

**PREMIERE PARTIE : GESTION DE LA CONSANGUINITE  
DU MERINOS DE RAMBOUILLET**

[MCours.com](https://www.mycours.com)

## I. BASES BIBLIOGRAPHIQUES.

### A. Consanguinité et élevage de petites populations.

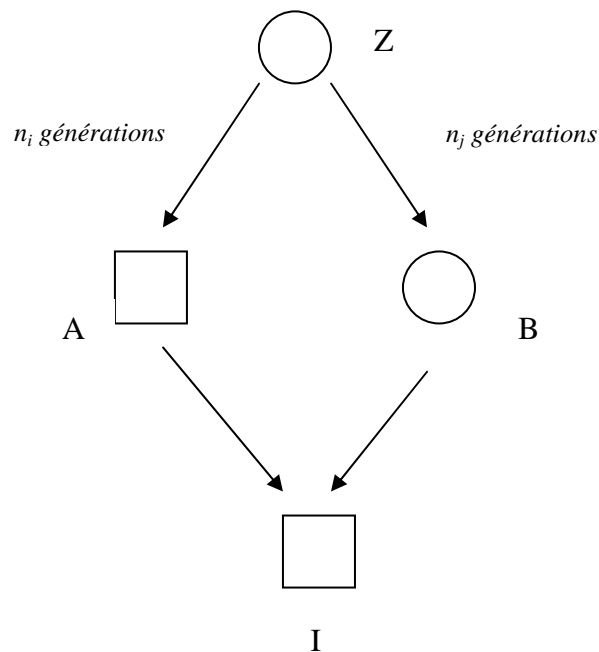
#### 1. Consanguinité et dérive génétique.

##### a. Définitions (d'après Verrier *et al.*, 2005, Bonnes *et al.*, 1991).

##### i. Consanguinité et parenté.

Prenons l'exemple des deux individus A et B de la figure suivante :

**Figure 1 : Schématisation de l'obtention d'un individu consanguin.**



On dit que les deux individus A et B sont **apparentés** car ils possèdent un ancêtre commun Z. L'individu I, produit de l'accouplement entre A et B, est **consanguin** car ses deux parents sont apparentés.

Génétiquement, la proximité de A et B s'estime par le **coefficient de parenté** : c'est la probabilité qu'un gène tiré au hasard chez A, soit identique par ascendance (c'est-à-dire qu'ils soient la copie mendélienne, sans mutation, d'un même gène ancêtre) à un exemplaire du même gène, tiré au hasard chez B.

Le **coefficient de consanguinité** de l'individu I est égal au coefficient de parenté entre ses parents A et B. C'est donc la probabilité que les deux exemplaires d'un gène tiré au hasard chez cet individu soient identiques par ascendance. Ceci est la définition donnée par le généticien Malecot en 1948, c'est lui qui a développé l'approche probabiliste qui est aujourd'hui retenue pour définir et calculer les coefficients de parenté et de consanguinité.

## ii. Dérive génétique

La notion de dérive génétique a été introduite par Wright en 1931. Dans une population à effectif limité, le passage d'une génération à l'autre constitue un échantillonnage de gènes. Les fréquences alléliques subissent une fluctuation aléatoire à chaque génération, c'est ce phénomène que l'on appelle dérive génétique.

A terme, cette dérive conduit à une réduction de la diversité génétique par élimination d'allèles, les individus deviennent progressivement homozygotes. Cette homogénéisation génétique se fait à une vitesse plus ou moins grande selon la taille et le sexe-ratio de la population considérée.

D'après Serre (1997), la dérive joue aussi un rôle dans l'histoire génétique des populations. En effet, parallèlement à la sélection naturelle, elle participe à la spéciation en réduisant la diversité intra population mais en augmentant la diversité inter populations.

## iii. Mutation.

La mutation est l'apparition d'un nouvel allèle chez un individu, conséquence d'une erreur de copie au cours de la duplication de l'ADN. C'est un phénomène peu fréquent qui est généralement négligeable à court terme. Cependant, à l'échelle d'une population et sur un temps long, les mutations jouent un rôle dans l'évolution en étant créatrices de nouveauté (Verrier et Rognon, 2004).

iv. Effectif génétique.

D'après Wright (1931), c'est la taille  $N$  d'une population idéale qui aurait la même augmentation de consanguinité entre deux générations successives que la population réelle.

Aussi appelée taille efficace, c'est un critère permettant de caractériser l'évolution de la variabilité génétique d'une population (Vu Tien Khang et de Rochambeau, 1995). A un instant  $t$ , la taille efficace d'une population réelle est celle qu'aurait une population théorique idéale à sexes confondus, présentant le même taux d'augmentation du coefficient moyen de consanguinité que la population réelle en question.

Dans le cas d'un troupeau où le choix des reproducteurs est totalement aléatoire, on a l'approximation suivante :

$1/N = (1/4Nm) + (1/4Nf)$ , avec  $Nm$  le nombre de mâles et  $Nf$  le nombre de femelles.

b. Signification génétique de la consanguinité, intérêt de son étude dans les petites populations.

Au sein d'une population d'effectif limité, la consanguinité augmente inéluctablement. En effet, au bout d'un moment, l'effectif des reproducteurs étant limité, l'union entre individus apparentés s'impose forcément, et la consanguinité des produits de ces accouplements se cumule au cours des générations.

Finalement, tous les individus finissent par être apparentés entre eux à des degrés divers.

Cette augmentation de consanguinité, associée au phénomène de dérive génétique, conduit à une augmentation de l'homozygotie en même temps qu'une réduction du polymorphisme, et donc de la variabilité génétique.

On peut montrer que le rythme d'élévation de la consanguinité est le même que celui de la diminution du taux d'hétérozygotes en un locus quelconque (Verrier *et al*, 2005). Dans le cas extrême, lorsque le coefficient de consanguinité est égal à 1, tous les individus sont homozygotes pour un même allèle pour chaque gène.

Si on part d'une situation initiale idéale où la consanguinité est nulle, on a :

$$H_t/H_0 = 1 - F_t = (1 - 1/2N_e)^t$$
, avec :

$H_0$ , taux d'hétérozygotie initial,

$H_t$ , taux d'hétérozygotie à la génération  $t$ ,

$F_t$ , coefficient de consanguinité à la génération  $t$ ,

$N_e$ , effectif génétique efficace de la population.

On voit grâce à cette formule, que plus l'effectif génétique est petit plus la consanguinité augmente vite, et plus le polymorphisme-donc la variabilité génétique-décroit rapidement. Ainsi, c'est plus la vitesse d'évolution du coefficient de consanguinité que son niveau atteint à un moment donné qui nous intéresse pour évaluer la perte de variabilité génétique dans une population au cours des générations.

c. Méthodes de calcul des coefficients de consanguinité.

i. Cas d'un seul ancêtre commun

Comme le coefficient de consanguinité d'un individu est égal au coefficient de parenté de ses parents, on passe classiquement par le calcul du coefficient de parenté, dont la formule suit (on se réfère à la figure 1 p.12) :

$$\Phi_{A,B} = F_I = (1/2)^{n_i + n_j + 1} \times (1 + F_Z), \text{ (Wright, 1931).}$$

Avec:

$\Phi_{A,B}$ , coefficient de parenté entre A et B.

$F_I$ , coefficient de consanguinité de l'individu I

$n_i$ , nombre de générations séparant A de Z

$n_j$ , nombre de générations séparant B de Z.

$F_Z$ , coefficient de consanguinité de l'ancêtre commun Z.

