

L'analyse du génome dévoile l'histoire des races caprines sélectionnées en France

Note rédigée par C. Danchin (IDELE), en interprétation des travaux de Laure Denoyelle (UGA, CNRS / INRAE), sur une idée de thèse de François Pompanon (CNRS) et Gwenola Tosser-Klopp (INRAE). Graphiques et tableaux ont été réalisés par Laure Denoyelle.

Remerciements à Floriane Bou (éleveuse), Léopold Denonfoux (ADDCP), Audrey Lorient (éleveuse), Isabelle Palhière (INRAE) et Fanny Thuault (Association Chèvre des Pyrénées) pour leur relecture attentive.

Pour mieux comprendre l'histoire des races, leur évolution et leur diversité actuelle, nous pouvons aujourd'hui utiliser les informations provenant de l'analyse de la molécule support de l'hérédité, l'ADN. Sa constitution peut rappeler celle d'une échelle avec quatre barreaux possibles, A, T, C, G, les nucléotides, qui s'apparient face à face, avec un autre nucléotide. La technique dite de séquençage permet de lire tous les barreaux qui constituent cette molécule ; le résultat, appelé séquence, de chaque animal est ensuite comparé entre races et intra races.

Les questions que l'on cherche à résoudre ensuite suivent cette logique.

Analyse de de la diversité à l'intérieur d'une race : pour une position géographique donnée sur la molécule d'ADN, est-ce que tous les barreaux sont identiques d'un animal à l'autre (signe d'une race plutôt consanguine) ou bien est-ce qu'ils sont variables (race avec une grande variabilité génétique ?).

Analyse de de la diversité entre les races : est-ce que des sections entières de la molécule d'ADN sont communes entre les races ? Beaucoup de sections similaires seront la preuve d'une origine commune ou bien la trace de croisements, tandis que l'absence de génome commun prouvera qu'elles ont des origines éloignées.

Laure Denoyelle s'est penchée sur l'histoire et la diversité des races caprines sélectionnées en France pendant sa thèse, à partir de l'analyse de données complètes de génomes des races (les fameuses « séquences »). Ces travaux sont un approfondissement de ce qu'avait fait Claire Oget pour son mémoire de fin d'études¹ : de nouvelles races ont pu être ajoutées depuis (Créole, Lorraine, Rove, Savoie), une a été retirée faute de prélèvements suffisants (Corse). Le grain d'analyse est beaucoup plus fin : pour son mémoire, Claire Oget est partie de l'analyse d'environ 50 000 marqueurs simples (ou SNP = un nucléotide, les fameux A T C G), répartis sur tout le génome. Pour la thèse, ce sont directement les séquences (= l'intégralité du génome), qui sont analysées soit, après sélection des SNP les plus pertinents, environ 24 millions de SNP pour la chèvre.

Le

Tableau 1 récapitule les races étudiées, les codes qui seront utilisés dans les figures, le nombre de séquences analysées et les effectifs globaux des races. Les associations d'éleveurs ont donné leur

¹ Voir : <http://idele.fr/domaines-techniques/ameliorer-le-troupeau/genomique/publication/idelesolr/recommends/quelle-est-la-diversite-genetique-des-races-caprines-francaises.html>

accord pour utiliser des prélèvements sanguins échantillonnés dans différents programmes (dont CRB-Anim) et les séquences ont été financées grâce au projet VARGOATS².

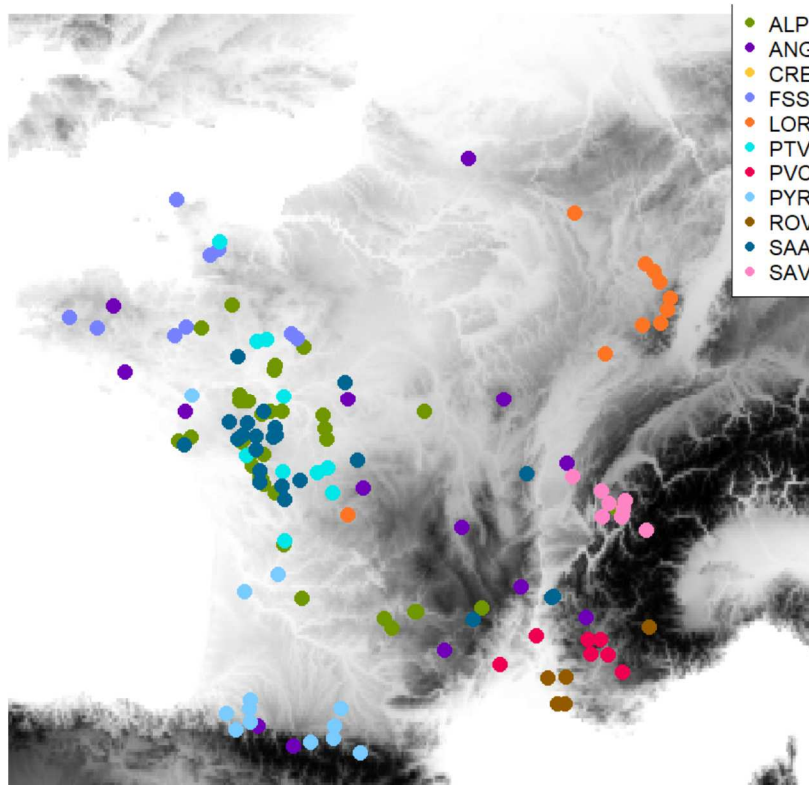
Tableau 1 : récapitulatif des races analysées

Races	Codes	Nbre de séquences	Effectifs totaux
Alpine	ALP	39	450 000
Angora	ANG	19	2 500
Créole	CRE	16	35 000
Fossés	FSS	15	690
Lorraine	LOR	13	600
Poitevine	PTV	12	3 000
Provençale	PVC	14	1 050
Pyrénées	PYR	15	3 025
Rove	ROV	11	9 000
Saanen	SAA	24	350 000
Savoie	SAV	15	1 000
Total		222	

Le séquençage d'un animal est beaucoup plus cher (d'un facteur mille) qu'un génotypage (= les 50 000 SNP), et le volume de données à analyser est aussi beaucoup plus important. C'est pour cela que le nombre d'animaux analysé est bien plus faible que dans l'étude de Claire Oget. Afin d'essayer d'avoir une image la plus variable possible des différentes races, les animaux séquencés avaient été génotypés au préalable et seuls les animaux les moins apparentés ont été conservés. Certains animaux croisés ont été conservés car leur génotypage n'avait pas encore été analysés sur ce paramètre au moment des échantillonnages, et ils paraissaient alors peu apparentés aux autres animaux : c'est normal, ils étaient tout simplement croisés... La Figure 1 représente la répartition des animaux en France métropolitaine.

