

Analyse de la variabilité génétique des six races locales porcines

Herveline LENOIR

IFIP-Institut du Porc, BP 35104, 35651 LE RHEU Cedex, France
herveline.lenoir@ifip.asso.fr

L'analyse de la variabilité génétique des six races locales de porcs, réalisée à partir des informations généalogiques disponibles, a été étudiée selon deux approches : estimation de la consanguinité et des probabilités d'origine des gènes. Pour ces populations fermées, l'augmentation de la consanguinité est inéluctable. La consanguinité moyenne des races locales est comprise entre 10,2 % pour le Blanc de l'Ouest et 21,8 % pour le Bayeux. Les coefficients de consanguinité observés mettent en avant une gestion efficace des accouplements sur les 10 dernières années. L'analyse des probabilités d'origine des gènes montre une relative stabilité de la variabilité génétique des races Basque, Bayeux et Limousin entre 2000 et 2013. Le porc Gascon a perdu un peu de diversité génétique entre 2000 et 2010 mais s'est stabilisé depuis. Pour le Blanc de l'Ouest, les chiffres de 2013 sont inquiétants, cependant la diminution de la taille de la population de référence et le faible nombre de portées peuvent expliquer ces résultats ; un nouveau bilan en 2015 s'impose. Les résultats pour la race Nustrale sont à considérer avec précaution car, dans cette race, une large partie des naissances n'est pas enregistrée dans la base de données. La réalisation régulière de ce type de bilan permet de limiter les dérives.

Analysis of genetic variability in six local pig breeds

This analysis of genetic variability of six local pig breeds, based on available pedigree data, has been studied via two approaches: coefficients of inbreeding and probabilities of gene origin. In these closed populations, increasing inbreeding is inevitable. Average rate of inbreeding in these local breed populations ranged from 10.2% for Blanc de l'Ouest to 21.8% for Bayeux. The coefficients of inbreeding measured here highlight that mating policy has proved efficient over the last ten years. Analysis of the probabilities of gene origin shows that genetic variability in the Basque, Bayeux and Limousin breeds stayed relatively stable between 2000 and 2013. The Gascon breed lost some genetic diversity between 2000 and 2010 but has since stabilized. The 2013 figures for the Blanc de l'Ouest breed are alarming—the decline in size of the reference population paired with low litter numbers could explain this result, but a recount with 2015 figures looks imperative. The results for the Nustrale breed are to be taken with caution, as a significant percentage of Nustrale breed births do not get registered in the database. Regular recounts like this can help contain genetic drift.

Mots clés : races locales porcines, consanguinité, probabilités d'origine des gènes

Keywords: heritage pig breeds, inbreeding, probabilities of gene origin

Introduction

Les races locales porcines ont bénéficié d'un programme de conservation depuis 1981 pour le Basque, le Gascon, le Cul Noir Limousin et le Porc Blanc de l'Ouest. Le Bayeux a été recensé à la fin des années 1980 et le Nustrale au début des années 2000. Les organisations de gestion des six races locales sont regroupées au sein du Ligéral (Association des livres généalogiques collectifs des races locales de porcs) et suivent les règles liées à la tenue des livres généalogiques (identification individuelle des animaux, tenue d'un fichier de généalogie informatisé,...). Ces six races ne s'inscrivent pas dans des programmes de sélection, seuls des tris sur le phénotype des animaux reproducteurs sont effectués.

La gestion de la diversité génétique au sein de ces populations fermées est primordiale pour contrôler l'augmentation inéluctable de l'apparentement entre reproducteurs. Un suivi régulier de la consanguinité est réalisé.

Une analyse périodique des probabilités d'origine des gènes permet également d'apprécier l'évolution de la diversité génétique des populations.

Cet article présente l'évolution de la variabilité génétique entre 2000 et 2013 des six races locales porcines étudiées grâce aux données généalogiques disponibles.

Matériel et méthodes

Fichiers de généalogies

L'analyse de la diversité génétique a été réalisée avec le programme PEDIG (Boichard, 2002), à partir des informations généalogiques extraites de la base de données des races locales de porcs. Cette base est gérée et hébergée par l'Ifip. Les données sont transmises par les organisations d'éleveurs et les éleveurs indépendants à l'Ifip.

Le tableau 1 présente les caractéristiques des fichiers généalogiques étudiés pour chaque race.