Remarquons que le coefficient de consanguinité dépend totalement de la connaissance que l'on a des pedigrees (par  $n_i$ ,  $n_j$  et  $F_Z$ ). Ainsi, une connaissance incomplète conduit à une sous estimation de la consanguinité.

Le tableau 1 présente quelques valeurs courantes du coefficient de consanguinité d'un individu selon le lien de parenté de ses parents :

**Tableau 1 : Exemples de valeurs du coefficient de consanguinité pour trois types d'accouplements consanguins proches.**

Lien de parenté entre les parents	Coefficient de consanguinité du produit
Aucun	0
Frère-sœur ou parent-enfant	25%
Cousins germains	12,5%
Demi frères-sœurs	6,25%

ii. Cas d'ancêtres communs multiples

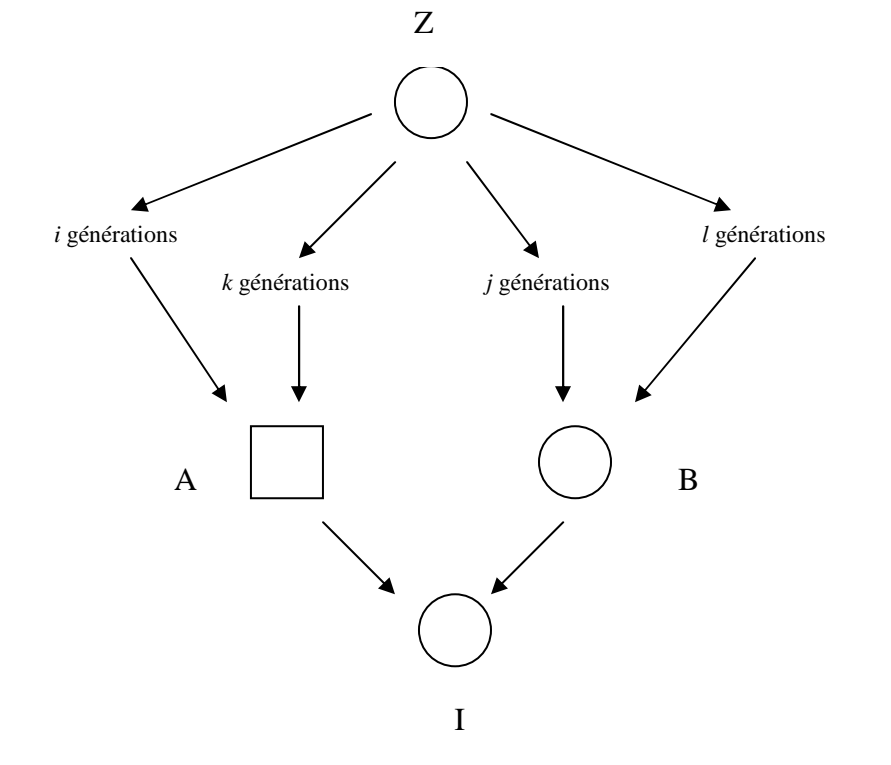
Dans ce cas, les coefficients de parenté relatifs à chacun des ancêtres communs s'additionnent pour donner la parenté totale du couple considéré, soit (en se référant à la figure 1 p.12) :

$$F_I = \sum [(1/2)^{n_i+n_j+1} \times (1+F_Z)]. \text{ (Wright et Mac Phee, 1925).}$$

Les relations de parenté entre individus ne sont pas toujours aussi simples que dans la figure 1. Quand l'ancêtre commun est éloigné, il peut exister différents chemins généalogiques reliant l'individu I et son ancêtre K. Ces chemins sont appelés **chaînes de parenté**, et sont illustrés dans la figure 2. Une chaîne de parenté est par définition un trajet qui part d'un des parents pour arriver à l'autre. Elle ne passe qu'une seule fois par un même individu et ne comporte qu'un seul changement de flèches au niveau de l'ancêtre commun (Bonnes *et al.*, 1991).

La figure 2 illustre la formule du calcul du coefficient de consanguinité de l'individu I par les chaînes de parenté, appelée aussi « méthode des chemins » (Rognon, 2004).

**Figure 2 : Schématisation de l'obtention d'un individu consanguin avec ancêtre commun éloigné (d'après Serre, 1997).**



Le coefficient de parenté entre les individus A et B s'obtient alors en sommant les coefficients de parenté calculés pour tous les chemins généalogiques qui sont indépendants entre eux, soit, d'après la formule citée précédemment :

$$\Phi_{AB}=F_I= [(1/2)^{i+j}+(1/2)^{i+l}+(1/2)^{k+j}+(1/2)^{k+l}] (1/2 + 1/2 \times F_Z)$$

Si cette méthode permet de calculer des coefficients de consanguinité individuels, elle convient peu à une application à grande échelle. Pour un traitement informatique des données d'une population, on utilisera donc la méthode qui suit.

iii. Calcul du coefficient de consanguinité par la méthode des doubles lignées d'ascendance, ou méthode tabulaire.

Cette méthode, rapportée pour la première fois par Roberston et Mason (1954), est celle qu'ont utilisée Prod'homme et Lauvergne (1993) et Roy (2000) pour le calcul du coefficient moyen de consanguinité du troupeau Mérinos de Rambouillet.

Le principe et l'application de cette méthode sont les suivants (d'après Rognon 2004).

Cette méthode se base sur l'idée que les deux gènes présents chez un individu I proviennent respectivement d'un tirage au sort parmi les deux gènes présents chez son père, et d'un tirage au sort parmi les deux gènes présents chez sa mère.

Sa réalisation est la suivante :

- Il faut d'abord constituer un fichier généalogique comprenant trois colonnes dans lesquelles on inscrit l'identité de l'individu, celle de son père, et celle de sa mère, et ce pour tous les individus du pedigree. On classe tous ses individus par âge décroissant.
- Pour le traitement informatique des données, chaque individu est désigné par un numéro, et les parents inconnus sont désignés par 0.
- On constitue ensuite une matrice de coefficients de parenté : c'est un tableau comprenant autant de lignes et de colonnes que d'individus enregistrés, que l'on remplit ligne par ligne avec les coefficients de parenté. Pour le coefficient de parenté d'un individu avec lui-même, il est égal à celui entre ses deux parents.

Cette méthode nécessite donc le calcul des coefficients de parenté entre tous les individus du pedigree, ce qui peut être fastidieux dans le cas des grandes populations. C'est pourquoi des algorithmes de calculs rapides ont été conçus (voir Meuwissen (1992), Quaas (1976) et Van Randen (1992) cités par Rognon (2004)).



iv. Relation entre l'effectif génétique et le coefficient de consanguinité d'une population.

Il existe une relation entre l'effectif génétique défini p.17 et le coefficient de consanguinité d'une population. Cette relation est donnée par la formule suivante (Vu Tien Khang, 1989, citée par Roy, 2000), où  $N_e$  est l'effectif génétique de la population,  $F_n$  la consanguinité à la génération n et  $F_{n-1}$  la consanguinité à la génération n-1 :

$$F_n = (1 - (1/2N_e)) \times F_{n-1} + (1/2N_e)$$

La relation entre l'évolution relative du coefficient de consanguinité F d'une population idéale et son effectif génétique  $N_e$  peut aussi s'exposer de la manière suivante (Boichard *et al.*, 1996) :

$$\Delta F / (1-F) = 1 / (2N_e)$$

d. Effets de la consanguinité sur différents caractères.

La consanguinité modifie la structure génétique d'une population en augmentant l'homozygotie (Bonnes *et al.* 1991). Les individus sont alors plus homogènes, et la variabilité génétique diminuée. En outre, si des mutations délétères récessives préexistaient, le nombre d'homozygotes pour ces mutations augmente ce qui se traduit par une augmentation de la fréquence des maladies. Ce sont les conséquences sur les caractères qualitatifs.