Figure 1 : répartition géographique des animaux prélevés pour les données de séquence (hors Créole)

² <http://www.goatgenome.org/vargoats.html>



On ne peut pas considérer que cet échantillonnage est totalement représentatif de la variabilité génétique des races, puisque ont été conservés sciemment que des animaux peu apparentés. Or les analyses de variabilité génétique réalisées à partir des généalogies montrent bien que certaines origines sont beaucoup plus représentées que d'autres. Ce biais est à prendre en compte surtout pour l'analyse intra race. Par ailleurs dans certaines races il est possible que certaines souches originales n'aient pas été encore décelées, faute d'une couverture suffisante des premiers prélèvements réalisés (Créole, Rove, Savoie en particulier).

Diversité intra race

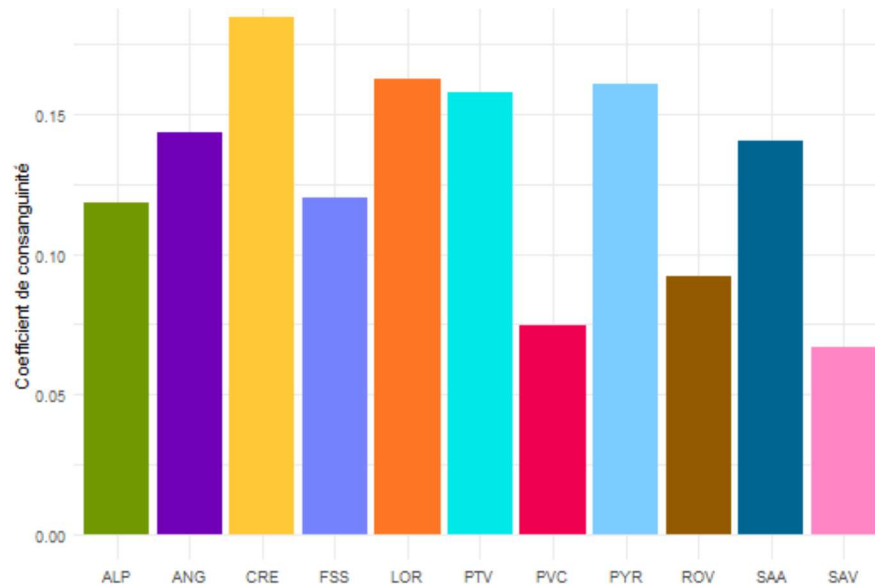
De nombreux travaux montrent que les races domestiques ont une variabilité génétique limitée. Plusieurs raisons à cela : pour les races à petits effectifs, c'est la taille de la population elle-même qui limite la diversité. Pour les races à effectifs plus confortables, l'intensité de sélection, et en particulier le choix de privilégier un nombre limité de reproducteurs mâles pour améliorer rapidement une race, est une cause majeure de perte de variabilité. Enfin, dans tous les cas, le nombre de fondateurs utilisés pour créer une race ou, pour les races à petits effectifs, le nombre d'animaux qui ont servi au démarrage des programmes de conservation, jouent également un rôle important. La diversité des origines de départ est également importante. Illustrons cela par un exemple : soit deux races avec des effectifs équivalents aujourd'hui, et qui sont reparties toutes les deux avec 20 reproducteurs au départ. Leur variabilité génétique peut être différente si pour l'une, les 20 reproducteurs étaient très apparentés, alors que pour l'autre les 20 reproducteurs étaient tous d'une origine différente.

Consanguinité globale

L'indicateur le plus connu pour estimer la variabilité génétique d'une race est la consanguinité. La Figure 2 représente le niveau de consanguinité des différentes races calculé à partir des données des animaux séquencés. Comme les animaux séquencés ont été choisis pour être les moins apparentés possibles, le résultat minimise sans doute la valeur réelle de la consanguinité de chaque race. Par

ailleurs les animaux séquencés ne sont pas contemporains des uns des autres, certains échantillons d'ADN analysés ayant plus de 20 ans. Enfin, derrière le terme de consanguinité se cache en réalité une très grande variété de méthodes de calculs qui ne sont parfois pas comparables entre elles. Pour toutes ces raisons, le plus important à retenir dans ce graphe est le **classement** des races les unes par rapport aux autres plutôt que les valeurs trouvées.

Figure 2 : Niveau de consanguinité moléculaire des races caprines à sélection française



Avec la méthode utilisée, les valeurs de consanguinité évoluent d'une valeur de 0 (= pas de consanguinité) à 1.

Quelques tendances peuvent être retenues :

- Quatre races ont des valeurs supérieures à 0,15 en moyenne : Créole, Lorraine, Pyrénées et Poitevine.

Pour la Créole, l'intégralité des animaux proviennent du troupeau de l'unité expérimentale ; un effet fondateur fort peut être suspecté. Par ailleurs, la Créole étant une race insulaire, il existe un autre effet fondateur : les animaux actuels sont tous les descendants d'un petit nombre de chèvres importées sur l'île par les colons, probablement d'origine Africaine et/ou Hispanique.

Pour la Lorraine, l'effet fondateur n'est pas surprenant : la race a été sauvée dans les années 1970 par le travail d'un passionné qui a regroupé les derniers animaux avec un phénotype « Lorrain » dans un seul troupeau.

