HAL
archives-ouvertes.fr

Genetic diversity and breed management in dogs

Grégoire Leroy

▶ **To cite this version:**

Grégoire Leroy. Genetic diversity and breed management in dogs. Life Sciences. AgroParis-Tech, 2008. English. <NNT : 2008AGPT0035>. <pastel-00004844>

HAL Id: pastel-00004844

https://pastel.archives-ouvertes.fr/pastel-00004844

Submitted on 15 Apr 2009

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

UFR Génétique,
Elevage et Reproduction

Société Centrale Canine

UMR Génétique
et Diversité Animales

Thèse

Pour obtenir le grade de

DOCTEUR D'AGROPARISTECH

Discipline : Génétique animale

présentée et soutenue publiquement par

Grégoire LEROY

le 30 mai 2008

Diversité génétique et gestion génétique des races canines

Directeurs de thèse : Xavier ROGNON et Etienne VERRIER

Jury

Susana DUNNER	Professeur, Facultad de Veterinaria, Madrid	Rapporteur
Jean-François COURREAU	Professeur, Ecole Nationale Vétérinaire, Alfort	Rapporteur
Bertrand LANGLOIS	Directeur de Recherches, INRA, Jouy-en-Josas	Examinateur
Eléonore CHARVOLIN	Ingénieur, BRG, Paris	Examinateur
André VARLET	Directeur des relations institutionnelles, Société Centrale Canine, Aubervilliers	Examinateur
Etienne VERRIER	Professeur, AgroParisTech	Directeur

Cette thèse est dédiée à ma famille, à qui je ne montre mon affection que trop rarement,

A Papa et Maman,

A Arthur, Wandrille, Stanislas, et Laurie,

A Céleste, ma nièce, qui au moment où j'écris ces mots, vit les premières heures d'une vie qui, je l'espère, sera heureuse et exaltante,

A mes directeurs de thèses et maîtres

Etienne Verrier et Xavier Rognon, qui ont eu le courage de supporter avec stoïcisme mon envahissante présence,

André Varlet, sans l'enthousiasme duquel rien n'aurait été possible, et dont les connaissances ne cesseront jamais de m'impressionner,

Aux membres de mon Jury,

Susana Dunner, pour avoir eu le courage d'aller jusqu'à traverser les Pyrénées, pour venir juger ce travail,

Jean-François Courreau, qui avant d'avoir été mon rapporteur, m'aura été d'un grand soutien au cours de mes recherches,

Eléonore Charvolin, dont je n'aurais finalement pas prélevé le Fox-Terrier,

Bertrand Langlois, qui bien avant cette thèse, avait eu la patience de répondre à mes questions,

Etienne Verrier et André Varlet, car un seul remerciement est loin d'être assez…

A mes collègues,

Adeline, Coralie, Fabienne, Marie, Thomas, Valérie et bien sûr Cécile, avec qui j'ai partagé le marathon de fin de thèse,

A l'équipe du bien-être animal, et plus particulièrement à Marianne, dont le support moral et logistique a été plus qu'un atout,

A Jean Lossouarn, même s'il est breton,

A Stéphane Robin, qui aura tenté, tant bien que mal, de combler mes lacunes statistiques,

A la SCC qui m'a ouvert ses portes et permis d'effectuer ce passionnant travail, en espérant avoir répondu à ses attentes,

Aux présidents Renaud Buche et Gérard Arthus,

A Jean-Philippe Cousin, Dorothée Fabre, Caroline Gurtner, Marcel Hénault, Sandrine Migliano, Laurent Miguet, Sylvie Mignon, qui ont répondu de bonne de grâce à mes nombreuses sollicitations,
A tout le personnel de la SCC,

Aux membres du comité et des commissions qui ont prodigué informations et conseils à l'éternel novice en cynophilie que je suis, et tout particulièrement à Gilles Chaudieu, Bernard Denis, Jacques Goubie, et Michel Mottet,

Aux membres des clubs et des associations qui m'ont accueilli au sein de leurs rassemblements, bien mieux que je ne le mérite,
A la SCIF, que j'ai particulièrement mise à contribution,

Aux éleveurs et propriétaires de chiens, qui par leur participation au questionnaire et à l'échantillonnage, ont permis que ce travail puisse se faire,

A la Cynophilie,

Au GIE Labogena, à Jean-Claude Meriaux, et Sabrina Bouvier, qui ont toujours répondu à mes fréquents appels avec amabilité,

Aux membres du CERCA, à Catherine André, et aux différents membres des parcs zoologiques qui ont participé à l'échantillonnage,

A l'ABIES et à Françoise Launay, pour le soutien apporté aux doctorants,

A Sophie Licari, John W. Fondon III, et au fond documentaire de la SCC pour les photos aimablement mises à disposition,

A l'ANRT, pour son financement,

Et à tous ceux que je n'ai pas pu citer car la liste serait trop longue, mais qui se reconnaitront facilement.

A Fluffy, le chien que j'aurai irrémédiablement un jour

Contexte et financement de la thèse :

Ce travail de thèse fait suite à un stage de fin d'étude de l'AgroParisTech (ex-INA P-G), au sein de la Société Centrale Canine (SCC), intitulé « Propositions et mises en place d'aides à la gestion génétique des races de chiens en France ».

Le financement en a été assuré par la SCC et l'ANRT dans le cadre d'une bourse CIFRE.

Les génotypages ont été financés par la SCC et le GIE LABOGENA.

Le doctorant a été hébergé au cours de l'intégralité de la thèse au sein de l'UMR1236 INRA/AgroParisTech, « Génétique et Diversité Animales ».

TABLE DES MATIERES

Introduction – Contexte, enjeux, et questions **1**

Première partie – Etude bibliographique - Domestication du chien, constitution des races canines, situation et conséquences pour la gestion des races **5**

Deuxième partie – Enquête auprès des éleveurs de chiens

A - Introduction - Diversité de races, d'éleveurs et de pratiques : quel chien pour quel éleveur ? **24**

B - Questionnaire **30**

C - Article "*Breeding goals and breeding practices of French dog breeders: results from a large survey*" **34**

D - Article "Enquête auprès des éleveurs canins : Comment l'éleveur voit-il son activité ? **42**

E - Article "Enquête auprès des éleveurs canins : Evolution récente et problèmes génétiques des races " **49**

F - Enquête auprès des éleveurs de chiens : Quelques résultats complémentaires **56**

G - Conclusion sur l'enquête **61**

Troisième partie – Mesure de la diversité intra-raciale

A - Introduction - quels outils pour mesurer la diversité au sein des races ? **66**

B - Mesure de la diversité intra-raciale à partir des données généalogiques - Article "*Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data*" **67**

C - Présentation des outils moléculaires et procédure d'échantillonnage **78**

D - Article "*Genetic diversity of dog breeds : Within breed diversity comparing genealogical and molecular data*" **92**

E - Etudes des relations entre données généalogiques et moléculaires à partir de populations simulées **115**

F - Conclusion **123**

Quatrième partie – Analyse de la diversité inter-raciale

A - Introduction - quels outils pour analyser la diversité entre les races ? **127**

B - Article "*Genetic diversity of dog breeds: Between breeds diversity, breed assignation and conservation approaches*" **139**

C - Conclusion **166**

Cinquième partie – Discussion générale et conclusion **167**

Bibliographie **181**

Annexes **192**

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 2.1 - Inscriptions enregistrées au LOF en 2007 en fonction des groupes raciaux FCI **24**

Tableau 2.2 - Taille de portée au cours des déclarations de naissance et des inscriptions au LOF pour les 10 groupes FCI **26**

Tableau 2.3 - Proportion d'éleveurs disant adhérer aux sociétés canines régionales et aux clubs d'utilisation en fonction du groupe racial élevé **57**

Tableau 3.1 - Marqueurs utilisés et échantillonages employés au cours de différentes études de diversité génétique sur l'espèce canine **81**

Tableau 3.2 - Valeurs des paramètres utilisés pour modéliser les populations de structures généalogiques variables **116**

Tableau 3.3 - Paramètres généalogiques, hétérozygoties *H*, et corrélations (r) avec les indices de similarité R_{XY} de Lynch et Ritland (1999) obtenus sur des populations simulées à partir de trois situations **118**

Tableau 5.1 - Statistiques d'inscriptions au LOF en 2007 **169**

Tableau 5.2 - Âges de mise à la reproduction et de fin de carrière évalués sur trois races à partir des données de l'enquête et des généalogies **170**

Note : Les tableaux illustrant les articles ne sont pas intégrées au sein de cette liste

LISTE DES FIGURES

Figure 1.1 - Dessin d'une peinture rupestre d'un chien de type molossoïde **9**

Figure 1.2 - Céramique rappelant le morphotype graïoïde **9**

Figure 1.3 - Berger allemand au mordant vers 1960 **11**

Figure 1.4 - Crânes de chiens de races datant de différentes années **19**

Figure 2.1 - Schématisation des liens entre la diversité d'éleveurs et de pratiques existantes au sein de l'élevage canin **27**

Figure 2.2 - Schématisation des liens entre la diversité d'éleveurs et de pratiques existantes au sein de l'élevage canin, avec la diversité des races elles-même **28**

Figure 2.3 - Distances parcourues pour effectuer une saillie, en fonction du nombre de portées produites **58**

Figure 2.4 - Distances parcourues pour effectuer une saillie, en fonction du groupe racial élevé **59**

Figure 3.1 - Effet du pourcentage de fausses filiations sur les corrélations (*r*) entre données généalogiques et moléculaires **119**

Figure 3.2 - Effet du nombre de marqueurs sur les corrélations (*r*) entre données généalogiques et moléculaires **120**

Figure 4.1 - Phénogramme obtenu par la méthode du Neighbor-Joining à partir des distances *Da* (1000 bootstraps) **130**

Figure 4.2 - Projection par AFC dans l'espace des trois premières dimensions des individus de 13 races canines **131**

Figure 4.3 - Réseau individuel obtenu à partir de la *DAS* et de la méthode de Neighbor joining **136**

Note : Les figures illustrant les articles ne sont pas intégrées au sein de cette liste

Introduction

Contexte, enjeux,

et questions

Pour celui qui s'intéresse à l'espèce canine, il est frappant de constater la diversité tant morphologique que comportementale exprimée par ses représentants. Avec des standards de tailles et de poids qui varient respectivement de 18 à 90 cm et de 0,5 à 70 kg en fonction des races, il n'existe pas d'espèces de mammifères qui montrent une aussi grande variabilité morphologique. Cette hétérogénéité est aussi physiologique : entre différentes populations, les espérances de vie varient de 6 à 14 ans (Michell 1999), et les tailles de portée d'un peu plus de deux à près de huit chiots (statistiques Livre des Origines Français [LOF]). Enfin, la sociabilité et la plasticité comportementale de l'espèce l'ont rendue apte à une gamme variée d'utilisations : si certains emplois datent des premiers temps de la domestication (chasse, compagnie, garde, source de nourriture), d'autres (sauvetage, douanes ou chiens d'aveugle) ont été développés beaucoup plus récemment. A l'heure actuelle et dans les pays occidentaux, le chien est essentiellement utilisé en tant qu'animal de compagnie et sa reproduction est en grande partie assurée par des éleveurs qui se qualifient eux-mêmes d'amateurs. L'élevage du chien a, en conséquence, été peu étudié en comparaison des espèces de rente, et les modalités actuelles de sélection et de gestion des populations ne sont que peu connues.

En France, la population canine est estimée à 9,6 millions d'animaux adultes (Rapport Animal distribution 2005) et constitue ainsi le principal cheptel européen, devant l'Italie et l'Angleterre (respectivement 6,8 et 6,2 millions selon les sites de leurs kennel clubs respectifs). Avec environ 175 000 naissances enregistrées chaque année au sein du LOF, réparties dans plus de 300 races reconnues, le chien de race constitue 15 à 20% de ce cheptel. Ces chiens LOF sont intéressants à de nombreux égards, puisqu'il s'agit de populations relativement homogènes d'un point de vue tant morphologique que comportemental, bien suivies, et sélectionnées. Cette sélection raciale, en favorisant des types spécialisés, a permis d'amplifier la diversité entre populations au sein de l'espèce. Elle a sans doute également induit une réduction de la variabilité génétique intra-raciale et l'accroissement, sous l'effet de l'élévation de la consanguinité, de l'incidence des affections héréditaires au sein des populations (Brooks et Sargan, 2001). Ce dernier phénomène ne fait qu'accentuer la préoccupation des propriétaires pour le bien-être et la santé de leurs chiens. Les éleveurs et les associations de races sont donc de plus en plus demandeurs de solutions permettant de lutter contre ces affections et de maintenir la diversité génétique.

L'objectif de ce travail est avant tout de faire un état des lieux de la diversité génétique des races canines élevées en France, à partir de différentes approches. Il s'agit aussi de proposer des outils permettant d'améliorer la gestion des populations canines. Dans un premier temps, il est apparu indispensable de comprendre comment la gestion génétique des races était perçue par ses acteurs principaux : les éleveurs. Il s'agissait donc de savoir comment ceux-ci raisonnent et mettent en pratique la gestion et la sélection de leurs chiens, et d'étudier quels paramètres peuvent influencer leurs choix et leurs méthodes. Nous avons donc effectué une enquête à grande échelle pour mieux comprendre comment l'éleveur « pensait » l'élevage. Après avoir présenté, dans un premier chapitre et de manière bibliographique, le contexte dans lequel évolue l'espèce et son élevage, l'analyse des résultats de cette enquête constituera la deuxième partie de cet ouvrage.

La gestion de la diversité génétique intra-raciale impliquant au préalable l'établissement d'un diagnostic, deux types d'analyse ont été employés pour évaluer cette dernière. Le premier utilise les généalogies enregistrées au cours des quarante dernières années au sein du LOF. Le second est fondé sur le polymorphisme exprimé par des marqueurs microsatellites au sein d'échantillons d'animaux sur lesquels des prélèvements biologiques ont été effectués pour l'occasion. Les résultats obtenus sur un panel de 61 races à partir de ces deux approches, seront exposés conjointement en ce qui concerne la variabilité intra-raciale.

A la suite de ce chapitre, les analyses effectuées à partir des marqueurs sur des problématiques interpopulationnelles (relations génétiques entre populations, affectations raciales…) seront présentées. Dans une dernière partie, nous discuterons des résultats obtenus à partir des différentes approches. Il s'agira d'identifier les implications en terme de risques encourus par les races, et de dégager des solutions pratiques pouvant être mises en œuvre par les éleveurs et les clubs pour améliorer la gestion de leurs races.

Première partie

Etude bibliographique

Domestication du chien,
constitution des races canines,
situation,
et conséquences pour la gestion des races

Depuis près de quinze mille ans, le chien a accompagné l'homme dans ses migrations, ses exils et ses conquêtes, en s'adaptant aux besoins de ce dernier. Si l'espèce montre à l'heure actuelle une grande diversité, tant morphologique que comportementale, c'est parce qu'elle a su répondre à des contraintes sélectives permanentes et variables. Avant de s'intéresser aux méthodes qui permettent de mesurer et d'expliquer la diversité génétique de l'espèce, il convient donc de bien comprendre comment la reproduction et la sélection ont été et continuent d'être gérées par les éleveurs.

Dans un premier temps, cette introduction bibliographique donnera un bref aperçu de la domestication et de la constitution des races au cours de l'histoire. Le contexte social et législatif dans lequel évolue la sélection actuelle du chien sera ensuite présenté, plus particulièrement en France. A partir de là, nous ferons un état des lieux de ce que certains appellent la « santé génétique » des races, afin de bien comprendre en quoi la gestion de la diversité est un enjeu majeur pour une gestion raisonnée de l'espèce canine.

I. Du loup au loulou : phénomènes ayant présidé à la diversité actuelle des races canines

A l'heure actuelle, il n'y a plus de doute sur le fait que le loup préhistorique ait été l'ancêtre sauvage du chien domestique. Les espèces canines et lupines, complètement inter-fertiles, sont extrêmement proches génétiquement, et ne diffèrent que sur 0,2% de leur ADN mitochondrial, contre 0,4% pour les plus proches canidés (Wayne, 1993). En revanche, les modalités de la domestication, telles que la date et la localisation de celle-ci, étaient soumises à débat encore récemment. De la même manière, les phénomènes de différenciation des races sont relativement mal connus.

1. Modalités de la domestication

Si les preuves paléontologiques montrent une compétition entre l'homme et le loup dès le pléistocène moyen (Mussi et Palombo, 2001), les plus anciennes traces de domestication se situent entre 14 000 à 20 000 ans avant le temps présent. Il s'agit essentiellement de représentations rupestres ainsi que d'ossements ayant pu être identifiés comme différant morphologiquement du loup. L'apport de la génétique moléculaire n'a pas permis de donner des précisions sur l'époque de la domestication, bien au contraire : l'étude par Vilà *et al.* (1997) de l'ADN mitochondrial suggérait une divergence entre les deux espèces vieille de plus 100 000 ans, mais des travaux plus récents (Savoleinen *et al.,* 2002) reportaient cette date à -15 000 ans. En admettant, comme le propose Clutton-Brock (1999), une date de domestication aux alentours de -15 000 ans, le chien est, de loin, la première espèce domestiquée par l'homme.

Un certain nombre d'éléments ont permis de supposer dans un premier temps, que le centre de domestication de l'espèce se situe en Asie du Sud-Est. Par exemple, des comparaisons morphologiques montraient que les chiens américains étaient morphologiquement plus proche d'un loup chinois du pleistocène (Olsen et Olsen, 1977) que d'autres loups. Les populations de chiens d'Asie du Sud-Est ayant une plus grande diversité moléculaire (Savoleinen et al., 2002) et étant plus proches du loup que dans les autres régions du monde (Parker et al., 2004), certaines études utilisant les données moléculaires sont allées dans le sens d'une domestication extrême-orientale. Cependant, d'autres résultats suggèrent l'existence d'évènements de domestication multiples et indépendants, en Europe et en Asie (Verginelli *et al.,* 2005).

Qu'est-ce qui a poussé l'homme à domestiquer le loup ? Il est probable que la domestication résulte de cette longue période de cohabitation entre les deux espèces, mais plusieurs hypothèses existent quant aux modalités de cette dernière. La principale (Clutton-Brock, 1999) suppose qu'à partir d'apprivoisements successifs de louveteaux, puis de mises à la reproduction, l'homme aurait sélectionné le loup sur des critères comportementaux favorisant l'apprivoisement, puis l'utilisation. Digard (2006) suppose que ces premières tentatives auraient été guidées par un besoin de découverte et une volonté de s'approprier le vivant, sans volonté « utilitariste » au départ. D'autres, comme Crockford (2000), favorisent l'hypothèse

d'une « auto-domestication » de certaines populations de loups. Ces dernières se seraient rapprochées des campements humains afin de profiter de leurs déchets, ce qui leur aurait procuré un véritable avantage sélectif. Les individus les moins craintifs auraient de ce fait été sélectionnés jusqu'à obtenir une population ayant le même mode de vie que certains chiens semi-feraux à l'heure actuelle. Ce n'est qu'à partir de ce loup « pré-domestiqué » que l'homme aurait entrepris une véritable sélection artificielle, éventuellement utilitariste. Rien ne permet à l'heure actuelle de favoriser l'un des deux scénarios, et il est envisageable que chacun des deux mécanismes ait joué son rôle dans la domestication.

2. Différenciation des populations canines

Une des conséquences de la domestication a consisté en certaines modifications morphologiques rencontrées chez les chiens primitifs : modifications faciales, réduction de la taille des dents, etc. (Raisor, 2004). Selon certaines hypothèses, ces changements morphologiques, intimement corrélés à une sélection sur le comportement, seraient liés à des modifications hormonales. En sélectionnant des renards sur la docilité sur une douzaine de générations, Belyaev (1978) a observé des modifications morphologiques, parallèlement à la diminution du taux moyen de corticosteroïdes (hormones liées au stress). Or selon Crockford (2000), les modifications hormonales auraient des conséquences importantes sur le déroulement de l'ontogenèse. Ces résultats sous-entendraient qu'en faisant se reproduire les animaux les plus dociles et les moins sensibles au stress, les individus auraient été indirectement sélectionnés sur les taux d'hormones, ce qui aurait ainsi provoqué les premières modifications morphologiques du loup vers un type de chien primitif.

Figure 1.1 - Dessin d'une peinture rupestre d'un chien de type molossoïde, Catal Hüyük ; Turquie. Vers 5850 av. JC.

Figure 1.2 - Céramique rappelant le morphotype graïoïde, Suse ; Iran. 2ème moitié du IVème millénaire av. JC.

Cela n'explique pas pour autant la diversité de types raciaux retrouvée précocément au sein de l'espèce canine. Les témoignages archéozoologiques sont abondants pour démontrer cette différenciation. Des peintures rupestres retrouvées en Turquie et datant de 5850 avant JC (Figure 1.1) montrent des chiens au corps et à la tête massifs, rappelant le morphotype molossoïde (Licari, 2006). Des représentations d'individus graïoïdes (de type lévriers) ont aussi été découvertes sur des peintures et des céramiques du Moyen-Orient du IVème millénaire avant JC (Figure 1.2). Des squelettes de chiens ont été retrouvés en Italie, montrant notamment une variabilité de taille de plus en plus importante de l'âge de Bronze à la période romaine (De Grossi Mazzorin et Tagliacozzo, 2000), ainsi que l'existence de chiens nains. L'émergence de ces morphotypes très différenciés a sans doute eu lieu parallèlement à une utilisation spécialisée de ces chiens. Aristote distinguait différentes « espèces » adaptées à différentes utilisations (Gategno, 1995). Plus récemment (fin du XIVème siècle), le livre de chasse de Gaston Phebus est aussi un excellent témoignage de l'usage de chiens différents pour des types de chasse ou de gibiers différents.

3. Plasticité morphologique et comportementale

Il convient de noter qu'il n'existe pas d'espèces domestiques avec autant d'utilisations différentes que le chien : chasse, garde (de troupeaux, d'habitations, …), compagnie, aide aux fonctions de sécurité et/ou de secours (chiens policiers, chiens-douaniers, chiens d'avalanche, …), aide aux handicapés (chiens-guides d'aveugles), traction de véhicules légers, course, aide à la recherche de certains aliments (chiens-truffiers), fourniture de viande pour l'alimentation humaine (dans certaines régions du monde), fourniture de phanères, etc. Une partie de ces utilisations (compagnie, chasse, élimination des déchets) ont dû exister dès les débuts de la domestication (Digard, 2006), et d'autres se développer plus tard. Cette diversité d'utilisations n'a pu être envisageable que parce que l'espèce dispose d'une plasticité morpholgoique et comportementale impressionnante. Il convient de chercher les raisons de cette variabilité.

D'après Wayne (2001), il semble que la différenciation morphologique des canidés soit essentiellement postnatale et en partie liée à la néoténisation de l'espèce. Une hypothèse développée par Fondon et Garner (2004) peut éventuellement fournir une explication plus poussée, au moins en ce qui concerne la morphologie. Un nombre particulièrement important de mutations par glissement (« *slippage* »), a pu être identifié pour des gènes du développement ontogénique. Or une variabilité des répétitions nucléotidiques sur ces gènes entraînerait des variations morphologiques importantes. Cette particularité, partagée par l'ensemble des canidés (Laidlaw *et al.,* 2007), serait due à un défaut dans les mécanismes de réparation du génome. Les mutations par glissement étant de l'ordre de 100 000 fois plus fréquentes que les mutations par insertion, elles seraient la cause de cette plasticité morphologique, et expliqueraient donc le potentiel d'évolution rapide de l'espèce canine.

La variabilité des comportements a sans doute une base héréditaire, mais la part de cette variabilité qui est d'origine génétique est relativement difficile à évaluer. Du fait de la diversité des conditions de vie de l'espèce, les facteurs environnementaux jouent un rôle prépondérant dans la variation observée, ce qui n'empêche pas de pouvoir mettre en évidence des différences comportementales entre les races (Houpt et Willis, 2001). Même avec le meilleur dressage, un lévrier fera probablement un piètre chien d'arrêt, et il risque d'être difficile d'apprendre à un teckel à rassembler un troupeau. Cette diversité de comportements, qui permet des utilisations aussi variables du chien, peut être imputée à différents phénomènes. D'une part, la palette comportementale d'une race ne peut être dissociée de ses

caractéristiques morphologiques (Coppinger et Coppinger, 2001). L'attirance que peut avoir le Terre-Neuve pour l'eau n'est pas indépendante au fait que ces chiens disposent d'un pelage protecteur vis-à-vis de l'eau froide. Une autre hypothèse supposerait que les comportements des chiens au travail ne seraient en fait que des versions tronquées du phénomène de prédation observé chez le loup (Coppinger et Coppinger, 2001). Supposons que ce comportement soit divisé en séquences : recherche, repérage-arrêt, poursuite, morsure-saisie, mise à mort. Le Border Collie exprimera les séquences de recherche, d'arrêt, et de poursuite, un chien d'arrêt effectuera la recherche, l'arrêt, ainsi que la saisie du gibier mort, tandis qu'un chien de vénerie fera appel à toutes les séquences comportementales à l'exception de l'arrêt. Selon cette hypothèse, les éleveurs n'auraient fait qu'accentuer ou inhiber l'expression de certains comportements qui préexistaient, pour sélectionner le chien sur des utilités particulières.

Figure 1.3 - Berger allemand au mordant vers 1960 (photo : Dim)

Depuis la domestication, l'espèce canine a réussi à s'adapter aux diverses contraintes imposées par l'homme, tant d'un point de vue morphologique que comportemental. Il est intéressant de constater qu'il est toujours possible de mettre en œuvre des sélections sur de nouvelles utilisations. La sélection des Bergers belges et allemands à partir du XX^{ème} siècle, les faisant passer de chiens de troupeau à chiens de défense en constitue un exemple (Figure 1.3). Une telle réorientation a cependant nécessité la mise en place d'un système de gestion des races tel que celui que nous connaissons depuis un peu plus d'un siècle.

II. Emergence des races modernes

Au XVIII^{ème} siècle, l'élevage du chien est encore guidé par des principes empiriques, ce qui n'a pas empêché, nous l'avons vu, l'émergence d'un grand nombre de populations différenciées. Ce n'est cependant qu'au moment de la première révolution industrielle que naît la notion moderne de race associée à la notion de standard (Audiot, 1995), et que sont créés les premiers livres généalogiques.

1. L'élevage du chien au XVIII^{ème} siècle

A la fin du XVIII^{ème} siècle, une grande partie des types raciaux sont connus. De nombreuses races, dont certaines très proches de celles que nous connaissons, ont en effet été décrites dans les ouvrages des naturalistes tels que Buffon dans son Histoire naturelle (1774) ou Daubenton au sein de l'Encyclopédie (Nunes et Degueurce, 2005).

En ce qui concerne les méthodes de sélection elles-même, en se référant, par exemple, au Traité de Vènerie de d'Yauville (1788), pour effectuer les saillies, « *les chiens choisis sont, ou doivent être, les plus beaux et les meilleurs d'une meute* ». L'auteur déconseille aussi de faire reproduire des chiens ayant des défauts naturels tels que le haut mal (l'épilepsie) ou ceux dont les parents sont atteints de ces infirmités. Il note cependant que, « *si le chien ou la lice sont aveugles par accident, on n'a rien à craindre pour la portée* ». Parallèlement, l'auteur suggère d'éviter d'effectuer plus d'une ou deux portées avec les mêmes reproducteurs de peur que « *l' espèce ne dégénère* ». Il est aussi interessant de constater que les croisements sont plutôt vus d'un bon œil : « *Une lice Françoise avec un chien Anglois, ou une lice Angloise avec un chien François, font presque toujours de beaux et bons batards* ».

La plupart de ces méthodes sont guidées par l'observation et l'empirisme, mettant ou non en pratique les principes de l'hérédité, de manière inconsciente. Vers la même période, les premières expériences rationnelles de sélection de Bakewell sur les ovins amorcent une révolution de l'élevage (Russel, 1986). Il faudra plusieurs décennies pour que ces méthodes passent d'Angleterre en France et du mouton au chien.

2. La création des premiers livres généalogiques et le concept de race pure

Deux phénomènes parallèles se mettent en place au cours du XIX^{ème} siècle qui vont modifier complètement l'élevage canin. Tout d'abord, des expositions canines commencent à être organisées (en 1859 en Angleterre, en 1863 à Paris), celles-ci constituant bientôt le principal support de sélection du chien. A la suite de celles-ci, les premiers livres généalogiques nationaux sont créés pour le chien. Le Kennel Club anglais est fondé en 1874, et à sa suite, la Société Centrale Canine (SCC) voit le jour en France en 1882, avec un premier chien inscrit en 1885. La formation des livres généalogiques allant de pair avec le concept de race « pure », les principales conséquences sur l'évolution et la sélection des races sont les suivantes : les éleveurs vont chercher à fixer les races autour d'un standard morphologique et comportemental. Ces dernières vont évoluer désormais en populations relativement fermées, et leur gestion étant coordonnée à l'échelle nationale, voire internationale, l'efficacité de sélection va s'en trouver accrue.

En ce qui concerne les méthodes de sélection elles-même, un certain nombre de concepts font leur apparition au XIX^{ème} siècle. C'est le cas de la pratique de la consanguinité, initiée par les anglais qui ont, selon Megnin (1883), « *formé de si belles races exclusivement par les accouplements consanguins* ». Ashmont, en 1893, souligne que l'éleveur ne doit pas considérer que « *le chien lui-même et ses caractères dominants, mais aussi les caractères de sa famille, la constance avec laquelle les qualités ont été transmises* ». Il faudra cependant encore du temps pour que certaines « croyances » reculent (à défaut de disparaître) : le même auteur évoque en effet que la saillie d'une lice par un mâle d'une autre race peut avoir des conséquences sur les futures portées de celle-ci.

3. La notion de race

La classification des êtres vivants en règnes, classes, ordres, familles, ou espèces, provient d'une nécessité pour l'homme d'organiser son milieu, et d'y poser des règles. L'évolution, de par son caractère continu, ne se conforme cependant pas toujours au carcan taxonomique. Cela est particulièrement vrai pour le chien, qui ne peut être considéré comme une espèce distincte du loup, si la séparation entre deux espèces est définie comme l'impossibilité de se reproduire entre elles et d'avoir des descendants féconds. La notion de race a dès le XIX^{ème}

siècle fait l'objet de débats, notamment car elle peut engager plusieurs types de point de vue (biologique, culturel, social, aministratif, …) qui peuvent être antinomiques (Audiot 1995). Pour mieux comprendre cette notion, nous avons choisi d'en retenir trois définitions, respectivement généraliste, legislative et cynotechnique.

- La traduction de la définition donnée par Clutton-Brock (1999) peut-être considérée comme la suivante : « *Une race est un groupe d'animaux qui ont été sélectionnés par les humains pour posséder une apparence uniforme, héritable et qui la distingue des autres groupes d'animaux de la même espèce* ».
- Le décret n° 2006-1662 du Ministère français chargé de l'agriculture, en date du 23 décembre 2006, relatif à l'identification et à l'amélioration génétique des animaux, considère la race comme « *Un ensemble d'animaux qui a suffisamment de points en commun pour pouvoir être considéré comme homogène par un ou plusieurs groupes d'éleveurs qui sont d'accord sur l'organisation du renouvellement des reproducteurs et des échanges induits, y compris au niveau international* ».
- Un cynotechnicien (Triquet, 1997), désigne la race comme « *un ensemble d'individus présentant des caractères communs qui les distinguent des autres représentants de leur espèce et qui sont généralement transmissibles* ».

Ces définitions permettent de donner une idée des principales notions qui sont sous-entendues par le terme de race. Nous allons tacher de les décrypter.

- L'homogénéité : les trois définitions insistent sur le fait que les individus d'une race doivent posséder des caractères « relativement » communs. C'est le standard de la race, qui en décrivant l'individu idéal de la population, donne la liste des caractères en question.
- La distinction : les définitions de Triquet et Clutton-Brock précisent que les individus d'une race doivent pouvoir être différenciés des autres membres de l'espèce.

Il est intéressant de constater le caractère subjectif de ces deux premiers critères, qui laisse aux éleveurs et au standard le soin de décider ce qui distinguera une race d'une autre.

- L'héritabilité : évoquée par Clutton-Brock et Triquet, la transmissibilité des caractères communs est indispensable à la durabilité de la race sur plusieurs générations. Cette notion sous-entend donc que derrière cette similitude et cette singularité des individus, il existe une homogénéité et une originalité du pool génétique de la population.
- La sélection sur une apparence : cette assertion est plus discutable dans le sens où, si la notion d'apparence est pratiquement toujours présente dans la défintion d'une race,

d'autres critères, de production ou de comportement, peuvent avoir leur importance dans la définition d'une race. Il est cela-dit intéressant de remarquer que dans sa définition, Clutton-Brock prend en compte le fait que derrière une race il existe des éleveurs.

- Accord entre les éleveurs : c'est sur ce point qu'insiste la définition du décret. Une population, même présentant une certaine homogénéité, ne sera considérée comme race que s'il existe des personnes pour la considérer comme telle.

Il est important de prendre en compte ces critères lorsque l'on s'intéresse aux 350 races reconnues à l'heure actuelle par la Fédération Cynologique Internationale (FCI). Entre des races très proches, les distinctions morphologiques peuvent devenir toutes relatives. Il convient d'ailleurs de se demander, si dans le cas de la reconnaissance de certaines races, le contexte social (c'est à dire le fait qu'un groupe d'éleveurs décide qu'une population est une race à part entière) voire politique, n'a pas pris le pas sur les véritables différences, ou plutôt l'absence de différences existantes avec des races déjà reconnues. C'est ainsi qu'au cours des deux dernières années, deux nouvelles races de chiens de montagnes balkaniques (le Chien de Berger des Carpathes et le Berger de Bosnie-Herzégovine et de Croatie) ont été officialisées par la FCI et sont venus s'ajouter aux populations déjà reconnues (Chien de Berger Yougoslave de Charplanina et Chien de berger du massif du Karst). Ce morcellement a évidemment pour conséquence d'accentuer une réduction de la variabilité au sein de chacune des populations. Certains auteurs (par exemple, Denis et Courreau, 2006) se prononcent pour la transformation de certaines races proches en variétés, ces dernières étant regroupées en ensembles qui deviendraient de véritables races. Dans tous les cas, il faut admettre que la reconnaissance d'une race ne se fasse pas uniquement sur des critères biologiques : le patrimoine génétique d'une race peut donc ne pas être aussi homogène ou distinct que ne le laisserait supposer une lecture uniquement « génétique » de la définition de la race.

En ce qui concerne les espèces de rente, le deuxième bouleversement historique en France est lié à la modernisation de l'élevage, à partir des années 1960. Le contrôle des performances se développe, les candidats à la sélection font l'objet d'une évaluation génétique nationale et des programmes intégrés de sélection se mettent en place, l'ensemble permettant d'obtenir des progrès génétiques conséquents. Le chien, en tant qu'animal de compagnie, n'est pas concerné par ces phénomènes : la filière semble trop peu interessante, financièrement parlant, pour que de tels systèmes soient mis en place. La loi sur l'élevage de 1966 aura cependant

d'autres conséquences sur la gestion des races canines, en induisant des spécificités au sein de l'élevage français.

