

Le Mérinos de Rambouillet : Un patrimoine génétique national qu'il faut savoir gérer

Isabelle Palhière, B. Saillet, Bernard Bibé, Daniel Allain

► **To cite this version:**

Isabelle Palhière, B. Saillet, Bernard Bibé, Daniel Allain. Le Mérinos de Rambouillet : Un patrimoine génétique national qu'il faut savoir gérer. 13. Rencontres Recherches Ruminants, Dec 2006, Paris, France. hal-02758335

HAL Id: hal-02758335

<https://hal.inrae.fr/hal-02758335>

Submitted on 4 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Le Mérinos de Rambouillet : un patrimoine génétique national qu'il faut savoir gérer

The Merino Rambouillet flock : a French genetic patrimony important to manage

I. PALHIÈRE (1), B. SAILLET (2), B. BIBE (1), D. ALLAIN (1)

(1) INRA SAGA, BP 27 - 31326 Castanet-Tolosan Cedex

(2) Bergerie Nationale - 78120 Rambouillet

INTRODUCTION

Le troupeau de Mérinos de Rambouillet a été constitué à partir de Mérinos espagnols importés en 1786 et en 1801. Depuis cette date, aucun sang nouveau n'a été introduit dans le troupeau, conduit en consanguinité "raisonnée" par la Bergerie Nationale de Rambouillet. Il compte aujourd'hui de l'ordre de 150 femelles et 20 mâles actifs, soit deux fois moins qu'au moment de sa création (358 femelles et 52 mâles). Dans ce contexte, la gestion de la variabilité génétique est une problématique primordiale. L'augmentation de la consanguinité, certes inéluctable, a été limitée par l'application de différentes mesures de gestion du troupeau. Depuis 2005, une nouvelle méthode de gestion de la variabilité génétique est appliquée, visant à minimiser l'augmentation de la consanguinité du troupeau. Les premiers résultats sont présentés ici.

1. GESTION ET CONDUITE DU TROUPEAU

La lutte se déroule généralement en juin suite à un traitement de synchronisation des chaleurs. Les femelles sont réparties en une quinzaine de lots de lutte. Le nombre de femelles accouplées par mâle est peu variable entre mâles, stable entre années et situé autour de 6-7 femelles par mâle, en moyenne. Les jeunes mâles destinés à la reproduction sont choisis au printemps selon différents critères : typage PrP, standard racial, laine, critères zootechniques. Le nombre de jeunes béliers retenus varie de 5 à 10 selon les années, le but étant de renouveler rapidement les béliers actifs (tableau 1). Le nombre moyen d'années d'utilisation d'un mâle est compris entre 1,73 et 2,67 ans sur les 3 périodes analysées. Peu de mâles sont utilisés plus de 2 ans ce qui limite le poids des mâles actifs dans la population.

Tableau 1 : bilan de la carrière des mâles actifs (moy. et E.T.)

Millésimes	Nombre de mâles	Nombre années d'utilisation	Nombre total de descendants
1990-1991	16	2,00 (+/-1,03)	13,75 (+/-8,09)
1995-1996	12	2,67 (+/-1,07)	25,41 (+/-12,07)
2000-2001	15	1,73 (+/-0,59)	13,00 (+/-5,57)

La gestion de la variabilité génétique s'opère principalement lors des accouplements. L'accouplement entre un bélier et une brebis n'est autorisé qu'en l'absence de tout ancêtre commun dans les 3 premières générations (arrière-grands-parents inclus). Cette méthode, qui permet d'éviter la consanguinité proche, est efficace et applicable dans la mesure où les généalogies sont enregistrées.

2. GESTION DE LA VARIABILITE GENETIQUE

Depuis 2005, une nouvelle méthode d'optimisation de la variabilité génétique est appliquée au troupeau de Mérinos de Rambouillet pour les accouplements et lors d'actions ponctuelles (collecte d'embryons).

Elle s'appuie sur 2 types de fichiers : la liste des candidats à accoupler, fournie par la Bergerie Nationale et le fichier des généalogies, issu de la Base de Données Nationale. Celui-ci comprend des enregistrements de naissances depuis 1967. La qualité et la quantité des informations généalogiques sont limitées (5 équivalent générations en moyenne) ce qui sous-

estime beaucoup le niveau des parentés. A titre d'illustration, la consanguinité des femelles est estimée ici à 1 % contre 52 % pour Prod'Homme (1993) qui prenait en compte les généalogies depuis 1800.

2.1. METHODE

La méthode se déroule en trois temps. D'abord, le logiciel GENCONT (Sonesson *et al.*, 2001) optimise le choix des reproducteurs mâles et leur contribution respective à la génération suivante (nombre de femelles accouplées) en minimisant la consanguinité des produits. Ensuite, les coefficients de parenté entre les mâles choisis par GENCONT et les femelles actives sont calculés par le programme PARENTE (Boichard, 2002). Enfin, les plans d'accouplements sont réalisés à l'aide de la sous-routine H03ABF de la bibliothèque NAG, qui minimise les coefficients de parenté entre un groupe de mâles et un groupe de femelles sélectionnés. Il en résulte un plan d'accouplements qui réduit au maximum la parenté des couples mâle-femelle.

2.2. RESULTATS

Cette méthode a été appliquée aux accouplements 2005 et 2006. 15 mâles parmi 25 en 2005 et 18 en 2006, ont été choisis pour être accouplés avec 151 et 140 femelles respectivement. Chaque mâle est accouplé en moyenne avec 10 femelles (tableau 2). La parenté moyenne des accouplements est de 0,63 % en 2005 et 0,85 % en 2006 ce qui est inférieur aux valeurs observées (après mises bas) en 2000. Les parentés des années précédentes sont difficilement comparables du fait de la faible quantité d'informations généalogiques (% coefficients nuls important). Les résultats obtenus en 2005-2006 montrent également des parentés maximales moins élevées.

Tableau 2 : contribution des mâles et parenté des accouplements

Campagne	Nb femelles par mâle		% coef. parenté=0	Parenté des accouplements (coef>0)		
	Moy	E.T.		Moy (%)	E.T.	Max
1990*	6,4	2,3	90%	0,21	0,71	3,1
1995*	6,0	1,1	57%	0,45	0,74	3,7
2000*	7,0	1,3	20%	1,43	3,56	25,0
2005*	6,9	2,1	0%	0,67	0,36	1,9
2005	10,1	1,3	1%	0,63	0,37	2,0
2006	10,0	1,6	0%	0,85	0,42	2,0

*accouplement ayant entraîné une naissance enregistrée

CONCLUSION

La nouvelle méthode de gestion de la variabilité génétique semble limiter l'augmentation de consanguinité, en réduisant la parenté moyenne des accouplements et les accouplements à forte parenté. De plus, elle n'induit pas de changement dans la conduite du troupeau, déjà coutumière de l'utilisation d'un grand nombre de mâles, de façon équilibrée et peu intensive.

Boichard D., 2002. *Proc. 7th WGCALP*, Comm. N°28-13

Prod'Homme P., Lauvergne J.J., 1993. *Small Rum. Res.*, 10, 303-315

Sonesson A.K., Meuwissen T.H.E., 2001. *Gen. Res.*, 77, 285-292