 909 €**	**5 511 €**

3.3 Vers un déblocage des aides pour les races locales avicoles

Dans cet objectif, une sollicitation a été transmise à la commission pour une activation d'actes délégués dans le cadre du règlement communautaire (N807/2014). La Commission ayant émis un avis favorable à cette requête, deux mesures spécifiques ont été élaborées et un document de cadrage national (DCN) transmis à la Commission Européenne fin 2014. Celui-ci inclut une liste des races éligibles à la PRM Avicole et les fiches de deux mesures d'actes délégués destinées aux associations de races propriétaires des reproducteurs :

- Mesure 10.2.1. PRMA_01 « Conservation des ressources génétiques en aviculture en phase de valorisation », montant d'aide forfaitaire de 17 000 euros par an et par bénéficiaire pendant 5 ans.
- Mesure et 10.2.2. PRMA_02 « Conservation des ressources génétiques en aviculture en phase de relance », montant forfaitaire de 5 500 euros par an et par bénéficiaire pendant 2 ans.

Ainsi, les races les plus menacées, avec un effectif de reproducteurs réduit, peuvent prétendre à la mesure « phase de relance » pour permettre à la structure d'avoir si possible à terme un troupeau de reproducteurs suffisant pour pouvoir ensuite prétendre à l'opération « phase de valorisation ». Elle permet aussi d'encourager un bénéficiaire gérant une race locale menacée d'abandon à mettre en œuvre les moyens techniques nécessaires pour conserver durablement la race.

Les deux mesures Protection des Races Menacées pour les races Avicoles (PRM-A) sont entrées en vigueur suite à l'approbation du DCN approuvé par la Commission Européenne début 2015, à la validation par le Ministère des modalités de mises en œuvre et de contrôlabilité de la mesure en septembre 2015, à sa déclinaison dans les Plans de Développement Ruraux Régionaux 2014-2020 lorsque les mesures sont ouvertes et enfin par la transmission des outils d'instrumentation aux autorités de gestion en mai 2016.

Conclusion

Le projet Casdar Biodiva a permis le développement de moyens de sauvegarde des races avicoles menacées. D'une part, la caractérisation génétique des races menacées et la remontée des pedigrees en base de données ont permis la mise en place de programmes de préservation adaptés. Le développement des outils de gestion génétique permet entre autres le choix approprié des candidats reproducteurs au regard d'objectifs prédéfinis et d'établir les plans d'accouplement pour les races locales. De plus, les données de sélection sont désormais toutes transférées, contrôlées et analysées au fur et à mesure permettant l'évaluation des lignées des adhérents au SYSAAF qui, ainsi, pérennise les noyaux de sélection sur le long terme et est garant d'une variabilité génétique au sein des troupeaux.

D'autre part, l'identification des différents schémas d'organisation, de la gestion génétique et de la reproduction des races a servi de support pour les échanges avec le Ministère en charge de l'Agriculture pour la mise en place d'un dispositif Protection des races Menacées spécifique avicole. Deux mesures ont ainsi pu être mises en œuvre pour apporter une aide financière aux collectifs de races : la première pour les races en phase de valorisation économique de produits avec une gestion génétique confiée à un centre de sélection spécialisé et la seconde pour les races en phase de relance où la gestion génétique est gérée par les éleveurs et la commercialisation de produits est très limitée. Si aujourd'hui plusieurs associations de races locales sont en bonne voie d'obtenir un soutien de leur région, d'autres ne peuvent prétendre à l'aide car les mesures n'ont pas été ouvertes dans le PDR de leur région. Il est maintenant important que les collectifs continuent de relayer l'information aux interlocuteurs gestionnaires de la diversité agricole et de la PRM dans les Régions et DRAAF, en tant qu'autorités de gestion, pour qu'ils activent la PRM-A dans leur PDR lorsque ça n'est pas le cas et la prennent en compte localement.

Par ailleurs, cette politique de conservation des races est complétée par des approches visant à cryopréserver des paillettes de semences de coqs de ces populations au sein de la cryobanque nationale dans le cadre du programme CRB-Anim (https://www.crb-anim.fr/Le-CRB-Anim).

Enfin, les données génétiques acquises vont servir de références et permettre de définir un sous ensemble de marqueurs qui sera proposé par l'INRA pour le contrôle de filiation en génétique avicole pour un grand nombre de races. Cela permettra à terme d'avoir un kit de contrôle de filiation universel pouvant servir à la fois aux lignées commerciales et aux races locales, notamment pour reconstituer des pedigrees inconnus.

Références bibliographiques

Arrêté du 26 février 2008 consolidé au 1 juillet 2013 relatif aux modalités de la participation financière de l'Etat à la lutte contre les infections à Salmonella dans les troupeaux de l'espèce Gallus gallus en filière ponte d'œufs de consommation, JORF du 5 mars 2008

Audiot A., 1995. Races d'hier pour l'élevage de demain, Ed. Quae

Audiot A., Bougler J., Danchin-Burge C., Lauvie A., 2005. Races domestiques en péril : 30 ans de sauvegarde bilan et perspectives. Ethnozootechnie, 76, 21-37

Bailliard A., Guéméné D., 2014. Référentiel RefAvi : « Modes de sélection des lignées et de production de reproducteurs parentaux avicoles ». Version Référence 14-01 du 23-05-2014, (38p) ».

