

## Analyse de la variabilité génétique des races Basque et Gasconne à partir de l'information généalogique

**Mercat M.J.**

*in*

Audiot A. (ed.), Casabianca F. (ed.), Monin G. (ed.).  
5. International Symposium on the Mediterranean Pig

**Zaragoza : CIHEAM**

**Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens; n. 76**

**2007**

pages 51-55

Article available on line / Article disponible en ligne à l'adresse :

<http://om.ciheam.org/article.php?IDPDF=800559>

To cite this article / Pour citer cet article

Mercat M.J. **Analyse de la variabilité génétique des races Basque et Gasconne à partir de l'information généalogique.** In : Audiot A. (ed.), Casabianca F. (ed.), Monin G. (ed.). *5. International Symposium on the Mediterranean Pig*. Zaragoza : CIHEAM, 2007. p. 51-55 (Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens; n. 76)



<http://www.ciheam.org/>  
<http://om.ciheam.org/>

# Analyse de la variabilité génétique des races Basque et Gasconne à partir de l'information généalogique

M.J. Mercat

Institut Technique du Porc  
La Motte au Vicomte, BP 35104, 35 651 Le Rheu Cedex, France

---

**RESUME** – La variabilité génétique des races locales porcines Basque et Gasconne est étudiée selon deux approches: analyses des probabilités d'origine des gènes et de la consanguinité. Au cours des dix dernières années, l'augmentation de la consanguinité est très bien maîtrisée pour la race Gasconne et dans une moindre mesure pour la race Basque : entre 1992 et 2002, le taux de consanguinité est passé de 8,4% à 8,9% en Gascon et de 10,4% à 14,1% en Basque. Ceci démontre une gestion efficace des accouplements. L'analyse des probabilités d'origine des gènes repose sur le calcul des nombres de fondateurs, de fondateurs efficaces ( $F_e$ ), d'ancêtres efficaces ( $F_a$ ) et de génomes équivalents ( $N_g$ ). Malgré les déséquilibres de contribution des fondateurs et les goulets d'étranglement,  $F_e$ ,  $F_a$  et  $N_g$  évoluent très peu depuis 1995 ; le programme de conservation mis en place par l'ITP, l'INRA et les associations d'éleveurs s'avère donc efficace.

**Mots-clés** : Porc, race locale, probabilités d'origine des gènes, consanguinité.

**SUMMARY** – "Analysis of genetic variability of the Basque and Gasconne breeds using genealogical information". Genetic variability of the Gascon and Basque local breeds of pig is studied according to two approaches: the probabilities of gene origin and inbreeding analysis. Over the last ten years, inbreeding increase has been well controlled for the Gascon breed and, to a lesser extent, for the Basque breed. Thus, between 1992 and 2002, the inbreeding level increased from 8.4% to 8.9% for the Gascon and from 10.4% to 14.1% for the Basque. That demonstrates an efficient mating management. The analysis of probabilities of gene origin relies on the calculation of numbers of real founders, of effective founders ( $F_e$ ), of effective number of ancestors ( $F_a$ ) and of residual founder genomes ( $N_g$ ). Despite the very unbalanced contribution of the real founders to the current population and bottlenecks in the pedigree,  $F_e$ ,  $F_a$ ,  $N_g$  criteria have changed little from 1995; the preservation programme set up by ITP, INRA and breeders associations turns out to be efficient.

**Keywords**: Pig, local breed, probabilities of gene origin, inbreeding.

---

## Introduction

La variabilité génétique est capitale puisqu'elle détermine l'aptitude d'une population à s'adapter à des modifications de conditions d'élevage. Par ailleurs, une diminution de la variabilité génétique peut s'accompagner de l'émergence de tares et se traduire par une détérioration des caractères sensibles tels que la vitalité des porcelets ou la reproduction. C'est pourquoi, dans les populations en conservation une gestion efficace de la variabilité génétique est une priorité.

En France, depuis 1981, cinq races locales font l'objet d'un programme de conservation mis en place par l'ITP, l'INRA et les associations d'éleveurs. Depuis la création de l'Association des Livres Généalogiques Collectif des Races Locales de Porcs (LIGERAL) en 1996, l'identification de tous les animaux est obligatoire. L'historique des informations disponibles est informatisé ce qui rend possible l'analyse des généalogies.

Cet article présente une étude rétrospective de la variabilité génétique et de son évolution au sein de deux races locales porcines: Basque et Gascon. Deux approches d'étude des pedigrees sont utilisées pour mesurer l'efficacité du programme de conservation : probabilités d'origine des gènes et consanguinité.

