

G. N. 0.5

ÉVOLUTION DU COEFFICIENT DE CONSANGUINITÉ DANS UNE PETITE POPULATION :

Cas de la race porcine limousine

H. de ROCHAMBEAU

I.N.R.A. - Station d'Amélioration Génétique des Animaux - BP 12 - 31320 CASTANET-TOLOSAN

La description démographique que nous avons utilisée s'inspire de la population actuelle de la race porcine limousine (80 reproducteurs recensés par l'I.T.P.). Les simulations ont été effectuées grâce au programme MIDEKO (de ROCHAMBEAU *et al.*, 1979), utilisé dans sa version originale.

Une première série de résultats concerne une population « panmictique » où un ensemble de mâles s'accouple au hasard avec un ensemble de femelles. Ce premier modèle précise l'importance des effectifs d'animaux de chaque sexe. La population est ensuite divisée en quatre groupes de reproduction (correspondant à 4 verrats en service) entre lesquels circulent des mâles. Nous nous rapprochons ainsi de la réalité dans la mesure où un groupe de reproduction peut représenter la clientèle d'un verrattier. Plusieurs cas de figures sont étudiés.

– UNE POPULATION PANMICTIQUE

Dans le cas de référence (fig.1), la population se compose de deux mâles d'un an, qui n'ont pas de descendants, de deux mâles de 2 ans et de 2 mâles de 3 ans ; il y a par ailleurs 18 femelles d'un an, 16 femelles de 2 ans, 12 femelles de 3 ans et 15 femelles de plus de 3 ans ; soit au total 6 verrats et 61 truies. Les animaux de renouvellement sont issus des truies et des verrats de 2 ans et plus.

Nous envisageons alors plusieurs variantes

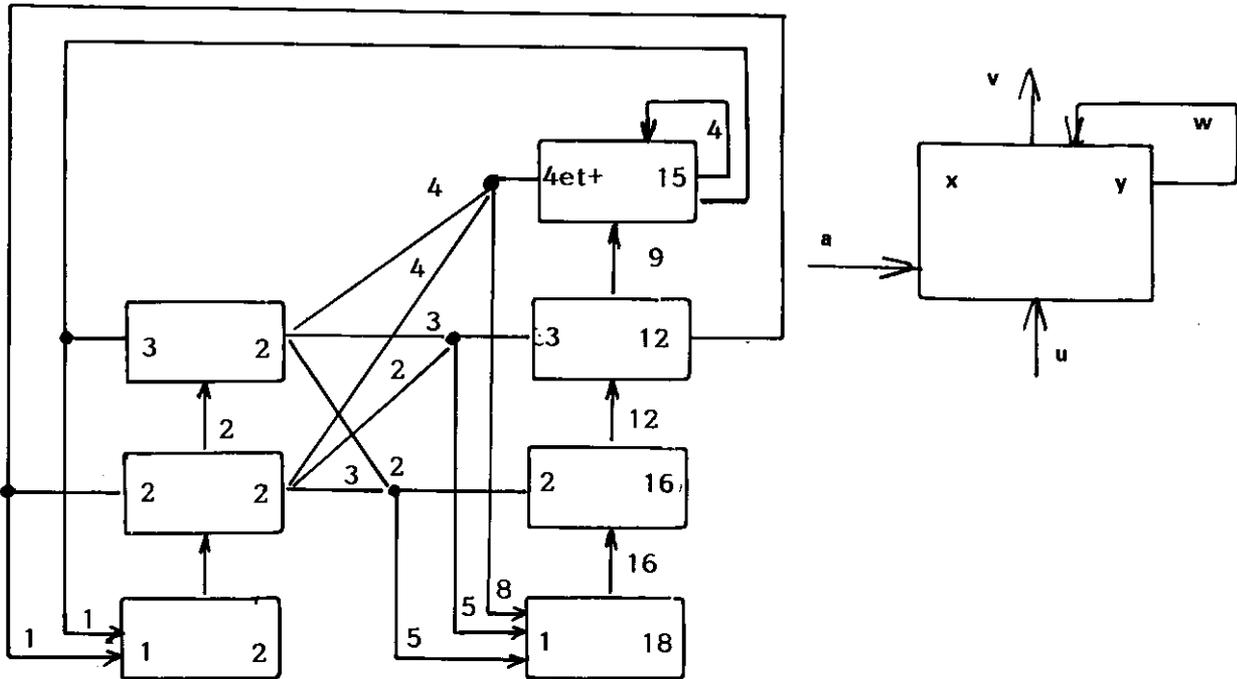
- « diminution du nombre de mâles » (figure 2) : 1 mâle d'un an, 1 mâle de 2 ans, 1 mâle de 3 ans (soit 3 mâles au lieu de 6).
- « augmentation du nombre de mâles » (figure 3) : 3 mâles d'un an, 3 mâles de 2 ans, 3 mâles de 3 ans (soit 9 mâles au lieu de 6).
- « diminution du nombre de femelles » (figure 4) : 13 femelles d'un an, 11 femelles de 2 ans, 7 femelles de 3 ans, 10 femelles de 4 ans et plus (soit 41 femelles au lieu de 61).
- « augmentation du nombre de femelles » (figure 5) : 23 femelles d'un an, 21 femelles de 2 ans, 17 femelles de 3 ans, 20 femelles de 4 ans et plus (soit 81 femelles au lieu de 61).