III. La gestion actuelle des races canines en France : particularités et évolutions

1. L'organisation de l'élevage en France

La gestion des races canines est organisée en France autour d'un système associatif, sous la tutelle du Ministère chargé de l'agriculture. Initialement issus d'initiatives d'éleveurs, les livres généalogiques ont ensuite été placés dans un cadre législatif et réglementaire. La Société Centrale Canine est une fédération d'associations ayant pour objets, d'après ses statuts, *« d'assurer l'amélioration et la reconstitution des races de chiens d'utilité, de sport et d'agrément en France « … », de resserrer les liens amicaux qui unissent les différentes Sociétés et les différents Clubs français qui s'occupent des races de chiens »*. Les associations qui la constituent sont de deux types :

- Des associations régionales, qui organisent des concours de conformité au standard et des épreuves de travail, regroupant de ce fait d'autres associations : les clubs d'utilisation.
- Des clubs de races, chargés d'organiser la gestion et la sélection des races. Cette mission recouvre un certain nombre d'activités plus ou moins encadrées par la SCC : la formation les juges et experts de la race, la détermination des grilles de sélection, l'organisation de manifestations raciales, la détermination du standard pour les races françaises, etc. Pour une race donnée, il ne peut exister plus d'un club, mais un club peut être responsable de plusieurs races.

Entre autres missions, la SCC est chargée de la gestion des livres généalogiques du chien en France, le LOF (Livre des Origines Français), au titre d'une délégation de service publique (arrêtés ministériels du 21/09/66 puis du 20/05/94). Cette délégation à une association nationale unique se retrouve dans certains pays comme l'Espagne ou l'Italie. Dans d'autres pays, comme la Belgique ou le Royaume-Uni, il s'agit plutôt d'un monopole de fait. Il arrive enfin que plusieurs associations se partagent ce rôle à l'échelle d'un pays. C'est le cas, par

exemple, de l'Allemagne et des USA. Notons qu'il existe des accords de reconnaissance mutuelle pour la plupart des pays, et que la majorité de ces associations sont regroupées sous l'égide de la FCI, qui a pour objets, entre autres, de favoriser la reconnaissance des affixes (dénomination s'ajoutant au nom du chien permettant d'identifier son élevage d'origine), des juges et l'unification des règlements de concours.

2. Inscription au LOF et confirmation

Le décret du Ministère chargé de l'agriculture n°74-195, du 26 février 1974, définit les modalités d'inscription d'un chien au LOF. Elles sont au nombre de quatre :

1. « *Au titre de la descendance, quand il s'agit des sujets issus de géniteurs eux-mêmes inscrits à titre définitif au livre généalogique dans la même section de race ; un certificat provisoire est, dans ce cas, délivré à la naissance de l'animal par la fédération tenant le livre généalogique ; il sera remplacé par un certificat définitif si le chien est confirmé.* »
2. « *A titre initial, sur avis de l'association spécialisée agréée et après examen de l'animal dans les mêmes conditions que pour une épreuve de confirmation* ».
3. « *Pour les sections du livre qui sont fermées, après trois générations successives enregistrées à un livre d'attente, sur avis de l'association spécialisée agréée et après confirmation de l'animal.* »
4. « *Au titre de l'importation, quand il s'agit d'animaux inscrits à un livre généalogique étranger reconnu par la fédération française tenant le livre généalogique. L'admission n'est effective qu'après confirmation par un expert français sauf si l'animal a subi dans son pays d'origine un examen reconnu équivalent par l'association spécialisée.* »

La confirmation est un examen qui permet de vérifier qu'un chien est bien conforme au standard de sa race. Spécifique de la France, cette opération est effectuée par un expert appartenant à une liste établie par la SCC, et constitue un passage obligatoire pour tout chien candidat à être sélectionné comme reproducteur. Si l'expert juge que le chien s'éloigne trop du standard et/ou est porteur de caractères phénotypiques jugés indésirables par le club, il n'est pas confirmé : il est donc impossible à ce chien de reproduire à l'intérieur de la race ou de participer à des concours liés à la sélection de celle-ci. La confirmation ne prend théoriquement pas en compte des caractères délétères non visibles, tels que le fait qu'un chien

soit porteur d'une affection héréditaire. Un peu moins d'un tiers des chiens nés de parents LOF sont présentés à la confirmation, probablement par manque de motivation de la part des propriétaires, et parmi ceux-ci, très peu y échouent (Leroy, 2004). L'utilité de la confirmation est donc discutée depuis plusieurs années, et il a été à plusieurs reprises question de la transformer en examen d'aptitude à la reproduction, voire de la supprimer.

3. Gestion et sélection des reproducteurs en France

A partir du moment où un chien est confirmé, le propriétaire peut le faire se reproduire afin de « produire dans la race ». Dans la pratique, évidemment, tous les chiens confirmés ne reproduisent pas et, parmi les reproducteurs, tous ne sont pas utilisés avec la même intensité.

Il existe un certain nombre de systèmes de qualification des reproducteurs, tels que les résultats de concours, ou les grilles de sélection. Ces dernières, déterminées par les clubs, classent les chiens de 1 à 6 en fonction de leurs résultats aux épreuves, de leur santé, des résultats de leurs descendants, etc.

Le contexte dans lequel évolue l'élevage canin connaît depuis quelques années de profonds bouleversements. D'une part, le développement des techniques informatiques et génétiques a permis de développer de nombreux outils utiles à la gestion des races. D'autre part, la Loi d'Orientation sur l'Elevage de 2006 pourrait avoir d'importantes conséquences sur la manière dont sont gérées les races. Enfin la nécessité d'une amélioration du système a été soulignée par un récent rapport du Ministère de l'agriculture (Durand et Charry, 2005). Tout ceci constitue pour la SCC et l'élevage canin français en général, une opportunité de se moderniser et d'améliorer la gestion des races canines.

IV. Etat des lieux de la « santé génétique » des races canines

La gestion des espèces domestiques en races plus ou moins fermées a contribué à l'efficacité des programmes de sélection des espèces de ferme, notamment en permettant de délimiter les objectifs de sélection, voire de fortement spécialiser les populations. Pour le chien aussi, une telle gestion a eu pour conséquence une accélération de l'évolution morphologique, voire comportementale (Figure 1.4). Au sein d'une population donnée, si la sélection est intense et qu'elle conduit à faire reposer l'avenir sur une élite de reproducteurs réduite sur le plan numérique, alors la consanguinité s'accroît et, de façon concomitante, la variabilité génétique diminue au cours du temps. Ce phénomène est bien étayé par une abondante littérature théorique et est illustré par des bilans *a posteriori* effectués sur des populations d'élevage (voir, par exemple, Verrier *et al.,* 2005). Dans ce qui suit, nous allons étudier ce phénomène et en analyser les conséquences pratiques dans le cas du chien.

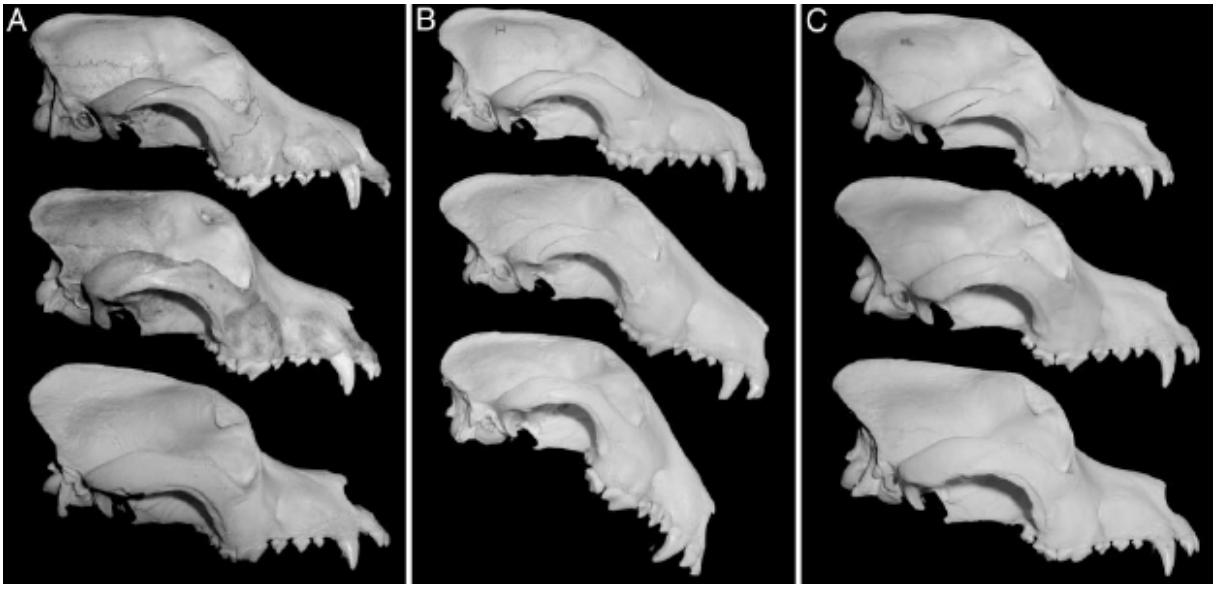


Figure 1.4 -Crânes de chiens de races datant de différentes années (de haut en bas) : A : Saint-bernard (1850, 1921, 1967), B : Bull terrier (1931, 1950, 1976), C : Terre-Neuve (1926, 1964, 1971) (Fondon *et al.*, 2004)

1) Phénomènes susceptibles de faire évoluer la variabilité génétique des populations canines

Dans les conditions actuelles d'élevage des races canines, plusieurs mécanismes peuvent avoir des répercussions sur la variabilité génétique :

- Indépendamment de toute sélection, la dérive génétique tend à faire disparaître certains allèles du fait du hasard. Les effets de la dérive génétique ont d'autant plus d'ampleur que les effectifs de reproducteurs utilisés à chaque génération sont petits. Dans le cas des races canines élevées en France, ces effectifs peuvent varier d'une poignée d'individus (Barbet, Braque de l'Ariège) à près d'une dizaine de milliers (Berger allemand), avec des fluctuations au cours du temps. La dérive génétique se traduit par l'instauration d'un apparentement au sein de la population, une augmentation de la consanguinité et une diminution concomitante de la variabilité génétique.
- La sélection et l'utilisation qui s'en suit des reproducteurs sélectionnés, en limitant le nombre de reproducteurs au sein d'une cohorte, et en privilégiant la descendance de certains individus, accentue généralement le phénomène de dérive génétique. Ceci est particulièrement important dans le cas de la sélection artificielle. En France, certains étalons ont eu plus d'un millier de descendants directs, alors que la moyenne de descendants par mâle se situe autour de 10 à 20 chiots.
- Les unions entre apparentés, conduisant à la naissance de produits consanguins, ont été et sont encore employées volontairement par les éleveurs de chiens. Une première idée sous-jacente est la perspective de « concentrer » les caractères positifs d'un ancêtre, en multipliant sa présence au sein de l'ascendance d'un individu. Notons que cette pratique peut tout autant conduire à une « concentration » des caractères négatifs. Un second motif est la recherche d'une relative homogénéité des produits pour certains caractères, comme la morphologie (Denis, 1997). Les éleveurs distinguent au moins deux modalités d'une telle pratique : le *close-breeding*, qui consiste à faire se reproduire entre eux des proches apparentés, tels que des demi ou pleins frères-sœurs, et le *line-breeding*, qui consiste à rechercher dans le pedigree du mâle et de la femelle la présence simultanée, parfois sur plusieurs générations, d'un ancêtre donné. Cette recherche de l'homogénéité conduit bien évidemment à une perte de variabilité génétique.
- Au sein d'une race donnée, il est fait parfois appel à des reproducteurs issus d'un noyau étranger de la même race, voire à des reproducteurs appartenant à une autre race. Ces phénomènes de migration, ou de croisement (retrempe), ont tendance à accroître la

variabilité génétique, dès lors que la structure génétique de la population extérieure est sensiblement différente de celle de la population d'accueil.

Ces différents phénomènes jouent selon une ampleur variable d'une race à l'autre, en fonction de la situation démographique, des usages et de l'organisation de la sélection.

2) Effets de la perte de variabilité génétique au sein des populations canines

En dehors de la migration, les phénomènes vus plus haut ont pour effets une modification de la structure familiale d'une population et, à terme, la disparition de certains allèles et la fixation d'autres, ainsi que l'accroissement de la fréquence des individus homozygotes. Ce dernier point induit, d'une part, la hausse de l'incidence des affections à déterminisme génétique simple et, d'autre part, la dépression de consanguinité.

Dans toutes les espèces, un grand nombre d'anomalies, souvent létales, à déterminisme variable, sont connues. Chez le chien, en 1993, ce sont près de 400 anomalies héréditaires qui étaient répertoriées (Patterson, in Nielen *et al.*, 2001). Dans le cas le plus simple, un seul gène, biallélique, est en cause, l'allèle induisant l'anomalie étant récessif, et les conditions de milieu n'intervenant pas, ou à la marge, sur la manifestation de l'anomalie. Au sein d'une population, la hausse de la fréquence des homozygotes, sous l'effet de l'élévation de la consanguinité par exemple, entraîne « mécaniquement » un accroissement de l'incidence de ces anomalies. L'utilisation à grande échelle de certains étalons, dès lors qu'ils sont porteurs sains (hétérozygotes) d'un allèle délétère, entraîne un accroissement de la fréquence de cet allèle dans la population. Les affections héréditaires sont en conséquence devenues une préoccupation de plus en plus importante pour les éleveurs et les propriétaires de chiens (Meyers-Wallen, 2003). A l'heure actuelle, les grilles de sélection de la plupart des clubs prennent en compte le statut des chiens vis-à-vis des affections importantes connues au sein de la race.

La dépression de consanguinité relève d'un phénomène similaire, mais touche des caractères à déterminisme complexe, dont la moyenne tend à décroître lorsque la consanguinité s'élève. Chez les animaux, elle est particulièrement marquée pour les aptitudes de « *fitness* » (survie des jeunes après la naissance, …) et de reproduction (fertilité, taille de portée, …) (Falconer, 1974). En ce qui concerne l'espèce canine, Ubbink *et al.* (1992) ont pu mettre en évidence une relation significative entre la consanguinité et les risques d'apparitions de certaines maladies, héréditaires ou non (ostéochondrose, allergies auto-immunes, allergies

allimentaires) chez le Bouvier des Flandres. Une autre étude (Mäki *et al.,* 2001) a aussi permis de démontrer chez les Bergers allemands et Labrador Retrievers une corrélation entre le coefficient de consanguinité et le degré d'atteinte de la dysplasie de la hanche. Enfin il semble que la consanguinité ait un effet significatif négatif sur la taille des portées (Oliehoek *et al*., 2004) ainsi que sur la mortalité au sein de ces dernières (Van der Beek *et al.,* 1999).

La diminution de la variabilité génétique a aussi pour conséquence de réduire la capacité d'une population à évoluer, et notamment à répondre à une réorientation des objectifs de sélection.

V. Conclusion

Les circonstances ayant présidés à la domestication et à la différenciation des populations canines sont finalement peu connues et encore discutées. Encore actuellement, les mécanismes impliqués dans la sélection et la gestion des races canines sont assez mal définis, ces derniers n'ayant jusqu'à présent été que peu étudiés. En revanche, il est difficile de ne pas constater à quel point la mise en place d'une sélection, basée sur des races isolées, a accéléré cette différenciation, et paradoxalement a fragilisé les populations raciales. Dans le cas des races canines, la situation pourrait avoir pour conséquence d'ici quelques années la fixation d'affections héréditaires au sein de certaines races. Ceci est d'autant plus inquiétant dans un contexte legislatif de prise en compte du bien-être animal, qui pourrait amener à l'interdiction de certaines races dont les caractéristiques pourraient être considérées comme en contradiction avec le bien-être. Le fait qu'une affection héréditaire soit prédominante au sein d'une population pourrait constituer une raison pour interdire l'élevage de la race en question. Si nous voulons continuer à élever ces races, sans sacrifier des populations devenues trop vulnérables génétiquement pour survivre sans des retrempes massives, il convient de sélectionner en prenant en compte cette diversité, ainsi que la nécessité de son maintien.

Deuxième partie

Enquête auprès des éleveurs de chiens

A - Introduction - Diversité de races, d'éleveurs et de pratiques : quel chien pour quel éleveur ?

La fréquentation du monde de l'élevage du chien révèle rapidement une grande diversité parmi les éleveurs de chiens, à plusieurs points de vue. Il n'y a en effet que peu de rapports entre une éleveuse qui présente ses Bichons maltais dans un concours, et un chasseur pour qui ses Pointers sont des auxiliaires indispensables à son loisir. Le nombre et la diversité des races canines entraînent d'ores et déjà l'existence d'une grande diversité de propriétaires et d'éleveurs. Il paraît cependant peu convaincant de résumer celle-ci à un « tel éleveur, tel chien », même si, comme le précise Digard (1999), « *certains rôles domesticatoires peuvent être rapprochés de catégories ou de rôles sociaux* ». La nomenclature adoptée en 1987 par la FCI permet déjà d'avoir un aperçu de cette variété (voir Tableau 2.1). Celle-ci est basée à la fois sur des critères morphologiques, historiques et d'utilités (Triquet 1999), les groupes y étant de tailles variables tant en terme de races que de naissances.

Tableau 2.1 - Inscriptions enregistrées au LOF en 2007 en fonction des groupes raciaux FCI

Groupe	Nom :	Nombre de livres	Nombre de naissances
1	Chiens de berger et de bouvier (sauf chiens de bouvier suisses)	43	32 203
2	Chiens de type Pinscher et Schnauzer – Molossoïdes – Chiens de montagne et de bouvier suisses et autres races	44	26 514
3	Terriers	31	26 576
4	Teckels	3	3 995
5	Chiens de type Spitz et de type primitif	28	4 219
6	Chiens courants, chiens de recherche au sang et races apparentées	44	13 490
7	Chiens d'arrêt	32	22 768
8	Chiens rapporteurs de gibier – Chiens leveurs de gibier – Chiens d'eau	17	23 107
9	Chiens d'agrément et de compagnie	26	25 780
10	Lévriers	13	2 251
	Total	**281**	**180 903**

D'autres paramètres, en dehors de la race élevée, viennent sans doute différencier les éleveurs, tels que leur âge, l'importance prise par l'élevage en tant qu'activité, et pour les éleveurs non professionnels, la catégorie socio-professionnelle. L'élevage du chien constitue en effet un univers où se côtoient éleveurs amateurs et professionnels. Selon les statistiques de production du LOF, 25% des portées de l'année 2007 ont eu lieu chez des éleveurs n'ayant déclaré qu'une seule portée (65% des 14 482 éleveurs ayant déclaré des naissances au cours de cette année-là), alors que 35% des portées ont eu lieu chez des éleveurs ayant produit 10 portées ou plus (5% des éleveurs). Dans le premier cas, il s'agira essentiellement d'éleveurs amateurs, tandis que la majorité de la seconde catégorie sera constituée de personnes pour lesquelles l'élevage constitue probablement l'activité principale. Entre ces deux catégories, les situations seront variables, d'autant plus qu'il existe de nombreuses activités rémunératrices liées à l'élevage (toilettage, dressage, mise en pension, …). Dans le cadre d'une étude sur la gestion des races, il est nécessaire d'évaluer et de prendre en compte cette diversité d'ordre social.

Lorsque les éleveurs sont interrogés sur les pratiques de reproduction et de sélection qu'ils ont dans leur élevage, les réponses mettent justement en évidence une hétérogénéité de points de vue. Sur les unions entre apparentés, par exemple, les opinions varient d'une franche adhésion « *il n'y pas de sélection possible sans consanguinité* », à une claire révulsion « *c'est de l'inceste* ». Certaines personnes passent leurs week-ends à courir les expositions canines, alors que pour d'autres, la confirmation constitue l'unique occasion pour le chien de poser la patte sur un ring de concours. Les modalités d'échanges elles-mêmes varient. Certains éleveurs sont fiers d'avoir voyagé, parfois sur d'autres continents, pour acheter un futur reproducteur ; d'autres préfèrent rester sur leur propre lignée ou n'acceptent de saillies que d'élevages qu'ils connaissent bien.

S'intéresser aux données démographiques et physiologiques des races canines requiert également de prendre en compte ces différences de pratiques. Une bonne illustration peut en être fournie par l'étude comparée de la mortalité juvénile au sein des groupes raciaux FCI. Cette dernière peut être appréciée en comparant la diminution de la taille des portées au moment de la déclaration de naissance (deux semaines après la naissance) et de l'inscription des chiots au LOF (à deux mois) en 2007, obtenues sur 153 races (voir Tableau 2.2).

Tableau 2.2 - Taille de portée au cours des déclarations de naissance et des inscriptions au LOF pour les 10 groupes FCI (effectuée sur les 153 races enregistrant plus de 20 portées en 2007)

Groupe	**1**	**2**	**3**	**4**	**5**	**6**	**7**	**8**	**9**	**10**	**Total**
Nombre de races	23	27	16	3	9	25	15	8	22	5	**153**
Taille de portée (déclaration)***	5,54	5,84	4,52	4,12	4,62	5,90	6,49	5,90	3,59	5,50	**5,29**
Taille de portée (inscription)***	5,21	5,47	4,24	3,84	4,45	5,23	6,16	5,59	3,33	5,18	**4,93**
Diminution de taille de portées entre déclaration et inscription (%)***	6,0%	6,3%	6,2%	6,8%	3,9%	11,3%	4,9%	5,2%	7,2%	5,8%	**6,9%**

(effet du facteur groupe racial *** P<0,0001 (obtenu par ANOVA))

Ces résultats mettent en évidence des variations significatives (P<0,0001) au sein des groupes raciaux FCI. Une diminution très importante des tailles de portée est observée au sein du 6ème groupe (chiens de vénerie), puisque celle-ci est de 11,3% contre 6,9% en moyenne. Or les races de vénerie ne sont pas considérées comme des animaux sensibles mais au contraire comme des chiens rustiques et résistants. Cette « mortalité juvénile » importante serait plutôt expliquée par le fait que les éleveurs du 6ème groupe, ont des pratiques différentes, avec notamment un suivi sanitaire des chiots moins poussé, voire l'élimination volontaire des individus les plus chétifs. Ce résultat serait donc une bonne illustration d'un cas où les pratiques d'élevage prennent le pas sur des caractéristiques zootechniques raciales pour expliquer un résultat d'élevage.

Pour comprendre comment est gérée l'espèce, il convient d'appréhender la diversité des éleveurs, des races qu'ils détiennent et de leurs pratiques. Dans un premier temps, il peut paraître intéressant de classer les éleveurs en cherchant à définir quels paramètres influencent les différences de pratiques et quelles interactions existent entre ces paramètres.

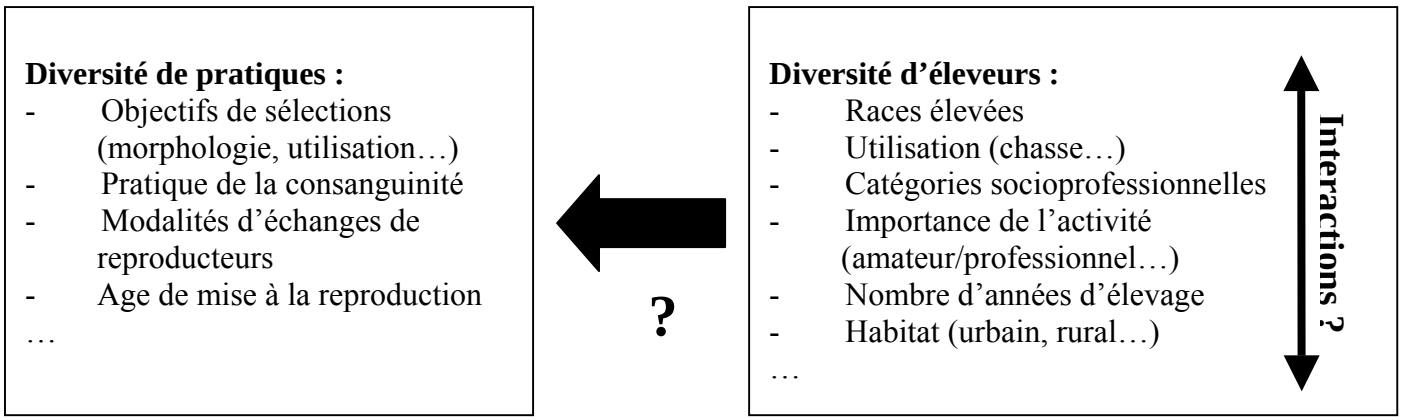


Figure 2.1 - Schématisation des liens entre la diversité d'éleveurs et de pratiques existantes au sein de l'élevage canin

Si des catégories d'éleveurs peuvent être établies, il convient de savoir si celles-ci sont liées à des pratiques d'élevage particulières (notamment de sélection et de reproduction) (Figure 2.1). On peut s'interroger sur le fait de savoir si les pratiques de l'union entre apparentés sont liées à des races particulières ; il peut aussi être intéressant de savoir dans quelle mesure le fait qu'une lice effectue des concours de travail joue sur sa carrière de reproductrice. Il s'agira donc d'étudier les impacts d'une diversité d'éleveurs sur une diversité de pratiques.

A partir des relations éventuellement mises en évidence, il convient d'étudier les éventuelles conséquences que vont avoir ces différences de pratiques sur les paramètres zootechniques, génétiques et démographiques des races (Figure 2.2). Ce ne sont sûrement pas les mêmes éleveurs qui élèvent les mêmes races et il est donc légitime de supposer que si des différences entre éleveurs peuvent être mises en relation avec des différences de pratiques, il pourrait en ressortir des impacts sur l'évolution et la diversité génétique portée par les races canines.

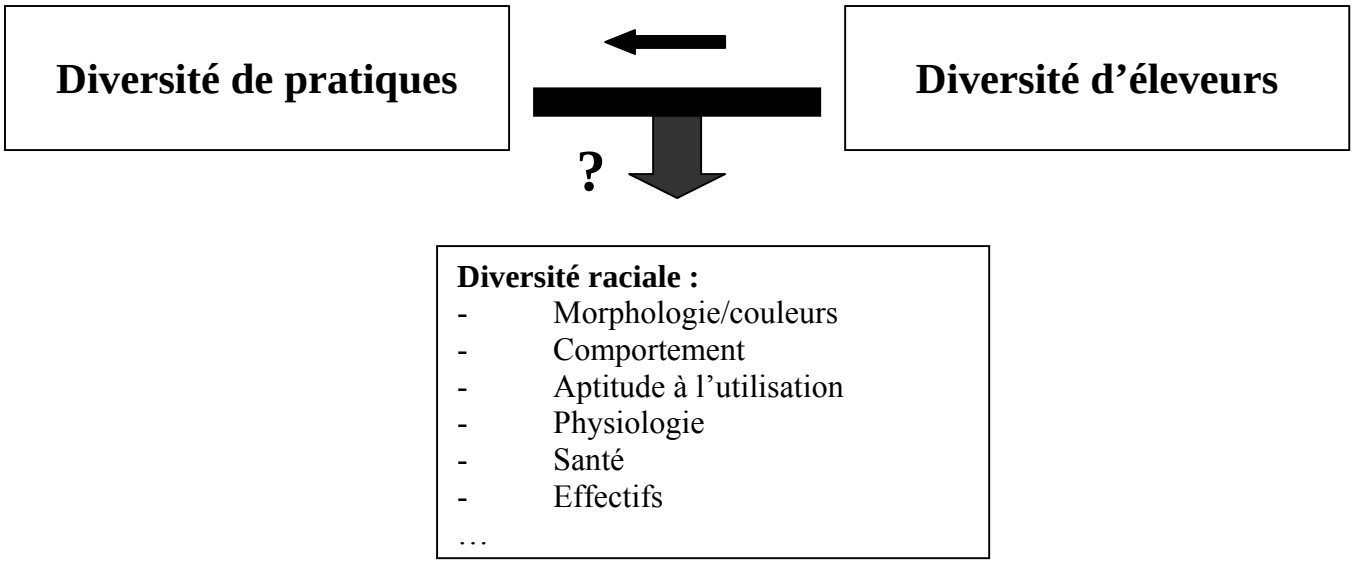


Figure 2.2 - Schématisation des liens entre la diversité d'éleveurs et de pratiques existantes au sein de l'élevage canin, avec la diversité des races elles-même

Pour analyser ces relations, l'utilisation d'un outil de type sociologique est apparu adéquate (Singly 2005). Il a été décidé d'envoyer, après une série d'entretiens, un questionnaire aux éleveurs LOF, portant sur leurs pratiques et leurs opinions. L'objectif était double :

- Comprendre la manière dont les éleveurs « pensent » l'élevage, échangent leurs reproducteurs et gèrent les croisements. Il s'agissait de mettre en évidence d'éventuelles relations entre des caractéristiques des éleveurs (localisation, race(s) élevées, importance de l'activité, expérience de l'élevage, etc.), des pratiques diverses (travail du chien, objectif de sélection, âge de reproduction, Insémination Artificielle (IA), consanguinité, etc.), et d'éventuelles caractéristiques des races (« santé génétique », évolutions récentes, etc.)
- Apporter des précisions sur les opinions qu'ont les éleveurs vis-à-vis des clubs et de la SCC. En tant qu'organisme responsable de la gestion des livrets généalogiques canins, et ceci devant le Ministère chargé de l'agriculture, la SCC se doit de se mettre à jour vis-à-vis des contraintes légales. Il s'agit aussi de répondre aux attentes des adhérents, une refonte de la base de donnée et des services proposés par la SCC étant en cours. Le questionnaire invitait donc les éleveurs à donner leur opinion sur différents sujets, tels que les services à améliorer ou la nécessité de développer ou non l'identification ADN.

Le questionnaire (voir pages suivantes), constitué d'une cinquantaine d'entrées, a été envoyé dans le courant du mois d'août 2005 aux 20 000 éleveurs enregistrés dans les bases de données du LOF. Les principaux résultats sont présentés au sein du chapitre suivant, sous forme d'articles. Le premier d'entre eux « *Breeding goals and breeding practices of French dog breeders: results from a large survey* », s'intéresse essentiellement aux pratiques de sélection et de reproduction des éleveurs, tandis que l'article « Enquête auprès des éleveurs canins : Comment l'éleveur voit-il son activité ? » se focalise sur l'activité d'élevage elle-même et la manière dont les éleveurs se définissent. Ici, les pratiques sont analysées selon les deux facteurs qui se sont révélés avoir la plus grande influence sur les réponses, la race élevée (sous la forme du groupe racial FCI), et l'importance prise par l'activité d'élevage (sous la forme du nombre de portées produites). Le troisième et dernier article, « Enquête auprès des éleveurs canins : Evolution récente et pathologie génétique des races », s'intéresse aux évolutions et aux problèmes d'ordre génétique constatés par les éleveurs, sous l'angle de la race uniquement.

B - Questionnaire

Questionnaire Eleveurs

A. Votre situation :

A.1 : Dans quel département est situé votre élevage ? _____

A.2 : De quelle année date votre première portée ? _____

A.3 : Votre activité principale tourne-t-elle autour du chien ? oui ❑ non ❑

A.4 : Si non, quelle est votre activité principale ? Cochez la case qui convient.

❑ Agriculteur, exploitant ❑ Artisan, commerçant ou chef d'entreprise ❑ Cadre, profession intellectuelle supérieure
❑ Employé ❑ Ouvrier ❑ Profession intermédiaire
❑ Retraité ❑ Sans emploi ❑ Autre : _____

A.5 : A part l'élevage, effectuez-vous d'autres activités rémunérées autour du chien ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Dressage ❑ Toilettage ❑ Pension ❑ Autres : _____

A.6 : Où vivez-vous ? Cochez la case qui convient.

❑ En appartement ❑ En maison en centre urbain ❑ En maison en milieu rural ❑ Autres : _____

A.7 : Disposez-vous d'espaces aménagés pour vos chiens ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Jardin ❑ Salle(s) aménagée(s) (nurserie, infirmerie…) ❑ Chenil ❑ Autres : _____

A.8 : A combien d'expositions de beauté avez-vous participé au cours des 12 derniers mois ? _____

A.9 : A combien d'épreuves de travail avez-vous participé au cours des 12 derniers mois ? _____

B. L'élevage et vous :

B.1 : Pour vous, outre le fait de produire des chiots, qu'est ce qu'être éleveur ? Cochez les trois cases convenant le mieux.

❑ Etre passionné ❑ Avoir un hobby ❑ Sélectionner une race
❑ Communiquer autour du chien ❑ Faire des compétitions ❑ Aimer les chiens
❑ Avoir des chiens en bonne santé ❑ Beaucoup travailler pour le chien ❑ D'importantes dépenses pour le chien
❑ Autres : _____

B.2 : Qu'appréciez-vous particulièrement dans l'activité d'éleveur ? Cochez les trois cases convenant le mieux.

❑ Le contact avec les animaux ❑ L'élevage des chiots ❑ Les expositions canines
❑ Les contacts humains ❑ La sélection ❑ Les concours de travail
❑ La chasse ❑ Le contact avec la nature ❑ Autres : _____

B.3 : Qu'est ce que vous appréciez moins dans l'activité d'éleveur ? Cochez les trois cases convenant le mieux.

❑ Le nettoyage ❑ Les contacts avec le monde de l'élevage ❑ Les contacts avec les clients
❑ Les contraintes réglementaires ❑ La vente des chiots ❑ L'administratif
❑ La mortalité ❑ Les maladies et affections héréditaires ❑ Les expositions
❑ Autres : _____

C. L'élevage lui-même :

C.1 : Combien de races possédez-vous ? _____

C.2 : Lesquelles ? Si vous disposez de plusieurs races, citez les trois races pour lesquelles vous avez le plus de chiens, par ordre d'importance décroissante.

1 _____ **2** _____ **3** _____

C.3 : Pour chaque race, indiquez le nombre de chiens dont vous êtes propriétaires :

		Jeunes	Adultes reproducteurs	Adultes âgés non reproducteurs	Adultes non reproducteurs autres
Race 1	Mâles				
	Femelles				
Race 2	Mâles				
	Femelles				
Race 3	Mâles				
	Femelles				
Total	Mâles				
	Femelles				

C.4 : Pour chaque race (jusqu'à trois), indiquez le nombre de portées effectuées au cours des douze derniers mois.

Race (1) : _____ Race (2) : _____ Race (3) : _____ Total : _____

D. Aspects technico-économiques :

D.1 : L'activité économique autour de vos chiens : Cochez la case qui convient.

❑ Permet d'assurer un revenu ❑ Permet d'équilibrer les dépenses en général ❑ Permet parfois d'équilibrer les dépenses

❑ Permet d'éponger une partie des frais ❑ Ne permet pas grand chose ❑ Ne sais pas

❑ Autres : _____

D.2 : Quels sont vos principales dépenses ? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour la principale dépense, 2 pour la seconde…).

___ L'alimentation ___ Les manifestations canines ___ Les frais vétérinaires

___ L'administratif (adhésion, clubs, prestations SCC) ___ La publicité ___ Autres : _____

D.3 : Par quels moyens vous faites vous connaître auprès de vos clients ? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour le principal moyen, 2 pour le second…).

___ Bouche à oreille/réputation ___ Site Internet personnel ___ Publicités sur d'autres sites Internet

___ Publicité dans les revues canines ___ Publicité dans les journaux autres ___ Expositions

___ SCC ___ Club de race ___ Autres : _____

E. Autour de la race (on s'intéressera désormais uniquement à la race principale (1)) :

E.1 : Comment définiriez vous votre race ? Cochez les trois cases convenant le mieux.

❑ Intelligente ❑ Sensible ❑ Facile à vivre ❑ Un fort caractère ❑ Doit être éduquée

❑ Familiale ❑ Sportive ❑ Pantouflarde ❑ Serviable ❑ Rustique (chien d'extérieur)

❑ Calme ❑ Vive ❑ Obéissante ❑ Proche du maître ❑ En bonne santé

❑ Qui vit longtemps ❑ Autres : _____

E.2 : Faites vous travailler vos chiens ? oui ❑ non ❑

E.3 : Si oui quel type de travail ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Chasse ❑ Troupeau ❑ Défense (ring, RCI , mondioring, campagne, schutzhund…)

❑ Cavage ❑ Traîneaux ❑ Pistage, recherche utilitaire

❑ Agility ❑ Travail à l'eau ❑ Course (Epvl, ENC…)

❑ Obéissance ❑ Autres : _____

E.4 : Avez vous constaté des évolutions de la race au cours des dix dernières années et quelle est votre opinion à ce sujet ? Cochez la ou les cases correspondant à votre opinion.