## Matériel et méthode

### Fichiers généalogiques

Les généalogies nécessaires à l'étude ont été extraites de la base de données "Races Locales" gérée par l'ITP (Marsac *et al.*, 1999). Les fichiers comportent 23 000 données en race Gascon et 16 000 données en race Basque avec des années de naissance des animaux comprises entre 1972 et 2003. L'année 2003 doit cependant être considérée avec précaution, car toutes les données n'avaient pas été transmises au moment de l'extraction des généalogies. Le nombre maximal de générations connues est de 17 pour le Gascon et 19 pour le Basque. Le nombre d'équivalents-génération est obtenu, pour chaque individu, en sommant le coefficient  $(1/2)^n$  sur tous les ancêtres connus,  $n$  étant le rang d'ascendance de l'ancêtre (ainsi, un parent compte pour 0,5, un grand-parent pour 0,25 etc.). Le nombre d'équivalents-génération calculé pour les truies nées en 2003 est de 9,6 en Gascon (9,25 en 2002) et de 11,0 en Basque (11,0 en 2002). Il constitue un indicateur simple et synthétique de la qualité de l'information généalogique et montre, dans le cas présent, que les données disponibles se prêtent bien à une analyse probabiliste des généalogies.

### Analyse des probabilités d'origine des gènes

Un gène autosomal quelconque d'un animal lui a été transmis soit par son père soit par sa mère, avec une probabilité égale de 0,5. Ce gène peut provenir de chacun des quatre grands-parents avec une même probabilité de 0,25 et de chacun des 8 arrières grands-parents avec une probabilité de 0,125. L'analyse des probabilités d'origine des gènes repose sur ce mode de calcul. Avec ce principe, il est possible de remonter toute l'ascendance d'un animal jusqu'aux ancêtres fondateurs, c'est à dire les ancêtres dont les parents sont inconnus. Si l'on excepte les phénomènes de mutations, ces fondateurs sont la source de tous les gènes actuels. Chacun des fondateurs peut être caractérisé par sa contribution au génome d'un groupe d'individus (par exemple les animaux nés une année donnée). On peut alors synthétiser l'équilibre plus ou moins respecté des contributions des  $F$  fondateurs par le nombre de fondateurs efficaces  $F_e$ , qui représente un nombre de fondateurs qui, s'ils contribuaient tous de la même façon donneraient la même variabilité génétique que celle de la population étudiée. Si les contributions des fondateurs sont équilibrées  $F$  et  $F_e$  sont égaux.

Une seconde approche calcule le nombre d'ancêtres efficaces  $F_a$  (Boichard *et al.*, 1996).  $F_a$  est analogue au nombre de fondateurs efficaces mais est calculé à partir des contributions des ancêtres les plus importants (qu'ils soient fondateurs ou non) en terme de contribution au pool de gènes de la population actuelle. Cette approche présente l'avantage de prendre en compte les goulots d'étranglement existant dans les pedigrees. Par construction  $F_a$  est inférieur à  $F_e$  (d'autant plus inférieur que les goulots d'étranglement sont importants).

Enfin, une troisième approche consiste à prendre en compte, en plus du déséquilibre des contributions des fondateurs et des goulots d'étranglement, la dérive génétique qui existe au sein d'une population fermée. Elle chiffre la probabilité que des allèles originaux soient perdus au cours des générations, suite à l'élimination de certains animaux qui en étaient porteurs. Par simulation, il est possible de reproduire la transmission des  $F$  génomes des  $F$  fondateurs (supposés tous différents) jusqu'à la population actuelle, afin de calculer le nombre  $N_g$  de génomes de fondateurs encore présents dans la population actuelle, c'est à dire le nombre de génomes que l'on pourrait reconstituer à partir des gènes encore présents dans la population.

### Mesure de la consanguinité

Le coefficient de consanguinité d'un animal est égal au coefficient de parenté entre ses deux parents. On le définit comme la probabilité pour qu'en un locus pris au hasard chez cet animal, les deux allèles soient identiques par descendance, c'est à dire proviennent de la copie d'un allèle présent chez un ancêtre commun au père et à la mère de l'animal. Un coefficient non nul révèle la présence d'au moins un ancêtre commun dans l'ascendance des deux parents. A l'inverse, un coefficient nul peut à la fois traduire l'absence d'ancêtre commun dans l'ascendance des deux parents d'un animal ou le manque de connaissance des généalogies. Dans les populations fermées, la hausse de consanguinité est inéluctable, même en l'absence de sélection. Cette hausse s'accompagne

d'une réduction de l'hétérozygotie moyenne, qui conduit à terme à la perte aléatoire d'allèles (dérive génétique) et donc à la réduction de la variabilité génétique. La baisse de l'hétérozygotie moyenne est d'autant plus rapide que le nombre de reproducteurs est faible. Les coefficients de consanguinité ont été calculés selon la méthode de Meuwissen et Luo (1992).