FIGURE 1

MODÉLISATION D'UNE PETITE POPULATION PORCINE : POPULATION PANMICTIQUE
Cas de référence

Groupe de mâles

Groupe de femelles



x âge des individus du groupe

y effectif du groupe

u nombre d'individus qui viennent du groupe d'âge inférieur

v nombre d'individus qui entreront dans le groupe d'âge supérieur à l'instant suivant

w nombre d'individus qui resteront dans le groupe

a jeunes individus qui viennent de naître et qui entrent dans le groupe x ; ils sont issus d'accouplement entre mâles et femelles n'appartenant pas au groupe x.

FIGURE 2

MODÉLISATION D'UNE PETITE POPULATION PORCINE ; POPULATION PANMICTIQUE ; DIMINUTION DU NOMBRE DE MÂLES (LES AUTRES PARAMÈTRES SONT IDENTIQUES À CEUX DE LA FIG. 1.)

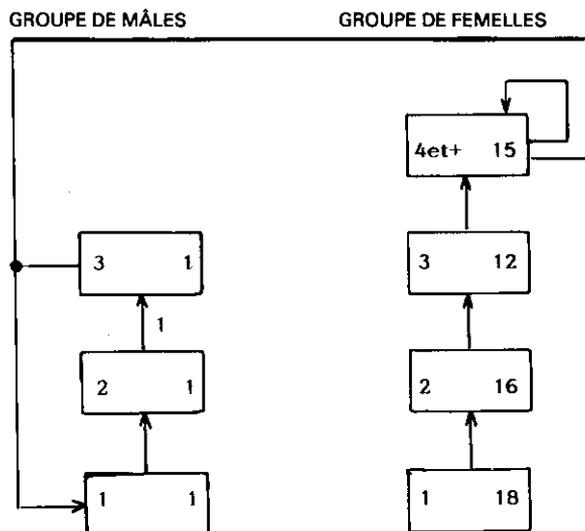


FIGURE 3

MODÉLISATION D'UNE PETITE POPULATION PORCINE : POPULATION PANMICTIQUE : AUGMENTATION DU NOMBRE DE MÂLES (LES AUTRES PARAMÈTRES SONT IDENTIQUES À CEUX DE LA FIG.1.)

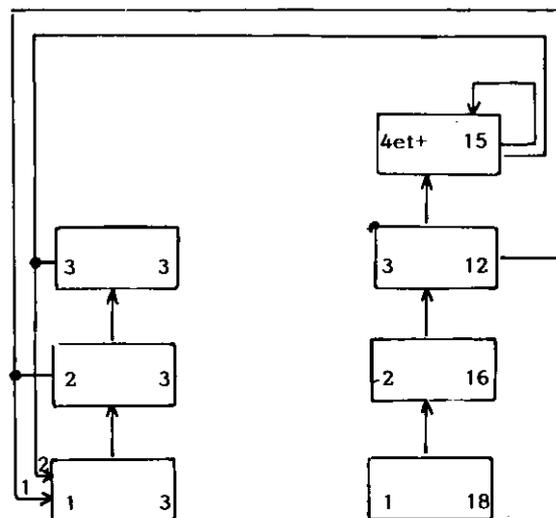


FIGURE 4

MODÉLISATION D'UNE PETITE POPULATION PORCINE : POPULATION PANMICTIQUE : DIMINUTION DU NOMBRE DE FEMELLES (LES AUTRES PARAMÈTRES SONT IDENTIQUES À CEUX DE LA FIG.1)