			Opinion à ce sujet		
Taille :	❑ Augmentation	❑ Diminution		❑ Bonne	❑ Mauvaise
Poids :	❑ Augmentation	❑ Diminution		❑ Bonne	❑ Mauvaise
Morphologie générale :	❑ Amélioration		❑ Détérioration		
Problèmes d'hypertype :	❑ Amélioration		❑ Détérioration		
Santé (maladies héréditaires) :	❑ Amélioration		❑ Détérioration		
Caractère :	❑ Amélioration		❑ Détérioration		
Aptitudes naturelles :	❑ Amélioration		❑ Détérioration		

E.5 : Citez par ordre d'importance décroissante, les problèmes génétiques qui touchent la race.

1 _____ 3 _____

2 _____ 4 _____

F. L'élevage canin et les associations :

F.1 : Quelles améliorations pourraient être effectuées par la SCC ? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour la principale amélioration, 2 pour la seconde…).

___ Amélioration du standard téléphonique

___ Un accès Internet vers les généalogies de tous les individus

___ Plus de services via Internet (demandes de chiens, saillies)

___ Des tarifs plus bas

___ Une organisation plus efficace des manifestations

___ Gestion plus rapide du fichier central

___ Plus de communication avec les éleveurs

___ Une meilleure information des éleveurs et des utilisateurs

___ Des pedigrees mieux renseignés (ADN, santé, performance),

___ Autres : _____

F.2 : Avez vous des demandes plus spécifiques ?

_____

_____

F.3 : Etes vous membre de votre club de race (pour la race principale) ? oui ❑ non ❑

F.4 : Etes vous membre de votre société canine régionale ? oui ❑ non ❑

F.5 : Etes vous membre d'un ou plusieurs clubs d'utilisation ? oui ❑ non ❑

G. Objectifs et méthodes de sélection (on s'intéressera uniquement à la race principale (1)) :

G.1 : Sur quels éléments sélectionnez-vous en priorité vos chiens ? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour le principal élément, 2 pour le second…).

___ Morphologie ___ Caractère ___ Santé (affections héréditaires)

___ Travail ___ Autres : _____

G.2 : Par rapport à cela, vers quoi s'oriente la politique de sélection du club de votre race? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour le principal élément, 2 pour le second…).

___ Morphologie ___ Caractère ___ Santé (affections héréditaires)

___ Travail ___ Autres : _____ ❑ Ne sait pas

G.3 : Lorsque vous effectuez une saillie, sur quels éléments vous basez-vous pour choisir un reproducteur à l'intérieur de votre élevage ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Coup d'œil ❑ Pedigree ❑ Descendance ❑ Collatéraux

❑ Résultats de travail ❑ Résultats d'exposition ❑ Autres : _____

G.4 : Lorsque vous effectuez une saillie, sur quels éléments vous basez-vous pour choisir un reproducteur à l'extérieur de votre élevage ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Coup d'œil ❑ Pedigree ❑ Descendance ❑ Collatéraux

❑ Résultats de travail ❑ Résultats d'exposition ❑ Réputation de l'éleveur ❑ Autres : _____

G.5 : Quel pourcentage des chiots que vous produisez arrivez-vous à suivre après la confirmation ? Cochez la case qui convient.

❑ 0-25% ❑ 25-50% ❑ 50-75% ❑ 75-100%

G.6 : Pratiquez vous le line-breeding (le fait de rechercher à avoir plusieurs fois un ancêtre dans le pedigree) ? oui ❑ non ❑

G.7 : Pratiquez-vous de la consanguinité proche ? oui ❑ non ❑

G.8 : Avez vous déjà effectué les accouplements entre proches apparentés des types suivants ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Grand-père/petite fille ❑ Demi-frère/ demi-sœur ❑ Père/fille ❑ Frère/ sœur

G.9 : Souhaitez-vous que l'identification génétique soit imposée :

Pour tous les chiens ayant un certain niveau dans les grilles de cotations ? oui ❑ non ❑

Pour tous les reproducteurs ? oui ❑ non ❑

Pour tous les chiens ? oui ❑ non ❑

H. Reproduction (on s'intéressera uniquement à la race principale (1)) :

H.1 : A partir de quel âge (en années) faites-vous reproduire vos femelles en moyenne ? _____

Jusqu'à quel âge en moyenne ? _____ **Combien de fois en moyenne ?** _____

H.2 : A partir de quel âge minimal (en années) faites-vous reproduire vos femelles ? _____

Jusqu'à quel âge au maximum ? _____ **Combien de fois au maximum ?** _____

H.3 : A partir de quel âge (en années) faites-vous reproduire vos mâles en moyenne ? _____

Jusqu'à quel âge en moyenne ? _____ **Combien de fois en moyenne ?** _____

H.4 : A partir de quel âge minimal (en années) faites-vous reproduire vos mâles ? _____

Jusqu'à quel âge au maximum ? _____ **Combien de fois au maximum ?** _____

H.5 : Lorsque vous faites saillir vos femelles par un mâle de l'extérieur, quelles en sont en général les modalités? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Paiement de la part du propriétaire de la femelle ❑ Choix d'un chiot de la portée ❑ Echanges de services ❑ Autres : _____

H.6 : Lorsque vos mâles effectuent des saillies à l'extérieur, quelles en sont en général les modalités? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Paiement de la part du propriétaire de la femelle ❑ Choix d'un chiot de la portée ❑ Echanges de services ❑ Autres : _____

H.7 : Jusqu'à quelle distance êtes vous allé pour emmener une femelle effectuer une saillie ? Cochez la case qui convient.

❑ Départements limitrophes ❑ Toute la France ❑ Pays limitrophes : _____ ❑ Pays autres : _____

H.8 : Jusqu'à quelle distance êtes vous allé pour acheter un chiot ? Cochez la case qui convient.

❑ Départements limitrophes ❑ Toute la France ❑ Pays limitrophes : _____ ❑ Pays autres : _____

H.9 : Avez vous déjà eu recours à l'insémination artificielle ? Cochez la case qui convient.

❑ Jamais ❑ Occasionnellement ❑ Régulièrement

H.10 : Si régulièrement, combien de portées ont été concernées au cours des trois dernières années ?

❑ 0-25% ❑ 25-50% ❑ 50-75% ❑ 75-100%

H.11 : Pour quelles raisons principalement ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Comportement du mâle ❑ Comportement de la femelle ❑ Simplicité
❑ Morphologie du mâle ❑ Morphologie de la femelle ❑ Raisons sanitaires
❑ Qualité du mâle ❑ Import d'un pays étranger ❑ Autres : _____

H.12 : Avez vous déjà congelé la semence d'un de vos mâles ? oui ❑ non ❑

H.13 : Avez vous déjà utilisé de la semence congelée sur l'une de vos femelles ? oui ❑ non ❑

H.14 : Avez vous déjà eu recours à la césarienne ? Cochez la case qui convient.

❑ Jamais ❑ Occasionnellement ❑ Régulièrement

H.15 : Si régulièrement, combien de portées ont été concernées au cours des trois dernières années ?

❑ 0-25% ❑ 25-50% ❑ 50-75% ❑ 75-100

I. Remarques et commentaires :

_____

_____

_____

_____

_____

Si vous désirez recevoir un compte rendu des résultats du questionnaire, indiquez ici votre adresse e-mail :_____

Breeding goals and breeding practices of French dog breeders: results from a large survey

G. LEROY[1,2*], E. VERRIER[1], C. WISNER-BOURGEOIS[3], X. ROGNON[1]

1 INRA / AgroParisTech, UMR1236 Génétique et diversité animales, 16 rue Claude Bernard, F-75231 PARIS 05
2 Société Centrale Canine, 155 av. Jean Jaurès, F-93535 AUBERVILLIERS
3 AgroParisTech, Unité de Sociologie rurale,16 rue Claude Bernard, F-75231 PARIS 05

** Corresponding author: E-mail: gregoire.leroy@agroparistech.fr*

SUMMARY

Selection goals and management methods of French dog breeders were studied through questionnares sent to breeders registering litters with the French Kennel Club (SCC). The 985 breeders concerned are either occasional, regular hobby or professional, and breed 186 different breeds. Questions dealt with such subjects as the number of dogs owned, selection goals and tools, inbreeding, age of reproduction, and artificial insemination. The answers were analysed according to the breed owned and the number of litters produced, this parameter being linked with the status of the breeder (occasional breeder, professional…). Good conformation was declared as the first breeding goal by 39.7 percent of the breeders, ahead of behaviour. However, hunting selection was largely predominant for pointing dogs and scent hounds, declared as the first breeding goal by 55.7 and 40.9 percent of the breeders of these breeds, respectively. The kennel size was found to have a large effect on the selection method: for instance, proportions of breeders using line and close breeding were significantly higher for breeders producing more than one litter per year. There were also many differences about the use of artificial insemination, according to the breeds and litter production. When working on breed management, it seems important that breeding clubs and Kennel Clubs take those differences into account.

Keywords : Dogs, Breeders, Survey, Breeding goals.

RÉSUMÉ

Objectifs de sélection et pratiques d'élevage des éleveurs de chiens en France : résultats d'une large enquête

Les objectifs de sélection et les pratiques d'élevage des éleveurs de chiens en France sont étudiées à partir d'un questionnaire envoyé aux éleveurs enregistrant des portées auprès de la Société Centrale Canine. Les 985 éleveurs ayant répondu peuvent être occasionnels, réguliers ou professionnels, et élèvent 186 races différentes. Les questions concernent des sujets tels que le nombre de chiens possédés, les objectifs et les outils de sélection, les âges de reproduction, ou l'insémination artificielle. Les réponses ont été analysées en fonction du groupe racial possédé et du nombre de portées produites, ce paramètre étant lié avec le statut de l'éleveur (occasionnel, régulier, ou professionnel). La morphologie est considérée comme le premier objectif de sélection par 39,7 pour cent des éleveurs, devant le comportement. Cependant la sélection sur le travail reste largement prédominante pour les éleveurs de chiens d'arrêt ou les chiens courants, et est déclarée comme le premier objectif de sélection par respectivement 55,7 et 40,9 pour cent de ces éleveurs. La taille de l'élevage et l'importance de l'activité de reproduction ont un effet sur les méthodes de sélection : par exemple, la pratique de la consanguinité (line-breeding ou close-breeding) est significativement plus importante pour les éleveurs produisant plus d'une portée par an. La pratique de l'insémination artificielle est aussi très variable, en fonction des races et du nombre de portées produites. Au sujet de la gestion des races, ces différences devraient être prises en compte par les Kennels Clubs.

Mots-clés : *Chiens, éleveurs, enquête, objectifs de sélection.*

Introduction

Each year, about 15,000 French dog breeders produce more than 35,000 litters registered by the French Kennel Club (SCC: Société Centrale Canine). The aim of the SCC being to register and promote purebred dogs, it regularly tries to improve its database and services provided to breeders. Another objective is to optimise its breeding management methods to avoid a loss of genetic diversity within the breeds. Therefore it has to sample the opinions and methods of the breeders, for instance about the data written on pedigrees or about inbreeding, which is a selection tool commonly used by some breeders [3]. However there is no precise data about dog breeders, and it seems that there is a large diversity of methods among them. Professional breeders, who derive most of their income from dog breeding, seem to be a minority among the whole population of dog breeders. Among hobby breeders, differences can be recognized between occasional breeders, who register a litter from time to time, and regular breeders, who register several litters per year. Moreover, many different breeds (about 300) are reared in France and several different uses of dogs have to be considered (pets, hunting, security, …). This very large diversity of breeds and uses of dogs could also lead to large differences among breeders.

The aim of this work was to study the differences that can exist among dog breeders about their opinions and their practices dealing with breeding goals, selection tools, and livestock management and reproduction methods. Indeed, several surveys were conducted during the last few years to study the effects of selection on behaviour [5] and health [8, 10, 13]. New tools, based for instance on estimated breeding values, have also been proposed to improve selection [14] and criteria deduced from molecular and pedigree analyses have been proposed to monitor the within-breed variability [6, 7]. However there is no information on the scale of the national population and we do not know what differences precisely exist between the different kinds of breeders.

Materials and Methods

QUESTIONNAIRE

"We constructed the questionnaire on the basis of preliminary interviews with 42 breeders. After a phase of correction and validation with 50 other breeders, the final questionnaire was sent in August 2005 to 20,263 breeders, together with a letter from the French Kennel Club ("SCC information"), which is regularly sent to all breeders having registered litters during the last few years.

The questionnaire was anonymous and composed of 55 questions. It dealt with subjects such as information about the breeder himself, his opinion and his practices about breeding, the breed(s) present in his kennel, selection, reproduction and suggestions for the improvement of the work achieved by the Kennel Club. According to the questions, the breeders were asked to give a number (e.g., Number of litters yearly produced, age at reproduction, …), to check one or several boxes, or to grade from 1 to 3 the best answers within a list of choices (for each breeder, the objectives that were not checked were graded as 5).

The time limit for returning the questionnaire was fixed to 3 months and no reminder was sent. Pre-stamped envelopes were not included. A copy of the questionnaire, written in French, is available on demand."

CATEGORIES

Many factors influence the selection methods of breeders. In this paper, we focus on the main two: the number of litters produced during the last twelve months and the breed.

The number of litters produced is an indicator of the size of the kennel and is one of the factors of the breeders' income. It therefore seems to be a good criterion to distinguish the different kinds of breeders. According to the SCC database, in 2004, breeders who had registered more than 10 litters during the year represented 3.7% of the breeders, but 28% of the registered litters. In comparison, 67% of the breeders had registered one single litter, which represented 27% of all registered litters. Thus, this parameter allowed us to take into account the size of the kennels, and differenciate occasionnal, regular hobby and professionnal breeders. Among the breeders indicating a single litter during the last year, it was not possible through the questionnaire to distinguish, on the one hand, the breeders who had a litter every year and, on the other hand, those who used to produce litters irregularly, i.e. not each year. This is why the first category was made of the 536 breeders who declared that they had one litter or less during the last twelve months. The second category, which represented regular hobby breeders, was made by the 333 breeders who answered that they had between 2 and 5 litters during the last twelve months. Those who had 6 litters or more constituted the third category. Some of these breeders (27%) declared that breeding was not their main activity, but because there were only 92 breeders in the category, it was not possible to divide even more.

Due to differences in the use of dog and breeding goals according to the breed, the breeds owned by the breeders were considered in this study. However, a total number of 186 breeds have been recorded in the answers, and there were 103 breeds with less than 5 answers and 46 breeds with only one answer. Therefore, the breeds were grouped for reasons dealing with data processing and accuracy of results. For that purpose, the nomenclature of the international dog federation (FCI) was used. This nomenclature is commonly used in most countries (except in Great Britain, USA, Canada and Australia). It splits the species into 10 breed groups, on the basis of morphology, use, and historical criteria (Table I). However, in our results, with only 16, 26 and 17 breeders respectively, the fourth, fifth, and tenth groups were considered too small to provide accurate results. Therefore, these three groups were merged into a single category called "other groups". Another problem related to the breeders of multiple breeds, which represented about 33% of the breeders. Assuming the hypothesis that breeding in one particular breed group had some influence on the opinion and methods of the breeder, it was difficult to take into account breeders who owned breeds from different groups. We decided to put into the breed group categories only the 775 breeders who declared that 80% of their adults and 80% of their litters belong to the same breed group.

STATISTICAL ANALYSIS

Analyses were performed using the SAS software (2004). The representativeness of the sample (breeders who answered) in regard to the categories was checked by using a Chi-square procedure in reference to the SCC registration data for the year 2004.

For answers where breeders had the possibility to check several boxes, for each box, the effect of categories were analysed using a logistic model with a logit link-function. For quantitative answers, according to the distribution of the results, a Normal or Poisson distribution was used. For the questions where breeders had to check one single answer among several, a multinomial distribution with cumulative logit link-function was used.

The models included the factors "number of litters produced" and "breed groups". For several questions, an analysis including the interaction "number of litters produced" x "breed group" could not be performed because of a problem of convergence of the estimation algorithm . In the other cases, the interaction showed no significant effect on answers except in relation to the number of dogs possessed. That is why the interaction was not added to the model except in this case.

In each case, the general result is given according to the whole sample but modelisation only takes the answers of breeders classified in the categories into account. Therefore a part of the breeders who had different breeds (see above) were not integrated in the modelisation.

Results

REPRESENTATIVENESS OF THE SAMPLE

In November 2005, a total of 1006 questionnaires had been returned giving a response rate of 5.0%. Some of these ques-

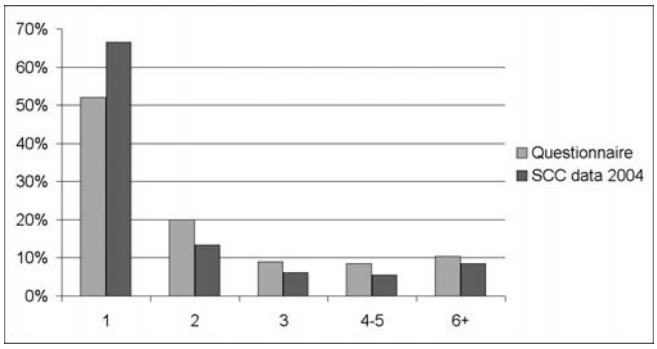


FIGURE 1 - Distribution of the breeders according to the number of litters produced, according to the sampling and to SCC database (2004).

tionnaires were photocopies and we decided not to take them into account in order to avoid double answers. Finally 985 questionnaires were analysed; these breeders did not always answer all the questions.

Figure 1 and Table I show the frequencies of the breeders among the defined categories (number of litters produced and breed groups respectively), in both the sample and the 2004 SCC data. The main result was an overrepresentation in our sample (P<0.001) of breeders who had produced more than one litter during the last year (Figure 1). This can be explained by the fact that professional and regular hobby breeders feel more concerned by dog breeding and were more disposed to answer the survey. Dealing with breed groups (Table I), our sample showed a slight overrepresentation of the 5th group (P<0.001), whereas the frequencies of the other groups were similar to those of the SCC data.

GENERAL CHARACTERISTICS OF THE BREEDERS

The average number of litters produced each year was 2.6 (s.d.=4.1). Using a Chi-Square test, differences in litter size between the breed groups were found to be significant (P<0.0001, see table II). Indeed respectively 48% and 58% of the breeders of the 3rd and 9th groups had produced two litters or more, and this rate fell to respectively 31% and 24% for the breeders of the 6th and 7th groups. The two factors, breed group and number of litters category, are therefore not independent. The repartition of the breeders between the different categories was unbalanced, specially among the category "6 litters or more", which involves professional breeders : for instance, in the 6th group only one breeder declared 6 litters or more. Such a distribution can explain the problems of convergence (see above).

Among the 985 breeders, 66.7% said that they had only one breed, 20.3% two breeds, 8.9% three breeds and 4.1% more than three breeds (0.6% of the breeders gave no answer). The coefficient of correlation between the number of breeds of a breeder and the number of litters produced, was found to be equal to 0.44 (P<0.001). There was no significant effect of the breed group on the number of breeds owned by a breeder.

We studied the differences in the number of sires (reproducing males), dams (reproducing females) and adults (reproducing animals, castrated adults, old ones…) declared by the breeders for the whole sample and according to the breed group. For each of the following results, the number of litters produced and breed groups show significant effects on size, with a P-value less than 0.001. The number of litters produced was found to be correlated with the number of stud dogs (r=0.54, P<0.001), the number of breeding bitches (r=0.88, P<0.001) and the total number of adults (r=0.80, P<0.001).

The average numbers of sires and dams were 1.35 (s.d.=1.70) and 3.33 (s.d.=3.81), respectively. Among the breed groups (table III), the average number of sires ranged from 0.76 (group 7) to 2.23 (group 6) and the average number of dams ranged from 2.01 (group 7) to 4.58 (group 3). The average number of adults possessed (including breeding and non-breeding animals) was 6.42, with a large standard deviation (6.16). Among the breeders of the sample, the total number of adults owned varied between 1 and 49 and among the groups, the average ranged from 3.85 (group 7) to 8.18 (group 3).

Group N°	Description of the group	According to the questionnaire		According to SCC data (2004)	Breeders who breed in one group according to the questionnaire	
		No	%	%	No	%
1	Sheepdogs and cattle dogs (except Swiss cattle dogs)	183	17.5%	15.2%	145	19.4%
2	Pinscher and Schnauzer - Molossoid breeds - Swiss mountain and cattle dogs and other breeds	151	14.4%	16.9%	120	16.0%
3	Terriers	123	11.7%	14.6%	73	8.7%
4	Dachshunds	27	2.6%	3.0%	16	1.8%
5	Spitz and primitive types	43	4.1%	2.2%	26	3.5%
6	Scent hounds and related breeds	110	10.5%	9.3%	91	11.3%
7	Pointing dogs	140	13.4%	14.2%	130	17.2%
8	Retrievers - Flushing dogs - Water dogs	110	10.5%	10.0%	65	8.7%
9	Companion and toy dogs	143	13.7%	13.1%	92	11.3%
10	Sighthounds	18	1.7%	1.4%	17	2.1%
Total		1048	100%	100%	775	100%

TABLE 1: Distribution of the breeders between the FCI groups, according to the questionnaire and to SCC data.

	1	2	3	6	7	8	9	4-5-10	Total	%
0-1 litter	77	76	38	62	98	40	37	34	462	60%
	(-1,07)	*(0,64)*	*(-0,92)*	*(1,04)*	*(2,28)*	*(0,22)*	*(-2,28)*	*(-0,27)*		
2-5 litters	55	35	26	27	25	19	39	21	247	*32%*
	(1,25)	*(-0,45)*	*(0,50)*	*(-0,38)*	*(-2,58)*	*(-0,37)*	*(1,91)*	*(0,45)*		
6 litters or more	12	6	9	1	6	5	13	4	56	7%
	(0,45)	*(-0,88)*	*(1,58)*	*(-2,18)*	*(-1,12)*	*(0,15)*	*(2,54)*	*(-0,15)*		
Total	144	117	73	90	129	64	89	59	765	
%	19%	15%	10%	12%	17%	8%	12%	8%		100%

TABLE 2: Repartition of the breeders according to the breed groups and the number of litters produced (The numbers in brackets represent the standardized residuals using a Chi-Square test).

Breed groups		1	2	3	6	7	8	9	4-5-10
Number of breeders having answered the question		136	109	71	83	121	63	82	5
Sires***	**Mean**	**1.02**	**0.81**	**1.70**	**2.23**	**0.76**	**1.35**	**1.54**	**1.36**
	s.d.	1.36	1.09	1.99	2.23	1.06	1.91	1.44	1.52
Dams***	**Mean**	**3.29**	**2.47**	**4.58**	**3.01**	**2.01**	**2.46**	**3.63**	**2.96**
	s.d.	4.49	2.38	6.26	2.23	2.22	2.76	3.46	2.49
Adults***	**Mean**	**5.65**	**4.45**	**8.18**	**7.88**	**3.85**	**5.84**	**7.38**	**6.38**
	s.d.	6.71	3.92	8.96	4.96	3.40	5.52	5.76	5.27

*** P< 0.001 (according to the model.)

TABLE 3: Number of sires, dams and adults owned by the breeders for the whole sample and according to the breed groups (Average sizes were smaller among the breed groups than the results found for the whole sample, because some of the breeders who had breeds from different groups were not included in these breed groups).

	Whole sample	1	2	3	6	7	8	9	4-5-10
Morphology***	**2.1**	2.4	**1.8**	**1.7**	2.1	2.5	2.6	**1.7**	**1.9**
Behaviour***	**2.4**	**1.9**	2.5	2.1	2.9	3.1	2.0	2.5	2.3
Health***	**2.9**	3.1	2.1	3.0	**4.2**	3.5	2.5	2.1	2.8
Work***	**3.7**	3.8	4.7	4.3	**1.9**	**2.2**	4.2	4.8	4.1
Others NS	**4.9**	4.9	4.9	4.8	4.9	4.8	4.8	4.9	4.9

NS non significant *** P< 0.001 (according to the model).

TABLE 4: Average rank of breeding goals declared by the breeders according to the breed group, the lower number being the best goal (there was no significant effect of number of litters produced on the answers).

	Total number of breeder	1	2	3	6	7	8	9	4-5-10
Number of breeders having answered the question	*950*	*141*	*117*	*71*	*87*	*126*	*64*	*86*	*57*
Sight NS	**34%**	40%	66%	39%	23%	25%	33%	37%	39%
Pedigree NS	**80%**	80%	89%	83%	54%	78%	88%	86%	88%
Offspring NS	**60%**	71%	70%	61%	45%	48%	61%	62%	68%
Relatives NS19%	**22%**	20%	8%	21%	17%	25%	19%	11%	
Work results*	**36%**	35%	5%	17%	76%	84%	34%	1%	23%
Dog shows NS	**31%**	33%	37%	39%	18%	25%	34%	47%	28%
Reputation * of the breeder	**27%**	20%	24%	32%	34%	18%	30%	42%	25%
Others (no test)	**7%**	11%	5%	4%	3%	6%	6%	3%	11%

NS non significant * P< 0.05 (according to the model).

TABLE 5: Answers of the breeders to the question: "When you choose a stallion outside of your own livestock, what information do you look at to make your decision?" according to the breed group (there was no significant effect of number of litters produced on the answers).

The interaction between the two factors were also found highly significant in each case (P<0.001) except with respect to the average number of sires (P<0.011).

SELECTION GOALS

Dog conformation was declared as the first breeding goal by 39.7% of the breeders. Each goal was ranked from 1 to 5. This characteristic appears as the main breeding goal, with an average rank equal to 2.1 (Table IV). It was followed by behaviour, health and work. The answer "others" which include such elements as feeling, reproduction or longevity, was seldom chosen. No significant effect of the number of litters produced was found on the declared breeding goal. On the contrary, the breed group significantly (P<0.001) affected it (Table IV). For instance, the main breeding goal was conformation for the 2nd, 3rd and 9th groups, behaviour for the 1st and 8th groups, and work for the 6th and 7th groups (about dogs, according to the interviews, for most of the French breeders, "work" means physical activities, and not only shepherd activity). In those two groups, work was declared as the first breeding goal by respectively 55.7% and 40.9% of the breeders.

One of the questions in the questionnaire was about the physical activities of the dogs "Do you make your dog work?". The breeders could also pick a box about the kind of work his dogs were doing (hunting, herding, protection, dog sports…). Nine hundred eighty-two breeders answered the question, and among them, 66% answered that their dogs did some work. The two main activities were hunting, which was done by 36% of the whole sample, and protection work (defence) with 11%. The other results are not presented here. There was no significant effect of the factor "number of litters produced". According to the breed group (Figure 2), differences were highly significant for work (P<0.0001). The statiscal analyses for hunting and defence were not performed, because the maximum likehood estimate could not be evaluated, due to the distribution of answers between categories. The proportion of breeders who said they were making their dog work dropped from 97% (7th group) to 21% (9th group). In the 7th group, also 97% of the breeders answered that their dogs were hunting. In the three groups (1st, 2nd, 9th), no one answered that their dogs were hunting, which was predictable. Finally, a large number of breeders had their dogs doing some defence activities only in the 1st (46%) and 2nd (18%) groups.

SELECTION TOOLS

Nine hundred and fifty breeders answered the question "When you choose a stud dog outside of your own breeding stock, what information do you look for to make your decision?" Eighty percent of the breeders quoted the answer "pedigree", maybe because it gives some data about ancestors, work results, dog shows, and disease tests (only about hip dysplasia in French pedigrees). Sixty percent of the breeders quoted "offspring". The rate for the other answers fluctuated between 36% (dog show) and 7% (others). The box "others" gathered such elements as price, results of diagnostic tests, or ancestors. A few significant effects of categories on answers were found (Table V). Indeed breed groups had a slightly significant effect only on "work results" and "reputation of the breeder".

ABOUT LINE-BREEDING AND CLOSE-BREEDING

Two questions were related to the practice of line-breeding and close-breeding, respectively. In the questionnaire, line breeding was defined as the mating of a sire and a dam sharing the same far ancestor, present several times in their pedigree, and close-breeding as mating closely related dogs, e.g. half- or full sibs. Among the 949 breeders who answered the first question, 49% declared they were using line-breeding. Amongst 962 answers, 24% of the breeders declared they were using close-breeding. These proportions were significantly higher (P<0.0001) for breeders producing more than one litter per year (Table VI). There was no significant effect of the breed group.

REPRODUCTION

For the dams, the average announced age at the beginning of the reproductive career was 2.4 years (959 answers, s.d.=0.8) and the average age at the end of the reproductive career was 6.7 years (917 answers, s.d.=1.1). For the sires, the corresponding parameters were equal to 2.1 years (659 answers, s.d.=0.7) and 8.4 years (581 answers, s.d.=1.5), respectively. The number of litters produced had a significant effect on age at the beginning for both dams (P=0.022) and sires (P=0.031) as well as on age at the end for dams (P=0.018) and sires (P=0.037). Our results suggest that sires and dams of regular hobby and professional breeders begin there reproductive career earlier and end it later. The breed group was also found to have a significant effect on age at the end of the reproductive career for both sexes (P<0.0001) but not on the age at the beginning (Table VII).

A total number of 942 breeders, owners of at least one dam, answered the question dealing with the ways to pay for the mating by a sire owned by another breeder (several answers to this question were allowed). The most used modalities were monetary payment (85%), the gift of a puppy from the litter that followed the mating (31%) and the "exchange of services" (11%). Less than 1% of the breeders wrote about other modalities (another gift, no compensation, …). There was a significant effect of the number of litters produced on these modalities (gift of a puppy being more used by the hobby breeders), and the "exchange of service" (more used by the breeders producing a large number of litters) (Table VIII). Table VIII also clearly shows some significant differences between breed groups. For breeders of all breeds' groups, except those of the 6th group, payment is largely the first modality used, followed by "exchange of service". For breeders of the 6th breeds' group, "exchange of service" is the favorite way. About "exchange of services", the 7th group shows intermediate results between the 6th group and the other groups.

To the question "Have you ever used artificial insemination (AI)?", breeders had to choose an answer among three propositions: never, occasionally or frequently. A majority (58%) of the 972 breeders having answered this question declared they had never used AI, 33% occasionnally and

Number of litters produced		0-1 litter	2-5 litters	6 litters or more
"Are you using line-breeding?" ***	Number of breeders	*512*	*324*	*90*
	% of positive answer	41%	62%	67%
"Are you using close-breeding?" ***	Number of breeders	*523*	*325*	*91*
	% of positive answer	16%	30%	41%

*** P< 0.001 (according to the model).

TABLE 6: Answers of the breeders to the question: "Are you using line-breeding?" and "Are you using in-breeding?", according to the number of litters produced (there was no significant effect of the breed group on the answers).

	Breed group		1	2	3	6	7	8	9	4-5-10
Dams	**Age at beginning** NS	Number of answers	141	119	73	91	125	61	90	58
		Mean	**2.24**	**2.21**	**2.20**	**2.46**	**2.88**	**2.50**	**2.20**	**2.37**
		s.d.	0.53	0.50	0.62	0.71	0.84	0.74	1.17	0.65
	Age at the end* **	Number of answers	134	110	68	87	120	59	87	55
		Mean	**7.17**	**6.09**	**6.38**	**6.78**	**6.83**	**6.89**	**6.41**	**7.00**
		s.d.	1.01	0.82	0.93	0.90	1.14	0.95	1.19	1.15
Sires	**Age at beginning** NS	Number of answers	94	78	57	65	68	40	64	47
		Mean	**1.87**	**1.79**	**1.59**	**2.28**	**2.32**	**1.80**	**1.57**	**2.00**
		s.d.	0.64	0.44	0.51	0.81	0.83	0.56	0.63	0.71
	Age at the end* **	Number of answers	86	61	45	45	62	31	59	42
		Mean	**8.81**	**7.28**	**8.40**	**8.27**	**8.96**	**8.97**	**8.31**	**8.76**
		s.d.	1.22	1.16	1.56	1.15	1.45	1.16	1.53	1.51

NS non significant *** P< 0.001 (according to the model).

TABLE 7: Age of reproductive career given by the breeders according to the breed group.

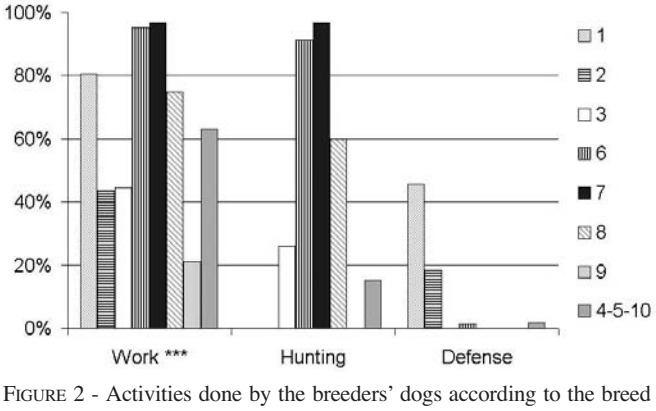


FIGURE 2 - Activities done by the breeders' dogs according to the breed group. Work includes hunting and defence. About hunting and defence, the statistical analysis was not performed, because the maximum likelihood estimate could not be evaluated (*** P< 0.001 according to the model).

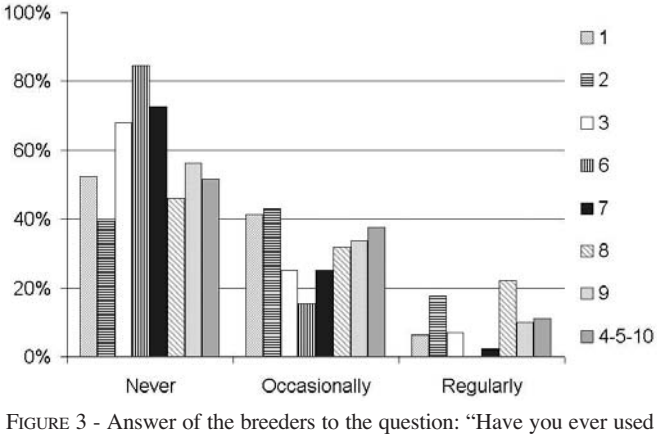


FIGURE 3 - Answer of the breeders to the question: "Have you ever used artificial insemination?" according to the breed group.

Number of litters produced	0-1 litter			2-5 litters			6 litters or more	
Number of answers	519			317			85	
Payment NS	82%			87%			93%	
Gift of a puppy*	35%			28%			13%	
Exchange of services***	9%			12%			25%	
Others (No test)	1%			1%			1%	
Breed groups	1	2	3	6	7	8	9	4-5-10
Number of answers	*141*	*113*	*71*	*84*	*129*	*62*	*85*	*57*
Payment***	94%	94%	90%	29%	86%	89%	91%	89%
Gift of a puppy***	18%	14%	24%	85%	45%	19%	14%	28%
Exchange of services*	8%	9%	17%	20%	7%	11%	13%	14%
Others (No test)	1%	0%	0%	1%	2%	2%	0%	0%

NS non significant * P< 0.05, *** P< 0.001 (according to the model).

TABLE 8: Answers of the breeders to the question: "When you are mating your female by a sire from outdoors, what are in general the payment methods?" according to the number of litters produced and the breed group (possibility to check several answers).