La consanguinité a aussi des répercussions sur les caractères quantitatifs ; ces effets, inévitables, constituent ce qu'on appelle la dépression de consanguinité.

i. Modalités d'évaluation des effets de la consanguinité chez les ovins.

De nombreuses études ont tenté de mettre en évidence la relation entre consanguinité et baisse de performance, à la fois pour les qualités d'élevage et pour les caractères de production. Cependant, les protocoles et méthodes de calcul varient considérablement d'une étude à l'autre. On distingue deux types de méthodes étudiant les effets de la consanguinité.

La première, la plus répandue, consiste en l'étude simultanée des performances et de l'évolution de la consanguinité d'un troupeau fermé, sur une période de temps donnée (Ghoneim et Mc Carty, 1967 ; Ragab et Asker, 1954 ; Mandal *et al.*, 2004, van Wyk *et al.*, 1993 ; Lamberson *et al.*, 1982).

La deuxième méthode compare les performances de races/groupes d'animaux consanguins avec d'autres groupes non consanguins. Ce peut être des races pures comparées avec des croisements (Wiener et Woolliams, 1975 et 1994), ou bien une comparaison des performances intra races de lignées plus ou moins consanguines (Ercanbrack et Knight, 1993 ; Erasmus *et al.*, 1991 ; Doney , 1966).

Parmi ces études, certaines prennent en compte soit la consanguinité des brebis (et/ou parfois des béliers), soit celle des agneaux, soit des deux. Ces consanguinités sont indépendantes et n'ont pas les mêmes effets selon le paramètre pris en compte. Par exemple, on peut étudier les effets de la consanguinité d'une brebis sur les performances de ses agneaux (leur poids à la naissance, au sevrage, etc.), ou les effets de la consanguinité des agneaux eux mêmes sur ces mêmes paramètres. Dans le premier cas, c'est la consanguinité d'un des parents (en général la mère) qui est prise en compte, et ses produits ne sont pas ou peu consanguins, dans le second cas c'est celle des agneaux ayant des parents apparentés.

Les résultats de ces études sont généralement donnés sous forme de coefficients de régression R d'un paramètre P pour une augmentation du taux de consanguinité F donnée (en général 1%). L'extrapolation des résultats exprimés ainsi suppose que la relation entre P et F soit toujours linéaire.

On pourra se référer à Lamberson et Thomas (1984) pour une revue bibliographique complète des effets de la consanguinité sur les caractères de production et de reproduction. Nous ne ferons donc apparaître que les références postérieures aux siennes, son article regroupant toutes les données disponibles sur le sujet à l'époque, soit 25 études différentes regroupant près de 25 000 animaux.

ii. Effets de la consanguinité sur les qualités d'élevage.

Les qualités d'élevage regroupent les paramètres suivants : fertilité, prolificité, valeur laitière (déduite du GMQ ou gain moyen quotidien 10-30j), survie des agneaux, poids à la naissance, poids à la mise à la reproduction, résistance aux maladies et apparitions de tares.

Une revue bibliographique de quelques uns de ces paramètres est donnée dans le tableau 2. Dans ce tableau, sont rapportés les chiffres issus d'une synthèse bibliographique effectuée en 1984 par Lamberson et Thomas, complétés par ceux d'études plus récentes. Pour ces dernières, seuls les résultats statistiquement significatifs ( $P < 0,05$  ou  $P < 0,01$ ) ont été pris en compte. Les effets observés sont donnés pour plus de clarté en coefficients de régression pour une augmentation du coefficient de consanguinité de 1%. Il est important de noter que, selon les auteurs, la dépression de consanguinité est évaluée par rapport à l'augmentation de F, soit chez les brebis, soit chez les agneaux.

- *Fertilité, prolificité.*

Si tous les auteurs s'accordent pour dire que la dépression consanguine affecte la fertilité, les chiffres publiés varient beaucoup : de -0,014% (Lamberson et Thomas, 1984) à -0,301% (Ercanbrack et Knight, 1991). Pour la prolificité, les résultats sont encore plus variables. En effet, Lamberson et Thomas (1984) concluent à une quasi absence de dépression de consanguinité sur ce critère, alors que d'autres auteurs observent une dépression qui peut aller jusqu'à -0,476% (Ercanbrack et Knight, 1991).

- *Poids à la naissance.*

Pour le poids des agneaux à la naissance, la dépression de consanguinité moyenne est de -0,007kg pour une augmentation de 1% de F chez les agneaux (Van Wyck *et al.*, 1993, 2006). Si on considère l'augmentation de F chez les brebis, la dépression tombe à -0,004kg pour 1% d'augmentation de F (Ercanbrack et Knight, 1991).

- *Survie des agneaux.*

D'après Lamberson et Thomas (1984), c'est le caractère le plus affecté, avec la fertilité, par une augmentation de consanguinité. Il rapporte une moyenne de 0,028 de baisse de la survie pour une augmentation de 1% du coefficient de consanguinité, avec une grande disparité selon les études : de 0,7 à 7,2% d'agneaux vivants en moins au sevrage.

Mandal *et al.*, (2004) rapportent également une baisse de survie à 15 jours et à un mois, respectivement de 0,31 et 0,36% d'agneaux vivants en moins.

- *Production laitière.*

Une étude en race Rambouillet, avec notation de la production laitière entre 0 (le moins bon) et 5 (le meilleur), montre une dépression consanguine de -0,015 point pour 1% d'augmentation de F (Ercanbrack et Knight, 1991).

- *Résistance aux maladies et apparition de tares.*

La résistance aux maladies ne peut être objectivée par la mesure d'un paramètre précis. L'apparition de tares peut quant à elle être observée avec plus de précision. Par exemple, Ragab et Asker (1954) rapportent des cas de cécité dans un troupeau de race *Ossimi*. La fréquence d'apparition de cette tare était de 0,07, soit 1,75% des animaux, et le coefficient de consanguinité moyen des animaux touchés s'élevait à 25,5%.

**Tableau 2 : Synthèse bibliographique des effets de la consanguinité sur les qualités d'élevage.**

Référence bibliographique	Race	Catégorie des animaux consanguins	Effectif	F moyen au cours de l'étude (%)	F maximal individuel en début d'étude (%)	F minimal individuel en fin d'étude (%)	Coefficient de régression pour + 1% de F
<b>Prolificité</b>							
Ercanbrack et Knight (1991)	Rambouillet	Agneaux Brebis	7014 6120	25,3 20,2	0,0 0,0	58,0 57,0	-0,292 ( $\pm 0,083$ )% * -0,385 ( $\pm 0,121$ )% **
	<i>Targhee</i>	Brebis	4800	15,2	0,0	47,0	-0,476 ( $\pm 0,147$ )% **
Lamberson et Thomas (1984) (a)	Diverses	Brebis et agneaux	-	-	-	-	NS
<b>Fertilité</b>							
Ercanbrack et Knight (1991)	Rambouillet	Brebis	6120	20,2	0,0	57,0	-0,230 ( $\pm 0,082$ )% *
	<i>Targhee</i>	Agneaux	5988	21,4	0,0	52,0	-0,301 ( $\pm 0,085$ )% **
Lamberson et Thomas (1984) (a)	Diverses	Brebis	-	-	-	-	-0,014% (NS)
<b>Poids à la naissance</b>							
Van Wyk <i>et al.</i> (1993)	<i>Elsenburg Dormer</i>	Agneaux	7782	20,5#	18,2#	26,3#	-0,008 kg **
Van Wyk <i>et al.</i> (2006)	<i>Elsenburg Dormer</i>	Agneaux	11721	22,0	21,0#	24,0#	-0,006 kg **
Ercanbrack et Knight (1991)	Rambouillet	Brebis	6120	20,2	0,0	57,0	-0,004 ( $\pm 0,001$ ) kg **
Lamberson et Thomas (1984) (a)	Diverses	Brebis Agneaux	3678 3678	4,1 4,1	- -	- -	-0,013kg (NS) -0,013kg (NS)
<b>Survie des agneaux</b>							
Mandal <i>et al.</i> (2004) (b)	<i>Muzaffarnagari</i>	Agneaux	4628	1,60	0,0	26,4	-0,31 ( $\pm 0,12$ ) % *
Mandal <i>et al.</i> (2004) (c)	<i>Muzaffarnagari</i>	Agneaux	4628	1,60	0,0	26,4	-0,36 ( $\pm 0,13$ ) % *
Lamberson et Thomas (1984) (a) (d)	Diverses	Agneaux	-	-	-	-	-0,028

