

# La diversité génétique de la race Entre-Sambre-et-Meuse en Belgique : une approche multidimensionnelle

## The genetic diversity of the Entre-Sambre-et-Meuse breed in Belgium: a multidimensional approach

DUMASY J.F. (1,2), DANIAUX C. (1,2), MASSART S. (3), DONNAY I. (1), BARET P.V. (2)

(1) Unité des sciences vétérinaires, Institut des sciences de la vie, université catholique de Louvain - Croix du Sud 5 Bte 10 - 1348 Louvain-la-Neuve - Belgique

(2) Unité de génétique, faculté d'ingénierie biologique, agronomique et environnementale, université catholique de Louvain - Croix du Sud 2 Bte 14 - 1348 Louvain-la-Neuve - Belgique

(3) Ministère de la Région wallonne, Direction générale de l'agriculture, Direction de la qualité des produits

### INTRODUCTION

La race ovine Entre-Sambre-et-Meuse fait partie des quatre plus anciennes races ovines belges. Il s'agit d'un mouton viandeux de grand format avec une robe blanche et une tête tachetée de noir ou de gris. Cette race menacée, d'origine wallonne, présente un effectif réduit et est classée comme prioritaire dans la liste des races à conserver. Dans le cadre d'un projet de conservation *via* la constitution d'une cryobanque, nous l'avons caractérisée en combinant plusieurs approches : enquêtes de terrain, analyse moléculaire et caractérisation phénotypique. Le niveau de connaissance des généalogies était trop faible pour être inclus dans l'analyse. Cette approche multidimensionnelle a essentiellement pour but de choisir les individus donneurs pour la cryobanque.

### MATERIEL, METHODES ET RESULTATS

#### 1. ENQUETES DE TERRAIN

Tous les éleveurs ont été contactés et douze élevages sur dix-sept ont été visités. Un questionnaire soumis aux éleveurs a permis de déterminer les effectifs réels, les échanges d'animaux entre élevages et leurs perceptions sur les points faibles et points forts de la race. Les échantillons pour l'analyse moléculaire et les données phénotypiques ont été recueillis sur place. Au total, 604 individus ont été recensés contre 724 communiqués par les gestionnaires des livres généalogiques.

Les échanges d'animaux s'opèrent majoritairement au sein d'une même région (wallonne ou flamande). Un schéma des échanges entre éleveurs a pu être dressé sur la base de leurs déclarations.

#### 2. ANALYSE MOLECULAIRE DE LA DIVERSITE GENETIQUE

A partir d'échantillons sanguins, 91 individus ont été génotypés à l'aide de dix-huit marqueurs microsatellites. Dans chacun des douze élevages visités, tous les mâles et 30 à 50 % du cheptel femelle ont été échantillonnés.

Grâce à ces données, la structure de la population des individus Entre-Sambre-et-Meuse a été identifiée à l'aide du logiciel *Structure 2.2* (Pritchard *et al.*, 2000). Cette méthode permet d'identifier des groupes d'individus sur base de différences génétiques. Une analyse factorielle des correspondances a également été réalisée avec le logiciel *Genetix 4.05* (Belkhir *et al.*, 1996-2004). En outre, la structure identifiée a été comparée avec les résultats de l'analyse des échanges d'animaux entre éleveurs, obtenus grâce aux enquêtes de terrain.

Les conclusions de l'analyse avec le logiciel *Structure 2.2* ou *Genetix 4.05* sont similaires : la population se structure en deux sous-populations différentes selon l'origine wallonne ou flamande des individus. A l'intérieur de chacune de ces

sous-populations, des groupes différents d'individus peuvent être distingués. Au niveau de la sous-population wallonne, deux groupes sont cohérents avec les dires des éleveurs concernant les échanges d'animaux, ce qui n'est pas le cas pour les deux groupes constituant la sous-population flamande.

#### 3. ANALYSE DE LA DIVERSITE PHENOTYPIQUE

Lors des enquêtes de terrain, trois caractères ont été mesurés sur un total de 128 individus appartenant à douze élevages différents : la hauteur au garrot, la longueur et la profondeur de poitrine.

La caractérisation de la diversité phénotypique a été réalisée à l'aide d'une comparaison multiple des moyennes de la valeur des caractères, évaluées par élevage naisseur, pour 97 individus femelles (*SAS 9.1*, méthode de Scheffé, niveau de signification égal à 0,05). Les résultats ont été comparés à ceux obtenus à partir d'une analyse canonique discriminante (*SAS 9.1*, procédure *Proc Candisc*).

La comparaison multiple des moyennes a mis en évidence deux éleveurs ayant des animaux avec des mensurations significativement plus élevées que les animaux des autres éleveurs. A l'opposé, un exploitant dispose d'animaux montrant des valeurs de caractères significativement plus faibles. Les résultats de l'analyse discriminante coïncident partiellement avec ceux issus de l'analyse précédente.

La structure de la race établie sur base phénotypique est nettement distincte de celle établie sur base génotypique. Les différences phénotypiques observées entre les élevages seraient donc liées à des différences en terme de conduite d'élevage plutôt qu'à des différences génétiques.

#### CONCLUSION

La caractérisation de la diversité génétique permet d'une part d'établir des règles d'échantillonnage pour la constitution d'une cryobanque et, d'autre part, d'envisager une meilleure gestion génétique de la race. Une bonne concordance a été mise en évidence entre les enquêtes de terrain et les analyses moléculaires. La caractérisation de la race selon une approche multidimensionnelle permettra d'optimiser les programmes de conservation *in situ* et *ex situ*.

*Nous tenons à remercier les éleveurs et les associations d'élevage pour leur collaboration. Le projet de recherche est subventionné par le ministère de la Région wallonne.*

**Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N., Bonhomme F., 1996-2004. GENETIX 4.05**, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations  
**Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P., 2000. Genetics**, 155, 945