Behaviour of the sire	36%
Behaviour of the dam	45%
Ease of use	11%
Morphology of the sire	8%
Morphology of the dam	13%
Health reasons	68%
Quality of the sire	7%
Imported semen	5%
Others	7%

TABLE 9: Reasons given for the use of AI by the breeders who use it (382 answers).

only 9% regularly. Regular hobby and professional breeders use significantly more AI than occasional hobby breeders (P<0.001). Figure 3 also shows the significant effect (P<0.0001) of the breed group on the use of AI: the proportion of breeders using AI is significantly lower for breeders of the 6th group (P<0.0001); it is also significantly lower for breeders of the 3rd and 7th in comparison with breeders of the 1st, 2nd and 8th groups (P<0.0001). Among the 382 breeders using AI, the main reason was health reasons (68% of the answers), mainly for protection against brucellosis, according to the interviews. The other frequently given reasons were the behaviour of the dam (45%) or sire (36%). The conformation of the dam or sire, ease of use, genetic qualities of the sire and import of the semen were more rarely given as reasons to use AI (see Table IX).

Discussion

Our goal was to analyse the diversity of breeding goals and methods among dog breeders on the scale of the French population. The response rate was equal to 5.0%, which is rather low in comparison with investigations of the same kind [10]. This could be explained by the very large diffusion of the questionnaire (about 20 263 breeders), by its length and by the fact that pre-stamped envelopes were not included. In our sample, occasional breeders were underrepresented. This fact does not create a problem about comparison between categories but we should be careful about generalising the results of the survey to the whole breeders population. This is the reason why the results have been mainly shown in term of comparison between breeders categories, rather than average values.

Our study underlines clear differences in breeding methods among dog breeders. Indeed, according to the breed and to the fact that the breeder is an occasional, regular, or professional one, kennel sizes, objectives and methods of selection can be totally different. The large majority of modern breeds were in the beginning working dogs, used as watchdogs, hunting dogs, shepherd dogs… This is why, nine of the ten groups of the FCI nomenclature are utility groups. Nowadays selection for conformation [2] seems to prevail over other kinds of selection. However our results suggest that, according to the breeders, a majority of pointing dogs and scent hound breeds are still mainly selected for work. The fact that in these two groups, the number of litters produced is significantly smaller than most of the other groups strongly suggests that breeders of the 6th and 7th groups are generally breeding dogs for their own hunting purposes. Therefore their expectations will differ from those of the other breeders, for instance about future improvements of pedigrees: breeders of these two groups are likely to be more interested by an increase of information about work results than about results of dog shows or health.

Some previous studies [8, 11] have shown that there is a significant inverse correlation between body size and longevity among dog breeds, some giant breeds having a lower longevity than 8 years. This could explain the fact that, in the second group, which contains a large number of giant breeds, dogs have a significantly earlier end of reproductive career in comparison with other groups. Longevity is then liable to have some influence on the length of reproductive career.

Inbreeding is frequently used by dog breeders to fix some qualities of a particular dog within the breeding stock of a dog breeder [9]. We originally assumed that there were some differences of inbreeding management methods between breeds. Indeed in some breeds, close breeding can be forbidden by the breed club [4]. Besides some previous studies have shown that there are strong differences of inbreeding rate between breeds, independent of population size or pedigree knowledge [6, 7]. Our results did not show differences according to breed groups; however answers about inbreeding clearly suggest that breeders who make one litter or less per year use less line-breeding and close-breeding than more regular ones. This could be explained by the fact that the use of inbreeding increases the risk of the expression of genetic defects in a litter [3], and an occasional breeder cannot take such risk so easily as a regular one. Since, according to SCC data, those small breeders produced only one third of the litters, when loss of diversity has to be avoided in a breed, clubs should try to better communicate and advise regular breeders [6].

According to our results, male and female of regular breeders began their reproductive career earlier than those of occasional breeders, probably to test earlier the reproduction value of the animals. Although effects of early mating of bitches have never been investigated in-depth, it is well known in farm species that such practices may have some harmful effect on fertility and whelping. Therefore most Kennel Club, like SCC, impose a minimum age for the first litter bred. This limit should be chosen regarding the morphological specificities of each breed.

Conclusion

Our results suggest that although selection goals were clearly linked to the breed, the main factor which influences the selection method is the fact that the breeder is occasionnal, regular or professional. About reproduction methods, such as the use of AI, both factors seemed to have some influence. However, these factors are surely not the only ones that have some influence on selection. Some factors may play an important role in the decisions and should be investigated in further studies, e.g. population size of the breed, experience or social category of the breeder. The world of dog breeding is rather complex, with a great diversity of breeders. Studies and surveys on that topic are necessary to understand the breeders' motivations and so that kennel clubs can make useful propositions about breeding.

Acknowledgements

The authors thank the Société Centrale Canine and Association National de la Recherche Technique for both financial and logistic support, Prof. Stéphane Robin and Ali Chaouche for useful discussions about statistical analyses, Wendy Brand-Williams and Hélène Reynier for linguistic revision.

References

1. - BARTOLO A. : Contribution à l'étude de la reproduction chez la chienne : analyse des dossiers des chiennes suivies au centre d'étude en reproduction des carnivores de l'école nationale vétérinaire d'Alfort de 1999 à 2002, 73 pages, Thèse de doctorat vétérinaire, Maison-Alfort, 2004.
2. - CAWC : Breeding and welfare in companion animals, Companion Animal Welfare Council, www.cawc.org.uk (10/09/06), 2006.
3. - DENIS B. : Génétique et Sélection chez le Chien, 232 pages, CNVSPA/SSNOF, Paris, 1997.
4. - GUYADER C. : L'évolution du berger allemand. Morphologie et aptitudes 1945–1987, 116 pages, Thèse de doctorat vétérinaire, Maison-Alfort, 1989.
5. - HSU Y., SERPELL J.A. : Development and validation of a questionnaire for measuring behavior and temperament traits in pet dogs, *J. Am. Vet. Med. Assoc.*, 2003, **223**, 1293-1300.
6. - LEROY G., ROGNON X., VARLET A., JOFFRIN C., VERRIER E. : Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data, *J. Anim. Breed. Genet.*, 2006, **123**, 1-9.
7. - LEROY G., VERRIER E., MERIAUX J.C., ROGNON X. : Analyses de la diversité génétique chez le chien : quels outils pour quelles questions ? Le chien : domestication, raciation, utilisations dans l'histoire, *Ethnozootechnie*, 2006 **78**, 87-94.
8. - MICHELL A.R. : Longevity of British breeds of dog and its relationships with sex, size, cardiovascular variables and disease. *Vet. Rec.*, 1999, **145**, 625-629.
9. - NIELEN A.L., VAN DER BEEK S., UBBINK G.J., KNOL B.W. : Population parameters to compare dog breeds: differences between five Dutch purebred populations, Vet. Quart., 2001, 23, 43-9.
10. - PROSCHOWSKY H.F., RUGBJERG H., ERSBOLL A.K.,: Morbidity of purebred dogs in Denmark, *Prev. Vet. Med.*, 2003, **58**, 53-62.
11. - SAILLARD R. : Etude de la longévité canine, influence de la race et du sexe, causes de décès, 99 pages, Thèse de doctorat vétérinaire, Maison-Alfort, 2003.
12. - SAS Institute Inc., 2004: version 9.1.2. Cary, NC, USA.
13. - SLATER M.R. : Methods and issues in conducting breed-specific canine health surveys. *Prev. Vet. Med.*, 1996, **28**, 69-79.
14. - VAN HAGEN M.A.E., JANSS L.L.G., VAN DEN BROECK J., KNOL B.W. : The use of a genetic-counselling program by Dutch breeders for four hereditary health problems in boxer dogs, *Prev. Vet. Med.*, 2004, **63**, 39-50.

Prat Méd Chir Anim Comp (2007) 42: 191-197

Enquête auprès des éleveurs canins : comment l'éleveur voit-il son activité ? (1)

G. LEROY*, E. VERRIER, C. WISNER-BOURGEOIS***, X. ROGNON****

* INRA/AgroParisTech, UMR1236 Génétique et diversité animales, 16 rue Claude-Bernard, 75231 Paris 05 et Société Centrale Canine, 155 avenue Jean-Jaurès, 93535 Aubervilliers.
** INRA/AgroParisTech, UMR1236 Génétique et diversité animales, 16 rue Claude-Bernard, 75231 Paris 05.
*** AgroParisTech, Unité de Sociologie Rurale, 16 rue Claude-Bernard, 75231 Paris 05.

Résumé : La manière dont les éleveurs définissent et s'impliquent dans leur activité est étudiée à partir d'un questionnaire envoyé aux éleveurs enregistrant des portées auprès de la Société Centrale Canine (SCC). Les 985 réponses sont analysées en fonction du nombre de portées produites au cours de l'année précédente et du groupe racial élevé. Parmi les éleveurs interrogés, 22,5 % indiquent que leur activité principale tourne autour du Chien. La nourriture est considérée comme la première dépense par 68 % des éleveurs, devant les frais vétérinaires, mais il existe des variations en fonction des races. L'activité d'élevage, c'est *"être passionné"* pour 88 % des éleveurs et *"sélectionner une race"* pour 70 %. Sur de nombreux points, les races élevées et le nombre de portées produites ont une influence significative sur les opinions et les pratiques des éleveurs.

Mots clés : Chiens - Éleveurs - Enquête - Activité.

On estime à 15 000 le nombre d'éleveurs qui, chaque année, enregistrent près de 170 000 chiots auprès du LOF, le Livre des Origines Françaises. Une large majorité de ces éleveurs sont des amateurs et, si l'on prend en compte ceux qui produisent moins d'une portée par an, la population des éleveurs LOF compterait plus de 20 000 personnes. Ceux-ci présentent une large diversité en terme d'utilisations, de races ou de production.

Afin de mieux cerner les opinions et les attentes de cette population, la Société Centrale Canine (SCC), qui gère le LOF, a mis en place en 2005 une enquête sous forme de questionnaire, sur des problématiques telles que l'amélioration de ses services, la reproduction ou la santé des races. Des premiers résultats ont mis en évidence de larges différences concernant les méthodes de gestion et de sélection des populations canines, en fonction du nombre de portée produite [1].

Il s'agit ici de regarder plus précisément comment l'éleveur se définit lui-même ainsi que son activité. En effet, si les sociologues ont étudié l'identité des éleveurs d'animaux de rente à plusieurs reprises [2], on ne s'est que peu intéressé aux espèces de compagnie [3] dont l'élevage est une activité à plein temps pour seulement une minorité d'éleveur. Les résultats seront analysés en fonction du nombre de portées produites, afin de distinguer éleveurs occasionnels, réguliers ou professionnels, ainsi qu'en fonction des races élevées.

1. Matériel et méthodes

1.1. Questionnaire (figures 1 à 4)

Le questionnaire a été construit sur la base d'entretiens menés auprès de 42 éleveurs, puis d'une phase de validations auprès de cinquante autres éleveurs. Il est anonyme et constitué de 55 questions. Il a été envoyé en août 2005 auprès des 20 263 éleveurs enregistrant des portées auprès de la SCC. 985 questionnaires ont été analysés en retour. Une copie du questionnaire peut être envoyée sur demande.

1.2. Catégories d'analyse

Les réponses ont été étudiées à partir de deux facteurs qui se sont révélés influencer les méthodes et les opinions de l'éleveur [1] : le nombre de portées produites et le groupe racial principalement élevé.

Le nombre de portées produites au cours de l'année précédente constitue un critère relativement synthétique pour prendre en compte le degré d'implication de l'éleveur dans cette activité et distinguer éleveurs occasionnels, réguliers, voire professionnels. Les éleveurs ont donc été regroupés en trois catégories en fonction de ce nombre : les 536 occasionnels (0 à 1 portée), les 333 réguliers (2 à 5 portées) et les 92 potentiellement professionnels (6 portées et plus).

Les éleveurs qui ont répondu au questionnaire élèvent plus de 186 races, dont 103 avec moins de 5 réponses. Cela nous a conduits à faire des regroupements pour effectuer les analyses statistiques. Les dix groupes de la nomenclature FCI (Fédération Cynologique Internationale), essentiellement définis selon l'utilisation originelle des chiens, ont été utilisés (tableau n° I). Cependant, dans nos analyses, les groupes 4, 5 et 10 ne disposent pas d'assez de réponses pour obtenir des résultats significatifs et ont donc été fusionnés. Un autre problème était lié aux personnes élevant plusieurs races (33 %

des éleveurs). Suivant l'hypothèse qu'élever dans un groupe racial a une influence sur les opinions et les pratiques, seuls les 775 éleveurs déclarant avoir 80 % de leurs adultes et 80 % de leurs portées au sein du même groupe ont été pris en compte dans les groupes.

1.3. Analyses statistiques

Les analyses ont été réalisées à partir du logiciel SAS [4]. En fonction du type de réponse demandé, quantitatif ou qualitatif, les résultats ont été analysés respectivement à partir d'un modèle linéaire généralisé ou d'un modèle logistique. Le modèle prenait en compte les catégories "nombre de portées produites" et "groupe racial" sans interaction.

Pour de plus amples informations sur les méthodes utilisées, se référer à Leroy G [1].

2. Résultats

2.1. Activités de l'éleveur

Au total, 220 éleveurs, représentant près d'un quart des réponses, indiquent que leur activité principale concerne l'élevage du chien. Parmi ceux-là, 109 (la moitié) effectuent d'autres activités rémunérées autour du chien : dressage, toilettage, pension, autres,…. Toujours parmi ces 220 éleveurs, 70 disent avoir produit moins de 6 portées tout en n'ayant pas d'autre activité liée au chien. Ceci peut s'expliquer par le fait que plusieurs d'entre eux sont au chômage ou en retraite, l'élevage devenant ainsi leur activité principale. Parmi les éleveurs ayant déclarés six portées ou plus au cours de l'année précédente, 73 % répondent que leur activité principale tourne autour du chien ; parmi les éleveurs déclarant entre 2 et 5 portées, ils sont 29 %, et parmi ceux ne déclarant qu'une portée ou moins, ils ne sont que 8 %. Le nombre de portées produites a bien un effet significatif sur les réponses à la question ($P < 0,0001$). Il en est de même pour le groupe racial ($P = 0,03$) : les éleveurs de groupe 6 déclarent moins fréquemment avoir leur activité principale tournant autour du chien que les autres éleveurs.

Le tableau n° II indique l'activité principale des 761 éleveurs ayant déclaré que cette dernière ne concernait pas l'élevage du chien. Les différences avec les données INSEE [5] de la population française sont significatives par test du Chi^2 ($P < 0,0001$). Les catégories "agriculteur, exploitant" et "artisan, commerçant, chef d'entreprise", semblent surreprésentées au sein des éleveurs, au contraire des "ouvriers" et "professions intermédiaires", ces deux dernières catégories ne représentant que 20 % des réponses contre 47 % au sein de la population active française.

2.2. Nombre d'années d'élevage

Il était demandé aux éleveurs d'indiquer de quelle année datait leur première portée. A partir des 967 réponses, on a pu déduire qu'en moyenne les éleveurs produisaient depuis 12,7 ans (e.t. = 11,2), le plus vieil éleveur faisant des portées depuis 1948. En général, plus l'activité d'élevage est importante, plus l'activité est ancienne : l'année moyenne de première portée est 1987, 1990 et 1995 pour les élevages à plus de 6 portées, 2-5 portées, et une portée ou moins, respectivement ($P < 0,0001$). Le groupe racial a lui aussi un effet significatif sur l'ancienneté de l'activité ($P < 0,0001$) ainsi que le montre le tableau n° III : la date de première portée varie en effet de 9,2 ans pour le groupe 3 (Terriers) à 14,6 ans pour les chiens de berger du groupe 1.

2.3. Définition de l'activité

A partir des interviews préliminaires, un certain nombre de réponses étaient proposées à la question "*Pour vous, outre le fait de produire des chiots, qu'est ce qu'être éleveur ?"* : être passionné, avoir un hobby, sélectionner une race, communiquer autour du chien, faire des compétitions, aimer les chiens, avoir des chiens en bonne santé, beaucoup travailler pour le chien, d'importantes dépenses, autres. Les éleveurs devaient cocher trois réponses. Les 889 réponses sont présentées dans le tableau n° IV. Le nombre de portées produites s'est révélé ne pas avoir d'effet significatif sur les réponses à la question. En revanche, deux réponses sont affectées par le groupe racial : *"avoir des chiens en bonne santé"* ($P = 0,03$) et *"faire des compétitions*" ($P < 0,0001$) : les éleveurs du septième groupe sont en effet plus nombreux (33 % contre 17 % en moyenne) que les autres à indiquer cette dernière réponse ($P < 0,0001$) et, par conséquent, moins nombreux à évoquer la santé dans leurs réponses (33 % contre 42 % en moyenne).

2.4. Participation aux expositions

Il était demandé aux éleveurs de préciser le nombre d'expositions de beauté et épreuves de travail auxquelles ils avaient participé au cours de l'année précédente. Dans cet article ne seront présentés que les proportions d'éleveur déclarant avoir participé à au moins une manifestation.

77 % des éleveurs déclaraient avoir participé à au moins une exposition de beauté au cours de l'année précédente. Le groupe racial et le nombre de portées produites avaient tous deux un effet significatif sur les réponses ($P < 0,0001$) : au sein de la catégorie d'éleveurs ayant produit de 0 à 1 portée, la proportion était de 69 %, elle montait à 87 % pour la catégorie 2 à 5 portées puis passait à 80 % pour 6 portées et plus. En ce qui concerne les groupes raciaux (tableau n° V), cette participation chutait de 91 % (groupe 9) à respectivement 67 % et 58 % pour les groupes 6 et 7.

37 % des éleveurs déclaraient avoir participé à des épreuves de travail. En ce qui concerne le nombre de portée produite ($P = 0,004$), à une portée ou moins, la participation était de 35 % ; pour les catégories "2-5 portées" et "6 portées et plus", celle-ci était respectivement de 42 % et de 29 %. La participation au sein des groupes est présentée au sein du tableau n° V, et varie de 7 % (groupe 9) à 58 % (groupe 7) ($P < 0,0001$).

2.5. Rentabilité de l'activité et principales dépenses

923 éleveurs ont donné des réponses au sujet de la rentabilité de l'activité économique autour des chiens. Pour effectuer les analyses statistiques sur des variables qualitatives de type ordonnée, les réponses *"autre"* et *"ne sait pas"* n'ont pas été

Annexe 1

Questionnaire Eleveurs

A. Votre situation :

A.1 : Dans quel département est situé votre élevage ? _____

A.2 : De quelle année date votre première portée ? _____

A.3 : Votre activité principale tourne-t-elle autour du chien ? oui ❑ non ❑

A.4 : Si non, quelle est votre activité principale ? Cochez la case qui convient.

❑ Agriculteur, exploitant ❑ Artisan, commerçant ou chef d'entreprise ❑ Cadre, profession intellectuelle supérieure
❑ Employé ❑ Ouvrier ❑ Profession intermédiaire
❑ Retraité ❑ Sans emploi ❑ Autre : _____

A.5 : A part l'élevage, effectuez-vous d'autres activités rémunérées autour du chien ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Dressage ❑ Toilettage ❑ Pension ❑ Autres : _____

A.6 : Où vivez-vous ? Cochez la case qui convient.

❑ En appartement ❑ En maison en centre urbain ❑ En maison en milieu rural ❑ Autres : _____

A.7 : Disposez-vous d'espaces aménagés pour vos chiens ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Jardin ❑ Salle(s) aménagée(s) (nurserie, infirmerie...) ❑ Chenil ❑ Autres : _____

A.8 : A combien d'expositions de beauté avez-vous participé au cours des 12 derniers mois ? ____

A.9 : A combien d'épreuves de travail avez-vous participé au cours des 12 derniers mois ? ____

B. L'élevage et vous :

B.1 : Pour vous, outre le fait de produire des chiots, qu'est ce qu'être éleveur ? Cochez les trois cases convenant le mieux.

❑ Etre passionné ❑ Avoir un hobby ❑ Sélectionner une race
❑ Communiquer autour du chien ❑ Faire des compétitions ❑ Aimer les chiens
❑ Avoir des chiens en bonne santé ❑ Beaucoup travailler pour le chien ❑ D'importantes dépenses pour le chien
❑ Autres : _____

B.2 : Qu'appréciez-vous particulièrement dans l'activité d'éleveur ? Cochez les trois cases convenant le mieux.

❑ Le contact avec les animaux ❑ L'élevage des chiots ❑ Les expositions canines
❑ Les contacts humains ❑ La sélection ❑ Les concours de travail
❑ La chasse ❑ Le contact avec la nature ❑ Autres : _____

B.3 : Qu'est ce que vous appréciez moins dans l'activité d'éleveur ? Cochez les trois cases convenant le mieux.

❑ Le nettoyage ❑ Les contacts avec le monde de l'élevage ❑ Les contacts avec les clients
❑ Les contraintes réglementaires ❑ La vente des chiots ❑ L'administratif
❑ La mortalité ❑ Les maladies et affections héréditaires ❑ Les expositions
❑ Autres : _____

C. L'élevage lui-même :

C.1 : Combien de races possédez-vous ? _____

C.2 : Lesquelles ? Si vous disposez de plusieurs races, citez les trois races pour lesquelles vous avez le plus de chiens, par ordre d'importance décroissante.

1 _____ 2 _____ 3 _____

Figure n° 1 : Questionnaire - page 1.

C.3 : Pour chaque race, indiquez le nombre de chiens dont vous êtes propriétaires :

		Jeunes	Adultes reproducteurs	Adultes âgés non reproducteurs	Adultes non reproducteurs autres
Race 1	Mâles				
	Femelles				
Race 2	Mâles				
	Femelles				
Race 3	Mâles				
	Femelles				
Total	Mâles				
	Femelles				

C.4 : Pour chaque race (jusqu'à trois), indiquez le nombre de portées effectuées au cours des douze derniers mois.

Race (1) : _____ Race (2) : _____ Race (3) : _____ Total : _____

D. Aspects technico-économiques :

D.1 : L'activité économique autour de vos chiens : Cochez la case qui convient.

❑ Permet d'assurer un revenu ❑ Permet d'équilibrer les dépenses en général ❑ Permet parfois d'équilibrer les dépenses
❑ Permet d'éponger une partie des frais ❑ Ne permet pas grand chose ❑ Ne sais pas
❑ Autres : _____

D.2 : Quelles sont vos principales dépenses ? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour la principale dépense, 2 pour la seconde...).

___ L'alimentation ___ Les manifestations canines ___ Les frais vétérinaires
___ L'administratif (adhésion, clubs, prestations SCC) ___ La publicité ___ Autres : _____

D.3 : Par quels moyens vous faites-vous connaître auprès de vos clients ? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour le principal moyen, 2 pour le second...).

___ Bouche à oreille/réputation ___ Site Internet personnel ___ Publicités sur d'autres sites Internet
___ Publicité dans les revues canines ___ Publicité dans les journaux autres ___ Expositions
___ SCC ___ Club de race ___ Autres : _____

E. Autour de la race (on s'intéressera désormais uniquement à la race principale (1)) :

E.1 : Comment définiriez-vous votre race ? Cochez les trois cases convenant le mieux.

❑ Intelligente ❑ Sensible ❑ Facile à vivre ❑ Un fort caractère ❑ Doit être éduquée
❑ Familiale ❑ Sportive ❑ Pantouflarde ❑ Serviable ❑ Rustique (chien d'extérieur)
❑ Calme ❑ Vive ❑ Obéissante ❑ Proche du maître ❑ En bonne santé
❑ Qui vit longtemps ❑ Autres : _____

E.2 : Faites-vous travailler vos chiens ? oui ❑ non ❑

E.3 : Si oui quel type de travail ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Chasse ❑ Troupeau ❑ Défense (ring, RCI , mondioring, campagne, schutzhund...)
❑ Cavage ❑ Traîneaux ❑ Pistage, recherche utilitaire
❑ Agility ❑ Travail à l'eau ❑ Course (Epvt, ENC...)
❑ Obéissance ❑ Autres : _____

E.4 : Avez-vous constaté des évolutions de la race au cours des dix dernières années et quelle est votre opinion à ce sujet ? Cochez la ou les cases correspondant à votre opinion.

			Opinion à ce sujet	
Taille :	❑ Augmentation	❑ Diminution	❑ Bonne	❑ Mauvaise
Poids :	❑ Augmentation	❑ Diminution	❑ Bonne	❑ Mauvaise
Morphologie générale :	❑ Amélioration		❑ Détérioration	
Problèmes d'hypertype :	❑ Amélioration		❑ Détérioration	
Santé (maladies héréditaires) :	❑ Amélioration		❑ Détérioration	
Caractère :	❑ Amélioration		❑ Détérioration	
Aptitudes naturelles :	❑ Amélioration		❑ Détérioration	

Figure n° 2 : Questionnaire - page 2.

E.5 : Citez par ordre d'importance décroissante, les problèmes génétiques qui touchent la race.

1 _____ 3 _____
2 _____ 4 _____

F. L'élevage canin et les associations :

F.1 : Quelles améliorations pourraient être effectuées par la SCC ? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour la principale amélioration, 2 pour la seconde...).

___ Amélioration du standard téléphonique ___ Gestion plus rapide du fichier central
___ Un accès Internet vers les généalogies de tous les individus ___ Plus de communication avec les éleveurs
___ Plus de services via Internet (demandes de chiens, saillies) ___ Une meilleure information des éleveurs et des utilisateurs
___ Des tarifs plus bas ___ Des pedigrees mieux renseignés (ADN, santé, performance),
___ Une organisation plus efficace des manifestations ___ Autres : _____

F.2 : Avez-vous des demandes plus spécifiques ?

_____

_____

F.3 : Etes-vous membre de votre club de race (pour la race principale) ? oui ❑ non ❑

F.4 : Etes-vous membre de votre société canine régionale ? oui ❑ non ❑

F.5 : Etes-vous membre d'un ou plusieurs clubs d'utilisation ? oui ❑ non ❑

G. Objectifs et méthodes de sélection (on s'intéressera uniquement à la race principale (1)) :

G.1 : Sur quels éléments sélectionnez-vous en priorité vos chiens ? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour le principal élément, 2 pour le second...).

___ Morphologie ___ Caractère ___ Santé (affections héréditaires)
___ Travail ___ Autres : _____

G.2 : Par rapport à cela, vers quoi s'oriente la politique de sélection du club de votre race? Classez de 1 à 3 les 3 réponses convenant le mieux (1 pour le principal élément, 2 pour le second...).

___ Morphologie ___ Caractère ___ Santé (affections héréditaires)
___ Travail ___ Autres : _____ ❑ Ne sait pas

G.3 : Lorsque vous effectuez une saillie, sur quels éléments vous basez-vous pour choisir un reproducteur à l'intérieur de votre élevage ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Coup d'œil ❑ Pedigree ❑ Descendance ❑ Collatéraux
❑ Résultats de travail ❑ Résultats d'exposition ❑ Autres : _____

G.4 : Lorsque vous effectuez une saillie, sur quels éléments vous basez-vous pour choisir un reproducteur à l'extérieur de votre élevage ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Coup d'œil ❑ Pedigree ❑ Descendance ❑ Collatéraux
❑ Résultats de travail ❑ Résultats d'exposition ❑ Réputation de l'éleveur ❑ Autres : _____

G.5 : Quel pourcentage des chiots que vous produisez arrivez-vous à suivre après la confirmation ? Cochez la case qui convient.

❑ 0-25% ❑ 25-50% ❑ 50-75% ❑ 75-100%

G.6 : Pratiquez-vous le line-breeding (le fait de rechercher à avoir plusieurs fois un ancêtre dans le pedigree) ? oui ❑ non ❑

G.7 : Pratiquez-vous de la consanguinité proche ? oui ❑ non ❑

G.8 : Avez-vous déjà effectué les accouplements entre proches apparentés des types suivants ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Grand-père/petite fille ❑ Demi-frère/ demi-sœur ❑ Père/fille ❑ Frère/ sœur

G.9 : Souhaitez-vous que l'identification génétique (notamment vis-à-vis des contrôles de filiations) soit imposée :

Pour tous les chiens ayant un certain niveau dans les grilles de cotations ? oui ❑ non ❑

Pour tous les reproducteurs ? oui ❑ non ❑

Pour tous les chiens ? oui ❑ non ❑

Figure n° 3 : Questionnaire - page 3.

H. Reproduction (on s'intéressera uniquement à la race principale (1)) :

H.1 : A partir de quel âge (en années) faites-vous reproduire vos femelles en moyenne ? _____

Jusqu'à quel âge en moyenne ? _____ **Combien de fois en moyenne ?** _____

H.2 : A partir de quel âge minimal (en années) faites-vous reproduire vos femelles ? _____

Jusqu'à quel âge au maximum ? _____ **Combien de fois au maximum ?** _____

H.3 : A partir de quel âge (en années) faites-vous reproduire vos mâles en moyenne ? _____

Jusqu'à quel âge en moyenne ? _____ **Combien de fois en moyenne ?** _____

H.4 : A partir de quel âge minimal (en années) faites-vous reproduire vos mâles ? _____

Jusqu'à quel âge au maximum ? _____ **Combien de fois au maximum ?** _____

H.5 : Lorsque vous faites saillir vos femelles par un mâle de l'extérieur, quelles en sont en général les modalités? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Paiement de la part du propriétaire de la femelle ❑ Choix d'un chiot de la portée ❑ Echanges de services ❑ Autres : _____

H.6 : Lorsque vos mâles effectuent des saillies à l'extérieur, quelles en sont en général les modalités? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Paiement de la part du propriétaire de la femelle ❑ Choix d'un chiot de la portée ❑ Echanges de services ❑ Autres : _____

H.7 : Jusqu'à quelle distance êtes-vous allé pour emmener une femelle effectuer une saillie ? Cochez la case qui convient.

❑ Départements limitrophes ❑ Toute la France ❑ Pays limitrophes : _____ ❑ Pays autres : _____

H.8 : Jusqu'à quelle distance êtes-vous allé pour acheter un chiot ? Cochez la case qui convient.

❑ Départements limitrophes ❑ Toute la France ❑ Pays limitrophes : _____ ❑ Pays autres : _____

H.9 : Avez-vous déjà eu recours à l'insémination artificielle ? Cochez la case qui convient.

❑ Jamais ❑ Occasionnellement ❑ Régulièrement

H.10 : Si régulièrement, combien de portées ont été concernées au cours des trois dernières années ?

❑ 0-25% ❑ 25-50% ❑ 50-75% ❑ 75-100%

H.11 : Pour quelles raisons principalement ? Cochez la ou les cases qui conviennent.

❑ Comportement du mâle ❑ Comportement de la femelle ❑ Simplicité
❑ Morphologie du mâle ❑ Morphologie de la femelle ❑ Raisons sanitaires
❑ Qualité du mâle ❑ Import d'un pays étranger ❑ Autres : _____

H.12 : Avez-vous déjà congelé la semence d'un de vos mâles ? oui ❑ non ❑

H.13 : Avez-vous déjà utilisé de la semence congelée sur l'une de vos femelles ? oui ❑ non ❑

H.14 : Avez-vous déjà eu recours à la césarienne ? Cochez la case qui convient.

❑ Jamais ❑ Occasionnellement ❑ Régulièrement

H.15 : Si régulièrement, combien de portées ont été concernées au cours des trois dernières années ?

❑ 0-25% ❑ 25-50% ❑ 50-75% ❑ 75-100

I. Remarques et commentaires :

_____

_____

_____

_____

_____

Si vous désirez recevoir un compte rendu des résultats du questionnaire, indiquez ici votre adresse e-mail _____

Figure n° 4 : Questionnaire - page 4.

Tableau n° 1 : Distribution des éleveurs au sein des groupes raciaux FCI (parmi les éleveurs déclarant avoir 80 % de leurs adultes et 80 % de leurs portées au sein du même groupe).

N° Groupe	Description du groupe FCI	Nombre d'éleveurs élevant dans le groupe
1	Chiens de berger et de Bouvier (sauf chiens de Bouvier suisses)	145
2	Chiens de type Pinscher et Schnauzer – Molossoïdes – chiens de montagne et de Bouvier suisses et autres races	120
3	Terriers	73
4	Teckels	13
5	Chiens de type Spitz et de type primitif	25
6	Chiens courants, chiens de recherche au sang et races apparentées	91
7	Chiens d'arrêt	130
8	Chiens rapporteurs de gibier – chiens leveurs de gibier – chiens d'eau	65
9	Chiens d'agrément et de compagnie	92
10	Lévriers	21
Total		775

Tableau n° 2 : Activité des éleveurs dont l'activité principale ne tourne pas autour du chien, par rapport aux statistiques de la population française en 2005 (INSEE)**.**

Activité	Agriculteur, exploitant	Artisan, commerçant, chef d'entreprise	Cadre profession intellectuelle supérieure	Employé	Ouvrier	Profession intermédiaire	Retraité	Sans emploi	Autre	Non déterminé
% des éleveurs	6 %	9 %	17 %	24 %	8 %	5 %	22 %	6 %	1 %	1 %
% au sein des actifs	8 %	13 %	24 %	35 %	12 %	8 %	–	–	–	–
Statistique de la population française	3 %	6 %	15 %	29 %	24 %	23 %	–	–	–	–

Tableau n° 3 : Nombre moyen d'année d'élevage des éleveurs, en fonction du groupe racial.

	Population totale	1	2	3	6	7	8	9	4-5-10
Nombre d'années d'élevage moyen *(e.t.)*	12,7 *(11,2)*	14,6 *(11,8)*	9,6 *(9,7)*	9,2 *(9,7)*	13,9 *(10,7)*	14 *(12,7)*	12,7 *(12,1)*	10,9 *(9,2)*	13,5 *(11,3)*

Tableau n° 4 : Choix cochés par les éleveurs en réponse à la question *"Pour vous, outre le fait de produire des chiots, qu'est-ce qu'être éleveur ?"* (trois choix par éleveur)**.**

Choix	Être passionné	Sélectionner une race	Avoir des chiens en bonne santé	Aimer les chiens	Faire des compétitions
% des éleveurs	88 %	70 %	42 %	38 %	17 %
Choix	**Beaucoup travailler pour le chien**	**Communiquer autour du chien**	**D'importantes dépenses pour le chien**	**Un hobby**	**Autres**
% des éleveurs	15 %	13 %	5 %	4 %	2,5 %

Tableau n° 5 : Proportion des éleveurs ayant déclaré participer à des expositions de beauté ou des épreuves de travail au cours de l'année précédente.

	Population totale	1	2	3	6	7	8	9	4-5-10
Participation à des expositions de beauté (P < 0,0001)	77 %	76 %	87 %	76 %	67 %	58 %	80 %	91 %	76 %
Participation à des épreuves de travail (P < 0,0001)	35 %	52 %	16 %	31 %	46 %	58 %	39 %	7%	35 %

Tableau n° 6 : Rentabilité de l'activité autour des chiens en fonction du nombre de portées produites : distribution des réponses des éleveurs.

L'activité économique autour de vos chiens…	Total des éleveurs	Nombre de portées produites		
		0-1 portées	2-5 portées	6 portées ou plus
Permet d'assurer un revenu	6 %	1 %	3 %	42 %
Permet d'équilibrer les dépenses en général	13 %	8 %	21%	21 %
Permet parfois d'équilibrer les dépenses	19 %	20 %	18 %	20 %
Permet d'éponger une partie des frais	30 %	33 %	36 %	11 %
Ne permet pas grand chose	28 %	38 %	22 %	6 %
Autre	4 %	–	–	–
Ne sait pas	1 %	–	–	–

Tableau n° 7 : Classement moyen des dépenses selon les éleveurs en fonction du nombre de portées produites et du groupe racial, plus le classement étant bas plus la dépense étant considérée comme importante.