Pour la Poitevine, plusieurs événements ont réduit de façon drastique les effectifs de la race : la fièvre aphteuse dans les années 1920, puis le redémarrage de la race dans les années 1980 avec moins de 600 animaux, sans doute déjà fortement apparentés. Le fait que cette race soit une des rares, pour les chèvres françaises, à être standardisée pour la couleur a joué probablement défavorablement sur sa variabilité génétique.

Pour la Pyrénées, le faible niveau de diversité génétique était déjà avéré dès les premiers travaux réalisés dans les années 2000 avec des marqueurs microsatellites. Une hypothèse initiale était que chaque rameau était élevé dans une vallée sans beaucoup d'échanges extérieurs, aboutissant à des niveaux élevés de consanguinité. Si les origines sont très déconnectées d'une vallée à l'autre, quand on croise ces deux animaux consanguins, le produit ne l'est pas. Le calcul de l'apparentement (à partir

de marqueurs plus simples, les génotypages) des animaux montre que les animaux représentent des origines assez distinctes des unes des autres. En regardant de plus près les analyses, on voit aussi que cette moyenne est biaisée par la valeur très élevée de quelques animaux.

- Quatre races ont des valeurs comprises entre 0,10 et 0,15 : l'Angora, la Saanen, la Fossés et l'Alpine.

La Saanen, avec à la fois une base de sélection plus faible au démarrage du programme et des effectifs plus réduits que l'Alpine, apparaît plus consanguine que sa cousine chamoisée. Pour les deux races en sélection laitière, l'intensité de sélection est la raison de cette variabilité réduite par rapport aux effectifs raciaux.

L'Angora combine effectifs fondateurs réduits (tous les animaux sélectionnés en France proviennent de l'importation de quelques troupeaux dans les années 1980) et pression de sélection (pour améliorer la toison) dans une race avec des effectifs limités. Néanmoins les résultats sont finalement meilleurs que ce à quoi on pouvait s'attendre. Certes, le nombre d'animaux au départ du programme était réduit, et les origines américaines (Etats-Unis et Canada) prépondérantes, mais ont été importées également des souches Australiennes, Néo-Zélandaises et même Sud-Africaines qui ont permis de diversifier fortement le pool génétique de départ.

Le niveau de consanguinité assez élevé de la chèvre des Fossés est plus le résultat de pratiques d'éleveurs que le reflet de la diversité génétique de la population. En effet malgré des effectifs limités, les animaux fondateurs représentaient des origines très diversifiées comme on le verra plus loin avec la Figure 5.

- Trois races ont des valeurs inférieures à 0,10 : Rove, Provençale, Savoie

La chèvre du Rove, bien que répartie d'un nombre très faible d'animaux suite aux abattages massifs des troupeaux pour juguler la propagation de la brucellose, affiche une bonne variabilité. Ces résultats sont doublement surprenants car cette race est bien standardisée sur la morphologie (cornage en particulier) et a été proche d'être standardisée pour seulement deux couleurs au début des années 1990 (le rouge et le noir), or les pratiques de standardisation sont connues pour se faire au détriment de la variabilité génétique (cf. Poitevine). Cela ne semble pas avoir été le cas pour cette race, la forte croissance de ses effectifs depuis les années 2000 ayant probablement permis de maintenir une situation saine, ainsi que le large pool de gènes dont la race semble être originaire, comme la Provençale (voir plus tard).

La Provençale confirme ce que l'on avait vu avec les analyses sur génotypages, à savoir une base génétique très large, et cette diversité ce n'est pas due à des croisements avec d'autres races puisqu'il n'y a pas de trace de croisements (voir plus tard). La diversité de cette race reste encore à comprendre. Les comparaisons réalisées dans d'autres études avec des races européennes, dont italiennes, ne montrent pas non plus de croisement exogènes.

Pour la chèvre des Savoie, la différenciation avec l'Alpine est en cours. Rappelons que les deux races sont issues au départ des mêmes animaux, mais les deux rameaux ont été sélectionnés de façon divergente ces 40 dernières années, avec un programme de sélection laitier avec une base très importante d'animaux, en Alpine, et une sélection intra troupeau dans quelques élevages en Savoie. Des éleveurs persistent à croiser avec des animaux Alpains ce qui explique cette large base génétique : les animaux croisés de premières générations ont toujours une grande variabilité. Certains éleveurs du début du programme ont dit avoir recours à des animaux de race « British », il serait intéressant d'avoir

accès à des données moléculaires de cette race pour savoir si elle a réellement servi de base ou si les éleveurs ont confondu phénotype (aspect de l'animal) et génétique (animal de la race British).

