

Naisseur
JUMENTERIE DU FRAIGNEAU
17170 ST CYR DU DORET, France

Les outils de diversité génétique

Gérer la diversité est une problématique qui prend de plus en plus d'importance en élevage car son maintien est indispensable à la survie des espèces.

Deux facteurs importants peuvent entraîner des diminutions de la diversité :

- La sélection en diminuant le nombre de reproducteurs utilisés peut provoquer même dans les races à fort effectif des goulets d'étranglement ;
- La faiblesse des effectifs de certaines races qui ne permet plus d'accoupler des reproducteurs non apparentés.

Pourtant, le maintien de la diversité génétique peut être intégrée dans les plans de sélection et lors des accouplements raisonnés grâce à l'utilisation de certains outils que nous vous proposons en consultation.

2 outils individuels sont maintenant disponibles pour tous les chevaux et les ânes :

- Le coefficient de consanguinité établi à partir des informations généalogiques disponibles dans la base de données des chevaux (SIRE) ;
- La visualisation dans le pedigree du cheval des éventuels ancêtres communs à son père et à sa mère.

Et 2 outils sont disponibles plus spécifiquement pour les chevaux de sport :

- La fréquence des ancêtres majeurs présents chez le cheval en comparaison aux ancêtres majeurs de la race ;
- la composition raciale du cheval, c'est à dire le pourcentage des différentes races de sa généalogie.

L'analyse des généalogies des reproducteurs permet de déterminer leur "originalité génétique". Les outils proposées peuvent apporter une aide à l'éleveur lors du raisonnement de ses accouplements. Associés aux autres outils disponibles, notamment les indices génétiques lorsqu'ils existent, ils permettent :

- d'éviter l'augmentation de la consanguinité afin de ne pas atteindre des niveaux de consanguinité incompatible avec un niveau de production satisfaisant (critères de reproduction, résistance aux maladies, performances sportives...) ;
- de conserver une diversité génétique suffisante et éviter les goulets d'étranglements dans les généalogies qui sont toujours à l'origine d'un accroissement rapide de la consanguinité et des problèmes qui en découlent.

Pourquoi utiliser ces outils ?

Lors du choix des reproducteurs à accoupler, il est important de ne pas oublier la gestion de la diversité génétique.

- Pour les races à faibles effectifs, l'utilisation de ces outils est fondamentale parce qu'elles vont permettre d'éviter un accroissement trop fort de la consanguinité.
- Pour les races sélectionnées sur des critères d'utilisation (sportive par exemple), il est important de ne pas les utiliser au détriment de l'amélioration génétique de la population sur ces critères d'utilisation. Par contre parmi un choix de reproducteurs présentant de bonnes aptitudes, on peut favoriser l'utilisation d'étalons présentant le plus d'"originalité génétique" avec la jument.

Le coefficient de consanguinité

Que l'on cherche à la valoriser ou au contraire à l'éviter, gérer la consanguinité reste un problème d'élevage qu'il convient de maîtriser.

1- Qu'est-ce que c'est ?

La consanguinité est le résultat de l'accouplement de reproducteurs **apparentés**. Son utilisation peut avoir les conséquences suivantes :

- Favorable, lorsqu'elle permet l'expression de gènes "intéressants" issus de un ou plusieurs ancêtres ;
- Défavorable, lorsqu'elle entraîne l'accumulation dans le génotype de gènes indésirables et leur expression. Les premières conséquences visibles se font sentir au niveau des performances de reproduction. Mais, elle entraîne également une diminution de la variabilité génétique, c'est à dire que les animaux ont de plus en plus tendance à se "ressembler" d'un point de vue génétique.

2- Comment gérer la consanguinité ?

Pour gérer efficacement la consanguinité en élevage, il est indispensable de connaître la généalogie des animaux sur plusieurs générations ; sans cela il est impossible de mettre en évidence les apparentements éventuels entre individus.