\*\*p<0,01

\*p<0,05

(a) Synthèse bibliographique, (b) Survie à 15 jours, (c) Survie à 1 mois, (d) Survie au sevrage. # F minimal, maximal et moyen en fin d'étude.

### iii. Effets de la consanguinité sur les caractères de production.

Parmi les caractères de production, les études citées dans le tableau 3 prennent en compte les poids au sevrage et à l'âge adulte, ainsi que la production de laine au travers du poids de toison. Lorsque ce n'est pas précisé, les effets sont donnés en coefficients de régression, qui correspond à une baisse du critère pour une augmentation de 1% du coefficient de consanguinité.

- *Poids au sevrage.*

Le coefficient de régression moyen indiqué dans la synthèse de Lamberson et Thomas (1984) est de 0,111kg pour une augmentation de 1% du coefficient de consanguinité de l'individu, valeur proche de celles indiquées par les autres auteurs cités dans le tableau 3. Le coefficient de consanguinité de la brebis semble avoir un effet moindre (Ercanbrack et Knight, 1991).

- *Poids à l'âge adulte.*

Ercanbrack et Knight (1991) trouvent en races Rambouillet et Columbia des coefficients de régression de -0,168 ( $\pm 0,013$ ) et -0,129 ( $\pm 0,018$ ) respectivement pour le poids vif à l'âge adulte des brebis ( $p < 0,01$ ).

- *Production de laine.*

La synthèse de Lamberson et Thomas (1984) conclut à une baisse de respectivement 0,017 et 0,018kg pour les poids de toison avant et après lavage.

Pour le rendement de toison, il ne rapporte aucun effet statistiquement significatif. Il ne met pas non plus en évidence d'effet significativement différent de zéro de la consanguinité sur le diamètre, la longueur et la densité de mèche.

Ercanbrack et Knight (1991), sur trois races différentes, montrent un effet statistiquement significatif sur le poids de toison, avec une baisse variant de 0,017 à 0,009 kg selon les races.

Ils rapportent aussi un effet sur le numéro métrique (longueur de fil fabriqué avec 1kg de laine) en race Rambouillet (-0,002 sur une échelle variant de 1 à 9, avec  $p < 0,05$ ).

#### iv. Conclusion sur les effets de la consanguinité chez les ovins.

Finalement, on peut conclure, au vu des différentes études, que la consanguinité a bien un effet négatif sur les caractères de production et d'élevage. Lamberson et Thomas (1984) remarque également qu'une sélection pratiquée simultanément ne peut contrebalancer cette « dépression de consanguinité ».

A ce propos, Wiener *et al.* (1994) ont étudié les conséquences financières que pourrait avoir la dépression consanguine, ce qui donne une vision très concrète des effets indirects de la consanguinité.

Cette dépression évaluée par Lamberson et Thomas (1984) est plus importante sur les caractères à faible héritabilité, comme la fertilité ou la survie des agneaux, que pour ceux à héritabilité plus forte comme la croissance ou la production de laine. Ceci est en accord avec d'autres études, dont celle d'Erasmus *et al.* (1991) qui ne trouvent pas d'effet statistiquement significatif de la consanguinité sur la production de laine chez des Mérinos (avec F de 2% à la fin de leur expérimentation). De plus, cette dépression serait aussi plus forte pour une augmentation rapide de consanguinité que pour une augmentation progressive (Ercanbrack et Knight, 1993).

Enfin, la consanguinité à la fois des brebis et des agneaux a une influence. Une étude de Sheldon, Rendel et Finlay (1964) montre à ce sujet que la stabilité de développement d'un organisme vivant peut être affectée par l'homozygotie. La moindre fertilité des brebis consanguines résulterait donc à la fois d'un effet propre de la brebis et aussi d'un effet propre du zygote moins apte à se développer normalement.

**Tableau 3 : Synthèse bibliographique des effets de la consanguinité sur différents caractères de production.**

Référence bibliographique	Race	Catégorie des animaux consanguins	Effectif mesuré	F minimal individuel en début d'étude (%)	F maximal individuel en fin d'étude (%)	F moyen au cours de l'étude (%)	Coefficient de régression pour + 1% de F	
<i>Poids au sevrage</i>								
Van Wyk <i>et al.</i> (1993)	<i>Elsenburg Dormer</i>	Agneaux	7782	18,2#	26,3#	20,5#	-0,099 kg**	
Van Wyk <i>et al.</i> (2006)	<i>Elsenburg Dormer</i>	Agneaux	9205	21,0#	24,0#	22,0#	-0,093 kg**	
Ercanbrack et Knight (1991)	Rambouillet	Agneaux	7014	0,0	58,0	25,3	-0,114 (±0,013) kg**	
		Brebis	6120	0,0	57,0	20,2	-0,033 (±0,011) kg**	
Lamberson et Thomas (1984) (a)	<i>Targhee</i>	Agneaux	5988	0,0	52,0	21,4	-0,116 (±0,015) kg**	
	<i>Columbia</i>	Agneaux	3468	0,0	55,0	24,8	-0,087 (±0,01) kg**	
	Diverses	Agneaux	10183	-	-	16,0	-0,111 kg	
		Brebis	10183	-	-	16,0	-0,072 kg	
<i>Poids de toison(non lavée)</i>								
Ercanbrack et Knight (1991)	Rambouillet	Brebis	6120	0,0	57,0	20,2	-0,017 (±0,001) kg**	
		<i>Targhee</i>	Brebis	4800	0,0	47,0	15,2	-0,012 (±0,002) kg**
		<i>Columbia</i>	Brebis	2887	0,0	47,0	19,9	-0,009 (±0,003) kg**
Lamberson et Thomas (1984) (a)	Diverses	Agneaux	>6356	-	-	6,0	-0,017 kg	
		Brebis	>6356	-	-	6,0	+0,005 kg	



**Tableau 3 : Synthèse bibliographique des effets de la consanguinité sur différents caractères de production (suite).**

<i>Numéro métrique<sup>a</sup></i>							
Ercanbrack et Knight (1991)	Rambouillet	Brebis	6120	0,0	57,0	20,2	-0,002 (±0,001) *
<i>Production laitière<sup>b</sup></i>							
Ercanbrack et Knight (1991)	Rambouillet	Brebis	6120	0,0#	57,0#	20,2#	-0,015 (±0,002)**
	<i>Columbia</i>	Brebis	2887	0,0#	47,0#	19,9#	-0,009 (±0,004)*
<i>Poids à l'âge adulte</i>							
Ercanbrack et Knight (1991)	Rambouillet	Brebis	6120	0,0#	57,0#	20,2#	-0,168 (±0,013) kg**
	<i>Columbia</i>	Brebis	2887	0,0 #	47,0#	19,9#	-0,129 (±0,018) kg**

\*\*p<0,01

\*p<0,05

(a) synthèse bibliographique.