Les fichiers sont de tailles très variables puisqu'on recense entre 2 563 individus dans la race Nustrale, et 106 123 individus dans la race Gascon.

Toutefois, dans le cas de la race Nustrale, ces faibles effectifs s'expliquent par le fait que les éleveurs enregistrent les généalogies seulement depuis la fin des années 1990.

Pour cette race, les données 2013 étaient incomplètes au moment des calculs, aussi tous les résultats cités dans l'article seront ceux correspondant à l'année 2012.

Le nombre maximal de générations connues oscille entre 8 en Nustrale et 39 en Porc Blanc de l'Ouest.

Le Blanc de l'Ouest, a été sélectionné jusqu'à la fin des années 1970 ; de nombreuses informations généalogiques sont donc disponibles (la date de naissance la plus ancienne remonte à 1950).

Le nombre d'équivalents-génération décrit la connaissance des généalogies moyenne de la population (Boichard *et al.*, 1996). Il 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. Cela signifie que chaque parent connu compte pour 0,5, chaque grand-parent connu pour 0,25, etc... Par exemple, si tous les parents, grands-parents et arrière-grands-parents sont connus pour un animal, le nombre d'équivalents-génération est égal à 3.

Evolutions démographiques

La figure 1 présente l'évolution des effectifs de reproducteurs femelles pour chacune des six races depuis l'année 2000. Les différences d'effectifs s'expliquent par l'histoire des races et surtout par la mise en place de filières de valorisation (Lenoir, 2014a). Deux groupes se distinguent

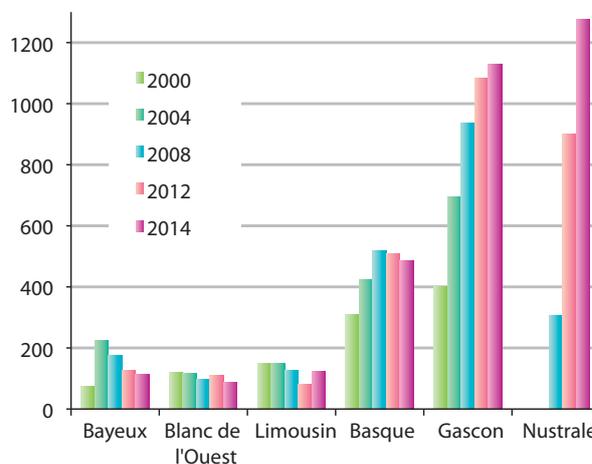


Figure 1 : Evolution des effectifs de truies présentes

Tableau 1 : Caractéristiques des fichiers généalogiques étudiés

Race	Effectif total	Nombre maximal de générations connues	Nombre d'équivalents générations connus*
Basque	42 591	25	14,3
Bayeux	6 409	22	13
Blanc de l'Ouest	5 398	39	13,3
Cul Noir Limousin	8 822	26	14
Gascon	106 123	23	13,2
Nustrale	2 563	8	5,3

*femelles nées en 2012 pour le Nustrale

nettement. Les races Gascon, Nustrale et Basque présentent les effectifs les plus élevés et en progression, en lien avec leurs filières de valorisation ; les deux premières dépassent les 1 000 truies présentes. Les effectifs des races Bayeux, Blanc de l'Ouest et Cul Noir Limousin se stabilisent autour des 100 truies présentes. Seule la dernière race devrait voir ses effectifs augmenter à moyen terme grâce à la création toute récente d'une mise en marché collective (Lenoir, 2014b).

Consanguinité

Le coefficient de consanguinité d'un animal se définit comme la probabilité pour qu'en un locus pris au hasard chez cet individu, les deux allèles (deux versions de la séquence d'ADN, l'une transmise par le père, l'autre par la mère), soient identiques par descendance. C'est-à-dire qu'ils proviennent d'un même allèle présent chez un ancêtre commun au père et à la mère. Un coefficient non nul révèle la présence d'au moins un ancêtre commun dans l'ascendance des deux parents.

Par définition, le coefficient de consanguinité d'un individu est égal au coefficient de parenté entre ses deux parents. Dans les populations fermées, comme celles étudiées dans cet article, la hausse de la consanguinité est inéluctable. Cela traduit une diminution de l'hétérozygotie moyenne qui conduit, à terme, à la perte aléatoire d'allèles (dérive génétique) et donc à la réduction de la diversité génétique.