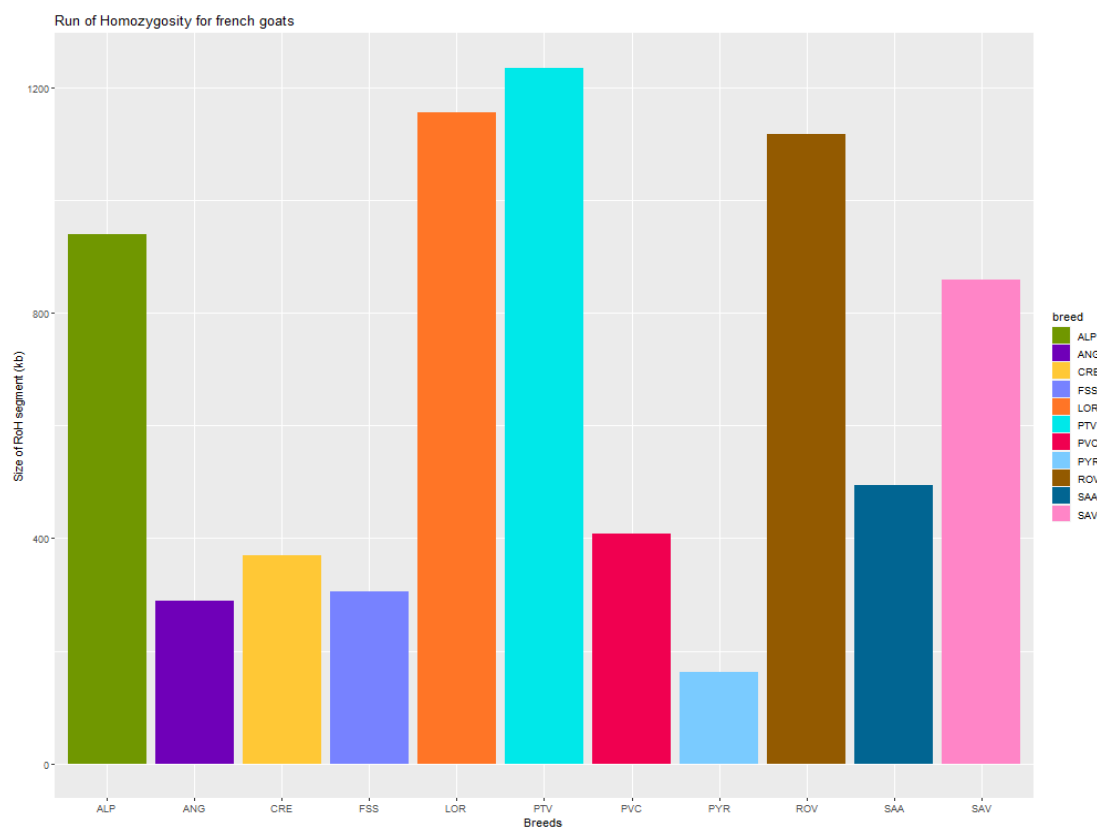
Le classement entre races est légèrement modifié par rapport aux données que l'on obtient à partir des généalogies (pour les races qui en disposent) ; en particulier la Poitevine et la Pyrénées ont des valeurs plus élevées que ce que l'on obtient à partir des généalogies. Il faut néanmoins rappeler que les données ne sont pas tout à fait comparables puisque l'analyse des généalogies prend en compte la quasi-totalité des femelles pour une génération donnée (contre quelques animaux, des deux sexes, sur plusieurs générations avec le travail pour séquence). Par ailleurs, en chèvre des Pyrénées la remontée des généalogies reste encore limitée, et en Poitevine, l'arrivée chaque année de troupeaux sans information généalogique induit un biais important, qui est d'ailleurs rappelé régulièrement aux éleveurs. En revanche pour les autres races, le classement est proche de ce qui est obtenu à partir des généalogies. Par ailleurs, intra-race, le niveau de consanguinité calculé pour chaque animal respecte relativement bien le classement obtenu à partir des généalogies, ce qui montre tout l'intérêt du travail réalisé par les associations de races et l'Institut de l'Elevage.

Consanguinité proche

Quand une race est consanguine parce qu'elle est répartie d'un petit nombre de fondateurs, la seule chose à faire est d'essayer de conserver cette diversité limitée en gérant au mieux les accouplements pour limiter le niveau de consanguinité du produit à naître. Une autre solution, ultime, si la race montre des signes d'affaiblissement évidents (difficulté de reproduction entre autres), est de croiser avec une autre race, proche génétiquement, mais ce genre de problème n'est pas à l'ordre du jour dans les races analysées. Donc la seule chose à faire est de « conserver le trésor de guerre » et proscrire au maximum tous les accouplements qui génèrent de la consanguinité proche (c'est-à-dire des croisements entre proches apparentés : père/fille, frère/sœur, oncle/nièce, grand-père/petite-fille) qui arrivent facilement dans les troupeaux quand les éleveurs ne peuvent pas changer facilement leurs boucs. On proscrie l'utilisation de cette consanguinité car elle est génératrice d'apparitions d'anomalies génétiques. Certes, quand le hasard fait bien les choses, cela permet aussi d'homogénéiser les animaux sur un standard recherché par l'éleveur, mais dans nos races qui sont souvent très variables en réalité (cf. les analyses précédentes), la pratique de la consanguinité proche est malheureusement aussi le meilleur moyen de fixer des anomalies dans la population.

Un moyen de détecter la consanguinité proche est l'utilisation d'une approche qui s'appelle les Run of Homozygosity (acronyme ROH, pas très heureux en français). Le principe est le suivant : pour un niveau de consanguinité donné, on peut détecter comment se fait sa répartition sur le génome. Prenons l'exemple d'un animal considéré comme consanguin à 25%. Si c'est uniquement dû à de la consanguinité éloignée (cas d'une race à petits effectifs avec très peu de fondateurs au départ), le génome aura **beaucoup** de **petits** fragments qui sont homozygotes, répartis tout le long du génome. Si c'est dû à de la consanguinité proche (grands parents répétés par exemple), ce qu'on verra au niveau du génome sera un **petit** nombre de fragments identiques, mais qui seront très **longs** = ils proviennent directement de l'ancêtre commun, sans avoir été « cassés » par le phénomène de la méiose au moment de la création de l'embryon. C'est l'un des grands avantages de l'approche moléculaire car on peut faire la différence entre ces deux animaux : même s'ils ont tous les deux une consanguinité de 25%, avec la méthode des ROH on pourra détecter celui qui a une consanguinité plutôt « fondatrice » de celui qui a une consanguinité proche, plus gênante pour la survie de la race. La Figure 3 représente ces valeurs pour les races analysées.