CERD, 2013. Cas Dar Références Circuits Courts

Cervantes, I., Goyache, F., Molina A, et al., 2011. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. Journal of Animal Breeding Genetics, 128:56-63.

Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C.A.M., Vattikuti S., Purcell S.M., Lee J.J., 2015. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. Gigascience, 4:7.

Chapuis, H., Pincent, C., Colleau J.J., 2014, Using adaptive simulated annealing for optimal selection

with several constraints. 10th WCGALP, Vancouver, BC, Canada, 17-22 August 2014.

Chapuis H., Pincent, C., Colleau, J-J., 2016. Optimizing selection with several constraints in poultry breeding. Journal of Animal Breeding and Genetics, 133: 3-12.

Chenut R., 2013. Performances techniques et coûts de production en volailles de chair, poulettes et pondeuses, Ed. ITAVI, 59 p.

Chiron G., Moise F., Lauvie A., Markey L. Couzy C., 2015. Les verrous et opportunités pour la valorisation des produits chez les races avicoles en phase de sauvegarde, XXI Journées de la Recherche Avicole et Palmipèdes à Foie Gras, 25-26 mars 2015, Tours.

Colleau, J. J., Tual K., de Préaumont H., et al., 2009. A mating method accounting for inbreeding and multi-trait selection in dairy cattle populations. Genetics Selection Evolution, 41:7.

DGPAAT, 2010. Circulaire 2010 “mesures agroenvironnementales” du 7 juin 2010, 456 p.

Duchev Z., Distl. O., Groeneveld E., 2006. Early warning system for loss of diversity in European livestock breeds, Archive Animal Breeding. 49:521-531

Eding H., Crooijmans R.P.M.A., Groenen M.A.M., Meuwissen T.H.E., 2002 Assessing the contribution of breeds to genetic diversity in conservation schemes. Genetics, Selection, Evolution 34, 613–33.

FAO, 1998. Secondary guidelines for the national farm animal resources management plans: management of small populations at risk. Rome, pp219.

FAO, 2007. Global plan of action for animal genetic resources and the Interlaken declaration. Interlaken, Suisse, 3-7 décembre 2007

Fernandez J., Meuwissen T.H.E., Toro M.A., Mäki-Tanila A., 2011. Management of genetic diversity in small farm animal populations. Animal, Volume 5 Issue 11, pp. 1684-1698

Guttiérez, J.P., Cervantes, I., Goyache, F., 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. Journal of Animal Breeding Genetics, 126:327-332.

Wickham H., 2009. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer-Verlag New York, 2009.

Lubac S., Palop L., Guémené D., 2015. Organisation des acteurs de la production des races locales de volailles françaises. Techniques et Marchés Avicoles.

Journal officiel de l’Union européenne, 2013. Règlement n°1305/2013 du Parlement Européen et du Conseil du 17 décembre 2013 relatif au soutien au développement rural par le Fonds européen agricole pour le développement rural (Feader) et abrogeant le règlement (CE) no 1698/2005 du Conseil

Kirkpatrick S., Gelatt C.D., Vecchi M.P., 1983. Optimization by simulated annealing. Science 220 (4598): 671–680.

Leroy G., Mary-Huard T., Verrier E., et al., 2013. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. Genetics Selection Evolution, 45:1.

MAAF, 2011. Notice d’information Protection des Races Menacées

MEDDE, 2012. Stratégie nationale pour la biodiversité 2011-2020.

Meuwissen T.H.E., Wooliams J.A., 1994. Maximizing genetic response in breeding schemes of dairy cattle with constraints on variance of response. Journal of Dairy Science, 77:1905-1916.

Meuwissen T.H.E., 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. Journal of Animal Science, 75:934-940.

ONU, 1992. Convention sur la diversité biologique

Paradis E., Claude J., Strimmer K., 2004. APE: analyses of phylogenetics and evolution in R language. Bioinformatics, 20, 289–290.

Popescu A.-A., Huber K.T., Paradis E., 2012. ape 3.0: new tools for distance based phylogenetics and evolutionary analysis in R. Bioinformatics, 28, 1536-1537.

R Core Team, 2016. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Tixier-Boichard M., Rognon X., Berthouly C., Coquerelle G., Legros H., Audiot A., Bernigaud R., Magdelaine P., Grinand R., Boulay M., Ramanantseheno D., Amigues Y., Guintard C., Lossouarn J., Verrier E., 2006. Valorisation des races anciennes de poulets : facteurs sociaux, technico-économiques, génétiques et règlementaires. Les Actes du BRG, 6, 495-520

Verrier E., Audiot A., Bertrand C., Chapuis H., Charvolin E., Danchin-Burge C., Danvy S., Gourdine J.L., Gaultier P., Guémené D., Laloë D., Lenoir H., Leroy G., Naves M., Patin S., Sabbagh M., Verrier E., 2015. Etude : Races animales françaises menacées d'abandon pour l'agriculture

Wray N.R., Goddard M.E., 1994. Increasing long-term response to selection. Genetics Selection Evolution 26:431-451

Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY-NC-ND 3.0)

https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/fr/

Pour la citation et la reproduction de cet article, mentionner obligatoirement le titre de l'article, le nom de tous les auteurs, la mention de sa publication dans la revue « Innovations Agronomiques », la date de sa publication, et son URL