<sup>a</sup> évalué selon une échelle variant de 1 à 9, correspondant à 70 à 48s.

<sup>b</sup> évaluée selon une échelle variant de 0 à 5 : 0= nul, 1=pauvre, 2=moyen, 3=assez bon, 4=bon, 5= très bon à l'agnelage.

# F minimal, maximal et moyen en fin d'étude.

## 2. Méthodes d'évaluation de la variabilité génétique.

### a. Etude de la consanguinité ou de l'apparentement

Comme nous venons de le voir, le coefficient de consanguinité ou le coefficient de parenté constituent de bons paramètres d'évaluation de la variabilité génétique, celle-ci diminuant d'autant que ces coefficients augmentent. Ce type d'approche a été réalisé pour l'espèce bovine. Pour les races françaises, on peut citer les publications de Boichard *et al.* (1996), Moureaux *et al.* (2000) portant sur les races laitières, et celle de Danchin-Burge et Avon (2000) portant sur les races à très petits effectifs. La même approche a aussi été réalisée pour diverses races ovines françaises (Palhière *et al.*, 2000 ; Huby *et al.*, 2003).

### b. Etude de la probabilité d'origine des gènes. (d'après Verrier *et al.*, 2005 ; Boichard *et al.*, 1997).

A côté de l'étude de l'évolution de consanguinité, l'analyse des probabilités d'origine des gènes permet une autre approche d'étude de la variabilité génétique, moins sensible à une connaissance imparfaite des généalogies.

L'analyse des pedigrees permet de déduire pour un individu la probabilité pour qu'un gène pris au hasard en un locus neutre provienne de tel ou tel ancêtre. Par principe, ce gène a une probabilité de  $\frac{1}{2}$  de provenir du père et une probabilité de  $\frac{1}{2}$  de provenir de la mère, de  $\frac{1}{4}$  de provenir de chacun de ses grands-parents, etc.

A l'échelle d'une population, cela permet d'apprécier les provenances majeures des gènes, c'est-à-dire de déterminer les ancêtres qui ont le plus contribué au patrimoine génétique de cette population.

### i. Notion d'ancêtre fondateur et d'ancêtre efficace.

Par définition, un fondateur est un individu n'ayant pas de parents connus.

Au sein d'une population, les différents fondateurs sont à l'origine de tous les gènes actuels. Ils transmettent leurs gènes d'une manière inégale selon leur utilisation dans le schéma de reproduction. On peut ainsi calculer la probabilité pour qu'un gène pris au hasard dans la population provienne de tel ou tel fondateur.

La somme des probabilités pour chaque gène est égale à 1, et chacune de ces probabilités représente la contribution des différents fondateurs au patrimoine génétique de la population.

Ceci est particulièrement intéressant pour définir le nombre et l'identité des fondateurs qui ont réellement contribué au patrimoine génétique, que l'on appelle les fondateurs efficaces. Plus ce nombre est élevé, plus la diversité génétique originelle sera grande.

Ainsi, en réalité, les fondateurs ne participent pas tous de la même manière, c'est pourquoi on définit le nombre efficace de fondateurs. C'est un nombre théorique correspondant au nombre de fondateurs qui, s'ils contribuaient tous de la même manière, conduiraient à la même variabilité génétique qu'on a à ce jour.

Mathématiquement, ce nombre correspond à l'inverse de la probabilité pour que deux gènes choisis au hasard proviennent du même fondateur. Plus les contributions seront déséquilibrées, plus le nombre efficace de fondateurs sera faible.

Cette approche surestime le nombre de fondateurs efficaces si le pedigree contient de nombreux goulots d'étranglement, c'est pourquoi on introduit la notion d'ancêtre majeur.

## ii. Notion d'ancêtre majeur.

Cette notion permet de prendre en compte les goulots d'étranglement qu'une population a pu connaître, c'est-à-dire l'utilisation massive d'un reproducteur ayant engendré un grand nombre de descendants.

On peut, comme pour les fondateurs, calculer le nombre efficace d'ancêtres, qui est aussi un nombre théorique permettant de rendre compte du nombre d'individus ayant réellement contribué au patrimoine génétique de la population. A l'instar du nombre de fondateurs efficaces, c'est le nombre d'ancêtres qu'on aurait s'ils avaient tous contribué de la même manière à la variabilité génétique que l'on a actuellement dans la population étudiée.

A titre d'exemple, citons le nombre d'ancêtres majeurs pour la race Prim'Holstein. D'après Moureaux *et al.* (2000), pour un effectif de 2 141 000 individus, on avait seulement 33 ancêtres efficaces, dont 16 à l'origine de 50% du patrimoine génétique, ce sont les ancêtres majeurs. Ces résultats sont dus aux goulots d'étranglements consécutifs à l'utilisation préférentielle de certains taureaux en insémination artificielle.

Ceci illustre bien la notion d'ancêtre efficace, une population pouvant être grande sur le plan démographique mais petite sur le plan de la variabilité génétique.

Finalement, cette approche par l'étude de la probabilité d'origine des gènes est particulièrement intéressante lorsqu'il s'agit non pas d'effectuer une sélection génétique pour augmenter les performances, mais de préserver un pool de gènes donné comme c'est le cas dans les races à petits effectifs. Lors d'une gestion de la reproduction par familles, c'est la méthode de choix pour apprécier l'efficacité d'un programme de conservation.

Pour effectuer un bilan de la variabilité génétique comme nous le ferons pour le Mérinos de Rambouillet, cette méthode reste très utile mais tributaire de la connaissance des généalogies. Si elle prend en compte le taux de sélection (la probabilité d'être parent ou non), et la variation des tailles de familles, elle néglige la perte d'allèles d'une génération à l'autre, conséquence inéluctable de la dérive génétique.

Dans ce cas, il devient intéressant d'utiliser une méthode totalement indépendante de l'analyse des généalogies : les marqueurs moléculaires.

c. Etude de marqueurs moléculaires.

i. Définition du marqueur.

Un marqueur moléculaire d'un gène est un segment d'ADN proche de ce gène et dont la séquence des nucléotides peut varier d'un individu à l'autre (Boichard *et al*, 1998).

Cela peut être un gène, un minisatellite (fragment d'ADN constitué de répétitions de séquences de 10 à 30 nucléotides) ou un microsatellite (fragment d'ADN constitué de 10 à 20 répétitions du même mono-, di- ou trinuécléotide). Langlois (2006), dans son étude sur les chevaux, préconise l'étude de panels de SNP ou *single nucleotide polymorphism*, plus précis que les microsatellites car retrouvés toutes les 500 à 1000 paires de bases, contre 25 à 100 kilo-bases pour ces derniers. Cependant, en ovins, il n'existe pas à ce jour de puce SNP. On utilise donc des microsatellites.

ii. Application à l'étude et à la gestion de la variabilité génétique.

Parmi les nombreuses utilisations pratiques des marqueurs (contrôle de filiation, identification de lignées, exploitation des effets de l'hétérosis...), celle qui nous intéresse ici est leur utilisation pour le maintien de la variabilité génétique des petites populations en conservation.

En premier lieu, il s'agit d'établir un état des lieux de cette variabilité génétique grâce à l'étude de l'hétérozygotie de différents marqueurs bien choisis. Du choix des marqueurs dépend la représentativité de l'étude. Les marqueurs doivent être polymorphes (plus un marqueur possède d'allèles, meilleur il sera), mais aussi bien répartis dans le génome.