## Résultats et discussion

### Probabilités d'origine des gènes

Le Tableau 1 présente, pour les deux populations, le nombre de fondateurs vrais, les effectifs de fondateurs efficaces ( $F_e$ ), d'ancêtres efficaces ( $F_a$ ) et le nombre de génomes équivalents ( $N_g$ ) en considérant comme population de référence toutes les femelles nées en 1995 (Maignel, 2001), 2000, 2001, 2002 et 2003.

Tableau 1. Probabilités d'origine des gènes

Race	Année de naissance	Taille de la population de référence	Nombre de fondateurs	$F_e$ (†)	$F_a$ (††)	$N_g$ (†††)
Basque	1995	185	31	10	9	3,7
	2000	981	43	10	9	4,1
	2001	1325	36	10	9	4,0
	2002	1513	36	10	9	3,9
	«2003»	1033	38	10	9	3,9
Gasconne	1995	57	30	17	12	5,3
	2000	1621	47	19	13	5,9
	2001	2393	45	18	13	5,6
	2002	2607	46	18	13	5,4
	«2003»	2353	44	18	13	5,4

†  $F_e$ : nombre de fondateurs efficaces. ††  $F_a$ : nombre d'ancêtres efficaces. †††  $N_g$ : nombre de génomes équivalents. Données 1995: Maignel (2001). «»: Données 2003 partielles.

Le nombre de fondateurs à l'origine des races locales considérées est faible : il est voisin de 40 pour chaque race considérée. On note que ce nombre augmente entre 1995 et 2000 en raison de l'affiliation de nouvelles familles d'animaux en phase de constitution. Quelques familles s'éteignent cependant par la suite.

Le nombre de fondateurs efficaces  $F_e$  est très inférieur au nombre de fondateurs vrais puisqu'il est de seulement 10 pour la race Basque et 18 pour la race Gasconne. Les contributions des fondateurs vrais à la population actuelle sont donc très déséquilibrées. Elles sont même très faibles pour une majeure partie d'entre eux. Le déséquilibre de contribution des fondateurs est plus prononcé pour la race Basque que pour la race Gasconne.

Le nombre d'ancêtres efficaces  $F_a$  est très proche de  $F_e$  pour la race Basque. Il est par contre notablement inférieur à  $F_e$  (-28%) pour la race Gasconne ce qui traduit la présence de goulots d'étranglement (par exemple un ancêtre non fondateur ayant eu de très nombreux descendants). Pour ce critère le travail de conservation a donc été plus efficace en Basque qu'en Gascon.

A ce titre, la Fig. 1 présente les contributions cumulées des 30 principaux ancêtres. Très peu d'ancêtres expliquent la plus grande partie des gènes. L'ancêtre Basque le plus important explique à lui seul près de 22% des gènes de la population. Ainsi, seulement 11 ancêtres expliquent 90% des gènes de la population basque et 15 ancêtres 90% des gènes de la population gasconne.

Le dernier critère calculé,  $N_g$  (nombre de génomes équivalents), qui prend en considération les phénomènes de dérive génétique, est relativement stable dans le temps. Il est proche de 4 pour la race Basque et légèrement supérieur à 5 pour la race Gasconne.

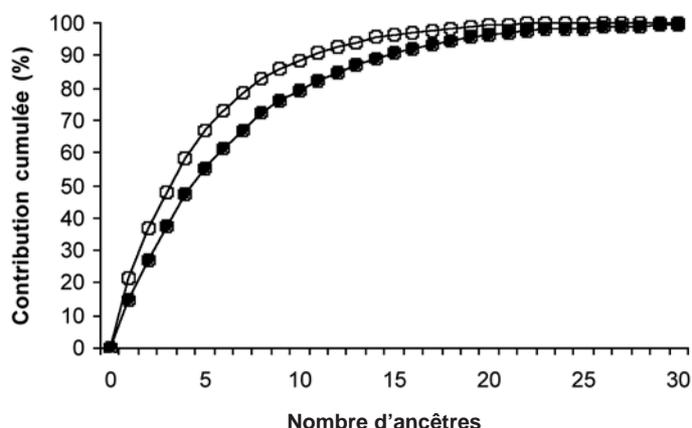


Fig. 1. Contributions cumulées des 30 principaux ancêtres des races Basque (o) et Gasconne (•).