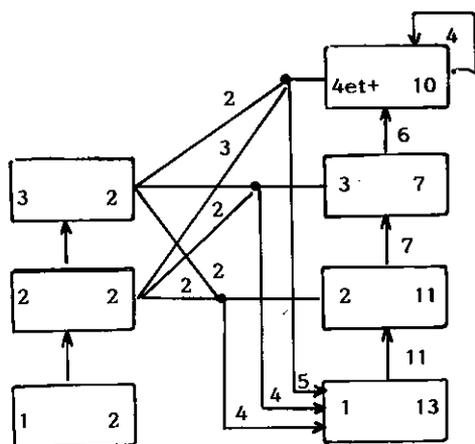
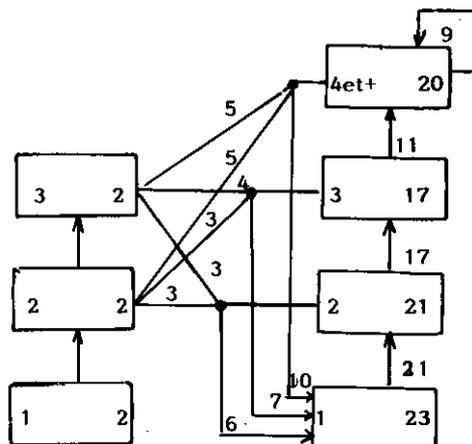


FIGURE 5

MODÉLISATION D'UNE PETITE POPULATION PORCINE : POPULATION PANMICTIQUE : AUGMENTATION DU NOMBRE DE FEMELLES (LES AUTRES PARAMÈTRES SONT IDENTIQUES À CEUX DE LA FIG.1).



Dans chaque cas, les autres paramètres sont ceux du cas de référence, et les animaux de départ sont par hypothèse non consanguins et non apparentés entre eux.

Les résultats contenus dans le tableau 1 montrent que sur une période de 20 ans, l'augmentation du coefficient de consanguinité moyen dans le cas de référence est relativement importante (11,4 %). Une variation du nombre de mâles a plus d'influence qu'une variation du nombre de femelles : 8,2 % et 10,5 % respectivement dans le cas d'une augmentation et 15,9 % et 14,5 % dans le cas d'une diminution. Même s'il ne faut pas négliger le nombre de truies, l'effort devra porter principalement sur le nombre de verrats.

TABLEAU 1

ÉVOLUTION DU COEFFICIENT DE CONSANGUINITÉ MOYEN ET DU % DE GÈNES INITIAUX ENCORE PRÉSENTS DANS UNE PETITE POPULATION PORCINE, EN FONCTION DU NOMBRE DE REPRODUCTEURS (CAS D'UNE POPULATION PANMICTIQUE)

Population panmictique	Coefficient de consanguinité moyen en % (% de gènes initiaux encore présents)	
	t = 10 années	t = 20 années
Cas de référence	4,7 (19,0)	11,4 (9,5)
Diminution du nombre de mâles	7,2 (15,5)	15,9 (8,1)
Augmentation du nombre de mâles	3,4 (22,4)	8,2 (12,6)
Diminution du nombre de femelles	6,0 (17,7)	14,5 (8,6)
Augmentation du nombre de femelles	4,4 (20,5)	10,5 (11,8)

Dans ce même tableau 1, nous abordons le problème d'une façon plus originale en calculant le pourcentage de gènes présents à l'instant initial en un locus qui sont toujours présents après 10 ou 20 ans. *Exemple* : Cas de référence avec 67 reproducteurs (6 mâles et 61 femelles). Ces animaux non consanguins et non apparentés, possèdent en un locus 132 gènes non identiques. Dix ans plus tard, il reste seulement 19 % de ces gènes (25 sur 132), les autres ont été « perdus » lors des tirages qui ont lieu entre 2 générations. La notion quelquefois abstraite, de diminution de la variabilité génétique est ici clairement illustrée : **en dix ans cette population a perdu 107 gènes !**. Relativement à ce critère, les divers cas se classent de la même façon que précédemment.