Figure 3 : Moyenne des tailles des segments homozygotes (« Run Of Homozygosity » - ROH) par race



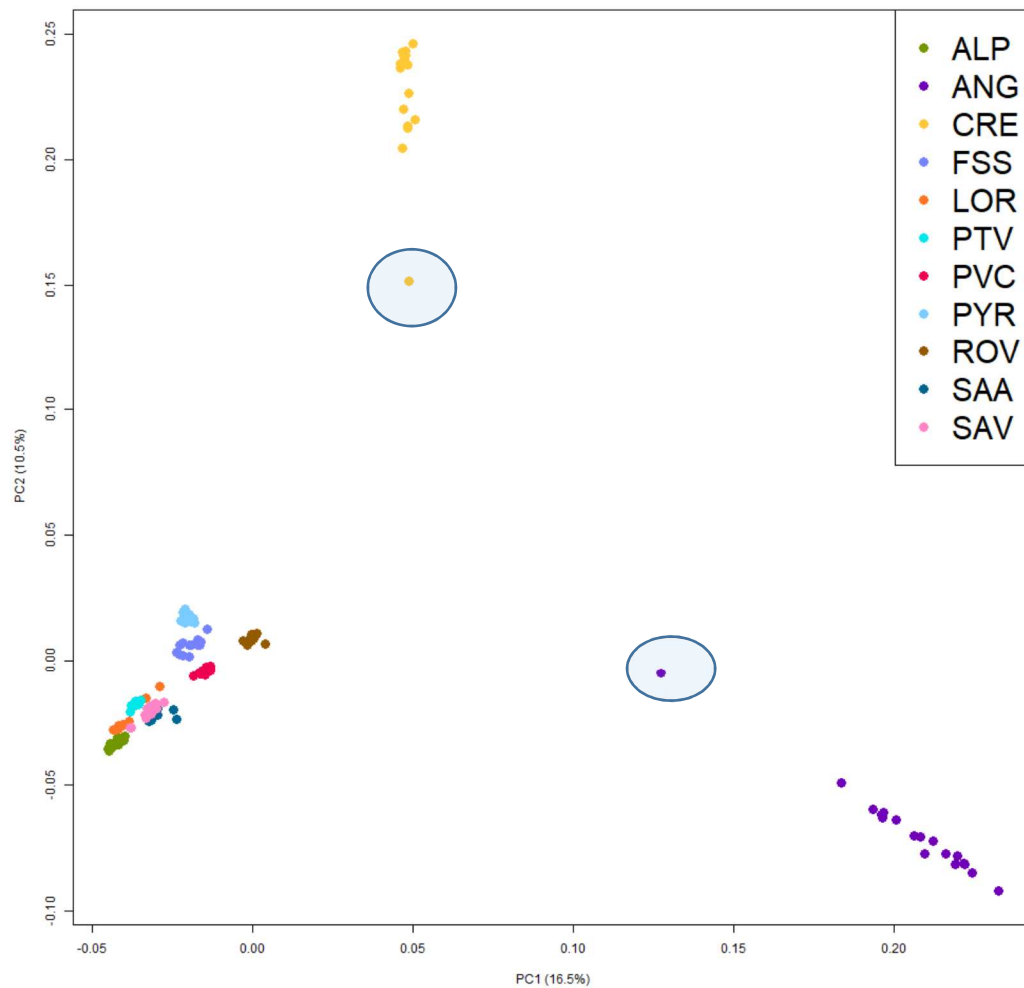
Cette analyse permet de voir que la Créole et la Pyrénées, qui étaient dans le groupe des races les plus consanguines, ont en fait une consanguinité ancienne. A l'inverse le niveau de consanguinité de la Poitevine et de la Lorraine est plus le fait de consanguinité proche. On retrouve aussi dans le groupe des races avec des niveaux plus élevés de consanguinité proche l'Alpine, la Rove et la Savoie. Le résultat des deux dernières races contraste avec les niveaux moyens de consanguinité faibles trouvés précédemment. On voit là le résultat de pratiques d'éleveurs (en Savoie, c'est peut-être dû au nombre limité de souches originelles, qui poussent à utiliser les mêmes ancêtres de façon rapprochée ; en Rove, il est possible que les éleveurs ne renouvellent pas assez fréquemment leurs boucs : il est conseillé de le faire tous les deux ans pour éviter que les pères ne saillissent leurs propres filles). C'est aussi une alerte pour ces deux races : certes, leur diversité est bonne, mais il faudra être attentif à que ces pratiques de croisement entre apparentements proches soient limités sinon cela pénalisera la race à moyen terme.

Diversité entre races

La seconde partie des analyses vise à élucider l'histoire des races et leur différenciation.

Les premières études réalisées consistent à voir si les animaux se regroupent bien par race : on utilise pour cela ce qui s'appelle l'Analyse en Composante Principale (ACP) dont l'avantage principal est une visualisation géographique des animaux. Chaque point représente un animal, et quand deux points ou groupes sont proches, cela signifie que leur génome est similaire ; à l'inverse des groupes éloignés veulent dire que les différences génétiques sont fortes. La Figure 4 et les suivantes permettent de voir si les animaux se regroupent bien en fonction de leur race d'attribution et permet de détecter des animaux croisés (cercle) : un en Angora et un en Créole.