Le calcul du coefficient de consanguinité donne la probabilité qu'un individu reçoive, à un locus quelconque, des gènes identiques provenant d'un ancêtre commun à ses 2 parents.

→ si les parents n'ont aucun ancêtre en commun, le coefficient de consanguinité de l'individu sera nul.

→ par contre, si l'étalon et la jument sont déjà apparentés, le coefficient de consanguinité de l'individu sera plus ou moins important selon le degré d'apparentement de ses parents.

3- Comment utiliser un coefficient de consanguinité ?

Dès lors que le cheval possède au moins 5 générations de renseignées dans sa généalogie, on peut considérer le coefficient calculé comme un bon indicateur de la consanguinité de l'individu.

Mais, est-il déconseillé d'utiliser un reproducteur consanguin ?

La réponse est **NON** car la consanguinité n'est pas transmissible, il dépend uniquement de l'apparentement des 2 reproducteurs accouplés.

Exemple 1 :

X l'étalon a un coefficient de consanguinité =0 et Y la jument avec laquelle il a été accouplé possède également un coefficient de consanguinité =0.

X et Y sont frère et sœur, le coefficient de consanguinité de leur produit sera élevé du fait de leur apparentement (0,25 ou 25%).

Exemple 2 :

E l'étalon a un coefficient de consanguinité = 0,08 (8%) et J la jument avec laquelle il a été accouplé possède de son côté un coefficient de consanguinité =0,06 (6%).

E et J n'ont aucun ancêtre en commun dans leur généalogie, le coefficient de consanguinité de leur produit sera nul (0%) du fait de leur non apparentement.

Donc avant de conclure sur le choix des reproducteurs à accoupler, il est indispensable de regarder les coefficients de consanguinité des reproducteurs choisis mais également leur pedigree 5 générations.

Un coefficient de consanguinité qui dépasse les 0,06 (6%) peut devenir gênant pour un individu ; cela ne veut pas dire que l'individu sera "mauvais" mais son utilisation commence à représenter des risques surtout si de tels niveaux concernent l'ensemble des reproducteurs régulièrement utilisés. Ces risques sont au niveau d'une population : baisse de la fertilité des reproducteurs, risque d'apparition accrue d'anomalies génétiques, ...

La consanguinité sur 5 générations (5G)