Analyse des probabilités d'origine des gènes

Cette approche est basée sur l'étude des contributions génétiques des ancêtres à une population donnée. Cette méthode considère qu'un gène autosomal quelconque est transmis d'un parent à son descendant avec une probabilité égale de 0,5. Ce gène peut alors provenir de chacun de ses 4 grands-parents avec une même probabilité de 0,25 et de chacun de ses 8 arrière-grands-parents avec une probabilité de 0,125.

Avec ce mode de calcul, 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. En faisant abstraction des phénomènes de mutation, ces fondateurs constituent le réservoir génétique rencontré dans la population actuelle.

Les fondateurs sont le reflet de la situation de départ de chaque population. Tous n'ont cependant pas contribué de la même façon aux populations, certains ont eu plus de descendants que d'autres. On calcule alors le nombre de fondateurs efficaces (F_e) qui tient compte des déséquilibres entre fondateurs. Il s'agit du nombre virtuel nécessaire de fondateurs, ayant tous la même contribution, pour expliquer la diversité génétique observée dans la population étudiée. Si le nombre de fondateurs est égal au nombre de

fondateurs efficaces, cela signifie que les contributions des fondateurs sont équilibrées.

Le nombre de fondateurs efficaces ne rend pas compte des goulots d'étranglement observés dans une population, c'est-à-dire des animaux non fondateurs ayant de nombreux descendants reproducteurs. On calcule alors le nombre d'ancêtres efficaces (F_a), nombre d'ancêtres nécessaire pour expliquer la diversité génétique de la population si tous avaient une contribution génétique égale. La comparaison de F_a et F_e permet de mettre en évidence l'existence de déséquilibres de contributions entre ancêtres dans le cas où F_a est inférieur à F_e .

Le nombre d'ancêtres efficaces ne traduit pas complètement le phénomène de dérive génétique, c'est-à-dire de la perte aléatoire d'allèles originaux au cours des générations suite à l'élimination de certains animaux qui en étaient porteurs. Pour l'intégrer, on calcule alors par simulation le nombre de génomes équivalents (N_g) qui correspond aux nombres de génomes totalement indépendants que l'on pourrait reconstituer à partir des gènes encore présents dans la population.

Des bilans réguliers sont réalisés et présentés aux organisations de races. Pour cette étude, l'année 2000 a été retenue comme base de comparaison pour faire la transition avec le dernier bilan publié (Maignel, 2001).

Pour chaque race, une population de référence se définit par l'ensemble des femelles nées une année donnée. Les analyses de cette étude portent sur trois populations de références différentes (2000, 2010 et 2013) pour évaluer le rythme d'évolution de la diversité génétique des six populations.

Résultats et discussion

Connaissance des généalogies

Dans le tableau 1, le nombre d'équivalents-génération, calculé pour les femelles nées en 2013 est compris entre 13 et 14,3 pour les cinq races reconnues dans les années 1990. La connaissance des généalogies de ces cinq populations est très bonne. Pour le Nustrale, reconnu en 2006, il est de 5,3 équivalents-génération pour les femelles nées en 2012. La figure 2 présente l'évolution du pourcentage d'ancêtres connus par rang d'ascendance pour les femelles nées en 2013 (nées en 2012 pour le Nustrale). Pour toutes ces populations, on constate que 100 % des ancêtres sont connus pour le rang d'ascendance 1, qui correspond à celui des parents. Hormis pour le Nustrale, le pourcentage d'ancêtres connus est supérieur à 90 % jusqu'au 8^{ème} rang. Ensuite, les taux diminuent à des vitesses différentes selon les races pour atteindre une valeur nulle entre le 21^{ème} rang pour le Gascon et le 32^{ème} rang pour le PBO. Le Nustrale atteint un taux nul dès le 11^{ème} rang d'ascendance car c'est une population pour laquelle les enregistrements sont plus récents.