Classement sur le total des 978 réponses					
Alimentation	**Frais vétérinaires**	**Manifestations**	**Administratif**	**Publicité**	**Autres**
1,6	2,2	4	5,1	5,6	5,8

Classement en fonction du nombre de portées produites			
Nombre de portées produites	**0-1 portées**	**2-5 portées**	**6 portées ou plus**
Alimentation (non significatif)	1,6	1,5	1,7
Frais vétérinaires (P < 0,05)	2,3	2,2	2,1
Manifestations (non significatif)	4	3,8	4,6
Administratif (P < 0,01)	4,9	5,3	5,1
Publicité (non significatif)	5,7	5,6	5,1
Autres (non significatif)	5,8	5,8	5,7

Classement en fonction du groupe racial								
Groupe FCI	**1**	**2**	**3**	**6**	**7**	**8**	**9**	**4-5-10**
Alimentation (P < 0,001)	1,4	1,6	2,0	1,2	1,4	1,5	2,0	1,6
Frais vétérinaires (P < 0,001)	2,3	2,1	1,9	2,4	2,6	2,1	1,9	2,4
Manifestations (P < 0,01)	4,1	3,8	3,8	4,6	3,8	3,7	3,7	3,3
Administratif (non significatif)	5,0	5,2	5,3	4,6	5,1	5,4	5,1	5,3
Publicité (non significatif)	5,5	5,6	5,7	5,8	5,8	5,8	5,5	5,8
Autres (non significatif)	5,8	5,8	5,7	5,8	5,9	5,9	5,9	5,9

prises en compte. Seul le nombre de portées produites a eu un effet statistiquement significatif sur les réponses (tableau n° VI), les éleveurs plus réguliers (6 portées et plus) ayant plus tendance que les autres à considérer que l'activité est potentiellement rentable (P < 0,0001).

A partir de la question *"Quelles sont vos principales dépenses ?"*, les éleveurs devaient trier de 1 à 3 les réponses convenant le mieux parmi les choix suivants : alimentation, manifestations canines, frais vétérinaires, administratif, publicité, autres. A partir des 978 réponses, on a obtenu un classement moyen pour chaque choix, les choix non cochés par les éleveurs étant arbitrairement classés en sixième position. Plus un classement était proche de 1, plus la dépense pouvait être considérée comme importante aux yeux des éleveurs (tableau n° VII). L'alimentation, indiquée comme premier choix par 68 % des éleveurs, constitue avec les frais vétérinaires les deux principales dépenses aux yeux des éleveurs. Les classements obtenus en fonction des catégories sont présentés au sein du tableau n° VII : seuls les éleveurs des groupes 3 et 9 placent les frais vétérinaires devant l'alimentation. On remarque aussi l'importance faible des dépenses dues aux manifestations canines, pour les éleveurs du 6e groupe.

3. Discussion

Le taux de retour peut-être considéré comme un peu décevant en comparaison avec d'autres études similaires [6]. Toutefois, le nombre de réponses est suffisament important pour répondre aux objectifs de l'étude. Une comparaison avec les données de la SCC a permis de mettre en évidence une sous-représentation des éleveurs occasionnels au sein de notre échantillonage, de l'ordre de 15 % [1]. Il convient donc de rester prudent en ce qui concerne les interprétations des résultats globaux et d'étudier surtout les comparaisons entre catégories.

3.1. Entre éleveurs occasionnels, amateurs et professionnels

Le professionnalisme au sein de la cynophilie est une question sensible dans un monde où une large majorité des acteurs sont des amateurs, et où l'élevage relève plus d'un hobby que d'une véritable activité professionnelle. En parallèle à la législation, qui définit l'élevage comme l'activité consistant à détenir des femelles reproductrices et donnant lieu à la vente d'au moins 2 portées d'animaux par an (article L214-6 du code rural), un grand nombre de producteurs occasionnels ne se considèrent pas comme "éleveurs". Selon les données du LOF, 30 % des 170 000 chiots sont produits par des éleveurs ayant fait moins de 2 portées ; on ne peut donc pas ignorer l'impact de cette catégorie d'éleveurs dans la gestion des populations canines.

Notre catégorisation supposait qu'il existait une catégorie intermédiaire, constituée d'éleveurs plus réguliers dans leur activité mais n'ayant *"pas de véritable motivation lucrative mais une ambition zootechnique affirmée"* [7]. Les résultats des analyses vont dans ce sens, puisqu'au sein de la catégorie produisant de deux à cinq portées, on retrouve effectivement des éleveurs plus impliqués que les autres dans la cynophilie et notamment avec une participation importante aux manifestations. Ces mêmes éleveurs ont aussi tendance à nier toute rentabilité à l'élevage (seuls 3 % considère que l'activité économique autour des chiens permet d'assurer un revenu).

Les éleveurs professionnels représentent une minorité qui n'est pas aisement identifiable au sein de la population des éleveurs français. Le prix moyen d'un chiot peut varier facilement du simple au double, notamment en fonction de la prolificité et de la notoriété de la race : deux éleveurs produisant donc le même nombre de chiots n'en tirent donc pas forcément le même prix de revient. De plus, l'élevage peut être lié à d'autres activités telles que la pension ou le dressage, et ceci de manière prépondérente ou non. Il est clair qu'au sein de notre étude, la catégorie *"6 portées et plus"* ne comporte pas que des professionnels : 73 % considèrent que leur activité tourne autour du chien, et seulement 42 % estiment que l'élevage permet d'assurer un revenu. Néanmoins, pour une majorité d'entre eux, les contraintes techniques et financières qu'implique l'élevage et la cynophilie ne peuvent plus être ignorées, ce qui expliquerait notamment une plus faible participation aux expositions que pour la catégorie "2 à 5 portées".

Dans notre échantillon, 22,5 % des éleveurs indiquaient avoir une activité principale tournant autour du chien. Si l'on prend en compte une sous-représentation des éleveurs occasionnels au sein de notre échantillonage, et le fait qu'une partie des éleveurs, au chômage ou retraités, a considéré qu'il s'agissait "par défaut" de leur activité, il serait logique de considérer que cette proportion est plus faible dans la réalité.

Les différences de catégories socio-professionnelles entre les éleveurs et le reste de la population française sont liées à de nombreux facteurs (utilisations du chien, contraintes d'habitat). Quoique Millier et Digard [8] aient pu mettre en évidence une surreprésentation du secteur tertiaire parmi les propriétaires d'animaux, l'élevage étant considéré comme une activité agricole (article L311-1 du code rural), il n'est donc pas étonnant de trouver aussi une surreprésentation des agriculteurs et exploitants agricoles au sein des éleveurs canins.

A partir des interviews préliminaires, les mots "passion" et "sélection" faisant partie des plus employés pour définir le fait d'être éleveur. Ceci se retrouve au sein du questionnaire, puisque ces deux termes sont cochés par respectivement 88 % et 70 % des éleveurs, ce qui est en cohérence avec les études de Digard [3].

On notera cependant une grande homogénéité au sein des catégories, les éleveurs à priori professionnels semblant définir l'activité de la même façon que les occasionnels (aucune différence significative).

3.2. Influence des groupes raciaux sur les réponses

D'un groupe racial à l'autre, il n'y a eu que peu d'hétérogénéité trouvée dans les réponses à la question : *"Pour vous, outre le fait de produire des chiots, qu'est-ce qu'être éleveur ?"*. La seule différence concerne l'importance de la réponse *"faire des compétitions"* au sein des éleveurs du septième groupe (chiens d'arrêt), pour qui la sélection de leur race passe beaucoup par les épreuves de travail, ce qui explique que ce soit au sein de ce groupe que l'on retrouve la plus importante participation à ces épreuves (58 %).

En ce qui concerne les participations aux manifestations, il existe une grande hétérogénéité entre les groupes essentiellement tournés sur la sélection sur le travail (groupe 6 et 7), et ceux qui n'ont pas d'épreuve de travail et s'intéressent uniquement à la conformation au standard et éventuellement au comportement [1]. Notons qu'il existe tout de même un petit pourcentage (7 %) d'éleveurs du 9e groupe (chien de compagnie) participant à des épreuves de travail : ceci est expliqué par la pratique de l'agility, la discipline étant ouverte à toutes les races.

Dans certains groupes, on trouvera des résultats plus partagés entre les races et au sein des celles-ci : c'est le cas du groupe I, qui regroupe des populations non-soumises au travail (Bobtail,…) et des races pour lesquelles on retrouve des éleveurs sélectionnant essentiellement sur le travail ou la morphologie (Berger belge malinois,…). Ceci nécessiterait donc une enquête plus approfondie à l'échelle des races.

Il est intéressant cela dit de constater que le groupe racial est lui aussi lié de manière très significative à la date de première portée de l'éleveur. Ces différences peuvent éventuellement être liées à des phénomènes de mode au sein des races, qui décident un certain nombre de propriétaires à franchir le pas et à faire des portées : le troisième groupe (terriers), dont les inscriptions au LOF ont augmenté de 23 % entre 2001 et 2005 (contre 6 % en moyenne), a effectivement des éleveurs ayant parfois moins d'année d'élevage derrière eux que les éleveurs des autres groupes (9,2 contre 12,7 ans en moyenne).

Le groupe racial influence aussi fortement l'ordre des dépenses. L'alimentation est considérée comme une dépense moins importante que les frais vétérinaires, pour les races de petite taille (groupe 3 et 6), au contraire des autres. On remarque aussi que les dépenses liées aux manifestations semblent moins contraignantes aux yeux des éleveurs du sixième groupe, sans doute moins enclins à se déplacer pour des concours de beauté ou de travail.

c o n c l u s i o n

Les résultats de cette enquête permettent de distinguer trois catégories d'éleveurs de chiens : des éleveurs occasionnels produisant une voire aucune portée au cours d'une année ; des éleveurs plus réguliers, très impliqués dans la sélection et la cynophilie ; et des personnes pour qui l'élevage devient un revenu d'appoint voire une activité professionnelle à temps complet, et qui en subissent donc les contraintes.

D'autres éléments, tels que les races élevées, influencent les choix et les opinions, mais de manière générale, les éleveurs associent de manière assez homogène leur activité à une passion et à la nécessité de faire de la sélection.

D'autres facteurs susceptibles d'influencer les opinions et les méthodes des éleveurs pourraient être étudiés dans de futures enquêtes, et notamment en ce qui concerne les races elles-même. Les acteurs étant les principaux protagonistes de la cynophilie, de telles études devraient permettre de mieux comprendre leur motivation et apporter ainsi des informations utiles aux autres acteurs tels que les clubs de race, les vétérinaires ou la SCC.

Remerciements

Les auteurs remercient sincérement la SCC et l'ANRT pour leur soutien, les professeurs Stéphane ROBIEN et Ali CHAOUCHE pour leurs conseils, ainsi que tous les éleveurs ayant bien voulu participer à l'enquête.

Abstract

Leroy G, Verrier E, Wisner-Bourgeois C, Rognon X, *Dog breeders' survey: how the breeder perceives his activity? - 1st part (*Enquête auprès des éleveurs canins : comment l'éleveur voit-il son activité ? - 1re partie).

Prat Méd Chir Anim Comp (2007) 42: 191-197.

The way breeders define breeding was studied through questionnaires sent to breeders registering litters with the French Kennel Club (SCC). The 985 answers were analysed according to the breed owned and the number of litters produced. Among the breeders interviewed, 22.5% considered that their main activity dealt with dog. Food was considered as the main spending by 68% of the breeders, but discrepancies were observed between breeds. For 88% of the breeders, breeding meant to "be passionate", but also meant to "make selection on a breed" for 70%. On lot of subjects, breeds owned and number of litter produced had significant impact on opinion and breeding practices of breeders.

Key words : *Dogs - Breeders - Survey - Activity.*

Références

1 Leroy G et coll (2007) Breeding goals and breeding practices of French dog breeders: results from a large survey. Rev Med Vet 158: 496-503.

2 Darré JP, Hubert B (1993) Les raisons des éleveurs sont notre raison de coopérer. Etudes Rurales 131-132: 109-115.

3 Digard JP (1999) Les Français et leurs animaux. Fayard, Paris.

4 SAS Institute Inc. (2004) version 9.1.2. Cary, NC, USA.

5 INSEE (2007) Actifs occupés selon le sexe et la catégorie socioprofessionnelle, Institut National de la Statistique et des Études Economiques, www.insee.fr.

6 Proschowsky HF et coll (2003) Morbidity of purebred dogs in Denmark. Prev Vet Med 58: 53-62.

7 Durand F, Chary JF (2005) Rapport COPERCI/La gestion des races canines. http://www.agriculture.gouv.fr/spip/IMG/pdf/rapport_iga_01072005.pdf

8 Millier Digard (1989) Une enquête sur les nouvelles sensibilités à l'égard des animaux domestiques. Anthropozool 10: 31-47.

MENTIONS LÉGALES VIRBAC page 160

TIACIL® - Collyre antibiotique, anti-inflammatoire et anticollagénasique pour chiens et chats. COMPOSITION Centésimale : Gentamicine base (sous forme de sulfate) 300 mg – Dexaméthazone base sous forme de 21 phosphates 100 mg - T.H.A.M. (trishydroxymethylaminométhane) 600 mg - Edétate de Sodium 500 mg - Disulfite de Sodium 150 mg - Acide Parahydroxybenzoïque 90 mg - Excipient q.s.p. 100 g. PRESENTATION : flacon collyre de 5 millilitres contenant quinze milligrammes de gentamicine et cinq milligrammes de Dexaméthasone. INDICATIONS : chez les chats et les chiens, affections oculaires à germes sensibles à la gentamicine. POSOLOGIE habituelle : instiller dans chaque œil atteint une à deux gouttes de collyre deux à quatre fois par jour. La durée moyenne recommandée de traitement est de 7 jours. Au-delà, une surveillance médicale étroite devra être instaurée. Si aucune amélioration n'est observée dans les deux à trois jours suivant le début du traitement, celui-ci devra être reconsidéré. RECOMMANDATION D'EMPLOI : Tiacil Collyre, de par sa conception, peut être utilisé lors d'érosions ou d'ulcères débutants de la cornée, ce qui lui confère une très forte marge de sécurité. Cependant, lors d'ulcérations étendues avec perte importante de stroma cornéen ou protusion de la membrane de Descemet, il sera préférable de procéder à des interventions spécifiques, notamment chirurgicales. CONTRE-INDICATIONS : infections à germes résistants à la gentamicine – Glaucome - Descemetocèle. PRESENTATION : flacon de 5 ml. A.M.M.M - N° 696 596.9 du 17/06/97. CATEGORIE : à ne délivrer que sur ordonnance - liste I - Fabriqué par Virbac S.A. 1ère Ave 2065m LID 06516 Carros CEDEX - Distribué par Virbac France S.A.S. 13ème rue LID 06517 Carros CEDEX. – SEDURGENTAL® – Gel aqueux de gentamicine pour instillations oculaires pour chiens et chats COMPOSITION : Gentamicine base (sous forme de sulfate) 3000 UI – Bisulfite de sodium 1,50 mg – Acide Parahydroxybenzoïque 0,90 mg - Trométhamine 6,00 mg - Edétate de Sodium 5,00 mg - Excipient q.s.p. 1 ml. PROPRIETES : la gentamicine est un antibiotique bactéricide de la famille des aminoglycosides qui agit par inhibition de la synthèse protéique. Elle est active sur les bactéries à Gram positif et négatif, en particulier sur les pseudomonas et les staphylocoques. Après application, les concentrations efficaces en principes actifs sont maintenues localement pendant 6 heures. Cette rémanence est notamment conférée par les caractéristiques physiques de l'excipient. INDICATIONS : Chez les chiens et les chats, affections sensibles à la gentamicine : traitement curatif des conjonctivites et des kérato-conjonctivites bactériennes. ADMINISTRATION : voie oculaire. POSOLOGIE : chiens et chats : 3 instillations de 2 gouttes de collyre par jour, pendant 8 jours - instiller le gel oculaire dans le cul-de-sac conjonctival à l'aide du dispositif d'application. CONTRE-INDICATIONS : allergie à l'un des composants. PRECAUTIONS D'EMPLOI : afin d'éviter toute contamination, reboucher le flacon après usage. PRESENTATION : flacon multidose de 5 ml - AMM 676 367.3 du 12.01.1998. USAGE VETERINAIRE - liste 1 – Fabriqué par Virbac S.A. 1ère Ave 2065m LID 06516 Carros CEDEX - Distribué par Virbac France S.A.S. 13ème rue LID 06517 Carros CEDEX.

Prat Méd Chir Anim Comp (2007) 42: 199-205

Enquête auprès des éleveurs canins : évolution récente et pathologie génétique des races (2)

G. LEROY*, E. VERRIER, C. WISNER-BOURGEOIS***, X. ROGNON****

* INRA/AgroParisTech, UMR1236 Génétique et diversité animales, 16 rue Claude-Bernard, 75231 Paris 05 et Société Centrale Canine, 155 avenue Jean-Jaurès, 93535 Aubervilliers.
** INRA/AgroParisTech, UMR1236 Génétique et diversité animales, 16 rue Claude-Bernard, 75231 Paris 05.
*** AgroParisTech, Unité de Sociologie rurale, 16 rue Claude-Bernard, 75231 Paris 05.

Résumé : A partir d'un questionnaire envoyé aux éleveurs, un état des lieux des évolutions récentes et de la santé des races de chiens est établi. Les 985 éleveurs constatent plus souvent des améliorations que des détériorations de la santé, de la morphologie ou des aptitudes, mais il existe des variations importantes en fonction des races. Au sujet des pathologies génétiques qui touchent leurs races, constatés par 70 % des éleveurs, la première catégorie d'affections citée par ces derniers concerne le système ostéo-articulaire (44 %), suivi par des questions de morphologie non directement liées à la santé (19 %) et les maladies oculaires (17 %). Là encore, toutes les races ne sont pas également concernées, et les éleveurs de chien de vénerie constatent, de manière générale, moins de problèmes de santé que ceux des autres groupes raciaux.

Mots clés : Chiens - Éleveurs - Enquête - Maladies - Évolution - morphologie.

Environ 300 races canines sont élevées en France, et sélectionnées vers des objectifs aussi divers que la conformation à un standard morphologique, les aptitudes au travail, ou la lutte contre les affections héréditaires. Cette sélection est effectuée par plus de 20 000 éleveurs, réunis au sein d'associations, elles-mêmes fédérées par la Société Centrale Canine (SCC). Cette dernière gère entre-autres le fichier généalogique des races : le LOF (Livre des Origines Françaises). Afin de mieux cerner les attentes et les opinions de ces éleveurs, une enquête a été lancée en 2005. Les premiers dépouillements de cette enquête ont permis d'analyser les objectifs de sélection et les pratiques d'élevage [1], ainsi que la manière dont les éleveurs perçoivent leur activité [2].

L'objectif est ici de s'intéresser à la perception qu'ont les éleveurs de l'évolution récente des races canines et de leur "santé génétique". De nombreuses études ont étudié la prévalence des maladies au sein des populations canines [3], notamment à partir d'enquêtes auprès des propriétaires ou éleveurs [4-7]. Ce genre de travail n'avait cependant jamais été effectué en France à l'échelle de la population canine totale. De plus, si les mécanismes de la sélection sur la morphologie [8] ou le caractère [9] sont de mieux en mieux connus, notamment d'un point de vue génétique, on ne sait que peu de chose sur l'efficacité des politiques de sélection proposées par les clubs et employées par les éleveurs.

1. Matériel et méthodes

1.1. Questionnaire (figures 1 à 4, p. 193)

Le questionnaire a été construit sur la base d'entretiens réalisés auprès de 42 éleveurs, puis d'une phase de validations auprès de cinquante autres éleveurs. Il est anonyme et constitué de 55 questions. Il a été envoyé en août 2005 auprès des 20 263 éleveurs enregistrant des portées auprès de la SCC. 985 questionnaires ont été analysés en retour. Une copie du questionnaire peut-être envoyée sur demande.

1.2. Regroupement des races

En ce qui concerne les questions traitant des évolutions récentes et des problèmes génétiques des races, il était demandé aux éleveurs de donner leur opinion uniquement sur la principale race élevée. Les analyses ont donc été effectuées en fonction de cette dernière. Les 958 questionnaires renseignent de manière précise 156 races élevées à titre principal. Les 7 races pour lesquelles plus de 25 réponses ont été obtenues ont constitué des catégories à part entière. Pour les autres races, des regroupements ont été effectués en préalable des analyses statistiques. Ceci a été réalisé de manière à obtenir des ensembles de 25 éleveurs au minimum, et ceci selon les groupes et sections de la FCI (tableau n° I). Cette nomenclature est en effet basée sur les similitudes en terme d'utilisation de morphologique et d'histoire [4]. En tout, 24 classes ont été créées, dont une *"autres races"* (50 éleveurs), regroupant les populations ne pouvant être placées dans des groupes de plus de 25 individus.

1.3. Analyses statistiques

Des analyses statistiques, établies à partir de modèles logistiques prenant uniquement en compte l'effet des regroupements raciaux, ont été réalisées à partir du logiciel SAS [10].

Tableau n° 1 : Distribution des 985 éleveurs par rapport à la principale race élevée, au sein des regroupements raciaux issus de la nomenclature FCI**.**

Groupe	Race ou regroupement	Races	Eleveurs	
			N	%
1 : Chiens de berger et de bouvier (sauf chiens de bouvier suisses)	Beauceron	–	31	3 %
	Berger allemand	–	46	5 %
	Chien de berger belge	–	28	3 %
	1er groupe (autres races)	Berger australien, Berger de Brie, Border Collie,…	70	7 %
2 : Chiens de type Pinscher et Schnauzer – Molossoïdes – chiens de montagne et de Bouvier suisses et autres races	Molossoïdes	Boxer, Chien de Leonberg, Rottweiler,…	116	12 %
	2nd groupe (autres races)	Bouvier bernois, Dobermann, Schnauzer,…	29	3 %
3 : Terriers	Terriers de grande et moyenne taille	Fox Terrier, Parson Russel Terrier, Terrier de chasse allemand,…	30	3 %
	Terriers de petite taille	Jack Russel Terrier, Scottish Terrier, West Highland White Terrier,…	28	3 %
	Terriers de type bull	American Staffordshire Terrier, Bull Terrier, Staffordshire Bull Terrier,…	25	3 %
5 : Chiens de type Spitz et de type primitif	5e groupe	Chow-chow, Siberian Husky, Spitz,…	36	4%
6 : Chiens courants, chiens de recherche au sang et races apparentées	Beagle	–	27	3 %
	Autres chiens courants	Basset fauve de Bretagne, Griffon nivernais, Chien courant suisse,…	78	8 %
7 : Chiens rapporteurs de gibier – chiens leveurs de gibier – chiens d'eau	Epagneul breton	–	32	3 %
	Setter anglais	–	32	3 %
	Autres chiens d'arrêt britanniques et irlandais	Setter Gordon, Pointer, Setter irlandais	30	3 %
	Autres chiens d'arrêt continentaux	Braque allemand, Braque de Weimar, Chien d'arrêt allemand à poil dur,…	46	5 %
8 : Chiens rapporteurs de gibier – chiens leveurs de gibier – chiens d'eau	Chiens leveurs de gibier et broussailleurs	Cocker anglais, Springer anglais, Cocker américain,…	41	4 %
	Rapporteurs de gibier	Golden Retriever, Flat-coated Retriever, Retriever du Labrador	44	5 %
9 : Chiens d'agrément et de compagnie	Cavalier King Charles	–	27	3 %
	Molossoïdes de petit format	Bouledogue français, Boston terrier, Carlin,…	28	3 %
	9e groupe (autres races)	Caniche, Chihuahua, Shih Tzu,…	59	6 %
10 : Lévriers	Lévriers	Greyhound, Petit lévrier italien, Whippet,…	25	3 %
3-4-6-8	Autres races	Dalmatien, Teckel, Yorkshire terrier,…	50	5 %
Total			958	100 %

En ce qui concerne l'évolution récente des races, les éleveurs avaient le choix entre cocher *"augmentation/bonne opinion"* ou *"diminution/mauvaise opinion"*. En vue des analyses statistiques, on a crée pour les 871 éleveurs ayant coché au moins une case, une troisième catégorie, *"pas d'évolution constatée/sans opinion"*, pour les sujets auxquels ces éleveurs n'avaient pas répondu. Ceci permettait une analyse sur des réponses qualitatives ordonnées, à partir d'une fonction de type logit cumulé.

2. **Résultats**

2.1. **Évolution récente des races**

Les éleveurs répondant à la question *"Avez-constaté des évolutions de la race au cours des dix dernières années et quelle est votre opinion à ce sujet ?"*, pouvaient d'abord indiquer si selon eux, la taille ou le poids avaient varié, dans quel sens, ainsi que leur opinion à ce sujet. En moyenne, 34 % constataient une augmentation de taille et 28 % une diminution. Une même proportion d'éleveurs (34 %) émettait une bonne opinion ou une mauvaise opinion à ce sujet. En ce qui concerne l'évolution du poids, respectivement 28 et 26 % des éleveurs indiquaient une augmentation ou une diminution, et l'on trouvait la même proportion de satisfaits et d'insatisfaits par ces évolutions (27 %). Il existait des variations significatives entre les regroupements raciaux au sujet des évolutions de taille et de poids ($P < 0,0001$) (tableau n° II) : la proportion d'éleveur indiquant une augmentation de taille passe de 10 % (autres chiens d'arrêt britanniques et irlandais) à 63 % (Setter anglais), tandis que 4 % (autres chiens d'arrêt britanniques et irlandais) à 63 % (Terriers de type bull) des éleveurs constatent une augmentation de poids. Le tableau n° II montre aussi des différences d'opinions significatives sur les évolutions de poids ($P = 0,008$) : chez le Setter anglais 55 % sont satisfait des évolutions de poids de leur race alors que chez les Retrievers (rapporteurs de gibiers), cette proportion chute à 10 %. On notera qu'il peut exister des disparités au sein d'une même race. Par exemple, 44 % des éleveurs de Cavalier King Charles

Tableau n° 2 : Évolutions au cours des dix dernières années des tailles et poids constatées par les éleveurs, et opinions à ce sujet, en fonction des regroupements raciaux. Les colonnes - et + représentant le % d'éleveurs constatant une diminution ou une augmentation de taille / poids ou ayant respectivement une mauvaise ou bonne opinion de cette évolution.

Groupe	Race ou regroupement	Taille (P < 0,001)		Opinion taille (non significatif)		Poids (P < 0,001)		Opinion poids (P < 0,01)	
		-	+	-	+	-	+	-	+
1	Beauceron	19 %	32 %	42 %	31 %	35 %	12 %	35 %	23 %
	Berger allemand	28 %	57 %	45 %	30 %	23 %	32 %	30 %	23 %
	Chien de berger belge	29 %	21 %	28 %	20 %	36 %	20 %	28 %	20 %
	1er groupe (autres races)	30 %	24 %	31 %	36 %	24 %	20 %	22 %	27 %
2	Molossoïdes	27 %	35 %	35 %	35 %	26 %	33 %	30 %	29 %
	2nd groupe (autres races)	21 %	45 %	35 %	48 %	26 %	48 %	39 %	43 %
3	Terriers de grande et moyenne taille	27 %	50 %	52 %	38 %	21 %	31 %	28 %	34 %
	Terriers de petite taille	50 %	25 %	54 %	27 %	42 %	27 %	46 %	23 %
	Terriers de type bull	16 %	56 %	33 %	42 %	13 %	63 %	38 %	38 %
5	5e groupe	39 %	19 %	40 %	27 %	40 %	17 %	37 %	17 %
6	Beagle	7 %	52 %	32 %	20 %	4 %	32 %	20 %	12 %
	Autres chiens courants	19 %	38 %	19 %	46 %	16 %	24 %	13 %	32 %
7	Epagneul breton	16 %	44 %	14 %	41 %	17 %	24 %	7 %	28 %
	Setter anglais	28 %	63 %	29 %	55 %	23 %	32 %	10 %	55 %
	Autres chiens d'arrêt britanniques et irlandais	47 %	10 %	19 %	42 %	38 %	4 %	15 %	15 %
	Autres chiens d'arrêt continentaux	15 %	41 %	26 %	39 %	18 %	34 %	18 %	34 %
8	Chiens leveurs de gibier et broussailleurs	51 %	15 %	46 %	29 %	49 %	9 %	31 %	29 %
	Rapporteurs de gibier	32 %	25 %	45 %	25 %	5 %	50 %	38 %	10 %
9	Cavalier King Charles	48 %	26 %	36 %	28 %	44 %	32 %	32 %	24 %
	Molossoïdes de petit format	36 %	29 %	42 %	15 %	38 %	31 %	46 %	12 %
	9e groupe (autres races)	27 %	27 %	33 %	29 %	27 %	27 %	25 %	29 %
10	Lévriers	12 %	44 %	47 %	32 %	11 %	42 %	32 %	26 %
3-4-6-8	Autres races	26 %	30 %	29 %	29 %	33 %	21 %	24 %	24 %
En moyenne		28 %	34 %	34 %	34 %	26 %	28 %	27 %	27 %

constatent une diminution de poids de cette race alors que 32 % une augmentation. Dans d'autres cas, seule une faible minorité déclare avoir constaté une évolution opposée à celle relevée par la majorité : par exemple, chez les rapporteurs de gibier, 50 % des éleveurs constatent une augmentation de poids et seulement 5 % une diminution.

En ce qui concerne l'évolution des autres caractéristiques, une proportion plus importante d'éleveurs indique une amélioration plutôt qu'une déterioration : au sujet de la morphologie générale, ils sont 62 % contre 22 %, du caractère 57 % contre 15 %, des aptitudes naturelles 49 % contre 21 %, des hypertypes 31 % contre 24 %, et de la santé 46 % contre 20 %. On obtient des différences significatives entre les regroupements raciaux dans tous les cas sauf à propos de la santé (tableaux nos III et IV). Ces améliorations font parfois la quasi-unanimité des éleveurs : au sujet des aptitudes naturelles par exemple, respectivement 83 % et 77% des éleveurs d'Épagneul breton et de Setter anglais constatent un mieux et aucun n'indiquent une détérioration. Dans deux ou trois cas cependant, on a une majorité d'individus qui constatent une détérioration : au sujet des molossoïdes de petit format, par exemple, 65 % des éleveurs constatent une détérioration de la situation à propos des hypertypes.

2.2. **Pathologies génétiques**

Il était demandé aux éleveurs d'indiquer jusqu'à quatre problèmes génétiques touchant leur race. Les réponses ont été regroupées en catégories suivant le tableau n°V. Les analyses ont ensuite été effectuées par catégorie en fonction du fait que l'éleveur évoque ou non le problème pour sa race. Au total, 70 % des éleveurs indiquaient avoir des difficultés qu'ils attribuaient à la génétique. Il ne s'agissait pas uniquement d'affections directement invalidantes, puisque après les atteintes du système ostéo-articulaire évoqués par 44 % des éleveurs (surtout de type dysplasie, évoquée par 38 % du total des éleveurs,…), on trouvait des questions de morphologie générale, telles que les anomalies d'aplombs ou de dentition (19 % des éleveurs).

Dans la plupart des cas, il n'a pas pu être possible d'effectuer des analyses statistiques, la répartition des réponses étant trop faible dans certaines catégories pour trouver un maximum de vraisemblance. Les analyses effectuées pour trois types de problèmes (respectivement affections du système ostéo-articulaire, autres maladies génétiques, et morphologie générale,…) indiquaient des différences significatives entre les groupes ($P < 0,0001$ pour les deux premiers types et $P = 0,04$ pour le troisième). Les résultats au sujet des affections

Tableau n° 3 : Évolutions au cours des dix dernières années de la morphologie, du caractère et des aptitudes naturelles constatées par les éleveurs, en fonction des regroupements raciaux. Les colonnes - et + représentant le % d'éleveurs constatant une détérioration ou une amélioration au sein de leur race.

Groupe	Race ou regroupement	Morphologie générale (P < 0,01)		Caractère (P < 0,001)		Aptitudes naturelles (P < 0,001)	
		-	+	-	+	-	+
1	Beauceron	31 %	42 %	19 %	50 %	35 %	27 %
	Berger allemand	23 %	68 %	34 %	55 %	34 %	52 %
	Chien de Berger belge	16 %	48 %	20 %	64 %	20 %	48 %
	1er groupe (autres races)	20 %	58 %	19 %	66 %	31 %	44 %
2	Molossoïdes	23 %	66 %	10 %	70 %	20 %	46 %
	2nd groupe (autres races)	26 %	61 %	35 %	43 %	39 %	43 %
3	Terriers de grande et moyenne taille	21 %	72 %	24 %	66 %	34 %	48 %
	Terriers de petite taille	35 %	42 %	15 %	62 %	27 %	35 %
	Terriers de type bull	21 %	71 %	13 %	79 %	21 %	63 %
5	5e groupe	20 %	63 %	10 %	57 %	27 %	33 %
6	Beagle	16 %	80 %	0 %	52 %	8 %	44 %
	Autres chiens courants	12 %	76 %	4 %	56 %	18 %	50 %
7	Epagneul breton	14 %	66 %	10 %	38 %	0 %	83 %
	Setter anglais	13 %	81 %	13 %	45 %	0 %	77 %
	Autres chiens d'arrêt britanniques et irlandais	15 %	65 %	8 %	31 %	4 %	62 %
	Autres chiens d'arrêt continentaux	21 %	53 %	11 %	63 %	13 %	74 %
8	Chiens leveurs de gibier et broussailleurs	37 %	37 %	6 %	74 %	23 %	51 %
	Rapporteurs de gibier	30 %	63 %	48 %	28 %	50 %	30 %
9	Cavalier King Charles	28 %	60 %	8 %	44 %	8 %	40 %
	Molossoïdes de petit format	38 %	35 %	19 %	62 %	8 %	54 %
	9e groupe (autres races)	16 %	61 %	10 %	59 %	10 %	39 %
10	Lévriers	26 %	58 %	26 %	47 %	26 %	42 %
3-4-6-8	Autres races	21 %	64 %	12 %	40 %	21 %	40 %
	En moyenne	22 %	62 %	15 %	57 %	21 %	49 %

Tableau n° 4 : Évolutions au cours des dix dernières années des problèmes d'hypertype et de santé constatées par les éleveurs, en fonction des regroupements raciaux. Les colonnes - et + représentant le % d'éleveurs constatant une détérioration ou une amélioration au sein de leur race.

Groupe	Race ou regroupement	Problèmes d'hypertype (P < 0,001)		Santé (affections héréditaires) (non significatif)	
		-	+	-	+
1	Beauceron	15 %	19 %	19 %	38 %
	Berger allemand	36 %	34 %	27 %	50 %
	Chien de berger belge	24 %	28 %	12 %	36 %
	1er groupe (autres races)	36 %	19 %	19 %	44 %
2	Molossoïdes	26 %	38 %	21 %	56 %
	2nd groupe (autres races)	9 %	61 %	35 %	43 %
3	Terriers de grande et moyenne taille	28 %	34 %	17 %	52 %
	Terriers de petite taille	35 %	19 %	23 %	42 %
	Terriers de type bull	42 %	33 %	38 %	54 %
5	5e groupe	23 %	37 %	27 %	43 %
6	Beagle	4 %	24 %	8 %	32 %
	Autres chiens courants	12 %	24 %	15 %	35 %
7	Epagneul breton	10 %	28 %	0 %	45 %
	Setter anglais	13 %	39 %	16 %	42 %
	Autres chiens d'arrêt britanniques et irlandais	4 %	23 %	8 %	50 %
	Autres chiens d'arrêt continentaux	5 %	26 %	24 %	42 %
8	Chiens leveurs de gibier et broussailleurs	29 %	34 %	14 %	57 %
	Rapporteurs de gibier	40 %	18 %	33 %	50 %
9	Cavalier King Charles	24 %	52 %	32 %	52 %
	Molossoïdes de petit format	65 %	23 %	31 %	50 %
	9e groupe (autres races)	29 %	33 %	18 %	53 %
10	Lévriers	37 %	37 %	21 %	42 %
3-4-6-8	Autres races	19 %	26 %	21 %	36 %
	En moyenne	24 %	31 %	20 %	46 %

Tableau n° 5 : Catégories de problèmes rencontrés selon les éleveurs, à l'intérieur de leurs races.