Pour chaque marqueur, on étudie le taux d'hétérozygotie ( $H$ ) dans la population. Ce taux (appelé aussi indice de diversité), est la probabilité que deux gènes pris au hasard représentent des allèles différents (Nei, 1987, cité par Verrier, 2005). Ensuite, on fait une moyenne pour tous les marqueurs, on obtient un taux moyen d'hétérozygotie.

A partir de  $H$ , on définit le nombre efficace d'allèles ( $A_e$ ) : c'est l'inverse de la probabilité que deux gènes pris au hasard représentent le même allèle. Ces paramètres s'expriment de la manière suivante (Crow et Kimura, 1970, cités par Verrier, 2005) :

$$H=1- \sum_i p_i^2 \quad \text{et} \quad A_e=1/\sum_i p_i^2=1/ (1-H)$$

Ceci nous donne une idée de l'impact qu'a eu la dérive génétique dans la population étudiée. De nombreuses études de variabilité génétique utilisent les marqueurs. C'est le cas par exemple dans les races ovines Mérinos (Diez-Tascon *et al.*, 2000), Muzzafarnagri (Arora et Bhatia, 2004), Lacaune (Palhière *et al.*, 2005), Baltique (Tapio *et al.*, 2005), Marocaines (Ouragh *et al.*, 2002) ; ou dans d'autres espèces, par exemple équine (De Assis *et al.*, 2006).

Lorsque ce bilan de la variabilité génétique a été établi grâce à l'étude de l'hétérozygotie, on peut utiliser les marqueurs pour essayer de limiter les effets de la dérive dans une petite population (Chevalet, 1992). On peut en effet les introduire dans un protocole de gestion en favorisant la reproduction des individus porteurs d'allèles rares, et de ceux dont le taux d'hétérozygotie est le plus élevé.

Finalement, les marqueurs sont aussi utiles pour étudier la variabilité génétique interpopulations, c'est-à-dire les distances entre différentes populations d'une même espèce, et intrapopulations, pour faire le bilan de la variabilité génétique dans une race par exemple.

### 3. Méthodes de gestion de la variabilité génétique des petites populations.

#### a. Les raisons de la conservation des races menacées.

Les méthodes de gestion que nous allons développer ont pour finalité la conservation de patrimoines génétiques menacés. Ces patrimoines sont ceux de races d'extension locale ou régionale, qui ont été plus ou moins abandonnées au profit d'autres races aux caractères zootechniques répondant davantage aux contraintes du marché actuel. Ce besoin de conservation des races domestiques en péril date des années 1970 en France (Bochet, 1993). Les races à faibles et très faibles effectifs doivent être conservées, et ce pour plusieurs raisons.

#### i. Justification économique.

Les races locales présentent pour la plupart des caractéristiques (rusticité, qualité de viande, etc.) qui leur sont propres, dues à leur patrimoine génétique original. Dans le cas d'une race menacée, ces caractères ne répondent pas ou plus aux grandes demandes actuelles du marché. Cependant, ils doivent être conservés au cas où celles-ci changeraient. D'après Audiot (1995), si cet aspect économique demeure absent des programmes de conservation, il ne faut jamais le perdre de vue car une nouvelle valorisation économique pourrait toujours apparaître dans le futur.

#### ii. Justification scientifique.

La justification scientifique de conservation des races est fondamentale. En effet, on considère du point de vue du biologiste que la race possède un patrimoine génétique unique au sein de la diversité d'une espèce. La protéger revient alors à conserver des combinaisons originales de gènes (Audiot, 1995). Cette notion est liée à la précédente, ces combinaisons génétiques pouvant toujours servir un objectif économique.

De plus, de la possibilité de variation génétique dépendent aussi la recherche et le développement scientifiques. Le maintien d'une variabilité génétique aussi large que possible peut toujours être utile pour d'éventuelles investigations scientifiques.

En effet, les chercheurs utilisent souvent une grande variété de races, souches ou lignées pour étudier par exemple les mécanismes qui sous-tendent la reproduction, la

croissance, la production de laine, les caractéristiques de carcasses, la résistance aux maladies, etc. (Ponzoni, 1997). La conservation d'un maximum de diversité est donc essentielle.

De la même manière, Avon (1983) affirme : « Il faut tout conserver car il n'est pas possible d'évaluer la valeur réelle d'une race qui est de toutes façons relative à l'époque considérée et qui dépend aussi de beaucoup des paramètres que l'on désire étudier à un moment donné. ».

### iii. Justification culturelle et historique.

Cette dernière justification revêt une importance toute particulière à nos yeux. Depuis le XVIII<sup>e</sup> siècle, on s'intéresse à la conservation du patrimoine à travers celle de monuments, sites, œuvres d'art, objets, etc., ce qui est tout à fait accepté par tous. Mais pour le vivant, cette dimension historique et culturelle au même titre qu'un monument ou une pièce de musée est moins évidente. Les races anciennes, animales ou végétales, demeurent pourtant des preuves vivantes de pratiques du passé. Elles sont les témoins de l'histoire culturelle des activités humaines (Audiot, 1995). Une race est en effet généralement liée à un terroir et donc à une culture qui lui est propre. Son intérêt est donc aussi justifié du point de vue ethnologique. De nos jours, on remarque un certain engouement du public pour les races rares, (végétales également, avec les « légumes d'antan »), qui correspond à un besoin de retrouver racines et identités locales dans un contexte de mondialisation toujours grandissante. Cette notion de patrimoine vivant est développée plus loin, c'est une vision très liée au rôle social de la conservation des races.

### iv. Justification sociale.

S'attacher à conserver une race est l'affaire de différents partenaires : éleveurs, administrateurs locaux, animateurs, zootechniciens, généticiens, etc. Cette activité est donc génératrice de liens sociaux entre personnes poursuivant le même objectif. Elle crée une émulation, génératrice de liens sociaux autour d'un même but qui s'inscrit dans une démarche de protection du territoire et de ses traditions, et peut donc ainsi contribuer à lutter contre l'isolement de certains éleveurs.

De plus, bon nombre de ces éleveurs appartiennent à une catégorie dite d'« éleveurs paysans » (Bochet, 1993, Audiot, 1995). Ces personnes, souvent âgées, ont besoin de cette activité d'élevage et, n'étant pas productivistes, leur activité ne peut être viable qu'en s'inscrivant dans une démarche de défense d'un terroir, d'un animal et d'un produit.

Leur savoir-faire traditionnel doit aussi être conservé, car il a une valeur patrimoniale et permet de protéger une certaine conception de l'agriculture, qui contrebalance un peu les effets de l'élevage intensif.

La conservation des races à faibles effectifs s'inscrit alors dans un système de revalorisation d'un terroir, d'un milieu, d'une société. Par exemple la race rustique Caussenarde des Garrigues, qui a peu à peu été réinsérée dans son milieu naturel, est le protagoniste d'une grande fête de la transhumance très populaire (Germain, 2000). Ceci contribue à maintenir une certaine reconnaissance sociale des bergers.

Finalement, Audiot (1995) résume cette idée avec une définition de la race comme étant « l'interprétation sociale d'une personnalité biologique au travers des usages et des pratiques ».

#### v. Justification écologique.

C'est un autre argument que l'on peut avancer dans la défense d'une population attachée à un certain milieu naturel. En effet, une race est indissociable du milieu qui l'a façonnée et a contribué à fixer ses caractéristiques. Il est donc logique de préserver les races dans leur environnement originel, car ce sont elles qui sont le plus adaptées à l'entretenir et à le mettre en valeur. Ceci suppose un système d'élevage extensif pur.