UNE POPULATION DIVISÉE EN GROUPES DE REPRODUCTION

Dans le cas de référence, la population se compose de 4 groupes de reproduction de 15 truies comprenant chacun 4 femelles d'un an, 4 femelles de 2 ans, 3 femelles de 3 ans et 4 femelles de 4 ans et plus ; soit 60 truies au total. Les cochettes de renouvellement gardées pour la reproduction restent dans le groupe de reproduction de leur mère. Un verrat est utilisé à l'âge de 2 ans et de 3 ans, avant d'être réformé ; il ne saillit jamais les femelles du groupe de reproduction dont il est issu ; à l'âge de 3 ans, il procréé un fils. A un instant donné nous avons 2 verrats d'un an, 2 verrats de 2 ans et 2 verrats de 3 ans. Les verrats saillissent chaque année les femelles d'un groupe de reproduction différent. Pour se rapprocher du cas de la race limousine, on suppose qu'il n'y a au départ que deux mâles, qui donnent naissance aux 6 verrats en service chaque année ; chaque mâle initial ayant 3 descendants. (Fig.6 « Cas de référence »).

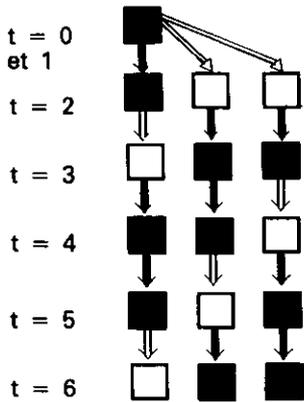
Nous envisageons alors plusieurs variantes de gestion génétique des mâles, la structure de la population femelle reste constante quant à elle.

a) - Un des 2 verrats initiaux est prélevé pour congélation de sa semence au temps $t = 2$ ans, ainsi qu'un fils du second verrat initial au temps $t = 4$ ans. 6 années plus tard, chaque verrat

FIGURE 6

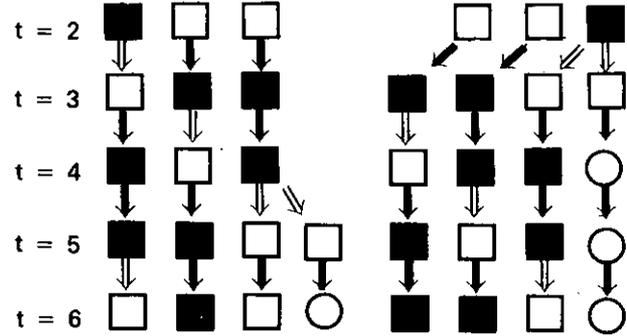
MÉTHODES D'UTILISATION ET DE RENOUELEMENT DES VERRATS DANS UNE POPULATION DIVISÉE EN 4 GROUPES DE REPRODUCTION.

« Cas de référence »



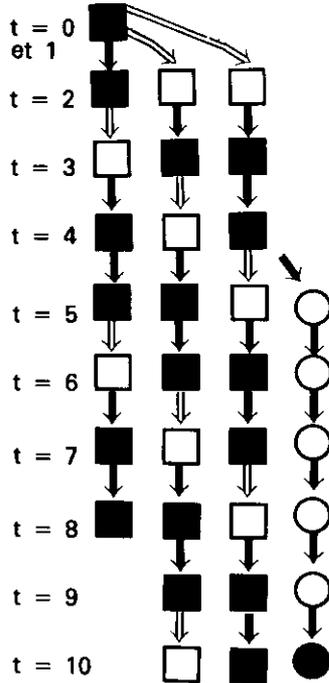
--- et ainsi de suite

« Congélation des fils »