## Consanguinité

La Fig. 2 présente l'évolution de la consanguinité moyenne par année de naissance des races Basque et Gasconne de 1980 à 2003. L'augmentation rapide de la consanguinité jusqu'au début des années 1990 traduit en grande partie l'amélioration de la connaissance des généalogies au fil du temps. Par la suite, le taux d'accroissement de la consanguinité ralentit fortement. L'augmentation de la consanguinité est très bien maîtrisée pour la race Gasconne puisque le taux de consanguinité passe de 8,4% à 8,9% entre 1992 et 2002. Pour la race Basque, en dehors de la période 1999-2001 au cours de laquelle le taux de consanguinité augmente de 1% par an, le rythme d'élévation de la consanguinité reste satisfaisant. De 10,4% en 1992, la consanguinité de la race Basque s'élève à 14,1% en 2002. Ceci démontre une gestion efficace des accouplements malgré le faible nombre de fondateurs à l'origine de ces races. En effet, la planification des accouplements intègre de plus en plus fréquemment le calcul des coefficients de parenté entre reproducteurs. Il existe néanmoins des accouplements entre animaux très apparentés (par exemple, 3 à 4% des animaux nés sont issus de parents entre lesquels le coefficient de parenté dépasse 0,25). Mais ces informations sont à relativiser dans la mesure où tous les descendants ne sont pas destinés à la reproduction. S'il est essentiel de maîtriser la consanguinité de futurs reproducteurs, une plus grande tolérance est possible pour la production de porcs charcutiers.

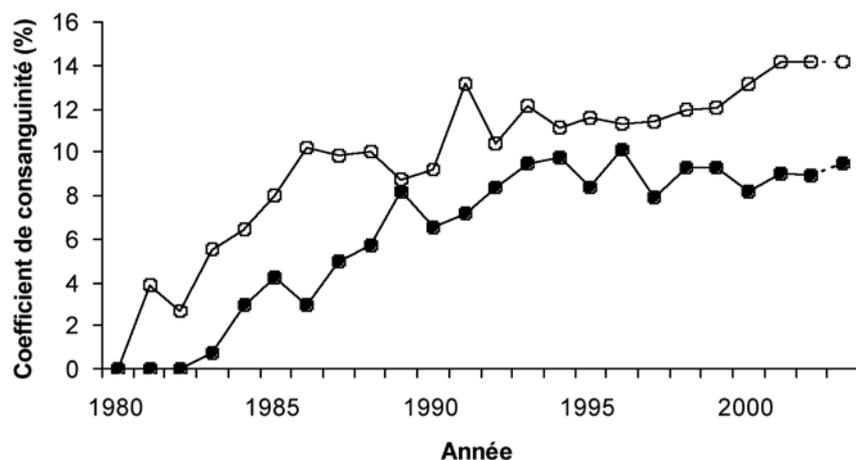


Fig. 2. Evolution de la consanguinité moyenne par année de naissance des races Basque (o) et Gasconne (•).

## Conclusions

Les deux approches présentées ici pour décrire la variabilité génétique et son évolution (consanguinité et probabilités d'origine des gènes) sont complémentaires et très concordantes quant à leurs résultats. L'élévation de la consanguinité reflète les tendances à long terme alors que les probabilités d'origine des gènes sont plus à même de traduire des modifications récentes de la structure de la population. Le rythme d'élévation de la consanguinité est maîtrisé et, malgré des déséquilibres de contribution des fondateurs et des goulots d'étranglement,  $F_e$ ,  $F_a$  et  $N_g$  évoluent très peu depuis 1995. Ces résultats démontrent que la dynamique de développement que connaissent les filières spécifiques Basque et Gasconne s'accompagne d'une gestion satisfaisante de la variabilité génétique. Néanmoins des dérapages restent possibles comme en témoigne la période 1999-2001 pour la race Basque. Ceci souligne l'intérêt de pratiquer des bilans réguliers réalisés grâce à la mise à la disposition de l'ITP de programmes d'analyse des pedigrees par l'INRA de Jouy-en-Josas.

## Références

- Boichard, D., Maignel, L. et Verrier, E. (1996). Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. *INRA Prod. Anim.*, 9 : 323-335.
- Maignel, L. et Labroue, F. (2001). Analyse de la variabilité génétique des races porcines collectives et des races locales en conservation à partir de l'information généalogique. *Journées Rech. Porcines en France*, 33 : 111-117.
- Marsac, H., Luquet, M. et Labroue, F. (1999). Premier bilan annuel des performances de reproduction des 5 races locales porcines françaises. *Techni-Porc*, 22, N°5 : 31-39.
- Meuwissen et Luo (1992). Computing inbreeding coefficient in large populations. *Genet. Sel. Evol.*, 24 : 305-313.