Catégorie	Exemples	% d'éleveurs évoquant ces problèmes
Affections du système ostéo-articulaire	Dysplasie de la hanche, dysplasie du coude, luxation rotulienne, ostéochondroses,…	44 %
Maladies oculaires	Anomalie de l'œil du Colley, atrophie rétinienne progressive, entropion, glaucome, luxation du cristallin,…	17 %
Affections cardiaques	Atteinte de la valve mitrale, cardiomyopathie dilatée, sténoses,…	12 %
Affections du système nerveux	Ataxie, nephropathie, syringomyélie, syndrome du wobbler,…	8 %
Maladies de la peau	Hyperkeratose, démodécie, sinus dermoïde, épidermolyse bulleuse jonctionnelle,…	6 %
Atteintes autres	Allergies, cancers, affections immunitaires, rénales, respiratoires,…	16 %
Morphologie générale	Aplombs, dentition, monorchidie, hypertype, port d'oreille, taille,…	19 %
Caractère	Instabilité, travail, défaut d'instinct maternel,…	7 %
Couleur et poil	Blanc envahissant, dépigmentation, ladre ou mouchetures,…	4 %
Problématiques autres	Consanguinité, herpès virose, traçabilité,…	7 %

Tableau n° 6 : Catégories de problèmes liés à la santé répertoriés par les éleveurs, en fonction des regroupements raciaux.

Groupe	Race ou regroupement	Tout problèmes confondus	Affections du système ostéo-articulaire	Maladies oculaires	Affections cardiaques	Affections du système nerveux	Maladies de la peau	Atteintes autres
1	Beauceron	**68 %**	55 %	6 %	0 %	3 %	3 %	10 %
	Berger allemand	**74 %**	72 %	7 %	0 %	2 %	7 %	15 %
	Chien de Berger belge	**43 %**	18 %	0 %	11 %	18 %	0 %	29 %
	1er groupe (autres races)	**80 %**	60 %	44 %	7 %	0 %	0 %	9 %
2	Molossoïdes	**84 %**	66 %	3 %	32 %	11 %	7 %	33 %
	2nd groupe (autres races)	**72 %**	62 %	24 %	10 %	10 %	7 %	38 %
3	Terriers de grande et moyenne taille	**57 %**	3 %	3 %	13 %	7 %	3 %	13 %
	Terriers de petite taille	**68 %**	29 %	7 %	4 %	7 %	29 %	32 %
	Terriers de type bull	**64 %**	32 %	4 %	16 %	20 %	16 %	20 %
5	5e groupe	**81 %**	67 %	33 %	8 %	8 %	17 %	14 %
6	Beagle	**41 %**	7 %	15 %	7 %	4 %	0 %	4 %
	Autres chiens courants	**47 %**	8 %	5 %	0 %	3 %	3 %	10 %
7	Epagneul breton	**72 %**	63 %	0 %	3 %	0 %	0 %	3 %
	Setter anglais	**81 %**	66 %	3 %	0 %	0 %	3 %	3 %
	Autres chiens d'arrêt britanniques et irlandais	**50 %**	47 %	0 %	3 %	0 %	0 %	17 %
	Autres chiens d'arrêt continentaux	**65 %**	41 %	9 %	0 %	7 %	30 %	7 %
8	Chiens leveurs de gibier et broussailleurs	**80 %**	59 %	49 %	10 %	27 %	2 %	7 %
	Rapporteurs de gibier	**93 %**	84 %	45 %	20 %	11 %	0 %	9 %
9	Cavalier King Charles	**100 %**	11 %	63 %	96 %	41 %	0 %	4 %
	Molossoïdes de petit format	**89 %**	25 %	7 %	18 %	4 %	7 %	57 %
	9e groupe (autres races)	**59 %**	37 %	42 %	5 %	2 %	2 %	8 %
10	Lévriers	**44 %**	8 %	4 %	8 %	4 %	4 %	16 %
3-4-6-8	Autres races	**68 %**	26 %	12 %	6 %	4 %	10 %	22 %
	En moyenne	**70 %**	44 %	17 %	12 %	8 %	6 %	17 %

Tableau n° 7 : Catégories de problèmes non liés directement à la santé répertoriés par les éleveurs, en fonction des regroupements raciaux**.**

Groupe	Race ou regroupement	Morphologie générale	Caractère	Couleur et texture du poil	Problématiques autres
1	Beauceron	26 %	0 %	0 %	3 %
	Berger allemand	15 %	15 %	4 %	7 %
	Chien de berger belge	7 %	11 %	4 %	4 %
	1er groupe (autres races)	24 %	11 %	1 %	1 %
2	Molossoïdes	15 %	4 %	7 %	2 %
	2nd groupe (autres races)	10 %	7 %	3 %	0 %
3	Terriers de grande et moyenne taille	27 %	20 %	0 %	23 %
	Terriers de petite taille	18 %	0 %	0 %	0 %
	Terriers de type bull	16 %	0 %	4 %	0 %
5	5e groupe	19 %	3 %	0 %	3 %
6	Beagle	33 %	11 %	4 %	15 %
	Autres chiens courants	23 %	4 %	10 %	22 %
7	Epagneul breton	31 %	6 %	0 %	31 %
	Setter anglais	41 %	9 %	3 %	16 %
	Autres chiens d'arrêt britanniques et irlandais	17 %	3 %	0 %	0 %
	Autres chiens d'arrêt continentaux	20 %	7 %	7 %	9 %
8	Chiens leveurs de gibier et broussailleurs	5 %	12 %	5 %	2 %
	Rapporteurs de gibier	16 %	25 %	2 %	5 %
9	Cavalier King Charles	4 %	0 %	0 %	0 %
	Molossoïdes de petit format	14 %	4 %	7 %	4 %
	9e groupe (autres races)	14 %	2 %	3 %	2 %
10	Lévriers	16 %	4 %	0 %	4 %
3-4-6-8	Autres races	22 %	2 %	4 %	4 %
	En moyenne	**19 %**	**7 %**	**4 %**	**7 %**

invalidantes sont présentés dans le tableau n° VI, montrant une très grande disparité entre les regroupements raciaux : par exemple, alors qu'aucun éleveur de Setter anglais n'évoque l'existence d'affections cardiaques dans cette race, cette proportion passe à 96 % chez les éleveurs de Cavalier King Charles. Le même genre de disparité se constate au sujet des manifestations non liées directement avec la santé des races (tableau n° VII), où la proportion d'éleveurs évoquant des évolutions de morphologie passe de 4 % (Cavalier King Charles) à 33 % (Beagle).

3. Discussion

3.1. Évolution récente des races

Les éleveurs constituant la population la plus impliquée dans la gestion et la sélection des races, ils sont sans doute les personnes les plus à même de juger des évolutions récentes de leur race. Bien évidemment, il existe un certain nombre de facteurs (goûts personnels, antécédents d'élevage, opinion vis à vis de la politique de sélection du club,…), pouvant influencer leur jugement ; ceci explique que même dans les cas de race ou plus de la moitié des éleveurs constatent une évolution dans une sens donné, il peut exister une proportion non négligeable d'individus indiquant une tendance inverse. Lorsqu'en revanche une tendance est constatée par près de la totalité des éleveurs, l'évolution semble difficilement contestable.

Il est intéressant de remarquer que sur des sujets tels que la taille ou le poids, le jugement est également partagé entre éleveurs émettant un avis positif et négatif. En revanche, sur les autres sujets, plus fréquemment liés à des objectifs de sélection (morphologie, caractère, hypertype ou santé), les éleveurs sont plutôt optimistes vis-à-vis de leur race. On peut aussi supposer que lorsqu'une faible proportion d'éleveurs se prononce sur une problématique, c'est qu'ils se sentent peu concernés par cette dernière : au sujet des problèmes d'hypertypes par exemple, qui touchent peu de races au sein du sixième groupe, moins de 30 % des éleveurs indiquent une évolution quelconque.

3.2. Pathologies génétiques au sein des regroupements raciaux

A la différence d'autres études sur le même sujet, la prévalence, c'est-à-dire la proportion d'individus touchés au sein de la race, n'est ici pas directement évaluée. On s'interesse, ici, plutôt à la

proportion d'éleveurs constatant une catégorie de problème au sein de sa race, catégorie pouvant ne pas être directement liée à la santé. Ceci n'empêche pas les comparaisons, et si nous retrouvons comme première catégorie les affections ostéo-articulaires (indiqués par 44 % des éleveurs), leur prévalence est la deuxième au sein de l'enquête de 2004 du Kennel Club britannique [6], mais la huitième sur quatorze selon l'étude d'Egenvall [3]. De la même façon, les maladies oculaires, que nous plaçons en deuxième position, sont en quatrième et dixième position dans ces études respectives. Ces différences peuvent en partie s'expliquer par des variations de méthodologie entre les enquêtes, notamment au sujet des regroupements d'atteintes, l'étude d'Egenvall séparant, par exemple, affections osseuses et articulaires.

On obtient des différences importantes en fonction des regroupements raciaux, notamment au sujet du sixième groupe, pour lesquels les problèmes constatés, peu nombreux (41 % et 47 % respectivement pour les beagles et les autres chiens courants, contre 70 % en moyenne) sont surtout des problèmes de morphologie (33 % et 23 %) et des problématiques autres (15 % et 22 %) avant d'être des questions de santé. Ceci traduit un intérêt moindre des éleveurs de chiens de vénerie pour les problématiques de santé, que cela soit justifié ou non.

c o n c l u s i o n

Les éleveurs interrogés ont tendance à penser que leurs races évoluent dans un sens favorable, tant pour leurs aptitudes que pour la morphologie générale, et le caractère. Il existe des variations importantes entre et au sein des races et regroupements raciaux, mais dans un certain nombre de cas, la proportion importante d'éleveurs constatant une évolution ne laissent que peu de doute quant à la réalité de celle-ci. Une étude sociologique complémentaire est nécessaire pour mieux comprendre les facteurs qui poussent un éleveur à estimer que sa race s'est améliorée ou détériorée dans un domaine particulier.

Il a aussi été possible à partir de ces analyses de faire une évaluation de la pathologie génétique au sein des races, les affections ostéo-articulaires, et en particulier la dysplasie coxo-fémorale, constituant la principale catégorie d'affection répertoriée. La proportion d'éleveurs constatant des affections varie en fonction des races, et ce ne sont évidemment pas les mêmes problèmes qui touchent les même races. On notera aussi qu'en fonction des éleveurs, les problèmes génétiques qui sont censé toucher leur race ne concernent pas forcément la santé puisque la deuxième catégorie la plus fréquemment répertoriée tourne autour de la morphologie, sans atteinte directe à la santé des animaux. En communiquant de manière plus importante pour atteindre un nombre plus élevé d'éleveurs, de futures études pourraiet préciser ces résultats. Elles permettraient de plus de mettre en évidence des évolutions de la situation des races, validant ainsi l'éventuelle efficacité des politiques de sélection des clubs de race et des éleveurs.

Remerciements

Les auteurs remercient sincérement la SCC et l'ANRT pour leur soutien, les professeurs Stéphane ROBIEN et Ali CHAOUCHE pour leurs conseils, ainsi que tous les éleveurs ayant bien voulu participer à l'enquête.

Abstract

Leroy G, Verrier E, Wisner-Bourgeois C, Rognon X, *Dog breeders' survey: recent evolutions and genetic diseases among dog breeds - 2nde part (*Enquête auprès des éleveurs canins : évolution récente et pathologie génétique des races - 2nde partie).

Prat Méd Chir Anim Comp (2007) 42: 199-205.

Recent evolutions and health of dog breeds were investigated through questionnaires sent to French breeders. The 985 breeders interviewed noticed more often improvements than degradation of health, morphology or work aptitudes, but there were some discrepancies between breeds. 70% of breeders noticed genetic diseases or genetic problems within their breed. Musculoskeletal diseases constituted the first category of pathology (referred by 44% of breeders), followed by problems non-directly linked with health (19%), and ocular diseases (17%). Scent hounds breeders noticed less health problems in their breeds than other breeders.

Key words : *Dogs - Breeders - Survey - Diseases - Evolution - Morphology.*

Références

1 Leroy G et coll (2007) Breeding goals and breeding practices of French dog breeders: results from a large survey. Rev Med Vet 158: 496-503.

2 Leroy G et coll (2007) Enquête auprès des éleveurs canins : comment l'éleveur voit-il son activité ? Prat Med Chir Anim Comp 42: 191-196.

3 Egenvall A et coll (2000) Gender, age and breed pattern of diagnoses for veterinary care in insured dogs in Sweden during 1996. Vet Rec 146: 551-557.

4 Proschowsky HF et coll (2003) Morbidity of purebred dogs in Denmark. Prev Vet Med 58: 53-62.

5 Slater M (1996) Methods and issues in conducting breed-specific canine health surveys. Prev Vet Med 28: 69-79.

6 KC/BSAVA (2004) Purebred Dog Health Survey. The Kennel Club/ British Small Animal Veterinary Association Scientific Committee. http://www.thekennelclub.org.uk/item/549, 12/07/07.

7 Michell AR (1999) Longevity of British breeds of dog and its relationships with sex, size, cardiovascular variables and disease. Vet Rec 145: 625-629.

8 Pollinger JP et coll (2005) Selective sweep mapping of genes with large phenotypic effects. Gen Res 15: 1809-1819.

9 Svartberg K (2006) Breed-typical behaviour in dogs-Historical remnants or recent constructs? Appl Anim Behav Sci 96 3-4: 293-313.

10 SAS Institute Inc. (2004) version 9.1.2. Cary, NC, USA.

F - Enquête auprès des éleveurs : quelques résultats complémentaires

Le questionnaire étant composé de plus de cinquante items, il est apparu difficile d'utiliser chacun de ceux-ci dans les trois articles consacrés à l'enquête. Cependant, comme certaines entrées, restées inexploitées, peuvent apporter des informations complémentaires utiles à notre démarche, deux items, de nature fort différente, ont été analysés en complément : la participation aux associations liées à la cynophilie, d'une part, les distances parcourues pour faire saillir une lice, d'autre part. Dans le premier cas, il s'agit d'étudier l'intégration des éleveurs au sein des structures censées les représenter, et dans le second, nous cherchons à nous faire une idée sur les éventuels flux de reproducteurs existant en fonction des races et des éleveurs. Les résultats seront analysés en fonction du nombre de portées produites et du groupe racial, comme dans les deux premiers articles. Dans les deux cas, des fonctions de type *logit* et respectivement *logit cumulé* ont été utilisées.

I. Participation aux associations

Les éleveurs étaient interrogés sur leur appartenance aux trois catégories d'associations de la cynophilie que sont les clubs de race (pour la race principale), les sociétés canines régionales, et les clubs d'utilisation. A chaque question les éleveurs devaient répondre par oui ou par non.

87% des éleveurs indiquaient être membre d'un club de race pour leur race principale, le nombre de portées produites et le groupe racial n'ayant pas d'effet significatif sur les réponses. Vis-à-vis des sociétés canines régionales, le pourcentage d'appartenance était plus faible (44% de membres), avec en revanche un effet significatif du nombre de portées produites (P=0,0250) et du groupe racial (P=0,0003). Au sein des éleveurs ayant produit une portée ou moins, 39% des éleveurs indiquaient appartenir à une société canine régionale, la proportion de réponses positives montant à 45% et 55% pour les catégories « 2-5 portées » et

« 6 portées et plus » respectivement. Le tableau 2.3 montre les différences de réponses en fonction du groupe racial, proportion de membres variant de manière générale entre 33% (groupe 6) et 47% (groupe 3), avec une participation nettement plus important pour le groupe 1 (64%).

Tableau 2.3 - Proportion d'éleveurs disant adhérer aux sociétés canines régionales et aux clubs d'utilisation en fonction du groupe racial élevé

Groupe	1	2	3	6	7	8	9	4-5-10
Société canine régionale***	64%	37%	47%	33%	37%	42%	43%	44%
Club d'utilisation***	68%	31%	19%	27%	26%	16%	13%	41%

*** $P<0.001$ selon le modèle

En ce qui concerne les clubs d'utilisation, 34% des éleveurs se déclaraient membre d'au moins une association. Seuls les groupes raciaux avaient un effet significatif (P<0,0001) sur le pourcentage d'adhésion (voir tableau 2.3), qui variait de 13% (groupe 9) à 68% (groupe 1).

Le club racial constitue donc la première instance de représentation des éleveurs puisque 87% d'entre eux s'en déclarent membres. Parmi les éleveurs non-membres de club de race, un certain nombre émettaient des critiques vis-à-vis du club au sein des remarques du questionnaire, ce qui sous-entendrait que la non-appartenance à un club est souvent liée à un désaccord vis-à-vis des instances dirigeantes de ce dernier. La forte participation des éleveurs du 1er groupe aux sociétés canines régionales et clubs d'utilisation, est éventuellement due aux modalités de sélection concernant les disciplines de travail de ce groupe. La pratique de disciplines telles que le ring nécessite en effet d'appartenir à un club d'utilisation, ces derniers étant obligatoirement liés à une société canine régionale. En conséquence les éleveurs sont fréquement inscrits dans les deux associations, ce qui explique la sur-représentation des éleveurs du 1er groupe.

II. Distance parcourue pour effectuer une saillie

A la question « *Jusqu'à quelle distance êtes-vous allé pour emmener une femelle effectuer une saillie ?* », les éleveurs devaient choisir une des quatres propositions suivantes : départements limitrophes, toute la France, pays limitrophes, autres pays. 28% des éleveurs interogés indiquaient être allés jusqu'à des départements limitrophes, 43% dans toute la France, 20% jusqu'à des pays limitrophes, et 9% dans d'autres pays. Le nombre de portées produites et le groupe racial avaient tous deux des effets significatifs sur les réponses (P<0,0001). Les résultats obtenus en fonction des catégories sont présentés au sein des figures 2.3 et 2.4.

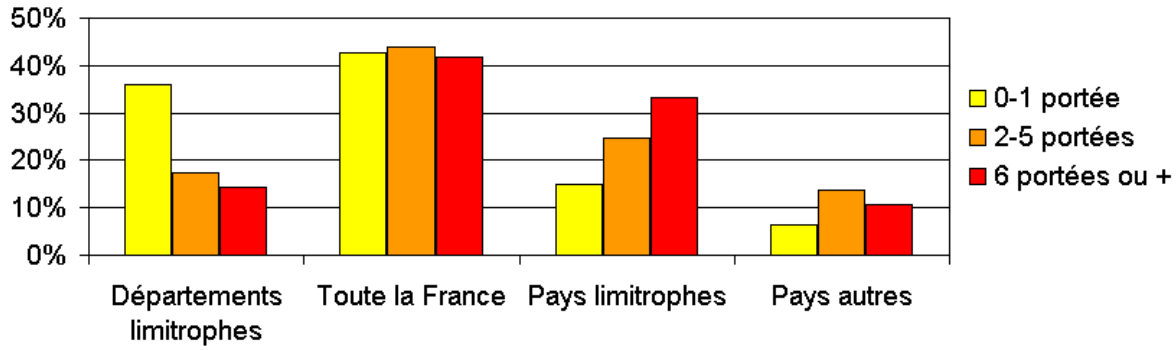


Figure 2.3 - Distances parcourues pour effectuer une saillie, en fonction du nombre de portées produites

La proportion d'éleveurs se limitant aux départements limitrophes pour faire saillir ses reproductrices semble beaucoup plus important pour les éleveurs occasionnels (0-1 portées) que dans les autres catégories (Figure 2.3). En contrepartie, au sein de ces deux catégories, une forte proportion d'éleveurs, de l'ordre de 40%, est allé dans des pays étrangers (limitrophes ou autres) pour effectuer des saillies.

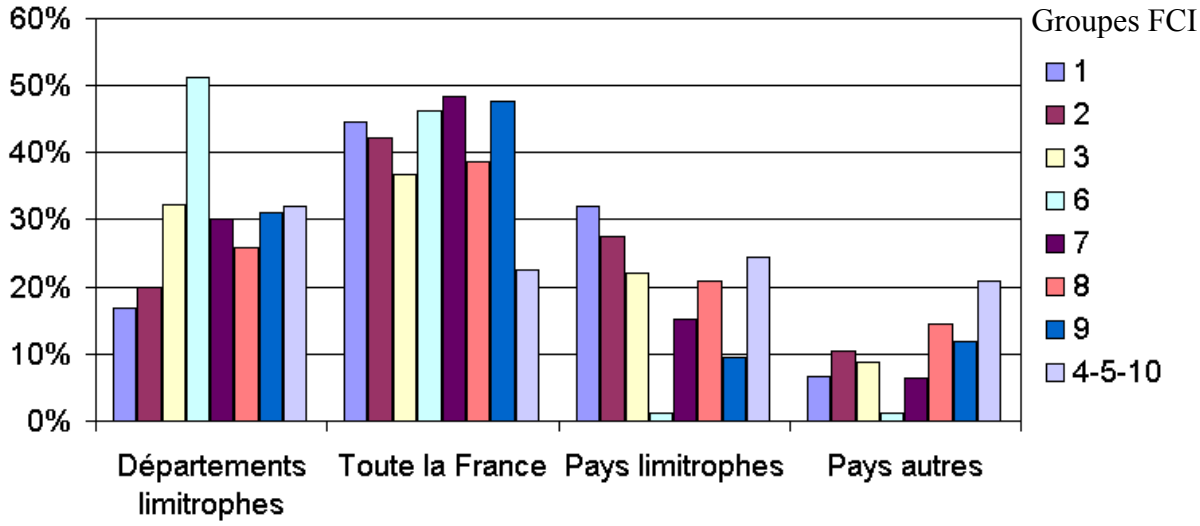


Figure 2.4 - Distances parcourues pour effectuer une saillie, en fonction du groupe racial élevé

Au sein des groupes raciaux (Figure 2.4), le 6ème groupe se distingue particulièrement par la faible mobilité de ses éleveurs, puisque 97% d'entre eux déclarent ne jamais être allés à l'étranger pour effectuer une saillie contre 71% en moyenne. Cette proportion d'éleveurs n'allant pas à l'étranger est en revanche plus faible (55%) pour les groupes 4, 5 et 10. Ces groupes se distinguent aussi par une forte proportion d'éleveurs étant allés au-delà des pays limitrophes : 21% contre 9% en moyenne.

Plusieurs facteurs peuvent expliquer les différences entre catégories. D'une part, les éleveurs réguliers (2-5 portées) et professionnels (6 portées et plus) ayant souvent des ambitions plus importantes en terme de sélection que les amateurs, ils sont sans doute plus enclins à se déplacer pour chercher un reproducteur. Ceci explique en partie les résultats obtenus au sein du 6ème groupe, qui comprend un grand nombre d'éleveurs occasionnels. Il existe cependant d'autres raisons, intrinsèques à ce groupe, qui permettent d'expliquer que les éleveurs se déplacent peu. Notamment, le 6ème groupe est essentiellement constitué de races françaises, locales pour la plupart. Par ailleurs, même les éleveurs de ce groupe disposant de races étrangères (Beagle et Basset Hound, pour l'essentiel) se déplacent peu (parmi les éleveurs de races étrangères du groupe 6, 2 sur 34 déclaraient avoir effectué des saillies à l'étranger). Au contraire, au sein des groupes 4, 5 et 10, il n'existe qu'une seule race française, le Cursinu, citée par un unique éleveur au sein de l'échantillon, ce qui peut

éventuellement expliquer pourquoi les éleveurs de ces groupes se déplacent plus fréquemment à l'étranger. Ces résultats sont dans tous les cas informatifs dans le sens où, dans le premier cas (6ème groupe), il s'agit essentiellement de populations sans flux de gènes depuis l'extérieur alors que dans le second cas (4, 5 et 10èmes groupes), nous avons affaire à des races dont la gestion s'effectue en partie à l'échelle internationale.

G – Conclusion sur l'enquête

Comme il a été évoqué dans les articles, le nombre total de réponses (985 sur 20 000) nous a incités à prendre en compte un nombre limité de facteurs dans le cadre de l'analyse de l'enquête. Les deux facteurs retenus (nombre annuel de portées et groupe racial) ont permis de mettre en évidence un grand nombre de différences de pratiques en ce qui concerne la sélection ou la reproduction des races. Les raisons qui guident les éleveurs dans leurs choix sélectifs et reproductifs sont sans doute liées à de nombreux facteurs. Ceux que nous avons retenus devaient cependant être appropriés à l'analyse de l'ensemble des items, d'une part, et être compatibles avec des analyses statistiques dans le cadre du jeu de données récolté, d'autre part. Le groupe racial des animaux élevés nous est vite apparu comme essentiel, tout d'abord eu égard aux questions posées, et ensuite dans le cadre d'une recherche largement conduite autour de l'entité raciale. Par ailleurs, plusieurs facteurs potentiels soulevaient des problèmes statistiques ou paraissaient moins pertinents que le degré d'implication de l'éleveur dans l'activité, représenté par le nombre de portées produites. La segmentation de ce facteur en trois catégories s'est révélée judicieuse et a permis de mettre en évidence des résultats qui n'auraient pas pu être obtenus à partir d'une séparation entre amateurs et professionnels uniquement.

I. Catégorisation des éleveurs en fonction du nombre de portées produites

Le nombre de portées produites au cours de l'année précédente semble avoir constitué un indicateur correct du degré d'implication de l'éleveur dans cette activité. Les occasionnels (produisant une portée ou moins) constitueraient près des trois quarts des éleveurs LOF (sur 20 000 éleveurs enregistré dans les bases de données de SCC, 5000 ont produit en 2007 deux portées ou plus), pour un quart des portées produites. En ce qui concerne les méthodes d'élevage, les éleveurs occasionnels semblent plus reticents à employer des pratiques plus techniques, telles que l'insémination artificielle. Ces éleveurs sont aussi souvent moins impliqués dans la cynophilie en comparaison des autres catégories, ce qui, associé au fait que

beaucoup d'entre eux ne se considèrent pas comme éleveurs, explique probablement leur sous-représentation en terme de réponse au questionnaire. En comparaison, les éleveurs réguliers (2 à 5 portées), bien que moins nombreux, produisent près d'un tiers des portées. Plus impliqués dans les activités cynophiles que les autres catégories, ils montrent des pratiques d'élevage intermédiaires entre les éleveurs occasionnels et professionnels. Les contraintes économiques, et la nécessité d'assurer ce revenu, constituent probablement les facteurs qui vont distinguer le mieux les individus assimilés à des professionnels, des autres éleveurs. C'est pourquoi au sein de la catégorie « 6 portées et plus », la participation aux expositions est moindre que pour les éleveurs réguliers, notamment en terme de dépenses.

II. Différences obtenues en fonction des groupes raciaux

A partir de ces analyses, le principal objectif restait de pouvoir mettre en évidence d'éventuels impacts des pratiques d'élevage sur la diversité des races canines. La nomenclature FCI s'est révélée efficace pour étudier les différences de réponses sur une grande partie des items. Bien évidemment, les résultats obtenus au niveau des groupes ne se retrouvent pas toujours à l'échelle des races. Par exemple, au sein du 6ème groupe, 91% des éleveurs indiquaient faire chasser leurs chiens. Au sein de la race Dalmatien, seul un éleveur sur cinq donnait cette réponse, ce qui incite à remettre en question le placement de la race au sein du 6ème groupe. Cependant il convient aussi de se rappeler que la nomenclature FCI est fondée sur des critères de morphologie, d'utilisation, et d'histoire, parfois en contradiction. Par exemple le Bulldog anglais se trouve au sein des molossoïdes (2ème groupe), tandis que les autres molossoïdes de petit format (Bouledogue français…) seront placés parmi les chiens d'agrément et de compagnie (9ème groupe). Pour un petit nombre de races, cette classification peut ne pas être adaptée, mais à l'échelle des 300 races élevées en France, la nomenclature FCI apparaît satisfaisante pour mettre en évidence des différences de pratiques de sélection.

Les éleveurs du 6ème groupe se distinguaient en particulier des autres. Quoique produisant peu de portées, ces éleveurs possèdent un grand nombre de chiens ce qui est lié au fait qu'il s'agit de chiens de vènerie, élevés en meute. La sélection y est faite en priorité sur le travail et les modalités de reproduction y sont sensiblement différentes de celles mises en œuvre dans les autres groupes. Ces éleveurs se déplacent peu et ils n'ont qu'exceptionnellement recours à

l'insémination artificielle. Enfin il s'agit du seul groupe pour lequel la santé ne constitue pas un objectif de sélection majeur. Les éleveurs constataient aussi un faible nombre de problèmes génétiques, en comparaison des autres groupes, ces problèmes étant essentiellement lié à la morphologie et non à la santé. La rusticité supposée des races de chiens de vènerie paraît l'explication la plus immédiate d'un tel résultat. Il serait même possible d'aller plus loin en effectuant la supposition suivante : le fait que la santé ne constitue pas une priorité serait justement un facteur de rusticité pour les races de vènerie. Selon les dires de certains éleveurs, il semble qu'il y ait une tendance au sein du 6ème groupe à préfèrer une élimination des individus chétifs (notamment au niveau des portées comme vu en introduction de ce chapitre), à une médicalisation de ces derniers. Il est possible que cette sélection drastique ait un impact sur la santé de ces races et soit responsable de leur rusticité supposée. Ceci pourrait constituer une illustration des effets de pratiques zootechniques sur des paramètres d'élevage (en l'occurrence la santé). Nous devons cependant rester prudents quant à cette interprétation. D'une part, le fait que les éleveurs n'indiquent que peu d'affections héréditaires ne prouve pas que les races en question en soient effectivement indemnes. Seules de véritables analyses de prévalence permettraient de le prouver, or ni l'étude d'Egenvall *et al.* (2000) ni celle du Kennel Club (2004) ne permettent d'infirmer ou de confirmer cette hypothèse. D'autre part, il existe de nombreux autres facteurs qui pourraient expliquer cette rusticité face aux affections génétiques, tels que des retrempes abondantes ou une sélection moins intensive que dans d'autres races. L'utilisation des données généalogiques et moléculaires devrait permettre d'obtenir des informations complémentaires à ce sujet.

III. Conclusion

En conclusion de ce chapitre, il convient de se demander, parmi les résultats obtenus à partir de cette enquête, lesquels peuvent éventuellement être liés à la diversité génétique de nos races canines. Nous n'avons pas pu mettre en évidence de différences de pratiques de consanguinité en fonction des groupes raciaux. D'autres paramètres pourraient cependant avoir des effets plus ou moins relatifs sur les mesures de diversité. La propention des éleveurs à aller chercher des reproducteurs à l'étranger devrait avoir des conséquences sur le maintien de la variabilité. Il pourra être intéressant de comparer les mesures de diversité obtenues au

sein des races, avec les tendances observées par les éleveurs, concernant la santé, la morphologie ou les aptitudes. Enfin une précocité des âges de début et de fin de carrière de reproduction devrait être liée à des intervalles de génération faibles, et en conséquence, potentiellement, à une diminution plus rapide de la diversité. Des résultats plus précis devraient être obtenus sur ce sujet à partir des données généalogiques. C'est d'ailleurs un reproche qui pourrait être fait au questionnaire : certains des résultats présentés dans l'enquête auraient pu être obtenus indépendamment à partir des données du LOF, sans les biais engendrés par la méthodologie employée. Cependant, dans de nombreux cas, obtenir de tels résultats sur la globalité des races aurait pris un temps considérable, les outils statistiques de la SCC étant en cours de finalisation pour permettre de telles analyses. De plus, cette enquête aura permis d'étudier le ressenti des éleveurs sur les sujets étudiés. La comparaison des résultats de l'enquête par rapport aux données réelles devrait apporter non seulement des informations quant à la validité de celle-ci, mais permettra aussi de mettre en évidence les éventuels décalages entre la vision des éleveurs et les chiffres réels.

Troisième partie

Mesure de la diversité intra-raciale

A - Introduction - quels outils pour mesurer la diversité au sein des races ?

La mesure de la variabilité génétique au sein d'une population peut être établie à partir de différentes sources d'information (phénotypiques, génotypiques ou généalogiques), ces approches présentant chacune des avantages et des inconvénients. L'utilisation des données généalogiques du LOF est apparue naturelle, compte tenu de la disponibilité de ces informations à grande échelle et avec un certain recul dans le temps. L'approche génotypique (ou moléculaire), relativement récente, donne directement accès à l'information portée par l'ADN. Elle a aussi l'avantage de permettre l'étude entre populations et individus de différentes races, avec certaines applications pour la gestion de l'espèce. Les races étant par ailleurs relativement bien décrites en ce qui concerne certains phénotypes (standard, caractères morphologiques simples), nous avons décidé d'utiliser de manière complémentaire les approches génotypique et généalogique afin d'évaluer la situation des races canines en terme de variabilité génétique.

Dans un premier temps, les méthodes employées pour traiter l'information généalogique vont être détaillées et illustrées au sein de l'article « *Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data* ». Dans un second temps, nous étudierons les méthodes employées pour traiter l'information moléculaire. Les résultats obtenus sur une soixantaine de races à partir des deux approches seront présentés au sein de l'article « *Genetic diversity of dog breeds: Within-breed diversity comparing genealogical and molecular data* ». A la suite de cet article, les corrélations entre données généalogiques et moléculaires , ainsi que les facteurs pouvant jouer sur ces corrélations, vont être étudiées à partir de simulations. Les différents résultats obtenus seront finalement discutés en conclusion de ce chapitre.

B - Mesure de la diversité intra-raciale à partir des données généalogiques

Les pedigrees constituent une information fréquemment utilisée pour analyser la diversité génétique des espèces domestiques. Représentant l'intégralité des liens de parenté au cours de générations successives, les généalogies permettent de rendre compte de l'évolution du polymorphisme en un locus neutre quelconque, en termes de probabilités d'identité ou d'origine des gènes. Au cours des quinze dernières années, l'approche généalogique a été fréquemment employée pour analyser des races canines, dans des contextes variables. Plusieurs études se sont interessées à un nombre variable de races à l'échelle d'un pays (Karjalainen et Ojala, 1997 ; Ubbink *et al.,* 1998 ; Nielen *et al.,* 2001 ; Mäki *et al.*, 2001 ; Glazewska, 2007), ou de plusieurs (Oliehoek *et al*., 2004 ; Lüpke et Distl, 2005). Des sous-populations particulières, tels que les Bergers allemands et Labradors Retrievers sélectionnés en tant que chien d'aveugles (Cole, 2003), ont aussi pu être analysées.

Définis par Wright (1921), et décrits par Malécot (1948) selon l'approche probabiliste aujourd'hui retenue, les premiers concepts employés pour représenter la diversité à partir des généalogies sont ceux de parenté et de consanguinité. Le concept de probabilité d'origine des gènes, en référence à des individus « fondateurs » d'une population, semble avoir été introduit par James (1972). Le calcul des indicateurs correspondants (coefficients de parenté ou de consanguinité, nombres efficaces de fondateurs ou d'ancêtres, …) est bien évidemment dépendant de la plus ou moins bonne connaissance des généalogies, ce qui constitue une limite potentielle de l'approche généalogique. Les indicateurs liés aux probabilités d'origine des gènes y sont toutefois moins sensibles que ceux liés aux probabilités d'identité des gènes (Boichard *et al.*, 1997). Les différents indices sont présentés et illustrés à partir d'une analyse effectuée sur neuf races françaises, présentant des situations variables, au sein de l'article "*Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data*".