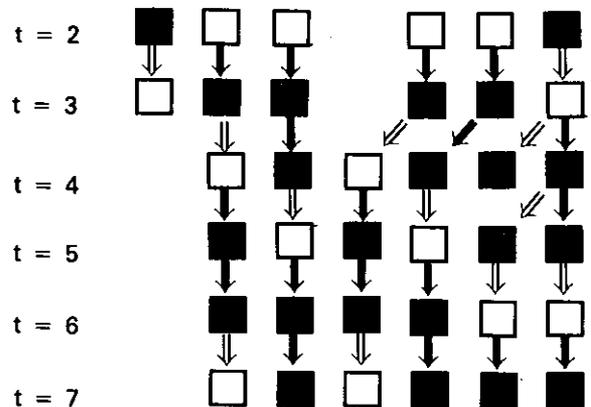
--- et ainsi de suite

« Congélation des pères »



--- et ainsi de suite

« Perte d'une lignée »

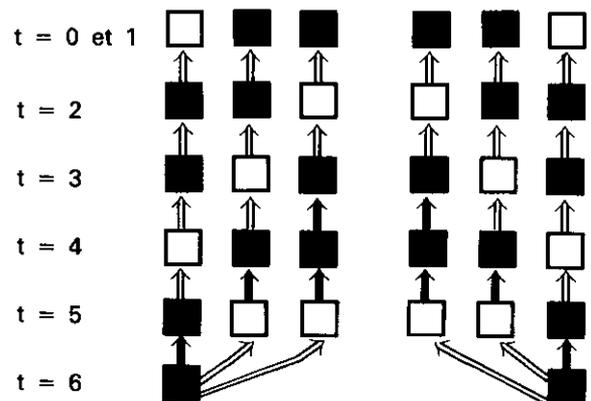


--- la suite est conforme au « cas de référence »

LÉGENDE

- Verrat adulte en service
- Jeune verrat non utilisé
- Transfert d'un verrat de l'année n à l'année n+1
- Un verrat est remplacé par un fils
- Verrat « congelé »
- Utilisation semence congelée

« Renouveau accéléré des mâles »



--- et ainsi de suite

rentre dans le circuit ; on prélève alors le père du mâle que le verrat d'IA a remplacé, pour congeler sa semence à son tour pendant 6 ans. (Fig.6.- « Congélation des pères »).

b) - Au lieu de congeler la semence d'un verrat, on congèle celle d'un de ses fils et on l'utilise comme précédemment. (Fig.6.-« Congélation des fils »).

c) - Scénario dans lequel le schéma régulier du cas de référence est émaillé d'incidents (Fig. 6. - Perte d'une lignée).

d) - Système de **renouvellement accéléré des mâles** ; difficilement applicable dans la pratique (maturité sexuelle des verrats ?) mais intéressant sur le plan théorique. (Fig.6. - « Renouvellement accéléré des mâles »).

Les résultats qui figurent au tableau 2 comparés à ceux du tableau n° 1 montrent que la population divisée en groupes de reproduction se comporte mieux que la population panmictique. Pour le cas de référence, le coefficient de consanguinité moyen est plus faible (8,05 % contre 11,4 % pour une période de 20 ans) et le pourcentage de gènes initiaux encore présents après 20 ans, plus élevé (12,9 % contre 9,5 %). Même si ces 2 populations ne sont pas en tout point comparables, on retiendra que la structuration en groupes de reproduction est intéressante.

L'utilisation de l'insémination artificielle avec du sperme congelé permet de réduire l'élévation du coefficient de consanguinité moyen de la population (7,08 % dans le cas « congélation des fils ») ou reste sans effet (8,03 % dans le cas « congélation des pères »).

Le cas « perte d'une lignée » a un comportement surprenant dans la mesure où après 10 ans le coefficient de consanguinité moyen est plus faible que dans le cas de référence (3,70 % contre 3,84 %) ; le pourcentage de gènes initiaux encore présents fourni un classement inversé au même moment (22,2 % contre 22,6 %). Au bout de 20 ans, les deux schémas donnent les mêmes résultats. Il semble donc que la perte d'une « lignée », événement défavorable à moyen terme, soit compensée à court terme par l'accélération du rythme de renouvellement des mâles utilisés pour compenser cette disparition. Une généralisation progressive de ce renouvellement accéléré des mâles (dernier scénario testé) donne d'ailleurs les meilleurs résultats : coefficient de consanguinité moyen de 7,29 % et 14 % des gènes initiaux encore présents après une période de 20 ans.