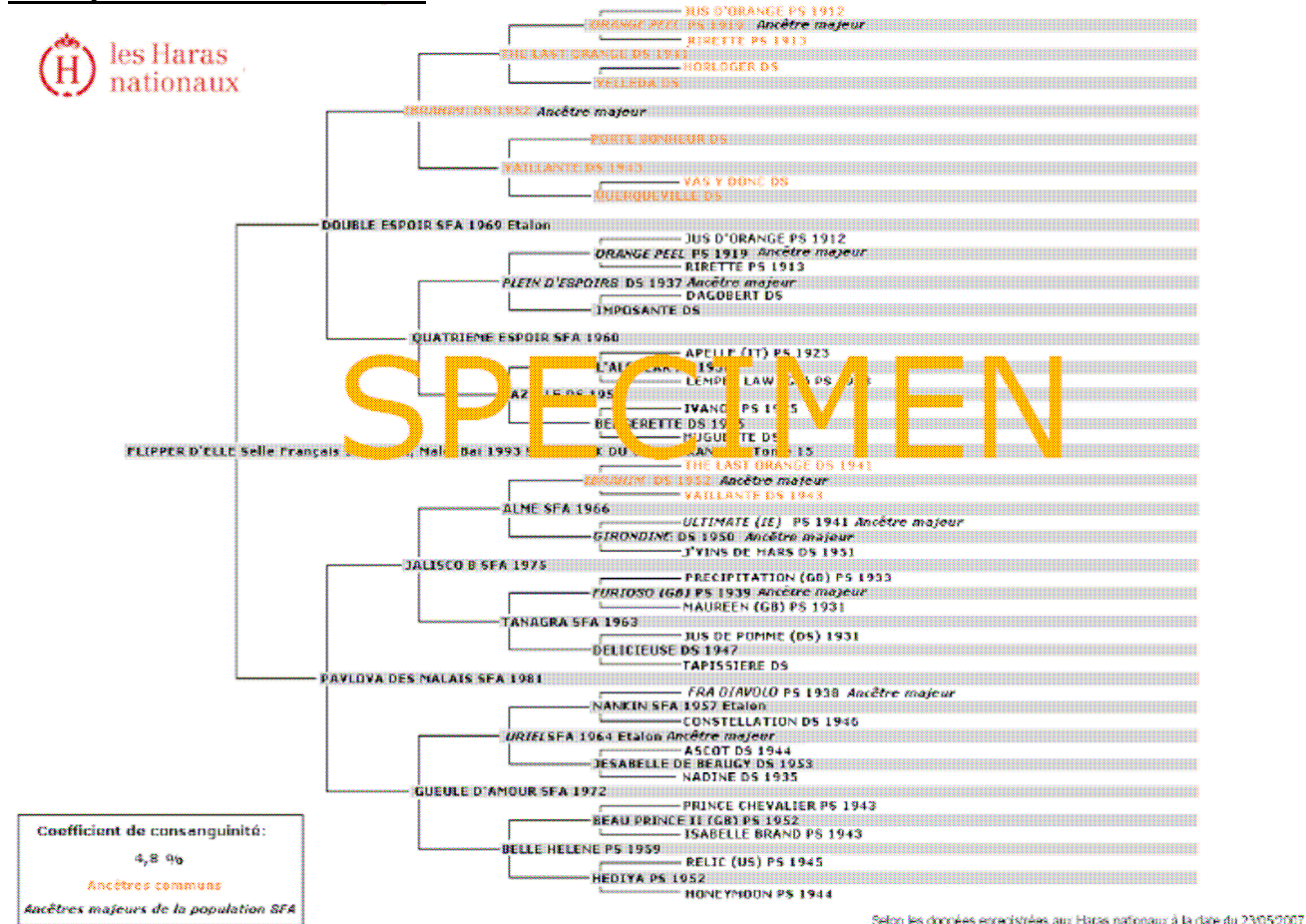
On parle d'ancêtres communs lorsque l'on retrouve le(s) même(s) ancêtre(s) dans la généalogie du côté du père ET du côté de la mère. Ce sont ces éventuels ancêtres communs qui contribuent à la consanguinité d'un individu.

Les ancêtres communs sont affichés en orange dans le pedigree 5G de l'individu lorsqu'ils peuvent clairement être visualisés.

D'autre part, les ancêtres majeurs de la race apparaissent en italique dans le pedigree 5G.

Remarque importante : le pedigree 5G ne redonne pas la généalogie complète de l'individu (certains individus dans la base SIRE sont connus sur 10 générations voire davantage!). Il peut y avoir d'autres ancêtres communs non visibles sur le pedigree 5G mais qui apportent une contribution au calcul de la consanguinité.

Exemple de FLIPPER D'ELLE



Le coefficient de consanguinité de FLIPPER D'ELLE calculé à partir de l'ensemble des données généalogique de SIRE donne 4,8%. Un calcul rapide réalisé sur les 5 générations présentées ci-dessus sous estime le coefficient à 3,1%. Cette différence s'explique par des apparentements non visibles sur 5 générations. Cette différence montre également l'importance de connaître le plus possible de générations avant la réalisation de calcul de consanguinité, faute de quoi, on sous estime fortement son évaluation.

Les ancêtres majeurs

Il est possible d'étudier les ancêtres importants qui ont marqué une race : on les appelle "ancêtres majeurs". Ces ancêtres majeurs ont été largement utilisés dans les accouplements et ils sont ainsi responsables d'une proportion élevée de gènes dans la population actuelle.