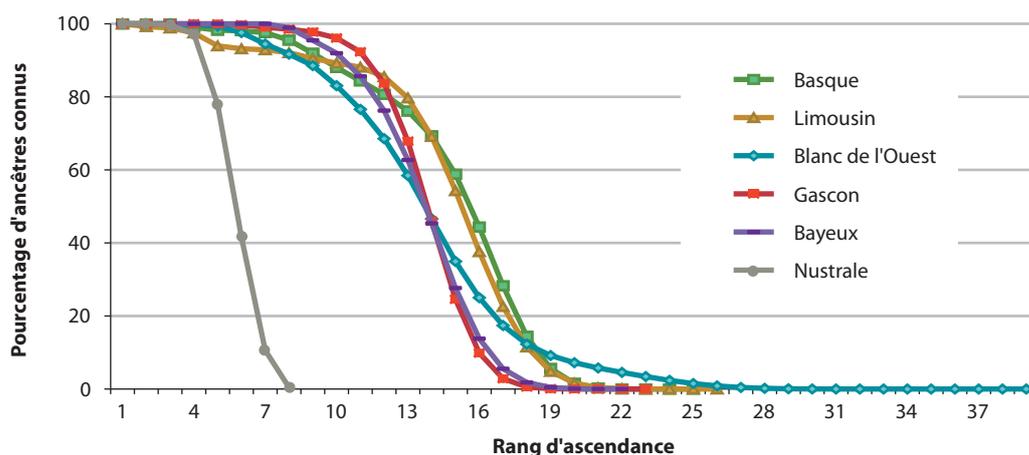


Figure 2 : Connaissance des généalogies des femelles nées en 2013 (2012 pour le Nustrale)

La bonne connaissance des généalogies doit permettre une estimation précise de l'évolution de la diversité génétique dans les six populations étudiées. Toutefois, dans le cas du Nustrale, la plus faible connaissance des généalogies proscribit toute comparaison des statistiques de diversité génétique avec celles des autres populations.

Consanguinité

La figure 3 représente l'évolution de la consanguinité moyenne par année de naissance des femelles (reproductrices ou non) dans les six populations depuis 1980. L'augmentation initiale des coefficients de consanguinité s'explique en partie par l'accumulation des informations généalogiques au cours des années.

On constate que les coefficients de consanguinité ont évolué différemment selon les races.

Les coefficients moyens de consanguinité des femelles nées en 2013 sont compris entre 10,2 % pour le Blanc de l'Ouest et 21,8 % pour le Bayeux. Pour cette race, le taux d'accroissement de la consanguinité depuis 2000 est

de 0,5 % par an ; c'est le plus élevé des cinq populations. Le taux d'accroissement de la consanguinité des quatre autres races depuis 2000 est d'environ 0,2 % par an.

Trois groupes de populations se distinguent :

- **Les races Gascon et Blanc de l'Ouest** ont des courbes similaires avec des coefficients de consanguinité inférieurs aux autres races. Le Blanc de l'Ouest présente le coefficient de consanguinité le moins élevé des six races. L'évolution n'est pas régulière probablement en raison du faible nombre de portées nées chaque année. La légère diminution observée en 2007 s'explique par un programme de décongélation de semence de la Cryobanque Nationale (Mercat *et al.*, 2008). Les semences utilisées étaient issues de verrats qui ont apporté de la diversité. Pour le Gascon, l'augmentation constante et modérée de la consanguinité s'explique par le renouvellement régulier des verrats et le suivi des plans d'accouplement.
- **Les races Basque et Cul Noir Limousin** ont des coefficients de consanguinité comparables mais avec plus d'irrégularité pour le Limousin. En effet, pour cette population, deux diminutions sont observées en 2006 et en

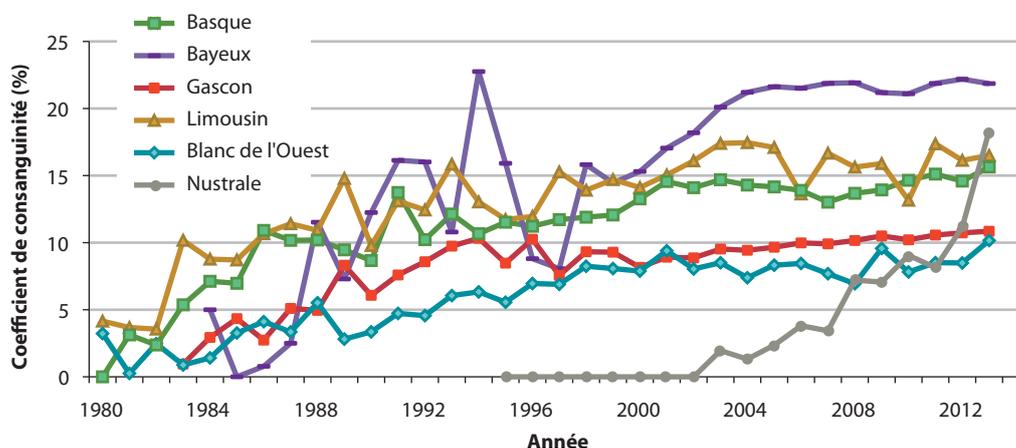


Figure 3 : Evolution de la consanguinité moyenne par année de naissance des femelles