Les races ovines rustiques du Sud du Massif Central illustrent bien cette idée. Germain (2000) expose la situation de trois d'entre elles : la Caussenarde des Garrigues, la Raïole et la Rouge du Roussillon. L'élevage traditionnel, « entre Montagne Noire et Cévennes » qui était jadis omniprésent, a aujourd'hui très fortement diminué. Mais grâce à des programmes de sauvegarde de ces races menacées, qui s'inscrivent dans une logique d'agro pastoralisme et de valorisation plutôt que de conservatoire figé d'un patrimoine, leur élevage a pu être relancé. La région a pu ainsi revaloriser ses parcours et maintenir ses espaces ouverts.

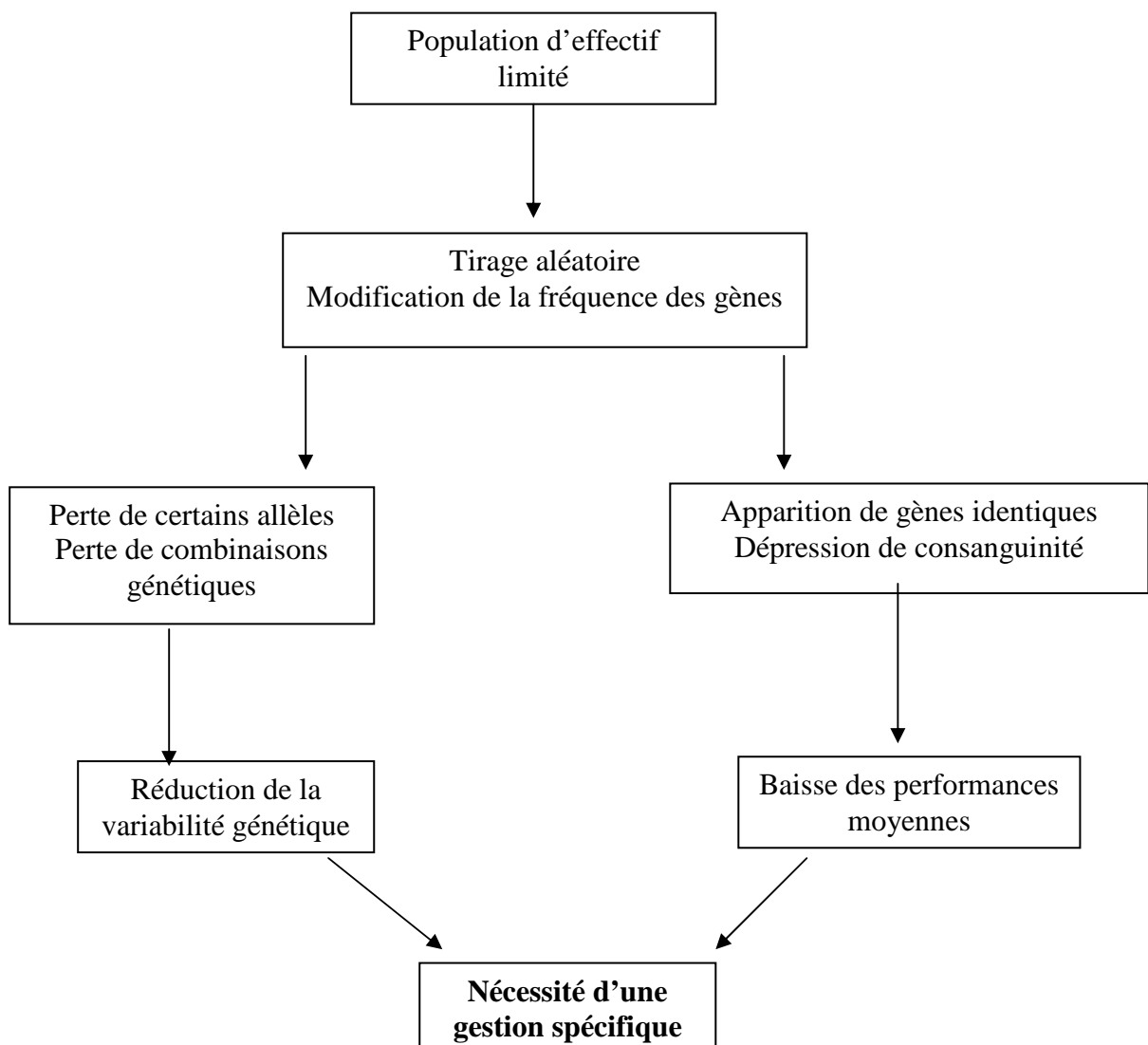


b. Grands principes d'une gestion raisonnée de la reproduction d'une petite population.

Dans le cas des races à faibles effectifs, l'objectif est la préservation de la variabilité génétique, sans volonté de sélection. On ne cherche pas à obtenir d'éventuels progrès zootechniques, mais bien à tenter de minimiser l'accroissement du coefficient de consanguinité.

La figure 3, tirée de Rochambeau (1983) résume les conséquences génétiques de la taille limitée d'une population desquelles découle la nécessité d'une gestion raisonnée.

**Figure 3 : Conséquences génétiques de la taille limitée d'une population (d'après Rochambeau, 1983).**



Pour gérer au mieux la spécificité génétique des petites populations, trois grands principes dans la gestion de la reproduction des animaux se dégagent (Vu Tien Khang et Rochambeau, 1995) :

- *Principe n°1* : Utiliser équitablement les reproducteurs, pour qu'ils contribuent de manière la plus égale possible au renouvellement. Cette règle est valable pour les mâles et les femelles, et permet de limiter efficacement la dérive génétique.
- *Principe n°2* : Utiliser un maximum de reproducteurs et les renouveler rapidement. Ceci permet de diffuser plus largement les gènes fondateurs des mères. Ces mesures, en ne privilégiant pas certains reproducteurs, permettent d'éviter les goulets d'étranglement dus à l'utilisation massive d'un reproducteur privilégié, ce qui est parfois le cas dans les grandes races en sélection, et l'inverse du but recherché ici.
- *Principe n°3* : Faire circuler les mâles reproducteurs entre les différents cheptels au sein de la race, afin de mélanger les gènes dans toute la population.

En pratique, ces principes s'appliquent plus à la population de reproducteurs mâles, car c'est eux qui diffusent leurs gènes de manière la plus large. Ceci donne donc trois mesures en matière d'utilisation des mâles (Verrier *et al.*, 2005) :

- Mettre le plus de mâles possible à la reproduction.
- Faire contribuer ces mâles de manière équitable aux plans d'accouplements.
- Les renouveler rapidement.

De ces règles générales découlent les différentes méthodes de gestion des races à faibles effectifs.

c. Les différentes méthodes utilisées et exemples.

Pour pouvoir être suivies par les éleveurs, ces méthodes ne doivent pas être trop compliquées à mettre en œuvre, et doivent prendre en compte les contraintes des élevages (zootechniques, économiques, etc.).

i. Gestion par familles.

Ce mode de gestion est une application directe des principes énumérés ci-dessus. Il constitue un moyen pratique de minimiser les coefficients moyens de consanguinité des petites populations, et peut être plus ou moins élaboré. On peut soit constituer des simples groupes de mâles, sans tenir compte des femelles, soit réaliser de véritables familles avec mâles et femelles. Rochambeau et Chevalet (1985), et Rochambeau (1983) ont étudié et décrit cette dernière méthode : il en ressort les contraintes suivantes.