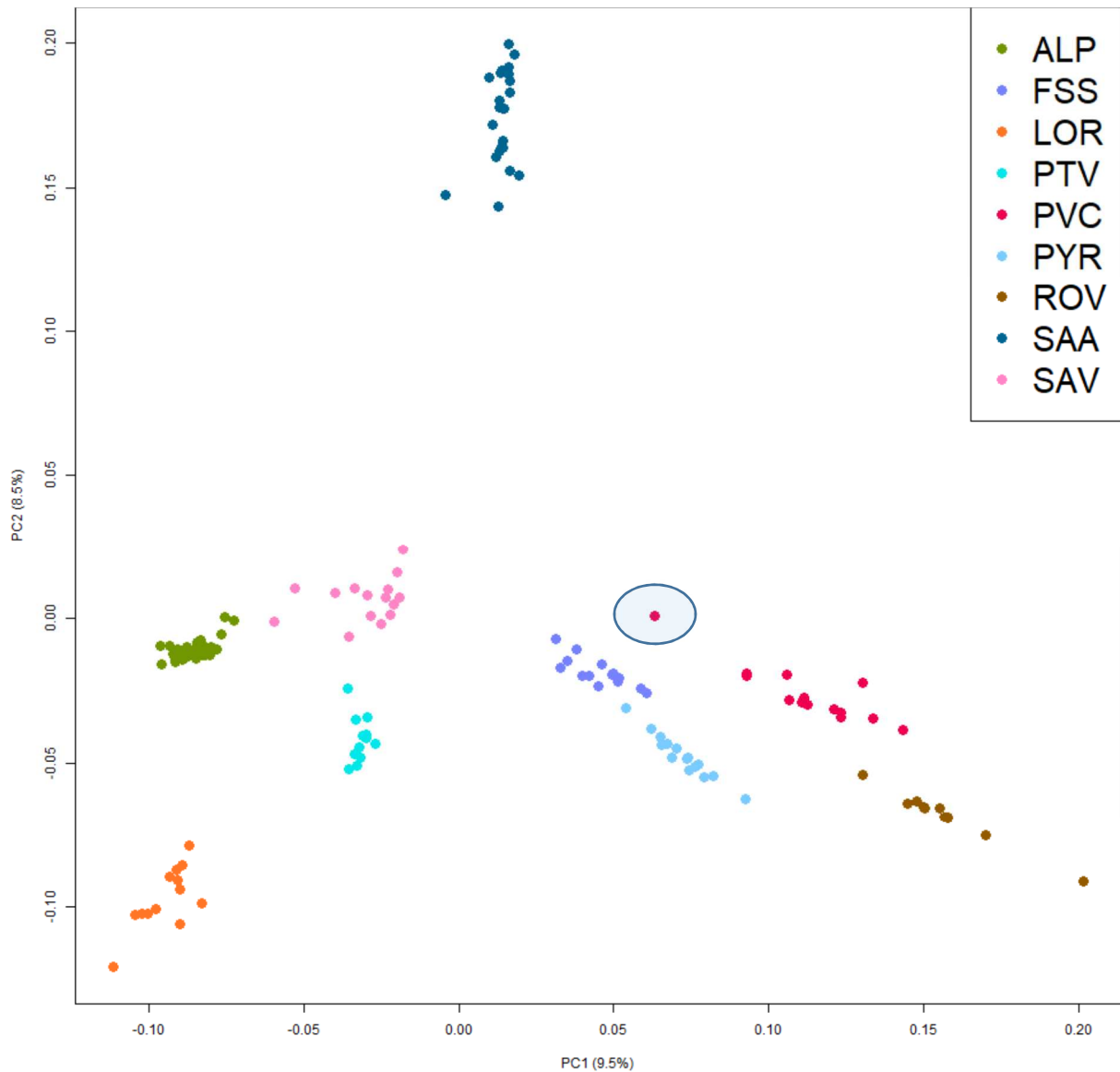
Figure 4 : regroupement des races en fonction de leur similarité génétique – toutes les races – détection d'animaux croisés



L'inconvénient de cette méthode est que lorsqu'une race est très différente des autres – comme ici l'Angora qui est d'origine Turque, et la Créole dont le stock génétique de départ est probablement africain – toutes les autres races se retrouvent groupées ensemble sans que l'on puisse bien les distinguer.

Dans un second temps, on a retiré des analyses ces deux races particulières afin d'avoir une vision plus claire de ce qui se passe pour les races métropolitaines (Figure 5). Pour toutes les races, les animaux analysés se regroupent bien par race en dehors d'une chèvre Angora, d'une Créole (animaux entourés Figure 4) et d'une Provençale (animal entouré Figure 5).

Figure 5 : regroupement des races métropolitaines en fonction de leur similarité génétique