2010. Elles sont dues à l'entrée au livre annexe de quelques femelles. De plus, étant donné le faible effectif d'animaux, quelques individus très consanguins pèsent plus fortement sur la moyenne. L'augmentation de la consanguinité a été plus rapide pour ces deux races qu'en Gascon alors que les nombres de fondateurs étaient proches (tableau 2). On peut l'expliquer par une moins bonne gestion des accouplements mais surtout par un faible renouvellement des verrats.

- **Le Bayeux a le plus fort coefficient de consanguinité** mais a réussi à limiter son accroissement à partir de 2004 (+ 0,07 % par an). Cette consanguinité élevée s'explique par le faible nombre de fondateurs de la race (tableau 2) et le programme d'éradication du gène de sensibilité au stress (halothane) qui a entraîné l'exclusion de la reproduction de certains individus. Le retrait du livre généalogique en 2007 de la variété Longué (environ 30 femelles) n'a pas eu d'influence notable sur l'évolution de la consanguinité.

Le rythme d'évolution de la consanguinité semble maîtrisé pour ces cinq populations.

Actuellement, ces races bénéficient de plans d'accouplements édités par l'Ifip. Le calcul des coefficients de parenté permet de planifier les accouplements et de limiter une élévation trop rapide de la consanguinité.

Dans le cadre du programme CRB-Anim (réseau de Centres de Ressources Biologiques pour les Animaux Domestiques) financé par l'ANR, il est prévu de décongeler et recongeler de la semence stockée en Cryobanque Nationale. Ce programme permettra d'utiliser des semences de verrats peu apparentés aux populations actuelles (dans toutes les races

locales sauf le Nustrale) et de ralentir l'augmentation de la consanguinité.

La race Nustrale connaît une augmentation de consanguinité assez importante entre 2007 et 2008 (+ 3,8 %). Elle est liée à la meilleure connaissance des généalogies. Seuls les verrats dont la généalogie est complète peuvent être inscrits au livre généalogique depuis fin 2006, date de reconnaissance de la race. Une autre augmentation de la consanguinité est notée entre 2011 et 2013 et est certainement due à une mauvaise gestion des accouplements. En effet, le manque de remontées rapide des informations généalogiques ne permet pas de calculer les coefficients de parenté entre reproducteurs pour établir les plans d'accouplements de chaque élevage et orienter le choix des futurs reproducteurs. La collecte des informations a été fortement encouragée en septembre 2014 et devrait permettre de dresser un bilan plus positif à l'avenir.

Probabilités d'origine des gènes

Effectifs de fondateurs

Le tableau 2 présente, pour les six races, les nombres de fondateurs, de fondateurs efficaces (F_e), d'ancêtres efficaces (F_a) et de génomes équivalents (N_g) pour des populations de référence constituées de femelles nées de parents connus en 2000, 2010 et 2013 (2012 pour le Nustrale). Les tailles de populations de référence dépassent les 1 000 individus pour le Basque et le Gascon qui sont organisées en filière. Les races Bayeux et Blanc de l'Ouest présentent en 2013 des tailles de population de référence inférieures à 100 individus car peu de portées naissent par an (vieillesse de la

Tableau 2 : Probabilités d'origine des gènes

	Années	Taille de la population de référence	Nombre de fondateurs	F_e	F_a	N_g
Basque	2000	968	43	10,4	9,3	3,9
	2010	1 267	33	10,4	9,2	3,6
	2013	1 091	33	10,7	9,4	3,6
Bayeux	2000	126	17	9,3	7,7	2,5
	2010	159	17	9,1	7,3	2,2
	2013	82	17	9	7,3	2,1
Gascon	2000	1 546	47	18,7	13	5,6
	2010	3 673	41	17,9	12,3	4,9
	2013	4 869	41	17,8	12,3	4,7
Limousin	2000	304	35	15,5	9	3,5
	2010	158	42	17,3	10,3	3,3
	2013	163	43	16,8	10	3
Blanc de l'Ouest	2000	125	151	23,4	13	4,6
	2010	146	151	25,1	16,4	4,4
	2013	72	151	23,6	8,7	3,3
Nustrale	2000	20	17	12,5	12,5	9,6
	2010	238	60	23,4	18	9,7
	2012	154	58	21,8	15,9	7,4