Dans certains cas, lorsque leur utilisation s'est révélée trop importante (très forte utilisation en insémination artificielle ou effectif de la population trop faible) , ils peuvent constituer des goulets d'étranglement. Ce phénomène est observé dans certaines races lorsqu'à un moment donné le nombre de reproducteurs utilisés dans la race est faible ou lorsque certains reproducteurs ont une production nettement plus élevée que les autres. Il entraîne alors une augmentation sensible du taux moyen de consanguinité de la race.

Il est possible et très informatif de calculer les contributions des principaux ancêtres majeurs d'une race. Ce travail a été réalisé dans les races de chevaux de sport (SF et AA et les résultats sont également pertinents pour les CS et OC) et les principaux contributeurs ont ainsi été identifiés avec la part de leur contribution respective à la constitution de la race actuelle. La part de la contribution est représenté par le % de gènes totaux dont il est responsable en tant ancêtre.

Liste 25 principaux ancêtres majeurs de la race SF actuelle

Nom	race	sexe	Année de naissance	%
IBRAHIM	DS	M	1952	9,1
ORANGE PEEL	PS	M	1919	5,6
ULTIMATE (IE)	PS	M	1941	4,7
URIEL	SFA	M	1964	4,6
FURIOSO (GB)	PS	M	1939	4,4
GRAND VENEUR	SFA	M	1972	3,9
GIRONDINE	DS	F	1950	3,7
FRA DIAVOLO	PS	M	1938	3,4
PLEIN D'ESPOIRS	DS	M	1937	3,2
RANTZAU	PS	M	1945	2,4
NARCOS II	SFA	M	1979	2,0
DELICIEUSE	DS	F	1947	1,6
LAUDANUM	PS	M	1967	1,5
DIRKA	SFA	F	1969	1,3
VITI	TF	F	1965	1,3
CENTAURE DU BOIS	DS	M	1945	1,3
VENUE DU TOT	SFA	F	1965	1,2
VOLTAIRE (DE)	HAN	M	1979	1,2
CALVARO (DE)	HOLST	M	1987	1,1
NIGHT AND DAY	PS	M	1957	1,1
FOUDROYANT II	PS	M	1939	1,0
GAZELLE	DS	F	1950	0,9
DENOUSTE	AR	M		0,9
RAMIRO (DE)	HOLST	M	1965	0,9
COUNT IVOR (US)	PS	M	1975	0,7

Les 25 principaux ancêtres majeurs de la population française SF

Remarque importante :

Seules les contributions directes sont présentées ici sans tenir compte des éventuels apparentements entre les ancêtres majeurs. Il n'est donc pas possible de faire la somme des contributions pour connaître leur poids total dans la population actuelle ou chez un individu de cette population. En effet certain de ces ancêtres majeurs sont directement apparentés comme par exemple ORANGE PEEL est le père de PLEINS D'ESPOIR mais également le grand-père d'IBRAHIM ou encore ULTIMATE le grand-père d'ALME qui lui-même un fils d'IBRAHIM → donc faire une somme reviendrait à comptabiliser plusieurs fois les gènes issus des mêmes rameaux généalogiques.

Un calcul , non présenté, tient compte de ces parentés entre les ancêtres du SF. Dans ce cas un cheval comme NARCOS II est alors compté comme contribuant à 0,7% alors qu'on lui trouve une contribution directe de 2,0% (cf tableau ci-dessus). En effet, plus de la moitié de sa contribution est déjà comptabilisée au travers de ses ancêtres comme IBRAHIM, FURIOSO, ORANGE PEEL, ULTIMATE, GIRONDINE et CENTAURE DU BOIS.

Comment utiliser cet outil ?

Les contributions des principaux ancêtres majeurs de la race ont été également calculé pour chacun des individus des races SF et AA, Il est alors possible de voir si l'individu est "original" par rapport à sa race ou au contraire s'il possède également un % non négligeable des principaux ancêtres majeurs identifiés.

Ce facteur doit également être raisonné lors du choix de l'accouplement des reproducteurs puisqu'il est peut être intéressant **A NIVEAU GENETIQUE IDENTIQUE** de favoriser l'originalité.