TABLEAU 2

ÉVOLUTION DU COEFFICIENT DE CONSANGUINITÉ MOYEN ET DU % DE GÈNES INITIAUX ENCORE PRÉSENTS DANS UNE PETITE POPULATION PORCINE, EN FONCTION DU NOMBRE DE REPRODUCTEURS (CAS D'UNE POPULATION DIVISÉE EN GROUPES DE REPRODUCTION)

Population divisée en groupes de reproduction	Coefficient de consanguinité moyen en % (% de gènes initiaux encore présents)	
	t = 10 années	t = 20 années
« Cas de référence »	3,84 (22,6)	8,05 (12,9)
« Congélation des pères »	4,16 (20,2)	8,03 (11,3)
« Congélation des fils »	3,80 (22,6)	7,08 (13,7)
« Perte d'une lignée »	3,70 (22,2)	8,06 (12,9)
« Renouvellement accéléré des mâles »	3,61 (22,2)	7,29 (14,0)

DISCUSSION ET CONCLUSION

Le programme de simulation de l'évolution du coefficient de consanguinité moyen d'une population a surtout été utilisé pour des populations de petits ruminants (CHEVALET et de ROCHAMBEAU, 1979). Le cas étudié maintenant, celui de la race porcine limousine présente trois différences remarquables :

- Le nombre élevé de descendants possibles par reproducteurs (une truie engendre 10 fils et 10 filles dans l'année) ;
- La petite taille de la population (quelques mâles et non plus quelques dizaines, quelques dizaines de femelles et non plus quelques centaines) ;
- Le recours possible à l'insémination artificielle avec du sperme congelé, ce qui permet d'envisager une utilisation différée des reproducteurs.

En plus de l'approche classique en terme de coefficient de consanguinité moyen, nous utilisons aussi ici une approche en terme de pourcentage de gènes initiaux encore présents après 10 ou 20 ans.

Ce concept nouveau, très parlant, souligne qu'avec un effectif aussi faible, la diminution de la variabilité génétique est très importante (entre 85 et 90 % des gènes initiaux disparaissent en 20 ans) alors que le coefficient de consanguinité moyen reste faible (entre 8 et 15 %).

Pour réduire cette perte de variabilité génétique, il n'existe qu'une solution : augmenter le plus rapidement possible le nombre de mâles ainsi que le nombre de femelles qui laissent des descendants chaque année.

Si nous raisonnons à taille de population constante, il est possible de rechercher un système d'accouplements panmictiques, c'est-à-dire d'accouplements effectués au hasard. Dans la pratique, la panmixie existe rarement car les rapports existant entre les verratiers et leurs clients éleveurs (j'amène toujours ma truie chez untel...) favorisent certains accouplements.

Dans ce contexte, la constitution de plusieurs groupes de reproduction évite d'avoir à contrôler individuellement chaque femelle et permet donc une gestion plus simple des accouplements. Pour les petits ruminants, le groupe de reproduction correspond au lot de lutte, ce qui simplifie le problème.

Dans le cas des porcins, peut-on définir un groupe de reproduction comme étant l'ensemble des truies constituant la clientèle d'un verratier et par conséquent saillies par le même verrat ? Nous supposons ainsi que chaque groupe a la même structure démographique, ce qui n'est plus vrai pour la clientèle d'un verratier.

Nous nous sommes limités à quelques scénarios simples, notre but étant de montrer l'intérêt de ce type d'approche prévisionnelle. Il faut maintenant en imaginer d'autres de façon à se rapprocher de la réalité de la race porcine limousine étudiée ou d'autres races porcines menacées de disparition.

Les programmes de simulation que nous avons utilisés sont très généraux et peuvent intéresser également un éleveur sélectionneur qui souhaiterait conduire son élevage sans introduction de reproducteurs étrangers.

BIBLIOGRAPHIE

- CHEVALET C., de ROCHAMBEAU H., 1979.- Rech. Ovine et Caprine 5, 282-292.
- de ROCHAMBEAU H., CHEVALET C., MALAFOSSE A., 1979.- Le contrôle de la consanguinité dans les petites populations. Bull. Tech. Dep. Génét. Anim., n° 31.