population pour la première et peu de débouchés pour la seconde). Le Cul Noir Limousin et le Nustrale ont des tailles de population de référence similaires, 163 et 154 respectivement. La taille de la population de référence du Nustrale est très faible comparée à son effectif de reproductrices (> 1 000 truies). Cela s'explique par l'enregistrement des données concernant uniquement les portées sur lesquelles des reproducteurs sont gardés. Pour les autres races, toutes les naissances sont enregistrées et les animaux reproducteurs et charcutiers sont alors comptabilisés.

Le nombre de fondateurs, reflet de la situation au démarrage des enregistrements généalogiques, est le plus élevé (151) en race Blanc de l'Ouest du fait de son utilisation forte dans les années 1960. Les autres races comptent entre 17 fondateurs pour le Bayeux et 58 pour le Nustrale. Pour les races Basque et Gascon, une diminution du nombre de fondateurs est observée entre 2000 et 2010, elle s'explique par l'arrêt d'élevages situés hors zone de production et donc par la perte de rameaux. A l'inverse, le Limousin note une augmentation de son nombre de fondateurs sur cette même période due à l'entrée de femelles au livre annexe.

Les trois critères suivants, F_e , F_a et N_g sont dépendants du travail de conservation et reflètent sa plus ou moins bonne efficacité.

Pour ces populations, le nombre de fondateurs est supérieur au nombre de fondateurs efficaces. L'écart entre ces deux critères met en évidence les déséquilibres de contributions génétiques entre fondateurs. En 2013, l'écart entre le nombre de fondateurs efficaces et le nombre de fondateurs est compris, selon les races, entre 47 % en Bayeux et 84 % en Blanc de l'Ouest parti du plus grand nombre de fondateurs. En Bayeux une grande vigilance a été apportée pour essayer d'équilibrer les contributions entre les fondateurs de la race. Le nombre d'ancêtres efficaces, qui tient compte des goulots d'étranglements, est relativement stable au cours du temps. Cela signifie que l'utilisation des reproducteurs est équilibrée. Cette stabilité ne s'observe pas pour le Blanc de l'Ouest. En effet, pour cette population, on note une aug-

mentation de F_a en 2010 et une diminution forte en 2013. En parallèle, la taille de la population de référence était légèrement plus élevée en 2010 qu'en 2000 et très faible en 2013 (seulement 72 femelles nées cette année là). L'élévation s'explique également certainement par la naissance des descendants du programme de décongélation de semence mené en 2007. Par contre la chute observée en 2013 (-7,7 ancêtres efficaces) est un signal d'alarme fort puisque les chiffres de 2011 et 2012 étaient respectivement de 13,2 et 14,3. Un nouveau bilan avec les données de 2014 devra être réalisé afin de voir s'il s'agit simplement d'une absence de mise à la reproduction provisoire d'une partie des truies. Si la chute de F_a observée en 2013 était liée à une importante réforme des truies sans renouvellement, cela traduirait une perte de diversité génétique effective.

Le nombre de génomes équivalents, qui considère la dérive génétique, est assez bas pour les cinq populations. Elles sont de petites tailles et possèdent peu de diversité génétique. Les diminutions du nombre de génomes équivalents restent mineures.

Le Nustrale est un cas à part. Les trois critères calculés F_e , F_a et N_g augmentent entre 2000 et 2010 par l'enregistrement des données généalogiques. Cependant, il est difficile de juger de l'évolution de la diversité génétique entre 2010 et 2013 et de faire un bilan fiable en l'absence des données complètes.

Contribution des ancêtres

La figure 4 présente la contribution cumulée des 30 principaux ancêtres des femelles nées en 2013 (2012 pour le Nustrale). Pour les six races locales, très peu d'ancêtres expliquent la plus grande partie des gènes de la population. La situation la plus extrême est celle du porc de Bayeux pour laquelle seulement 8 ancêtres contribuent à 90 % de la population. En Nustrale, 25 ancêtres expliquent 90 % de la population. Les autres races se placent dans des situations intermédiaires (12 à 15 ancêtres partagent 90 % des gènes).