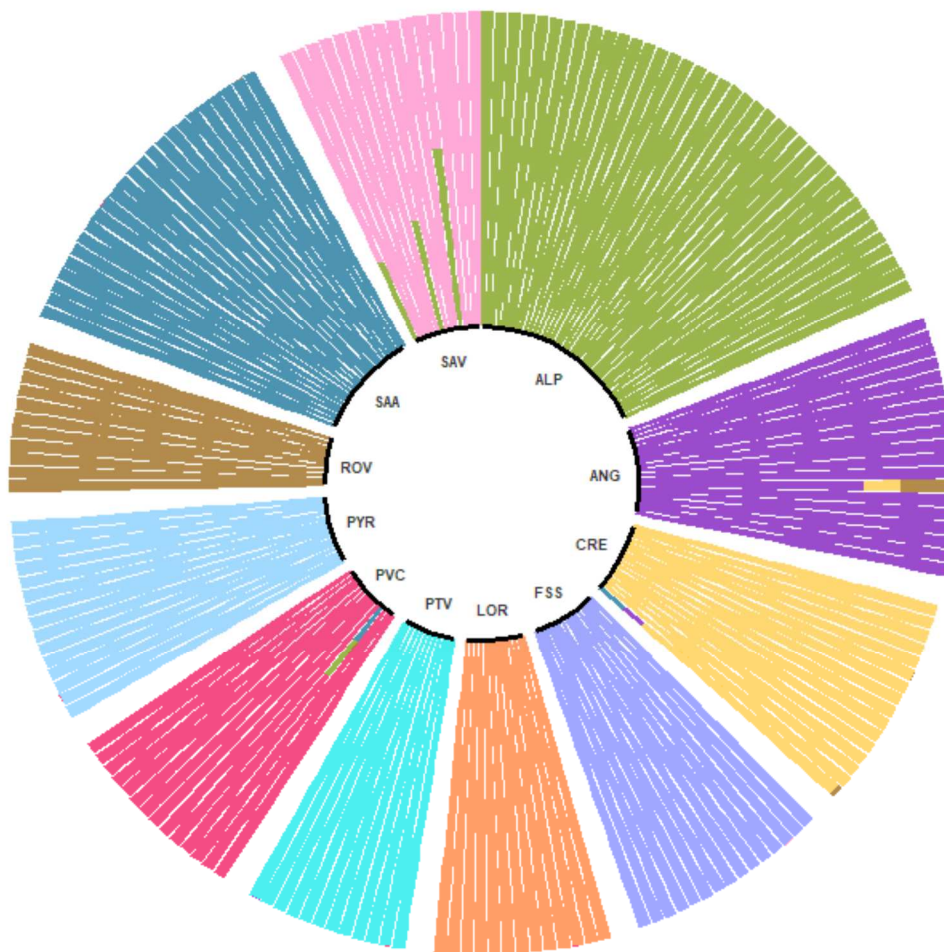


Dans la Figure 5, la Saanen est la race qui se situe le plus à part – peut-être en raison de l'origine Suisse de la race, et de son homogénéité (cf. niveau consanguinité), puis la Lorraine (le niveau de consanguinité est probablement aussi une explication), mais les axes ont des niveaux d'explication qui restent faibles (ce sont les pourcentages que l'on voit apparaître à côté de « PC », respectivement 9,5% et 8,5%) et il faut donc rester prudent dans les interprétations. On voit que la proximité de la Rove et de la Provençale n'est pas que géographique mais aussi moléculaire. Plus étonnant, mais déjà perçu dans les premières analyses de Claire Oget, la proximité entre chèvre des Pyrénées et la chèvre des Fossés. Nous y reviendrons plus tard. Enfin, bonne nouvelle pour la chèvre des Savoie, les animaux forment bien un groupe indépendant, même si proche de l'Alpine.

Une autre analyse réalisée avec le logiciel STRUCTURE permet de vérifier autrement que les animaux se regroupent bien par race ; dans cette approche le logiciel n'a aucune indication de l'appartenance raciale d'un animal, et va regrouper les animaux uniquement en fonction de la similarité de leur génome. Ce n'est qu'une fois que l'analyse est terminée que l'on vérifie si ces regroupements correspondent aux races. On constate dans la Figure 6 que tous les animaux se regroupent bien en fonction de leur race (1 barre = 1 animal), même si quelques traces de croisement sont visibles (barres multicolores : trois animaux Savoie avec l'Alpine, un animal Provençal avec de la Rove et de l'Alpine,

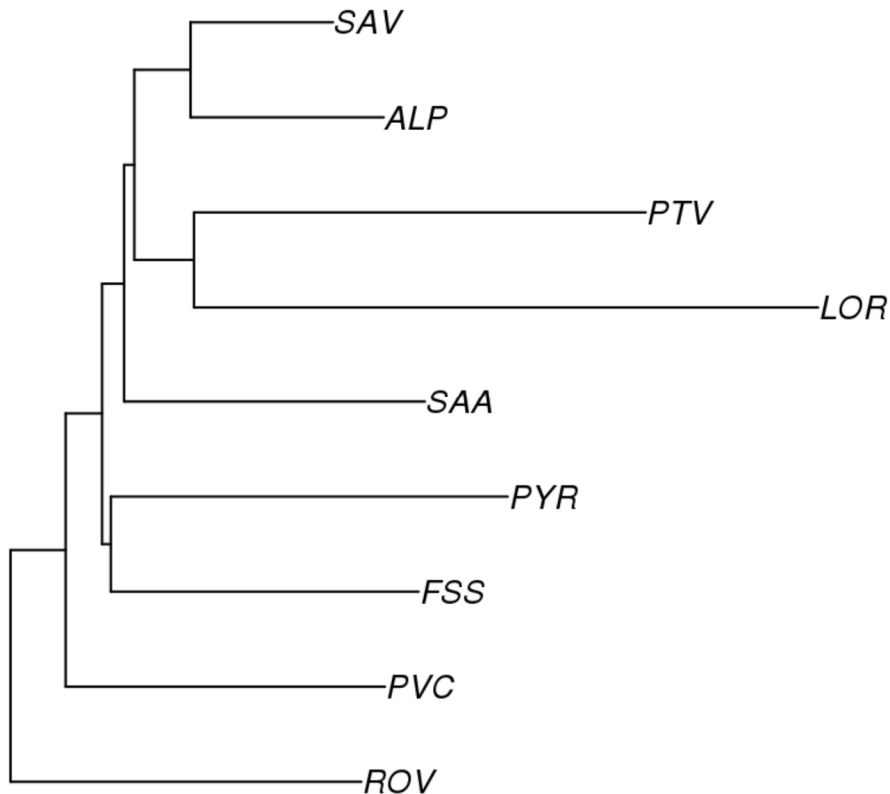
un animal croisé en Angora et l'autre en Créole). A noter que pour les deux races non métropolitaines, les parties du génome exogènes ne sont pas, respectivement, de l'Angora pour la Créole et de la Créole pour l'Angora : le logiciel attribue des couleurs en fonction des paramètres dont il dispose, et s'il s'agit de races très différentes de celles qui sont fournies, il prend les couleurs des races proposées les plus proches. On constate aussi la composition homogène de la chèvre Lorraine qui peut paraître surprenante : en moyenne, d'après les généalogies, les animaux de la race ont 25% de gènes alpins. Ce croisement n'apparaît pas du tout sur le génome, ce qui montre l'efficacité de la sélection sur phénotype dans la race (même si les animaux choisis ont été pris parmi les moins croisés d'après les informations généalogiques).

Figure 6 : regroupement des animaux par race en fonction de leur génome



Une dernière approche est celle de l'**arbre phylogénétique**. Cette représentation graphique permet de montrer les relations de parenté entre les races ; quand les races sont proches sur l'arbre, cela signifie qu'elles sont proches génétiquement. Par ailleurs une notion temporelle est rajoutée dans cette représentation : sur la Figure 7, les branches qui se scindent le plus à gauche sont les plus anciennes dans l'histoire de la création des différentes races caprines. Dans cette représentation ont été à nouveau exclues l'Angora et la Créole, leur genèse étant très déconnectée de celle des races métropolitaines.

