



HAL
open science

Une race, quatre rameaux indépendants : quelle diversité génétique après 30 ans ?

Isabelle Palhiere, Bernard Bibé, Magali San Cristobal, Jihad Abdallah,
Bertrand B. Bed'Hom, T. Pantano, G. Frégeat

► To cite this version:

Isabelle Palhiere, Bernard Bibé, Magali San Cristobal, Jihad Abdallah, Bertrand B. Bed'Hom, et al.. Une race, quatre rameaux indépendants : quelle diversité génétique après 30 ans ?. 12èmes Rencontres Recherches Ruminants, Dec 2005, Paris, France. hal-02761362

HAL Id: hal-02761362

<https://hal.inrae.fr/hal-02761362>

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.

Une race, quatre rameaux “indépendants” : quelle diversité génétique après 30 ans ?

One breed, four independent populations : what is the genetic diversity after 30 years ?

I. PALHIÈRE (1), B. BIBE (1), M. SAN CRISTOBAL (2), J. ABDALLAH (2), B. BED'HOM (3), T. PANTANO (4), G. FREGEAT (5)

(1) INRA SAGA, BP 27, 31326 Castanet-Tolosan Cedex (2) INRA LGC, BP 27, 31326 Castanet-Tolosan Cedex

(3) UMR GDA, 78352 Jouy en Josas Cedex

(4) LABOGENA, 78352 Jouy en Josas Cedex

(5) UPRA Lacaune, Carrefour de l'Agriculture, 12026 Rodez Cedex 9

INTRODUCTION

Depuis les années 1970, la race Lacaune est divisée en quatre rameaux sélectionnés de façon relativement indépendante (peu d'échange de reproducteurs entre eux). Deux rameaux laitiers ont été sélectionnés sur les mêmes caractères de production prioritaires : la quantité et la richesse du lait. Deux rameaux allaitants sont sélectionnés en vue d'objectifs prioritaires différents : la prolificité et le développement musculaire, respectivement. Les quatre schémas de sélection réalisent des progrès génétiques importants depuis une dizaine de générations. Ils sont regroupés au sein de l'UPRA Lacaune et ont gardé un même standard définissant l'appartenance à la race. Nous disposons donc d'un matériel d'étude exceptionnel pour analyser la diversité génétique de 4 populations, de même fonds génétique, sélectionnées indépendamment depuis une trentaine d'années. Cette étude représente une première étape d'un projet retenu dans l'appel d'offre BRG 2005-2006. Elle vise à valoriser les typages microsatellites utilisés dans le cadre des contrôles de filiation pour une première caractérisation de la différenciation génétique des quatre populations.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. TYPAGES ET ANIMAUX ANALYSES

Les données moléculaires sont issues des contrôles de filiation, réalisés en routine au sein des schémas de sélection, sur les futurs béliers élites. Les génotypes sont effectués par LABOGENA sur un panel de 6 à 9 marqueurs neutres, très polymorphes (Amigues *et al.*, 2000). Les animaux analysés sont issus des 4 schémas de sélection Lacaune : Confédération générale de Roquefort, Gebro, Ovitest (schéma viande et lait). Pour comparer les résultats obtenus, des races très proches de la race Lacaune par leur standard de race et/ou par leur localisation géographique ont été analysées : la Blanc du Massif Central (BMC) et la Préalpes ; ainsi que des races a priori éloignées : la Manech tête rousse (MTR), élevée dans les coteaux basques, et la Suffolk, race bouchère d'origine anglaise. L'échantillon correspond aux 2 dernières cohortes de béliers avec des contrôles de filiation, c'est-à-dire des animaux nés en 2003-2004. Le nombre d'animaux analysés est variable, en partie du fait de la différence de taille des schémas de sélection : 252 à Ovitest lait, 222 à Confédération, 78 à Ovitest viande, 56 au Gebro, 119 en BMC, 65 en Préalpes, 133 en MTR et 50 en Suffolk.

1.2. METHODES

La différenciation génétique est fondée sur l'analyse des fréquences alléliques (p) à chaque locus (i). La variabilité génétique intra-population est résumée ici par le nombre total d'allèles observés (A_o), le nombre efficace d'allèles ($A_e = 1/\sum p_i^2$), le nombre d'allèles originaux (A_f), l'hétérozygotie observée (H_o) et l'hétérozygotie attendue sous les hypothèses de Hardy-Weinberg ($H_e = 1 - \sum p_i^2$). La diversité génétique entre les populations est estimée par le

calcul de la distance génétique de Reynolds, corrigée pour la taille de l'échantillon (Laval *et al.*, 2002).

2. RESULTATS

Les quatre rameaux Lacaune présentent des résultats de variabilité génétique intra-population très proches (tableau 1) : le nombre efficace d'allèles varie de 4 à 4,5 et l'hétérozygotie attendue de 0,72 à 0,74. Les autres races ont des résultats comparables. La race BMC montre les critères de variabilité génétique les plus favorables, à l'inverse de la race Suffolk.

Tableau 1 : variabilité intra-population à partir des 6 marqueurs du contrôle de filiation

	A_o	A_e	A_f	H_o	H_e
Confédération	8,0	4,0	1	0,73	0,73
Ovitest lait	7,5	4,0	0	0,72	0,72
Ovitest viande	8,3	4,5	0	0,75	0,74
Gebro	6,7	4,3	0	0,77	0,73
Préalpes	7,3	4,1	0	0,71	0,74
BMC	8,3	4,8	1	0,76	0,77
Suffolk	5,8	3,4	3	0,66	0,66
MTR	7,3	3,7	3	0,71	0,70

Les distances génétiques entre les populations Lacaune sont faibles, traduisant leur proximité génétique (tableau 2). Des distances similaires avaient été constatées par Diez-Tascon *et al.*, (2000) qui comparaient des populations Mérinos. Les races BMC et Préalpes sont également très proches des populations Lacaune. Ainsi, se distinguent d'une part, l'ensemble des races blanches et d'autre part, la race Suffolk ; la race MTR étant intermédiaire.

Tableau 2 : distances de Reynolds

	Conf	Ovit L	Ovit V	Gebro	Préalpes	BMC	Suffolk
Ovit L	0,066						
Ovit V	0,058	0,111					
Gebro	0,089	0,114	0,109				
Préalpes	0,060	0,102	0,085	0,098			
BMC	0,092	0,101	0,062	0,099	0,074		
Suffolk	0,229	0,219	0,246	0,217	0,283	0,244	
MTR	0,129	0,145	0,130	0,170	0,101	0,106	0,325

CONCLUSION

Après une dizaine de générations de sélection, les quatre rameaux Lacaune, conduits de façon indépendante, gardent un important fonds génétique commun, aussi bien au niveau de la variabilité intra-population que des distances génétiques qui les séparent. Cette étude préliminaire sera approfondie en augmentant le nombre de marqueurs et en s'intéressant à des régions chromosomiques soumises à sélection.

Amigues Y., Meriaux J.C., Boscher M.Y. 2000. Prod. Anim., N° hors série, 203-210.

Diez-Tascon C., Littlejohn R.P., Almeida P.A.R., Crawford A.M. 2000. Anim. Genet., 31, 243-251.

Laval G., San Cristobal M., Chevalet C. 2002. GSE, 34, 481-507.