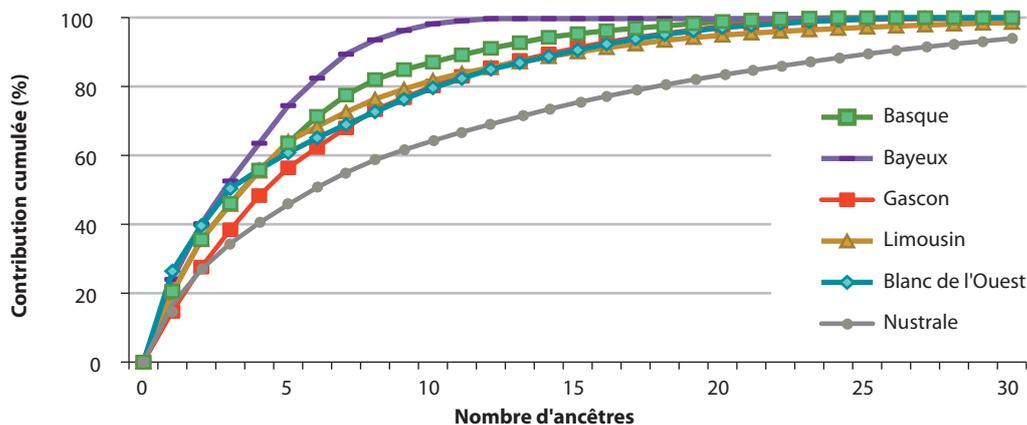


Figure 4 : Contribution cumulée des 30 principaux ancêtres aux femelles nées en 2013 (2012 pour le Nustrale)

Conclusion

Cette étude permet de souligner la bonne connaissance des généalogies des races locales de porcs qui sont des petites populations. Les deux approches utilisées pour décrire la diversité génétique et son évolution (consanguinité et probabilités d'origine des gènes) sont complémentaires et globalement concordantes quant à leurs résultats. L'évolution de la consanguinité permet de distinguer les tendances à long terme alors que les probabilités d'origine des gènes reflètent plutôt les modifications récentes de la structure des populations. La dégradation des critères de probabilités d'origine des gènes observée en Blanc de l'Ouest n'est pas encore perceptible au niveau de la consanguinité.

La gestion de la diversité des races locales de porcs passe par un renouvellement des verrats et une gestion rigoureuse

des plans d'accouplement. Dans cette optique, l'utilisation de la méthode des contributions optimales (Meuwissen, 1997) pourrait être un outil intéressant pour identifier les reproducteurs les plus originaux et leur degré d'utilisation dans les populations afin de minimiser l'augmentation de la consanguinité.

Une attention particulière sera portée sur le Blanc de l'Ouest au vu de la dégradation récente des critères de probabilités d'origine des gènes.

Remerciements

Tous mes remerciements à Marie-José Mercat et Alban Bouquet (équipe génétique Ifip) pour leur aide sur ces analyses.

Références bibliographiques

- Boichard D., Maignel L., Verrier E., 1996. *Analyse généalogique des races bovines laitières françaises*. INRA Prod. Anim., 9, 323-335.
- Boichard D., 2002. PEDIG : a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. Presented at 7th World Congress on Genetics applied to Livestock Production, Montpellier, INC (2002).
- Lenoir H., 2014a. *Races locales : la progression des effectifs est conditionnée par la valorisation*. TechPorc, 20, 32-35.
- Lenoir H., 2014b. *L'Ecusson Noir, un exemple de mise en place d'une filière en race locale*. TechPorc, 20, 36-37.
- 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 génétique*. JRP, 33, 111-117.
- Mercat MJ., Lenoir H., Ferchaud S., Guillouet P., 2008. *Première expérience d'utilisation de la Cryobanque Nationale comme outil de gestion de la variabilité génétique en races locales porcines*. JRP, 40, 93-98.
- Meuwissen TH., 1997. *Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding*. Journal of Animal Science, 75, 934-940.

Référence bibliographique de cet article

- Lenoir H., 2015. *Analyse de la variabilité génétique des six races locales porcines*. Les Cahiers de l'IFIP, 2(1), 19-25.