Figure 7 : Arbre phylogénétique des races métropolitaines



Les premières races à s'être différenciées semblent être celles de la Provence, à savoir la Rove puis la Provençale. On retrouve la proximité, étonnante vu leur berceau, de la Pyrénées et de la Fossés. Pour éclairer ce point, il faut se pencher sur les documents historiques et rappeler la longue tradition des chevriers Béarnais qui venaient avec leurs animaux jusque sur les plages normandes pour approvisionner les citadins en lait frais. Il est probable que les animaux ne retournaient pas dans les Pyrénées et que certains ont fait souche dans l'Ouest. La proximité génétique entre la Poitevine et la Lorraine n'est pas intuitive également. Pour cela également, retournons à l'histoire documentée : lors des essais de restauration de la race de Lorraine dans les années 1970, un bouc Poitevin a été utilisé. Ses gènes sont aujourd'hui toujours actifs dans la population Lorraine.

La représentation graphique de ces arbres dépend des races qui y sont inclus : il est probable que l'ajout de données de la race Massif Central (campagne de prélèvements à venir) donnerait un arbre un peu différent.

Perspectives

La quantité de données fournie par les séquences est massive et beaucoup reste à explorer. D'ici la fin de l'année, des travaux visent à détecter des « signatures de sélection », c'est-à-dire des portions du génome spécifiques à une race et que l'on peut lier à un phénotype sélectionné. Une première analyse de ce type avait été entreprise par Claire Oget et avait permis de localiser une spécificité de couleur de la chèvre des Pyrénées et de la chèvre des Fossés, la couleur « belted » (présence de blanc en forme de ceinture – belt en anglais – au milieu du corps de l'animal). Cependant le temps imparti ne permet d'explorer que quelques pistes, et il faut espérer que d'autres projets permettront de continuer ce travail.

Le séquençage est l'outil le plus puissant pour obtenir des informations sur un animal et des travaux de recherche vont donc être poursuivis avec ces données. Mais les travaux réalisés corroborent globalement les analyses réalisées à partir de simples génotypages (50 000 SNP), plus accessibles financièrement et plus faciles à étudier. Une nouvelle grille de lecture des SNP (dite « puce »), dont la mise en route est prévue à l'été 2020 permettra bientôt de caractériser d'un seul coup les animaux pour toute une série de mutations : pampilles, motte, DGAT et PrP. Des SNP spécifiques aux races à petits effectifs ont été ajoutés ce qui devrait permettre d'encore mieux appréhender la diversité génétique des races.

La mise en place d'un dispositif permettant de statuer rapidement du niveau de consanguinité d'un individu, de son niveau d'apparentement avec le reste de la population (en particulier pour les boucs d'insémination) et de traces éventuelles de croisement, serait d'un intérêt pratique réel pour les races locales caprines.

Ce qu'il faut retenir :

- Le niveau de diversité des races (consanguinité) est lié aux événements qui les ont façonnés : nombre et diversité des origines des fondateurs à la création ou à la relance de la race, intensité de sélection, croissance des effectifs, effectifs actuels.
- **Toutes les races sont bien différenciées et distinctes des unes des autres**, y compris celles de création récente (Savoie) ou ayant eu recours à des proportions importantes de croisement pour pouvoir faire repartir le programme de conservation (Lorraine). La grande variabilité phénotypique de certaines races (absence d'une couleur unique de standard, en chèvre des Pyrénées, Fossés, Provençale, Créole, et dans une moindre mesure, Rove) n'est pas un signe de croisement, mais d'une variabilité intra-race.
- Les races métropolitaines sont relativement proches génétiquement des unes des autres ; le rameau le plus ancien semble être la souche méditerranéenne (Rove ; Provençale). Des appariements insolites d'un point de vue géographique (Poitevine/Lorraine ; Fossés/Pyrénées) illustrent les croisements effectués entre races au cours de l'histoire.
- Pour les races locales, la combinaison entre faibles effectifs et effets fondateurs forts (peu d'animaux à la relance des programmes) font qu'il est difficile d'avoir une bonne image de la population ancestrale - sauf peut-être en Rove / Provençale.
- L'intégration des données de la chèvre du Massif Central permettrait d'approfondir les échanges de gènes entre populations, en raison de sa position centrale, en particulier entre Pyrénées, Poitevine et Fossés.

GLOSSAIRE

GÈNE: Ensemble des séquences d'acide nucléique (A, T, C, G) codant l'information pour la production d'un vecteur d'information moléculaire, aboutissant en fin de chaîne, en général, à la production d'une protéine. Les gènes se succèdent le long de la molécule d'ADN, avec une position précise, dite locus. Chez les organismes avec 2N chromosomes, chaque gène est présent en deux exemplaires, un sur chaque chromosome, appelés allèles (voir ci-après).

ALLELE: une des formes que peut prendre un gène en un locus donné. Les allèles d'un gène peuvent être identiques (« homozygotes) ou différents (« hétérozygotes). L'activité qu'ils contrôlent concerne un même processus biochimique ou de développement, bien qu'ils puissent produire des phénotypes différents (exemple : animal « noir » ou « chocolat » en fonction des allèles portés).

PHÉNOTYPE : Manifestation visible d'un caractère génétique, qui résulte de l'interaction entre un génotype spécifique et l'environnement. Ces caractères peuvent être visibles à l'œil nu (couleur) ou non (groupe sanguin) et leur expression différer quantitativement et qualitativement suivant les individus.

GÉNOTYPE : Constitution génétique (ensemble des gènes et de leurs allèles) d'un individu.

Exemple de relations entre génotype et phénotype :

- plusieurs gènes dirigent un seul caractère. La taille d'un animal est un exemple classique d'un phénotype gouverné par une multitude de gènes.

- un même gène intervient dans plusieurs caractères : par exemple le gène codant pour le caractère motte, quand il est présent deux fois, induit aussi de graves troubles de la fertilité.

GENOTYPAGE : Caractérisation simple du génome d'un individu à partir de la lecture de de quelques milliers à quelques centaines de milliers de nucléotides (ou SNP en anglais : Single nucleotide polymorphism), répartis sur tout le génome d'une place identique d'un individu à l'autre.

SEQUENCAGE : Caractérisation complète de l'ordre des nucléotides de la molécule d'ADN d'un individu.