J. Anim. Breed. Genet. ISSN 0931-2668

ORIGINAL ARTICLE

Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data

G. Leroy[1,2], X. Rognon[1], A. Varlet[2], C. Joffrin[1] & E. Verrier[1]

1 UMR Génétique et diversité animales, Institut national de la recherche agronomique/Institut national agronomique Paris-Grignon, 16 rue Claude Bernard, Paris cedex 05, France

2 Société Centrale Canine, 155 avenue Jean Jaurès, 93535 Aubervilliers cedex, France

Correspondence
G. Leroy, UMR INRA/INA P-G Génétique et Diversité Animales, INA P-G, 16 rue Claude Bernard, 75231 PARIS cedex 05, France.
Tel.: +33 0 1 44 08 18 94;
Fax: + 33 0 1 44 08 86 22;
E-mail: gleroy@inapg.fr

Received: 15 April 2005;
accepted: 10 October 2005

Summary

Pedigree data of nine French dog breeds, namely Barbet (BAR), Basset fauve de Bretagne (BAF), Beauceron (BEN), Berger des Pyrénées (BRP), Bouledogue Français (BUF), Braque Saint-Germain (BQG), Dogue de Bordeaux (DOB), Epagneul Breton (EPB) and Montagne des Pyrénées (MOP), were analysed. The effective numbers of ancestors of dogs born from 1997 to 2001 were equal to 6.7 (BAR), 40.2 (BAF), 36.5 (BEN), 16.0 (BRP), 37.0 (BUF), 13.1 (BQG), 28.9 (DOB), 33.3 (EPB) and 34.0 (MOP). The expected contributions of the major ancestors were found to be highly unbalanced in the EPB and BRP. The average coefficient of inbreeding of dogs born from 1997 to 2001 with both parents known was equal to 12.4% (BAR), 3.9% (BAF), 5.4% (BEN), 7.2% (BRP), 3.3% (BUF), 6.0% (BQG), 4.1% (DOB), 4.5% (EPB) and 4.0% (MOP). These values were found to be significantly higher than the average coefficient of kinship between the male and the female parents of these animals, except in the BAR and BQG, revealing an usual practice of mating between related animals. The results are discussed in relation with the demographic situation and the use of each breed. The method used to class an endangered breed and the ways to preserve the genetic variability, when necessary, are evoked.

Introduction

Genetic variability and structure in domestic breeds largely depend on the breeders' decisions and practices. Selection for specialized types of animals may result in strong bottelnecks within the populations, leading to high rates of inbreeding. Moreover, in dogs, the mating between close relatives is frequently used (e.g. Ubbink 1998). Mortality of puppies significantly increases with inbreeding (Van der Beek *et al.* 1999) and a positive correlation was shown between the frequency of some genetic diseases and the average coefficient of inbreeding (Ubbink *et al.* 1992). Moreover, purebred dogs often have to deal with genetic diseases and more than 400 genetic diseases are registered in this species (Patterson 1993, in Nielen *et al.* 2001). For these reasons, the evolution of inbreeding within some dog populations has been studied on the basis of pedigree data (Karjalainen & Ojala 1997; Mäki *et al.* 2001; Nielen *et al.* 2001). From the same data, the computation of the probabilities of gene origin (James 1972) may provide a complementary view of the within-population genetic variability, as illustrated in several studies on livestock breeds (e.g. Moureaux *et al.* 1996; Gutiérrez *et al.* 2003; Huby *et al.* 2003).

The total number of dogs in France is about 8 million. One-and-a-half million of these animals are purebred dogs and approximately a third of them are registered by the *Société Centrale Canine* (SCC),

© 2006 The Authors
Journal compilation © 2006 Blackwell Verlag, Berlin

which is the national federation of French kennel clubs. There are 300 different dog breeds kept in France and, on the basis of historical data, 55 of these breeds are considered to be of French origin by the SCC. In this paper, we investigated the genetic structure of some French dog breeds, using pedigree data and we compared their genetic variability. The results are discussed in relation to two main objectives: (i) to make a diagnosis, which represents the first step to genetic management of such populations and (ii) to provide, on a sample of breeds, original results on genetic variability in French dog breeds, which has never been investigated.

Materials and methods

Populations studied and data file

Nine breeds have been chosen among the 55 French breeds, in order to represent a large range of situations according to the morphology of the animals, their use and the demographical parameters of the population (Table 1). The Epagneul Breton (EPB) and the Beauceron (BEN) breeds are the two dog breeds of French origin with the highest population size. These two breeds have large numbers of registered animals. On the contrary, the Barbet (BAR), Braque Saint-Germain (BQG) and Montagne des Pyrénées (MOP) breeds have a small and/or a decreasing population size and they may be considered as endangered. The other four breeds show an intermediate population size, the numbers of Bouledogue Français (BUF) and Dogue de Bordeaux (DOB) dogs have recently strongly increased, the numbers of Basset fauve de Bretagne (BAF) and Berger des Pyrénées (BRP) dogs have recently decreased. The number of breeders having registered at least one litter in 2004 ranged from three in the BAR breed to 529 in the EPB breed.

The national pedigree file of the SCC was used, including all registered dogs from 1975 to 2001. In France, the matings and the litters have to be declared by the breeders, in order for the puppies to be registered. The registry is definitive only when the dog has passed an examination called 'confirmation' but only a third of the owners ask for confirmation. Paternity parentage control is made, on the basis of simple criteria: (i) consistency between dates of mating and birth and gestation lengths, (ii) consistency between colour patterns of offspring and assumed parents. Molecular parentage control is not compulsory.

The animals born from 1997 to 2001, with both parents known, were used to perform some analyses of interest mainly for the current population. This

Table 1 Some characteristics of the nine dog breeds studied and of their data files

Full name	Abbreviation used in this paper	Uses (other that petdog)	Owner/breeders information in 2004, no. of breeders having registered at least one litter (SCC data)	Populations parameters, evolution of the no. of births from 1994 to 2003	Content of data files	
					Total no. of registered dogs 1975–2001	No. of registered dogs born in 1997–2001 with both parents known: reference population
Barbet	BAR	Waterdog	3	+6%	307	38
Basset fauve de Bretagne	BAF	Scent hound	149	– 10%	10 077	2211
Beauceron	BEN	Watchdog, sheepdog	310	+3%	30 942	5031
Berger des Pyrénées	BRP	Sheepdog	82	– 19%	8687	1092
Bouledogue Français	BUF	–	429	+157%	8812	3306
Braque Saint-Germain	BQG	Pointing dog	5	+31%	980	146
Dogue de Bordeaux	DOB	Watchdog	108	+76%	3355	924
Epagneul Breton	EPB	Pointing dog	529	+5%	51 973	8775
Montagne des Pyrénées	MOP	Livestock protection dog	38	–32%	5565	413

© 2006 The Authors

group of animals was called the reference population. The total number of animals in the data file and the number of animals from the reference population are given in Table 1.

Methods

The analyses were performed for each breed separately, using the PEDIG software (Boichard 2002, http://www-sgqa.jouy.inra.fr/sgqa/diffusions.htm). The pedigree completeness level, the demographic parameters and the probabilities of gene origin were analysed for the reference population of animals born from 1997 to 2001. The percentage of known ancestors was computed by simple counting, for each generation of ancestors of the animals born from 1997 to 2001, including those that had unknown parents. The number of equivalent complete generations traced (*EqG*) was computed as the sum over all known ancestors of the terms $(1/2^t)$, where t is the ancestor's generation number, which is equal to one for the parents, two for the grandparents, etc. (Maignel *et al.* 1996). Generation lengths (T) were computed in the four pathways as the average age of parents at the birth of their useful offspring (an offspring was considered as useful when itself had registered offspring).

Ancestors without known parents were considered as non-inbred and non-related founder animals. The major ancestors (founders or not) of the reference population were detected using the iterative method by Boichard *et al.* (1997). The expected genetic contribution to the reference population of each founder was computed as the probability (p_i) for a gene taken at random within the reference population to come from founder $i(\sum_i p_i = 1$; James 1972). The expected marginal contribution (q_j) of each major ancestor (j) was computed as its expected genetic contribution independent of the contributions of the other ancestors ($\sum_j q_j = 1$; see Boichard *et al.* 1997 for details). The effective number of founders (f_e) and the effective number of ancestors (f_a) are defined as the reciprocal of the probability that two genes drawn at random in the reference population come from the same founder or from the same ancestor respectively. These numbers were computed as follows:

$$f_e = \frac{1}{\sum_i p_i^2} \quad \text{and} \quad f_a = \frac{1}{\sum_j q_j^2}.$$

Individual coefficients of inbreeding were computed for all animals in the data file, using the method by Van Raden (1992). The realized effective size (Ne_r) was estimated as follows: First the evolution of the average coefficient of inbreeding per birth year was observed from 1975 to 2001. The annual increase rate of inbreeding was estimated by linear regression over time. Next by combining the annual rate and the average generation length of each breed, the inbreeding between two successive generations (ΔF_t) could be computed by the following equation (Falconer & Mackay 1996)

$$\Delta F_t = \frac{F_{t+1} - F_t}{1 - F_t}.$$

The average rate of inbreeding over the whole period (ΔF) was computed as the mean of the different ΔF_t. Then the realized effective size (Ne_r) of each population was computed as follows:

$$Ne_r = \frac{1}{2\Delta F}.$$

In order to categorize breeds among class of endangerment (Simon 1999), the maximum value of inbreeding after 50 years of conservation (F-50) was computed as follows, g being the number of generations during 50 years.

$$F - 50 = 1 - (1 - \Delta F)^g$$

The coefficients of kinship (Malécot 1948) between all the male parents and all the female parents of the reference population were computed. This average coefficient of kinship represents the expected average coefficient of inbreeding of the reference population under the hypothesis of random mating. In order to assess the impact of the mating practices, this expected coefficient of inbreeding was compared with the observed average coefficient of inbreeding of the reference population.

Results

Pedigree completeness level

Some criteria of the pedigree completeness level of the reference population are given in Table 2 for each breed (percentage of known ancestors for the first and the fifth generation, number of equivalent generations traced). The highest depths of pedigree were observed in the two breeds with the highest population sizes, namely the BEN and the EPB breeds. The number of equivalent generations traced (*EqG*) was found to be around five to six in the other breeds, except in the BAR breed where a much lower value was observed because of a large number of animals registered without or with little knowledge of their pedigree.

© 2006 The Authors
Journal compilation © 2006 Blackwell Verlag, Berlin

Table 2 Pedigree completeness level for the dogs born from 1997 to 2001

Breed	Proportion (%) of ancestors known		Number of equivalent generations traced (*EqG*)
	Parents	Ancestors from the fifth generation	
Barbet	87	31	3.5
Basset fauve de Bretagne	97	83	6.3
Beauceron	100	97	8.1
Berger des Pyrénées	97	81	6.1
Bouledogue Français	98	65	6.0
Braque Saint-Germain	99	80	5.9
Dogue de Bordeaux	98	60	6.2
Epagneul Breton	100	95	8.2
Montagne des Pyrénées	92	57	5.2

Demographic parameters

Table 3 shows the average generation lengths between parents of the reference population and their useful offspring. Because of the small numbers of animals, the results for the BAR, BQG and MOP breeds should be taken with caution. For the BEN, the EPB and the BUF breeds, the generation lengths were found to be larger for the sire-offspring pathways than for the dam-offspring ones, probably because of the usual longer reproductive life of the males. The highest values of the average generation length over the four pathways were found for the BQG breed. On the contrary, the smallest values were found for the BUF and the DOB breeds.

Probabilities of gene origin

The results of the analysis of probabilities of gene origin are given in Table 4. The larger the population size of the breed, the larger its total number of founders. The effective number of founders (f_e) depends on both the total number of founders and the disequilibrium between their expected contributions to the gene pool. A substantial disequilibrium has been found in the two largest breeds, the EPB and the BEN breeds, their value of the ratio f_e/f (0.06 and 0.11 respectively) being much lower than those of the other breed. On the contrary, the very small total number of founders of the BAR and BQG breeds did not let the opportunity for a large desequilibrium between their expected contributions (0.53 and 0.42). For the other breeds, the results were quite similar, with a ratio, which ranged between 0.16 and 0.22.

The comparison between the effective number of founders (f_e) and the effective number of ancestors (f_a) allows to reveal the decrease in genetic variation in populations that have passed through a bottleneck (Boichard *et al.* 1997). This decrease was found to be rather important for the BRP breeds, for which the lowest value of the ratio f_a/f_e (0.31) was observed. In the other breeds, this ratio ranged from 0.44 in the BAF breed to 0.66 in the MOP breed, except in the BAR breed where both effective numbers were almost equal ($f_a/f_e = 0.97$). This similarity between f_a and f_e can be partially explained by the low pedigree completeness level of the breed.

The effective number of ancestors as the number of ancestors contributing the most for a cumulated expected contribution of 50% of the genes reveals the narrow genetic basis for all the breeds and especially for the two populations with the lowest population size, the BAR and BQG breeds and of a breed with decreasing population size, the BRP breed.

Inbreeding and kinship

Figure 1 shows the evolution of the average coefficient of inbreeding of dogs according to their birth year. Up to the 1980s, the values were low or almost null, because of the lack of pedigree data. Next, mainly because of smaller numbers of animals on which the means were computed, there were more

Table 3 Average generation lengths (*T*, in years) between useful offspring born from 1997 to 2001 and their parents

Breed (see Table 1)	BAR	BAF	BEN	BRP	BUF	BQG	DOB	EPB	MOP
Total number of useful male offspring used to compute *T* sires–sires	4	198	303	73	302	13	62	502	25
T sires–sires	4.8	4.0	4.9	4.0	3.7	5.2	3.1	4.9	4.9
Total number of useful male offspring used to compute *T* dams–sires	4	198	302	73	297	13	58	510	24
T dams–sires	5.0	4.0	4.1	5.2	3.0	5.5	3.0	4.4	4.9
Total number of useful female offspring used to compute *T* sires–dams	8	304	586	122	742	19	151	962	37
T sires–dams	5.2	3.5	4.7	4.4	3.5	5.9	3.5	4.9	4.9
Total number of useful female offspring used to compute *T* dams–dams	8	304	584	121	739	19	146	976	36
T dams–dams	3.9	3.8	4.1	5.7	3.2	5.7	3.1	4.4	4.8
Average *T* over the four pathways	4.7	3.8	4.4	4.9	3.3	5.6	3.2	4.6	4.9

© 2006 The Authors

Table 4 Analysis of the probabilities of gene origin for the dogs born from 1997 to 2001 with both parents known

Breed (see Table 1)	BAR	BAF	BEN	BRP	BUF	BQG	DOB	EPB	MOP
Total no. of founders (*f*)	13	417	676	317	370	49	240	1 158	286
Effective no. of founders (*fe*)	6.9	91.3	75.9	51.0	67.5	20.7	47.5	70.7	51.4
Effective no. of ancestors (*fa*)	6.7	40.2	36.5	16.7	37.0	13.1	28.9	33.3	34.0
No. of ancestors contributing the most for a cumulated expected contribution of 50% of the genes	3	15	13	7	13	5	10	14	14
Ratio *fe*/*f*	0.53	0.22	0.11	0.16	0.18	0.42	0.20	0.06	0.18
Ratio *fa*/*fe*	0.97	0.44	0.48	0.31	0.55	0.63	0.61	0.47	0.66

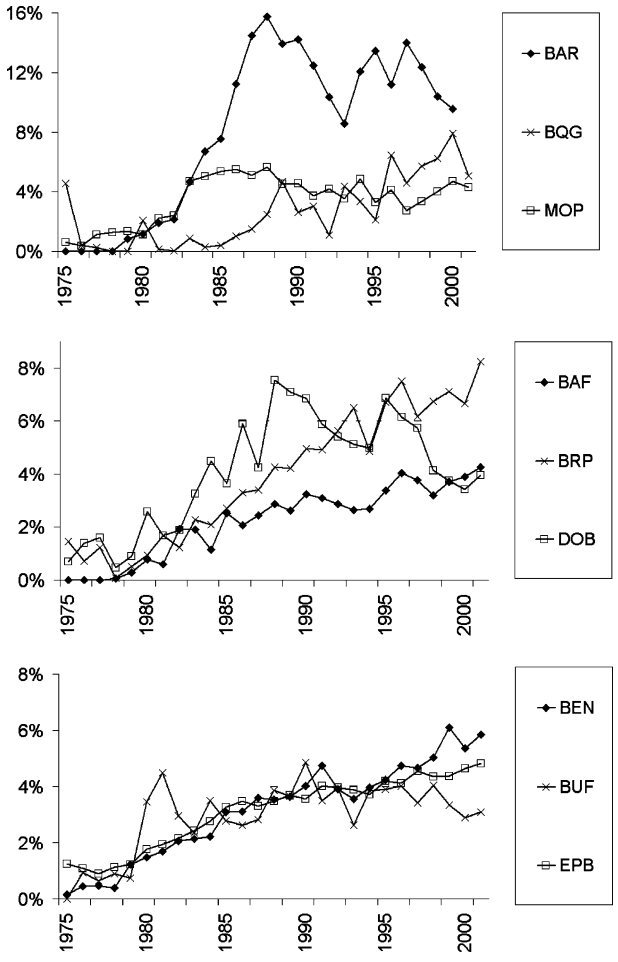


Figure 1 Evolution of the average coefficient of inbreeding (*F* in %) of dogs per birth year from 1975 to 2001. Note that the scale on the *y*-axis can be different between the graphs. For the breed abbreviations see Table 1.

fluctuations in the breeds with the smallest population sizes. In the BAR, DOB, MOP and BUF breeds, the recording of new dogs with no genealogical data, during the second half of the 1980s and early 1990s, led to a decrease or a stabilization of the mean of the computed coefficients of inbreeding. The annual rate of inbreeding over the whole period (1970–2001) ranged from 0.1% points per year in the BUF breed to 0.5% points per year in the BAR breed (see Table 5).

The realised effective population sizes (Table 5), computed from the annual rate of inbreeding, ranged from 21 for the BAR breed to 152 for the BUF Breed, which was the only breed with a realized effective population size over 100.

The results on inbreeding in the reference population and on kinship between the parents of this reference population are given in Table 6. In all breeds, the average coefficient of inbreeding was higher than 3.125%, i.e. the value resulting from the mating of two animals sharing a single grandparent. The proportion of coefficients higher than 6.25%, i.e. the value resulting from the mating of two animals sharing two grandparents, was generally large. Despite pedigrees known to a substantially lower extent than in other breeds (see Table 2), the BAR breed showed the highest average coefficient of inbreeding and the highest proportion of high coefficients because of its much smaller population size. In all but one breed (the BQG breed), the average coefficient of inbreeding was substantially higher than the average coefficient of kinship of the parents: the ratio of offspring inbreeding over the average parental kinship ranged from 1.7 in the BRP breed to 2.0 in the BEN breed.

Discussion

The nine breeds considered in this paper show different pictures for several criteria of within-population variability. The population size of the breed and its evolution over time, on the one hand and the management practices, on the other hand, are the main factors explaining the observed differences. Indeed, the higher the population size, the lower the increase of inbreeding over time. When the population size was higher, the disequilibrium between the expected contributions of the founders was higher but, as the total number of founders was much

© 2006 The Authors

Table 5 Annual rate of inbreeding, realized effective population size and status of endangerment according to the FAO and the EAAP methods

Breed	Annual increase rate of inbreeding (%)	Realized effective population size (Ne_r)	Breeding males and females between 1997 and 2001		Status of endangerment according to the FAO method	Assumed maximum value of inbreeding during 50 years (%)	Status of endangerment according to the EAAP method
			Total of sires	Total of dames			
Barbet	0.5	20	13	11	Critical	24	Minimally endangered
Basset fauve de Bretagne	0.14	76	429	755	Endangered	8.4	Not endangered
Beauceron	0.21	53	726	1342	Not at risk	10.3	Potentially endangered
Berger des Pyrénées	0.3	33	225	387	Endangered	14.5	Potentially endangered
Bouledogue Français	0.1	147	471	919	Endangered	5	Not endangered
Braque Saint-Germain	0.22	40	26	36	Critical	10.7	Potentially endangered
Dogue de Bordeaux	0.17	88	175	298	Endangered	8.5	Not endangered
Epagneul Breton	0.15	70	1315	2402	Not at risk	7.5	Not endangered
Montagne des Pyrénées	0.12	82	93	152	Endangered	6	Not endangered

Table 6 Coefficients of inbreeding (×100) in the dogs born from 1997 to 2001with both parents known and average coefficient of kinship (×100) between their parents

Breed	Average coefficient of kinship between male and female parents of dogs born in 1997–2001	Coefficients of inbreeding in the dogs born in 1997–2001 with both parents known	
		Mean	Proportion (%) of coefficients higher than 6.25% (1/16)
Barbet	9.7	12.4	74
Basset fauve de Bretagne	2.0	3.9	20
Beauceron	2.7	5.4	28
Berger des Pyrénées	4.4	7.2	46
Bouledogue Français	2.0	3.3	14
Braque Saint-Germain	6.9	6.0	29
Dogue de Bordeaux	2.2	4.1	22
Epagneul Breton	2.6	4.5	21
Montagne des Pyrénées	2.1	4.0	27

higher, the effective number of founders was generally higher too. On the contrary, the current average coefficient of inbreeding does not seem to be much dependent of the population size, because of the use of mating between close relatives, which was observed in several breeds. Of course pedigree completeness level explains in some ways some of the results: inbreeding was probably underestimated for the breeds with a low completeness level and the number of founders and ancestors were overestimated for such breeds.

Because of its very small population size, the BAR breed is the most endangered breed of the group but its situation was quite different from the other breed with a very small population size, the BQG breed. These two breeds had a small effective number of ancestors, but pedigree completeness level was quite good for the BQG breed, on the contrary to the BAR breed (see Table 2). For this breed, the average coefficient of inbreeding was then underestimated and actually the number of effective ancestors is probably much lower than predicted. However, the BAR breed already has the most important inbreeding rate and the smallest effective number of founders. Moreover, the average coefficient of inbreeding was very high and 74% of the dogs had a coefficient higher than 1/16. Because the difference between the inbreeding of the reference population and kinship of the parents was not significant, it was not possible to know if breeders voluntarily use inbreeding. One may strongly recommend to avoid mating between close relatives within a so endangered breed. In the BAR breed, some crosses with the Poodle and Spanish Water dogs have been made and among the seven most important ancestors of the breed, three are not purely BAR. Crossbreeding with a close breed may be a solution to reintroduce some genetic variation (Denis 1997). For this breed, this

© 2006 The Authors

means that even with such crossbreeding, which introduced some variation, the genetic situation of the BAR breed seems critical. Such a lack of variability could be avoided if the breeding would be more rationally organized within the BAR breed. In this study, it was not possible to have complete data from the national pedigree file about the breeders. However, according to the breed club, not more than eight breeders produce litters but none regularly, explaining the fact that only three breeders produced a litter in 2004. This fact and the difficulty of finding owners of few related dogs and convincing them to use it for mating, are the main obstacles to a better management of genetic variability. The situation of the BQG breed seems, in comparison, much better. Population size and effective population size were higher and the coefficient of inbreeding was not as important as in other breeds with a population size much higher (BRP breed). This can be explained by the fact that the breed club is trying to encourage mating between non-related or little related dogs (C. Fauquembert, secretary of the Braque Saint Germain's Club, personal communication).

The BEN breed and the EPB breed have a similar and very good pedigree completeness level. These two breeds share several results: their generation lengths are almost equal, among the nine breeds studied these two breeds showed the most unbalanced paternal progeny sizes and they have suffered from some bottlenecks, as their effective number of ancestors was found to be less than half the effective number of founders. However, the decrease of genetic variation seems to be quite higher for the EPB breed: despite a larger total number of founders, its effective numbers of founders and of ancestors were smaller than those of the BEN breed. This observed difference shows that the expected contributions of founders and/or ancestors were even more unbalanced in the EPB breed than in the BEN breed.

Three breeds showed a decreasing population size, namely the BAF, the BRP and the MOP breeds. Among these three breeds, the BRP breed seems to be the most endangered because of its lower effective number of ancestors and its higher rate of inbreeding.

Two breeds showed a large increase of their population size, the BUF and the DOB breeds, which contributed to the observed moderate rate of inbreeding. These two breeds were found to have a substantially lower average generation length than the other breeds. This could be explained by the fact that the BUF and the DOB breeds are brachycephalic breeds. This kind of breed is known to have some health problems (e.g. Couille-Beillon 1983). Because of such difficulties, the breeders probably use breeding animals during a few years only.

The probabilities of origin method was little used for analysing dog breeds but a lot of studies have reported inbreeding results on dog breeds. Nielen *et al.* (2001) have found quite similar results on Dutch breeds. The average coefficient of inbreeding ranged from 1.8% in the Golden Retriever breed to 7.0% in the Kooiker dog breed. Such values were quite larger than the average kinship between the parents. In a study on breeds raised in Finland (Mäki *et al.* 2001), the average coefficient of inbreeding of dogs born in 1998 ranged from 2.3% in the German shepherd breed to 5.1% in the Finnish hound breed.

Implications

Most breeds can be considered as more or less endangered regarding the criteria used by the FAO and EAAP for determining breeds at risk. According to the FAO (2000), the situation of a breed is categorized as critical if there is <100 reproductive females or five reproductive males and endangered if there is less than 1000 reproductive females or 20 reproductive males. In our study, two breeds should be categorized as critical (BAR and BQG breeds) and five breeds as endangered, including the BUF breed, which is, however, the 13th breed in France among 300 considering the annual number of births. The criteria used by the FAO seems then unadapted for the dog species, partially because there is no such numerical disequilibrium between males and females as in other domestic species. The EAAP (Simon 1999) determines a class of endangerment using an assumed maximum value of inbreeding during 50 years of conservation. We could compute an approximation of this rate using an annual increase of inbreeding (see Table 5). Three of the breeds, including the BEN breed (11th breed raised in France), were considered as potentially endangered and the BAR breed was categorized as minimally endangered. The use of inbreeding by the breeders can partially explain these results, because it causes important increases of inbreeding even among breeds with high population size. In such a case, the criteria used to determine endangerment classes cannot take population size into account, which is probably the main parameter in such a process. Therefore, not only one parameter should be taken into account to determine the endangerment status of domestic breeds. From our study, three breeds could be considered as endangered: the BAR and

© 2006 The Authors
Journal compilation © 2006 Blackwell Verlag, Berlin • J. Anim. Breed. Genet. **123** (2006) 1–9

BQG breeds, because of their small actual and effective population sizes and the BRP breed, because of its decreasing population size and its low genetic variability assessed by probabilities of gene origin results.

To conclude, probabilities of gene origin added to computation of inbreeding gave us a lot of information about genetic structure and differences among breeds. Such results can be used to manage the genetic variability of breeds. For the breeds with a large population size, it is possible to limit the number of litters per male: such a rule is already applied in the German Shepherd dog in Germany (Guyader 1989). Moreover breed clubs could support breeding animals, which are little related to the whole population. Such dogs can be detected for instance by the average relatedness of each individual with the whole population (Goyache *et al.* 2003). For breeds with a small and/or decreasing population size, mating should be made between little related dogs. Indeed, it is quite easy to compute kinship or relatedness, especially within breeds with a small population, like the BAR breed. It could also be possible to split each population into several families of related dogs and to organize matings between dogs from different families. The efficiency of such methods has been theoretically assessed (e.g. Rochambeau & Chevalet 1990) and applied with success in some farm animal breeds, including rare breeds (Huby *et al.* 2003) or large and selected breeds (Palhière *et al.* 2000; Kerdiles & de Rochambeau 2002). The need for such actions to limit the loss of genetic variation seems to be urgent for the breeds with a disturbing situation, the BAR, BQG and BRP breeds. In comparison with other domestic species, purebred dog populations are over dispersed and according to the SCC, a breeder produces on average in France two litters per year. That is why, such measures could be applied only if breeders and owners are motivated and implied in the process.

Acknowledgements

We greatly appreciate the help of the member of breed clubs who answer to our questions, two referees for their comments and Ms Wendy Brand-Williams for linguistic revision.

References

Boichard D. (2002) PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In: Proceedings of the 7th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier (France), 19–23 August 2002, CD-Rom, comm. no 28–13, Montpellier, France.

Boichard D., Maignel L., Verrier E. (1997) Value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, **29**, 5–23.

Couille-Beillon J.M.J. (1983) *Pathologie des chiens brachycéphales*. Veterinarian thesis, Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, Alfort, France.

Denis B. (1997) *Génétique et Sélection Chez le Chien*. CNVSPA/SSNOF, Paris, France.

Falconer D.S., Mackay T.F.C. (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*, 4th edn. Longman Group, Essex, UK.

FAO (2000) *World Watch List for Domestic Animal Diversity*, 3rd edn. Beate D. Scherf, FAO, Rome, Italy. pp. 14–15.

Goyache F., Gutiérrez J.P., Fernandez I., Gomez E., Alvarez I., Diez J., Royo L.J. (2003) Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, **120**, 95–103.

Gutiérrez J.P., Altarriba J., Díaz C., Quintanilla R., Cañon J., Piedrafita J. (2003) Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, **35**, 43–63.

Guyader C. (1989) *L'évolution du berger allemand. Morphologie et aptitudes 1945–1987*. Veterinarian thesis, Ecole nationale vétérinaire d'Alfort, p. 116.

Huby M., Griffon L., Moureaux S., De Rochambeau H., Danchin-Burge C., Verrier E., (2003) Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. *Genet. Sel. Evol.*, **35**, 637–655.

James J.W. (1972) Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.*, **42**, 272–273.

Karjalainen L., Ojala M. (1997) Generation intervals and inbreeding coefficients in the Finnish Hound and the Finnish Spitz. *J. Anim. Breed. Genet.*, **114**, 33–41.

Kerdiles V., de Rochambeau H. (2002) A genetic description of two selected strains of rabbits. *J. Anim. Breed. Genet.*, **119**, 25–33.

Maignel L., Boichard D., Verrier E. (1996) Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull. Bull.*, **14**, 49–54.

Mäki K., Groen A.F., Liinamo A.E., Ojala M. (2001) Population structure, inbreeding trend and their association with hip and elbow dysplasia in dogs. *Anim. Sci.*, **73**, 217–228.

Malécot G. (1948) *Les Mathématiques de L'hérédité*. Masson, Paris, France.

Moureaux S., Verrier E., Ricard A., Mériaux J.C. (1996) Genetic variability within French race and riding horse breeds from genealogical data and blood marker polymorphisms. *Genet. Sel. Evol.*, **28**, 83–102.

Nielen A.L., van der Beek S., Ubbink G.J., Knol B.W. (2001) Population parameters to compare dog breeds: differences between five Dutch purebred populations. *Vet. Q.*, **23**, 43–49.

© 2006 The Authors

Palhière I., Barillet F., Astruc JM., Aguerre X., Belloc J.P., Briois M., Fregeat G., Bibé B., de Rochambeau H., Boichard D. (2000) Analyse de la variabilité génétique des races ovines laitières Basco-Béarnaise, Lacaune et Manech à partir des informations généalogiques. *Rencontres Rech. Rumin*., **7**, 153–156.

Patterson D.F. (1993) Understanding and controlling inherited diseases in dog and cat. *Tidjschr. Diergeneeskd*., **118**, 23s–27s.

Rochambeau H., Chevalet C. (1990) Genetic principles of conservation. In: Proceedings of the 4th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, **13**, 434–442.

Simon D.L. (1999) European approaches to conservation of farm animal genetic resources. *AGRI*, **25**, 77–97.

Ubbink G.J. (1998) *Inherited disease in purebred dog populations; prediction based on common ancestry*. PhD thesis, Utrecht University, Utrecht, The Netherlands.

Ubbink G.J., Knol B.W., Bouw J. (1992) The kinship between homozygosity and the occurrence of specific diseases in Bouvier Belge des Flandres dogs in the Netherlands. *Vet. Q.*, **14**, 137–140.

Van der Beek S., Nielen A.L., Schukken Y.H., Brascamp E.W. (1999) Evaluation of genetic, common-litter, and within-litter effects on preweaning mortality in a birth cohort of puppies. *Am J. Vet. Res*., **60**, 1106–1110.

Van Raden P.M. (1992) Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *J. Dairy Sci*., **75**, 305–313.

© 2006 The Authors
Journal compilation © 2006 Blackwell Verlag, Berlin

C - Présentation des outils moléculaires et procédure d'échantillonnage

Les premières études visant à mesurer la diversité génétique au sein des espèces à l'aide de marqueurs biologiques se sont faites à partir de marqueurs biochimiques, c'est-à-dire les groupes sanguins, dont le polymorphisme est détecté par les techniques d'immunologie, et les protéines, dont le polymorphisme est détecté par électrophorèse. Depuis le développement des outils et méthodes de la biologie moléculaire, notamment celui de la PCR, le polymorphisme révélé directement à l'échelle de l'ADN est courament utilisé. Chez les animaux, les marqueurs les plus fréquemment employés jusqu'à aujourd'hui ont été les microsatellites, avant l'avènement actuel des SNP. Du fait des coûts engendrés par les prélèvements biologiques et les typages, l'approche moléculaire ne peut généralement s'appliquer qu'à un nombre limité d'individus et de marqueurs. S'agissant des marqueurs, les 39 paires de chromosomes de l'espèce canine étant composées de plus de 3 000 mégabases, soit un potentiel de 35 à 40 000 gènes (Sargan *et al.*, 2001), l'approche moléculaire a l'inconvénient de ne rendre compte que d'une fraction restreinte du génôme.

Après avoir brièvement présenté les différents types de marqueurs utilisés pour étudier l'espèce canine, nous nous intéresserons aux méthodes permettant de mesurer la diversité à l'intérieur des races, ainsi qu'aux relations existantes entre les données généalogiques et moléculaires. Ces méthodes seront illustrées à l'aide des études existant sur les races canines, ainsi que de premiers résultats présentés lors de trois congrès (Leroy *et al.,* 2006 a, b et c ; voir annexes), présentant des résultats respectivement sur cinq races de chiens d'arrêt, deux races françaises de généalogies bien connues, et treize races diverses. La procédure employée pour échantillonner les individus analysés sera décrite en dernière partie.

I. Présentation des marqueurs

Une des principales contraintes de l'utilisation du polymorphisme moléculaire pour étudier la diversité génétique est, nous l'avons dit, le nombre limité de zones étudiées. Les locus doivent donc être choisis judicieusement, quant à leur répartition au sein du génôme et leur niveau de polymorphisme. Afin de pouvoir distinguer au mieux populations et individus, ils doivent être le plus polymorphe (ou informatif) possible. Un marqueur est considéré comme informatif s'il permet de distinguer deux groupes de descendants selon l'allèle reçu d'un parent (Boichard *et al.,* 1998). Ainsi le « *Polymorphism Information Content* » (*PIC*) (Bolstein *et al.*, 1980), obtenu en sommant les probabilités qu'un marqueur soit informatif en fonction des configurations génotypiques des parents, constitue un bon indice pour évaluer l'informativité de celui-ci. Soit un locus à *n* allèles, l'allèle *i* ayant une fréquence p_i dans la population, le *PIC* de ce locus se calcule comme suit :

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{n} p_i^{\,2} - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^{n} 2\, p_i^{\,2} p_j^{\,2}$$

Pour augmenter l'informativité, un groupe de marqueurs très liés peut être employé comme un marqueur unique, dont le polymorphisme résulte de toutes les combinaisons alléliques de chaque marqueur élémentaire, un haplotype donné pouvant être assimilé à un allèle de ce marqueur unique (Boichard *et al*., 1998).