- La population est divisée en groupes de reproduction ou familles, que l'on constitue en regroupant les animaux les plus apparentés entre eux. L'idéal étant bien entendu que ces groupes soient le plus nombreux possibles, au moins dix, témoignage d'une plus grande variabilité génétique.  
En pratique, on tient compte de la répartition des animaux dans différents élevages, et il ne faut pas oublier que ce type de gestion impose des contraintes aux éleveurs. En monte naturelle, les femelles d'un groupe sont présentes dans un seul élevage, alors que si on utilise l'insémination artificielle, elles peuvent être réparties dans plusieurs.
- L'utilisation des mâles reproducteurs est gérée de manière à ce qu'ils circulent entre les différents groupes, chaque mâle devant saillir successivement les femelles de toutes les autres familles que la sienne.
- Enfin, on utilise un maximum de mâles que l'on renouvelle le plus rapidement possible. Cette gestion des mâles est cruciale et pose parfois des difficultés pratiques de mise en œuvre. En effet, elle suppose l'établissement d'un programme de rotation de ceux-ci bien établi dans le temps, et des échanges

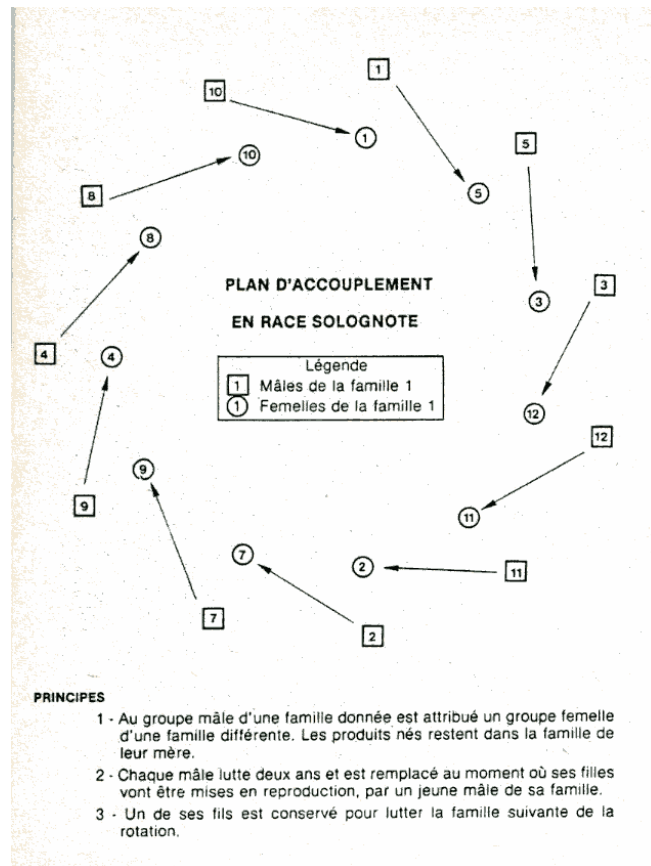
constants entre les élevages. Pour faciliter ces échanges, des haras de béliers ont été créés.

De nombreuses races sont gérées par ce type de programme, l'exemple de la race ovine Solognote (Verrier, 1992 ; Roussely et Cabé, 1982) en illustre bien le principe.

Cette race possède un programme de conservation depuis 1969, géré par un *Flock-book*. Elle est divisée en dix familles, constituées sur la base des coefficients de parenté. Les accouplements sont programmés suivant un schéma de rotation simple, chaque mâle luttant deux ans de suite et étant remplacé par un jeune mâle de sa famille au moment où ses filles vont être mises à la reproduction.

En théorie, ce schéma est satisfaisant, mais en pratique on rencontre des difficultés d'applications dues aux contraintes de terrain, plusieurs familles pouvant cohabiter dans un même élevage, et la motivation des éleveurs étant difficile à maintenir.

**Figure 4 : Plan d'accouplement en race Solognote (d'après Roussely et Cabé, 1982).**



## ii. Gestion par comparaison de l'ascendance.

Cette méthode s'appuie sur la connaissance des généalogies jusqu'à un certain degré. Elle est valable dans les populations à très petits effectifs car il faut comparer les généalogies des individus deux à deux. Concrètement, il s'agit d'attribuer un certain nombre de femelles à chaque mâle en comparant leurs généalogies. Ils sont compatibles s'ils n'ont pas d'ancêtres communs jusqu'à la génération choisie.

Cependant, éviter les accouplements à forte consanguinité ne suffit pas pour gérer une race sur le long terme.

L'exemple du Mérinos de Rambouillet dans le passé illustre bien cette manière de procéder, les accouplements étant choisis par comparaison des généalogies jusqu'à la quatrième génération. Des programmes informatiques comparant automatiquement les pedigrees existent, c'était le cas à la Bergerie Nationale jusqu'en 2005 (cf. infra).

## iii. Aide à la gestion par utilisation de la cryoconservation.

La cryoconservation concerne deux types de matériel génétique : le sperme et les embryons. La cryoconservation est une aide à la réalisation des programmes de gestion de la reproduction, elle est le plus souvent associée à un mode de gestion par familles. Pour les races à faibles effectifs, elle est intéressante à deux niveaux.

Tout d'abord, pour gérer l'utilisation des mâles reproducteurs. Grâce à la conservation de semence, leur matériel génétique est ainsi facilement mis à disposition par l'insémination artificielle et leur gestion s'en trouve facilitée. Prenons l'exemple de la race bovine Villars-de-Lans, dont la gestion se fait principalement à l'aide de l'insémination artificielle (Avon L. et Vu Tien Khang J., 1985). Pour cette race bovine à très petit effectif (environ 150 femelles à l'époque), la conservation génétique s'est basée sur la cryoconservation. Le principe étant de stocker la semence de tous les taureaux présents et ceux procréés avec des femelles peu apparentées, puis de la diffuser de façon échelonnée dans le temps, avec un renouvellement lent. La monte naturelle peut être toujours utilisée conjointement. Cette méthode de gestion présente les avantages d'être peu onéreuse, et de laisser une grande marge de manœuvre aux éleveurs.

Mais en ce qui concerne les ovins, elle est plus difficile à mettre en œuvre car la semence ne peut être congelée, et les centres d'insémination artificielle restent peu nombreux.

En second lieu, la cryoconservation d'embryons permet de garder les gènes au cas où une perte surviendrait. C'est une assurance sur le long terme et non pas un outil de gestion de la reproduction proprement dit (Danchin-Burge *et al.*, 2000). C'est ce qu'on appelle un outil de gestion *in-situ*. Actuellement, la cryobanque possède un stock ovin de 125 donneurs appartenant à 14 races différentes (Verrier, 2006).

iv. Cas particulier de la gestion d'une population en l'absence de données généalogiques (Rochambeau et Perrin, 2000).

Il nous a paru intéressant d'évoquer ce cas car on ne dispose pas forcément de données généalogiques exhaustives pour toutes les races. Le système de gestion est basé sur des groupes de reproduction, eux-mêmes fondés sur la base de cohortes d'animaux dans les élevages, une cohorte correspondant à un ensemble d'animaux de même sexe qui ont vécu au même moment un événement identique. Des indices de similarité sont calculés entre les mâles actifs et les femelles des différents élevages : c'est donc une méthode basée sur la probabilité d'origine des gènes appliquée aux élevages. Ceux-ci échangent des mâles de manière raisonnée, c'est le cas dans la race ovine rustique Bizet. A terme, cela permet de conserver la variabilité génétique (les trois principes de l'utilisation des mâles reproducteurs sont respectés), tout en laissant une certaine liberté aux éleveurs dans le choix des mâles pour pouvoir ainsi créer du progrès génétique.