Les marqueurs utilisés ne doivent pas être sélectionnés de manière directe ou indirecte. Pour des investigations portant strictement sur la diversité, les marqueurs utilisés doivent donc être neutres, propriété généralement respectée car ces derniers sont le plus souvent situés dans des zones non fonctionnelles du génome. Les marqueurs doivent en outre être non liés à des gènes fonctionnels qui pourraient être soumis à sélection, hypothèse qui peut être mise en défaut (c'est d'ailleurs l'opposé que l'on recherche dans les protocoles de détection de QTL).

Enfin les marqueurs doivent être simples à génotyper, afin de réaliser des économies d'échelle et ainsi de multiplier le nombre de marqueurs et d'individus analysés. Ceci peut concerner aussi bien le génome nucléaire que le génome mitochondrial en fonction des questions posées.

Les microsatellites sont des séquences d'ADN, de un à cinq nucléotides, répétées en tandem. Ces séquences, très largement répandues sur le génome, sont très polymorphes avec une variation importante du nombre de répétitions entre les allèles. Une fois caractérisés de manière unique à partir des séquence flanquantes, il est possible de distinguer les allèles de ces marqueurs en fonction de leur taille. A partir de différentes études sur l'espèce canine, des valeurs de *PIC* variaient de 0 à 0,81 pour Zajc *et al.* (1997), et de 0,36 à 0,86 pour une moyenne de 0,65 pour Parket et al. (2005).

Les SNP constituent une autre catégorie de marqueurs qui commence à être régulièrement utilisée pour les études de diversité. Ils sont basés sur les variations bi-alléliques d'une base et sont de ce fait moins polymorphes que les microsatellites. 75 SNP utilisés au cours de la même étude de Parker *et al.* (2004), avaient des *PIC* variables de 0,008 à 0,37 pour une moyenne de 0,17. Leur principal avantage est leur nombre (1 pour 1 000 nucléotides en moyenne). Des puces à ADN, employant plusieurs dizaines de milliers de SNP sont depuis peu disponibles pour l'espèce canine (Karlsson *et al.*, 2006), mais leur prix reste à l'heure actuelle trop élevé pour des études à large échelle.

Les études de diversité qui s'intéressent à l'histoire des populations utilisent fréquemment le matériel génétique particulier que constituent l'ADN mitochondrial et dans une moindre mesure le chromosome Y, pour dater et caractériser les épisodes de divergence des populations (domestication, raciation). L'ADN mitochondrial, de transmission maternelle, et disposant d'un taux d'évolution cinq à dix fois plus rapide que l'ADN nucléaire (Brown *et al.*, 1979, Vawter et Brown, 1986), constitue un outil utile pour étudier la différenciation génétique entre espèces très proches et sous-espèces. Il a donc été employé à plusieurs reprises chez le chien pour des études sur la domestication (Vilà *et al*., 1997 ; Savoleinen *et al*., 2002 ; Verginelli *et al*., 2005), et la différenciation des races (Pires *et al.*, 2006 ; Parra *et al*., 2008). L'utilisation du chromosome Y de transmission paternelle constitue une approche complémentaire dans le cas d'espèces telles que les mammifères. Utilisé par Bannasch *et al.* en 2005 et Sundqvist *et al*. en 2006, elle a permis dans ce dernier cas de mettre en évidence un nombre d'haplotypes trois fois moins important à partir du chromosme Y que de l'ADN mitochondrial, ce qui suggèrerait qu'un nombre plus faible de mâles que de femelles aurait contribué à la création des races.

Les marqueurs nucléaires autosomaux ont été employés dans la majorité des études concernant les populations canines actuelles. Le nombre et le type de marqueurs utilisés sont assez variables en fonction des analyses, ainsi que le nombre de races et d'individus génotypés. Le tableau 3.1 présente quelques chiffres pour les études effectuées à partir de marqueurs autosomaux.

Tableau 3.1 - Marqueurs utilisés et échantillonages employés au cours de différentes études de diversité génétique sur l'espèce canine

Reference	Marqueur	Nombre de marqueurs	Nombre de races	Nombre total d'animaux
Zajc *et al,* (1997)	µsat	19	3	150
Koskinen et Bredbacka (2000) Koskinen (2003)	µsat	10	5	250
Brouillette et Venta (2002)	SNP	4	3	126-150
Irion *et al. (*2003)	µsat	100	28	1105
Parker *et al*. (2005)	µsat	96	85	414
	SNP	75	75	120
Parker *et al*. (2007)	µsat	96	132	638
Altunok *et al*. (2005)	µsat	100	4	93
Schelling *et al.* (2005)	µsat	21	7	327
Lüpke et Distl, (2005)	µsat	16	1	92
Short *et al.* (2007)	SNP	109	33	894
Veit-Kensch *et al.* (2007)	µsat	23	9	409
Bjornerfeldt *et al. (*2008)	µsat	27	10	297
Parra *et al.* (2008)	µsat	21	5	173

En 2005, l'International Society for Animal Genetics (ISAG) a proposé un panel de marqueurs afin d'effectuer identifications génétiques et contrôles de parenté, qui nécessitent aussi l'utilisation de marqueurs polymorphes. Ce panel, composé de 21 marqueurs microsatellites autosomaux et d'un marqueur de sexe, est en conséquence utilisé en routine par plusieurs laboratoires dans le monde. Il nous est donc apparu intéressant à employer pour nos analyses de diversité génétique.

II. Mesures de la diversité intra-raciale

1. Taux d'hétérozygoties

En un locus donné, l'absence totale de polymorphisme au sein d'une population correspond à la situation où un allèle de ce locus est fixé (sa fréquence est égale à 1). Dans ce cas, tous les individus de cette population sont homozygotes au locus concerné. A l'inverse, on qualifiera de polymorphe un locus auquel on observe deux allèles ou plus et, en conséquence, une proportion non nulle d'individus hétérozygotes, proportion d'autant plus élevée que les allèles seront nombreux et de fréquence équilibrée. Ainsi, l'évaluation de la variabilité génétique au sein d'une population s'effectue généralement en référence à la proportion d'hétérozygotes en un ou plusieurs locus. La manière la plus simple est de compter le nombre d'individus effectivement hétérozygotes, ce qui permet de calculer un taux d'hétérozygotie observée (*Ho*). Cependant, cette proportion dépend aussi de la manière dont les couples de reproducteurs sont constitués. Ainsi, le paramètre plus généralement employé pour apprécier la variabilité intra-population est le taux d'hétérozygotie attendue (*He*), attendu selon l'hypothèse de panmixie et compte tenu des fréquences alléliques observées. Dans une population de très grande taille, pour un locus ayant *n* allèles, l'allèle *i* ayant une fréquence p_i, *He* se calcule comme suit :

$$He = 1 - \sum_{i=1}^{n} p_i^2$$

Toutefois, lorsque l'on travaille sur un nombre limité d'individus, la formule ci-dessus conduit à une sous-estimation du taux d'hétérozygotie attendue (Nei, 1978). Cet auteur a développé une formule conduisant à une estimation non biaisée dans ce cas. Soit *N* le nombre d'individus génotypés, alors *He* « non biaisé » s'exprime ainsi :

$$He = \frac{2N(1 - \sum_{i} p_i^2)}{2N - 1}$$

La formule est aisément généralisée à plusieurs locus, dans le cas où ceux-ci sont indépendants : le taux moyen d'hétérozygotie attendue sur un ensemble de locus est égal à la simple moyenne des taux d'hétérozygotie attendue à chaque locus. Dans le présent travail, nous utiliserons préférentiellement la formule de *He* corrigée pour des effectifs non infinis.

Les résultats des différentes études soulignent bien la différence de polymorphisme entre différents marqueurs. Sur des marqueurs microsatellites, Zajc et al. (1997) obtenaient des taux d'hétérozygotie attendue de 0,31 à 0,35 en fonction des races, tandis que ceux calculés par Parker *et al.* (2004) se situaient entre 0,31 et 0,61. Cependant, au sein la plupart des autres études sur l'espèce canine utilisant des marqueurs microsatellites (Koskinen et Bredbacka, 2000 ; Irion *et al.,* 2003 ; Lüpke et Distl, 2005 ; Altunok *et al.*, 2005 ; Veit-Kensch *et al.,* 2007 ; Parra *et al.*, 2008), des taux d'hétérozygotie supérieurs à 0,60 étaient obtenus en moyenne. Les différences entre races peuvent cependant être importantes puisque dans l'étude d'Irion *et al.* (2003), les taux d'hétérozygotie attendue varient de 0,39 (Bull terrier) à 0,76 (Jack Russel terrier). Les résultats obtenus sur nos 21 marqueurs et sur différentes populations (Leroy *et al.,* 2006 a, b et c), montraient des variations entre races du même ordre, avec des taux d'hétérozygotie attendue variant de 0,49 à 0,72.

2. Nombre d'allèles et richesse allélique

Une autre manière d'évaluer la variabilité génétique d'une population est de prendre en compte le nombre d'allèles existant sur les marqueurs analysés, un grand nombre d'alleles impliquant une grande diversité (Toro et Caballero, 2004). Le nombre total d'allèles ne fournit, toutefois, qu'une image « optimiste » de la variabilité génétique car ce paramètre ne tient pas compte des fréquences alléliques, et donc donne le même poids à un allèle rare qu'à un allèle très répandu dans la population. Pour pallier ce problème, le concept de nombre efficace d'allèles a été introduit. Le nombre efficace d'allèles (*Ae*) est défini comme l'inverse de la probabilité pour qu'en un locus donné, deux gènes pris au hasard dans la population soient l'exemplaire du même allèle (Crow et Kimura, 1970). Soit un locus à *n* allèles, l'allèle i ayant la fréquence p_i, *Ae* se calcule comme suit :

$$Ae = \frac{1}{\sum_{i=1}^{n} p_i^2}$$

Soit, en revenant à la définition du taux d'hétérozygotie attendue (*He*), le nombre d'allèles efficace (*Ae*) peut-être évalué ainsi :

$$Ae = \frac{1}{(1 - He)}$$

La formule en fonction des fréquences alléliques montre que, si les allèles ont tous la même fréquence ($\forall i, p_i = 1/n$), alors le nombre efficace d'allèles est égal au nombre total d'allèles observé. Dans toutes les autres situations, il est plus petit que le nombre total. Il peut s'interpréter comme le nombre d'allèles qui, s'ils étaient équiprobables, fourniraient la même variabilité génétique que celle de la population étudiée.

La richesse allélique, qui constitue une variante de l'estimation du nombre d'allèles, est considérée par certains auteurs (Petit *et al.*, 1998) comme un bon indicateur de la diversité génétique. Pour prendre en compte les différences de tailles d'échantillons qui peuvent biaiser les estimations, des méthodes ont été développées pour ramener toutes les populations à une taille d'échantillon comparable, soit par raréfaction (El Mousadik et Petit, 1996), soit par extrapolation (Foulley et Ollivier, 2006).

3. Consanguinité et équilibre d'Hardy Weinberg

A l'échelle d'une population et à partir de données moléculaires, la consanguinité peut être évaluée à partir de l'indice de fixation intrapopulation de Wright :

$$F_{IS} = 1 - \frac{H_{obs}}{H_e}$$

Cet indice correspondrait à la perte actuelle d'hétérozygotie due à la consanguinité. Le F_{IS} peut aussi être utilisé pour mettre en évidence un déséquilibre d'Hardy-Weinberg, des valeurs positives et négatives de F_{IS} indiquant respectivement des déficits et excès d'hétérozygote. De manière plus générale, on considère que lorsqu'un marqueur est en condition d'équilibre de Hardy-Weinberg, la fréquence P_{AA} d'un génotype homozygote AA est égale au carré de la fréquence p_A de l'allèle A. L'écart aux proportions de Hardy-Weinberg peut être mesuré ainsi :

$$D_A = P_{AA} - {p_A}^2$$

Le fait que ce déséquilibre soit significativement nul ou non peut être testé à partir de la méthode du maximum de vraisemblance ou pour de petits échantillons, par des tests exacts de Fischer (Weir, 1996).

L'existence d'un tel déséquilibre au niveau d'un gène peut être expliquée par de nombreux facteurs. Il est possible que le mode d'union des reproducteurs ne soit pas panmictique (homogamie, hétérogamie, union entre apparentés, sélection des reproducteurs). La population peut aussi être structurée en sous-groupes (effet Wahlhound). Il peut aussi exister des phénomènes de migration, la population recevant régulièrement des imports. Enfin, l'échantillonnage induit parfois des biais par une sur-représentation de certaines structures familiales aux dépens d'autres.

Les races canines étant des populations d'effectifs limités, sélectionnées, et parfois fractionnées en variétés, il peut y avoir des cas de non-respect des proportions de Hardy-Weinberg, et plus particulièrement de déficits d'hétérozygotes. Koskinen et Bredbacka (2000) obtenaient sur cinq races canines des valeurs de F_{IS} variant de 0,02 à 0,13. En effectuant des tests par locus et par population, le pourcentage de cas où il existait des déficits significatifs d'hétérozygotes était de 0% pour l'étude de Brouillete et Venta (2002), de 8% pour celle de Schelling *et al.* (2005), de 16% pour Koskinen et Bredbacka (2000) et de 37% pour Zajc *et al.* (1997). En ce qui concerne les populations elles-même, entre aucune (Brouillete et Venta 2002) et la totalité des races (Zajc *et al.*, 1997) pouvaient être en déséquilibre. De la même manière, les études trouvaient des résultats variables sur les marqueurs. Les excès sont en comparaison anécdotiques : ni Zajc *et al.* (1997), ni Koskinen et Bredbacka (2000) n'obtenaient de déséquilibres significatifs dans ce sens.

III. Analyse des liens entre indicateurs issus des généalogies et des marqueurs

Les analyses fondées sur les généalogies et celles fondées sur le polymorphisme moléculaire visent à mesurer la diversité génétique au sein des populations. Il paraît logique de rechercher les liens qui unissent ces deux types d'approches. Deux paramètres ont en général été utilisés lors d'études comparatives (Toro *et al.*, 2002 ; Baumung et Sölkner, 2003 ; Balloux *et al.*, 2004 ; Slate *et al.*, 2004 ; Lüpke et Distl, 2005) : la diversité observée chez un individu, et les liens génétiques existant entre individus.

A partir de simulations, deux indicateurs de la diversité génétique portée par un individu ont pu être comparés : d'une part, le coefficient de consanguinité individuel et, d'autre part, le taux d'hétérozygotie d'un individu calculé sur un certain nombre de marqueurs. Balloux *et al.* (2004) ont mis en évidence qu'il n'existait de fortes corrélations, en valeur absolue, qu'à partir du moment où le nombre de marqueurs employés devenait important (200 microsatellites). Baumung et Sölkner (2003), ont montré qu'avec moins de 100 locus, la corrélation était toujours plus importante entre la consanguinité généalogique et l'identité par descendance observée, qu'avec des marqueurs moléculaires. Avec des données réelles, Slate *et al.*, (2004) indiquaient sur douze populations d'espèces différentes et un nombre variable de marqueurs des corrélations faibles, en valeur absolue, entre consanguinité et hétérozygotie, tandis que sur le Chien de rouge de Hanovre, Lüpke et Distl (2005) mettaient en évidence une regression négative et significative entre l'hétérozygotie et la consanguinité des individus. Nos résultats préliminaires (Leroy et al., 2006b), établis sur 50 Epagneuls bretons et 50 Beaucerons, montraient dans le premier cas une corrélation non significative, et dans l'autre un coefficient de corrélation de –0,421 (P=0,002).

Les coefficients de parentés et leurs équivalents constituent un outil fréquemment utilisé pour apprécier la diversité génétique au sein des populations animales (Dunner *et al.*, 1998). A partir de marqueurs moléculaires, il est aussi possible d'évaluer une parenté entre individus, à partir des calculs de similarité ou de distances génétiques. Ces dernières sont traditionnellement employées pour étudier les relations génétiques entre populations et seront détaillées au cours du chapitre consacré à l'étude de la diversité inter-raciale. Plusieurs index ont cependant été développés plus spécifiquement pour étudier les similarités individuelles (Li *et al.,* 1993 ; Queller et Goodnight, 1989 ; Lynch et Ritland, 1999 ; Eding et Meuwissen, 2001). Pour une revue sur ces indices, voir Langlois (2005). Des comparaisons entre ces indices et les parentés généalogiques (Toro *et al.*, 2002), à partir de simulations ou de données réelles, ont mis en évidence des corrélations plus ou moins importantes (avec des valeurs absolues de 0,19 à 0,69 sur données réelles au sein de deux races porcinnes), bien que tous ces indices semblent sous-estimer les parentés généalogiques. Les corrélations observées chez les Epagneuls bretons ou Beaucerons (Leroy *et al*., 2006b) étaient relativement moins importantes (0,31 à 0,40 en fonction des indices utilisés) ce qui est probablement expliqué par le nombre plus faible de locus employés, les simulations de Toro *et al.* 2002 montrant que la corrélation augmente avec le nombre de marqueurs.

IV. Procédure d'échantillonnage

Une analyse de la diversité à partir de marqueurs moléculaires passe évidemment par un échantillonnage représentatif de la population étudiée. Tout d'abord, il est bien connu que la précision des résultats dépend de la taille de l'échantillon. Ensuite, les résultats peuvent être biaisés si, par exemple, on échantillonne des individus d'origine similaire, donc génétiquement plus proches entre eux que la moyenne : les allèles que ce groupe d'individus portent alors le risque d'être sur-représentés. Le choix des méthodes à utiliser doit être raisonné en fonction du projet de recherche (moyens financiers et humains) et des races analysées (contexte démographique, social, et répartition géographique des populations étudiées).

1. Taille des échantillons et précision des résultats

L'écart-type d'estimation de paramètres tels que le taux d'hétérozygotie est inversement proportionnel à la racine carrée de la taille de l'échantillon. Le nombre total d'individus analysés étant limité par le coût, il est donc nécessaire de faire un compromis entre le nombre de races étudiées et le nombre d'individus par race. Baumung *et al*. (2004) montraient dans une analyse des différentes études sur les espèces de rente des échantillonages par race variant de 10 à 2 500 individus et 12 races en moyenne. En ce qui concerne l'espèce canine, les échantillonnages variaient de 5 à 92 individus par population, pour 18 races en moyenne.

Pour le présent travail de recherche, les moyens disponibles permettaient d'envisager de typer 2 000 individus sur le panel ISAG de 21 marqueurs. Le GIE Labogena mettait par ailleurs à disposition les résultats de typages antérieurs. Afin d'obtenir des résultats rendant compte de la diversité des races élevées en France (plus de 300 au total), il a été décidé de privilégier le nombre de races analysées, avec un objectif d'au moins une cinquantaine de races, plutôt que le nombre d'animaux par race. Une valeur minimale de 20 animaux typés par race a été fixée dans notre étude.

2. Mode d'échantilonage

A partir d'un échantillon de taille limitée, donc, il s'agit de rendre compte de la meilleure manière de la structure génétique d'une population. De nombreuses méthodes sont disponibles pour éviter les biais d'échantillonnage. La plus simple consiste à tirer au hasard les individus échantillonnés à partir du recensement exhaustif de la population (échantillonnage aléatoire simple). Ceci n'est souvent pas possible en pratique car il est parfois difficile d'effectuer un recensement exhaustif, les animaux de la population sont plus ou moins faciles à atteindre pour des raisons géographiques et la possibilité d'effectuer un prélèvement est soumise à l'accord du propriétaire de l'animal.

L'un des principaux risques de biais, lors de prélèvements sur des animaux pour mesurer la diversité génétique, est de sélectionner des individus trop proches les uns des autres pour être représentatifs de la population réelle. Dans ces conditions, la FAO recommande de prélever des individus non apparentés, en général au niveau des grands-parents. Cette méthode était utilisée par Parker *et al.* (2005), avec 4 à 5 individus prélevés par race. Les contraintes de prélèvements proposées par la FAO se justifient quand l'étude est faite sur des races dont la sélection n'est pas centralisée autour d'un nombre faible de reproducteurs. Ces dernières sont alors souvent divisées en « noyaux » d'individus très apparentés. Prélever des individus non apparentés impose donc de multiplier le nombre de sites échantillonés, ce qui permettra donc d'éviter d'avoir des individus issu d'un faible nombre de « noyaux ». En revanche, cette méthodologie est plus discutable pour des populations dont la sélection est centralisée, et où la reproduction est assurée par un faible nombre d'individus. Il y a deux raisons à cela.

- Tout d'abord, une telle méthode n'est pas applicable pour les petites populations. Une étude précédente (Leroy, 2004) montrait que les individus de la race Barbet nés entre 1997 et 2001 avaient été produits par 17 étalons. Il n'était dans ce cas pas possible d'obtenir un échantillonnage de 20 individus non apparentés au niveau des parents, et encore moins au niveau des grands-parents.
- La deuxième raison est liée aux risques d'avoir un échantillonnage biaisé. Dans le cas des races élevées en France, la majorité des portées est effectuée par un nombre faible de reproducteurs. En moyenne moins de 20% des étalons effectuent la moitié des portées (Leroy, 2004). En imposant un degré d'apparentement minimal entre les

individus, l'échantillonnage risque d'être non-représentatif de la population. Il est possible de surestimer ainsi la diversité génétique au sein de la race.

Une troisième méthode, moins fréquemment utilisée (Lüpke et Distl, 2005), est fondée sur les pedigrees, l'échantillon devant avoir la même structure généalogique que la population dans son ensemble. Dans le cas où il existe des généalogies mises à disposition, cette méthode semble donc plus pertinante que les recommandations de la FAO, et nous avons décidé de l'employer.

Afin d'être certain d'atteindre le seuil de 20 animaux typés, 30 à 35 animaux ont été prélevés dans chaque race. Les prélèvements ont été effectués lors de concours de race ou d'autres manifestations canines. Ce choix a été retenu car c'était le seul moyen de disposer d'un nombre important d'animaux sur une période de temps raisonnable. Compte tenu de la faible taille des élevages de chiens et de leur dispersion géographique, réaliser les prélèvements en élevage aurait nécessité des moyens encore plus considérables que ceux mis à disposition et/ou aurait induit des délais incompatibles avec la réalisation de la thèse.

3. Modalité retenue

En fonction des races, les pedigrees disponibles sont parfois incomplets, du fait d'inscriptions à titre initial ou d'imports d'animaux. De plus le nombre de générations remontées en moyenne varie d'une race à l'autre. Il peut arriver qu'une proportion plus ou moins importante d'individus soit considérée comme non apparentée, ou dispose d'un coefficient de consanguinité évalué à zéro : c'est fréquemment le cas pour les individus importés ou ayant des ancêtres proches importés. Pour nos échantillonages, les cinq paramètres suivants ont été pris en compte :

- Proportion de coefficients de consanguinité *F* nuls
- *F* moyen (parmi les *F* non nuls)
- Proportion de coefficients de parenté Φ nuls
- Φ moyen (parmi les Φ non nuls)
- Nombre moyen de générations remontées (*Ngen* ou *EqG*)

Pour chaque race, les valeurs de ces cinq paramètres calculées sur l'échantillon ne devaient pas être significativement différentes ($P<0,05$) des valeurs calculées sur l'ensemble de la

population. Les intervalles de confiance ont été établis, en fonction des paramètres, à partir des écart-types de la population de référence, ou à partir de 200 tirages au hasard au sein de la population (coefficient de parentés). Les origines nationales des individus constituaient un dernier paramètre, utilisé par Lüpke et Distl (2004) pour justifier de la représentativité de leur échantillonnage. Dans notre cas, étant donné le nombre de races analysées, une telle modalité ne paraissait pas envisageable de manière simple, et n'a donc pas été retenue.

V. Conclusion

En fin de compte, ce sont plus de 1500 prélèvements qui ont été effectués entre mars 2006 et juin 2007. Ces prélèvements ont été faits essentiellement à l'occasion d'une quarantaine de manifestations canines (expositions multiraces de conformité au standard, nationales d'élevage et field-trials) et de séances de confirmation. Quelques prélèvements ont été envoyés par des propriétaires ou des laboratoires (CERCA et Laboratoire de génétique et développement de Rennes). A ces génotypages viennent s'ajouter 4 000 autres fournis par Labogena.

Au total, 20 à 30 animaux, répondant aux contraintes définies plus haut, ont pu être échantillonnés au sein de 61 races, avec une moyenne de 25 animaux par race. Le choix des races s'est effectué selon les critères suivants :

- Avoir un panel des populations importantes en France en terme d'effectifs : les 33 races avec le plus de naissances enregistrées en 2006 faisaient partie de l'échantillonnage.
- Avoir des races représentatives de la diversité de l'espèce : au sein de chacun des groupes raciaux de la FCI, deux populations au moins étaient analysées.
- Avoir des races à faible effectif : six des races étudiées avaient enregistré moins de 350 individus entre 2001 et 2005. Parmi celles-ci, trois populations sont d'origine française (Barbet, Braque Saint Germain, Cursinu).

- Avoir des races présentant certaines situations particulières et *a priori* intéressantes : par exemple, les deux populations issues de croisements récents avec le loup, le Chien loup de Saarloos et le Chien loup tchèque, ont été analysées.

Les résultats obtenus à partir des analyses généalogiques et moléculaires sont présentés au sein de l'article "*Genetic diversity of dog breeds : Within breed diversity comparing genealogical and molecular data*" [(1)]. Les mesures de variabilité intra-raciale y sont présentées, ainsi que les comparaisons entre les deux approches, généalogique et moléculaire, aux échelles raciale et individuelle.

[(1)] En soumission auprès de la revue *« Animal Genetics »*.

D - Article - Genetic diversity of dog breeds:

Within-breed diversity comparing genealogical and molecular data

Leroy G. [1,2,3], Verrier E.[1,2], Meriaux J.C.[4], Rognon X.[1,2]

[1]AgroParisTech, UMR1236 Génétique et Diversité Animales, 16 rue Claude Bernard F-75321 Paris, France

[2]INRA, UMR1236 Génétique et Diversité Animales, Domaine de Vilvert, F-78352 Jouy-en-Josas, France

[3]Société Centrale Canine, 155 av. Jean Jaurès, F-93535 Aubervilliers, France

[4]LABOGENA, Domaine de Vilvert, F-78352 Jouy-en-Josas, France

Corresponding author: Grégoire Leroy, Tel: +33 144081746 / Fax:+ 33 144088622
email: gregoire.leroy@agroparistech.fr

Running Title: Within-breed diversity of purebred dogs

Keywords: dog, breed, diversity, inbreeding, heterozygosity, microsatellite

Abstract

The genetic diversity of 61 dog breeds raised in France was investigated. Genealogical analyses were performed on the pedigree file of the French kennel club. One thousand five hundred and fourteen dogs were therefore genotyped using 21 microsatellite markers. For animals born from 2001 to 2005, the average coefficient of inbreeding ranged from 0.2 to 8.8% and the effective number of ancestors ranged from 9 to 209, according to the breed. The mean value of heterozygosity was 0.62 over all breeds (range 0.37-0.77). At the breed scale, few correlations were found between genealogical and molecular parameters. Kinship coefficients and individual similarity estimators were, however, significantly correlated, with the best mean correlation being found for the Lynch & Ritland estimator (r=0.43). According to both approaches, it was concluded that particular efforts should be made to maintain diversity for three breeds, namely the Berger des Pyrénées, Braque Saint-Germain, and Bull Terrier.

Introduction

Since more and more inherited diseases have been identified in the purebred dog during recent years (Patterson 1993), management of genetic variation has become a major concern for people involved in dog breeding. Kennel clubs are therefore more and more interested in parameters that evaluate the genetic variability in order to make decisions about selection, even more so, since inbreeding is sometimes considered as a selection tool by breeders (Leroy *et al.*, 2007).

To evaluate the genetic diversity among domestic breeds, one may use genealogical data. Such an approach has been extensively used on dog breeds (e.g., Mäki *et al.* 2001, Leroy *et al.* 2006, Glazewska 2007). The most commonly used tool in a population is the coefficient of inbreeding, defined as the probability for an animal that its two alleles at an anonymous neutral locus are identical by descent (Malécot 1948). It has also often been suggested to optimise diversity by minimising kinship among individuals (Caballero & Toro 2000), with kinship being considered as the inbreeding coefficient for the hypothetical offspring of two individuals. Effective population size and ancestral approaches constitute two other useful tools to evaluate the diversity through genealogical data. Such approaches are, however, limited by various degrees of knowledge of the genealogies according to populations, even if

some indicators are less influenced by this factor than others (Boichard *et al.* 1997). The use of genetic markers constitutes a more recently developed way to evaluate the within-breed diversity. It has been used in several studies (Irion *et al.* 2003; Parker *et al.* 2004, Parra *et al.* 2008). The two main indicators of molecular diversity are the heterozygote rate (*H*) and the *Fis*. Only a few studies have, however, combined the two different tools, pedigrees and molecular markers, at the scale of domestic breeds. In the domestic dog, only the study by Lüpke & Distl (2005) on the Hannoverian Hound breed used both genealogical data and molecular markers.

The aim of the present study was first to evaluate the within-breed genetic diversity, using both genealogical and molecular data, on a large set of dog breeds, having various statuses and which are representatives of French dog breeds. Correlations between some of the indicators computed using the different approaches, were analysed at the scale of breeds and individuals.

Materials and methods

Breeds studied

Among the 300 breeds raised in France, a set of 61 breeds, representative of the 10 groups of the FCI (*Fédération Cynologique Internationale*) nomenclature, was sampled (Table 1). According to the French Kennel Club data, 33 of the 61 breeds studied constitute the most important populations reared in France. Among the other breeds, there are some local (CUR) or rare (BAR, BSG, CUR) French breeds. Because the French Kennel Club allows registration of Jack Russell Terrier/Parson Russell Terrier litters into both breeds (according to the puppy sizes), the two breeds were considered here as a single one (RUS).

Pedigree analysis

The national pedigree file managed by the SCC was used, including all dogs born from registered litters. The analyses were performed using the PEDIG software (Boichard 2002). For each breed, the reference population was defined as all animals born from 2001 to 2005. The number of animals in this reference population and the number of breeders having registered litters during this period are given in Table 1. The following parameters were computed for the reference population. For more details on the methods used, see for instance Boichard *et al.* (1997) and Leroy *et al.* (2006). The number of equivalent complete

generations traced (*EqG*) was used as an indicator of pedigree completeness. The generation length (*T*) was computed in the four pathways as the average age of parents at the birth of their offspring; here, only the "useful" offspring were considered, i.e. offspring which became parents themselves. The effective number of founders (*fe*) and the effective number of ancestors (*fa*) are defined as the reciprocal of the probability that two genes drawn at random in the reference population come from the same founder or from the same ancestor, respectively. Founder animals were defined as animals with no known parents. Ancestors, founders or not, are defined as the animals having the most expected genetic contribution to the reference population and were detected by the iterative method proposed by Boichard et al. (1997). By nature, the effective number of ancestors is lower than the effective number of founders, the difference being due to bottlenecks having occurred from the base population to the reference population. Average coefficient of inbreeding (*F*), and average coefficient of kinship (Φ) were also computed.

For each breed, the annual rate of inbreeding was estimated by linear regression over time, and the realised effective size (Ne_r) was computed from the rate of inbreeding per generation (ΔF), using the following formula: $Ne_r = 1 / 2\Delta F$. Because some breeds were seldom present in France until the nineteen-nineties, ΔF and Ne_r were computed only for breeds having an *EqG* higher than 4, over the period 1980-2005.

Animals sampled and choice of markers

The biological samples used had two origins: mainly, bucal swabs made during dog shows or dog trials and, to a lower extent, samples sent by some laboratories or breeders. For each breed, the animals sampled were chosen to meet some conditions. First, the presence of close relatives (e.g. full sibs) was avoided. Second, we checked the absence of significant difference ($P<0.05$) between the sample and the whole reference population for their values for some parameters easy to estimate: pedigree completeness level (*EqG*), proportions of null coefficients of inbreeding (*F*) and of null coefficients of kinship (Φ), average *F* and Φ. In the CUR breed, due to a lack of pedigree data, the animals were chosen from different litters. A total of 1,514 animals were sampled, with a mean of 25 dogs per breed.

Table 1 Characteristics of the data files of the 61 dog breeds, with the reference population being considered as the animals born from 2001 to 2005.

Code used in this paper	Full Name	FCI Group	No of dog in pedigree file	Reference population size	No of breeders	*EqG*	*T*	No of dog sampled
ARI	Ariégeois	6	9108	2806	235	3.9	4.3	22
ASD	Australian Shepherd	1	10424	6154	225	4.0	3.4	22
AST	American Staffordshire Terrier	3	41900	24803	1654	5.6	3.3	29
BAF	Basset fauve de Bretagne	6	25750	5182	467	7.0	4.4	30
BAR	Barbet	8	875	112	9	3.1	4.2	20
BEA	Beagle	6	54420	11690	814	7.9	4.5	20
BECo	Bearded Collie	1	10978	2649	85	5.0	5.2	30
BEN	Beauceron	1	98503	19072	844	9.1	4.5	30
BLD	Bulldog	2	12324	4347	350	4.0	3.2	30
BLF	Bouledogue français	9	31347	14718	974	7.6	3.0	30
BMD	Bernese Mountain Dog	2	33666	12325	551	5.0	3.7	22
BOCo	Border Collie	1	18995	6415	589	2.9	4.6	20
BOX	German Boxer	2	88357	12732	829	5.3	3.7	20
BRP	Berger des Pyrénées	1	12738	3742	179	6.7	4.7	28
BRZ	Borzoi	10	11970	1324	74	4.9	4.2	25
BSD	Belgian Shepherd Dog Malinois	1	64780	18276	985	6.7	5.2	29
BSG	Braque Saint-Germain	7	2167	348	31	8.0	5.0	20
BUT	Bull Terrier	3	9327	3378	258	4.0	3.1	23
CAT	Cairn Terrier	3	33875	7869	292	6.7	4.2	20
CKC	Cavalier King Charles Spaniel	9	68797	27392	1150	6.6	3.7	30
COT	Coton de Tuléar	9	30556	8755	252	6.2	4.4	25
CSP	English Cocker Spaniel	8	122845	23464	906	6.7	4.1	30
CUR	Cursinu	5	198	42	5	0.3	3.7	22
CWD	Czeslovakian Wolfdog	1	856	244	21	2.2	3.0	22
DAL	Dalmatian	6	17778	4473	236	5.5	4.2	20
DBM	Dobermann	2	61738	10402	535	4.4	4.1	30
DOA	Dogo Argentino	2	14229	7541	488	4.1	3.3	21
DOB	Dogue de Bordeaux	2	12212	4055	256	6.9	3.3	30
EPB	Epagneul Breton	7	156492	27703	1714	9.2	4.7	30
ESE	English Setter	7	138934	26575	2340	6.4	5.1	20
GBG	Griffon bleu de Gascogne	6	11713	4234	362	3.7	4.1	27
GPD	German Short-haired Pointing Dog	7	70337	8392	623	7.5	4.8	30
GRD	Great Dane	2	52678	8799	366	7.1	3.4	30
GRT	Golden Retriever	8	79473	36258	1315	4.8	4.2	20
GSD	German Shepherd Dog	1	353117	56583	1864	5.1	4.1	30
ICD	Italian Corso Dog	2	12890	8672	452	3.5	4.0	30
ISE	Irish Red Setter	7	33066	3143	188	6.2	5.3	30
KCS	King Charles Spaniel	9	4199	1320	101	5.7	3.7	20
KOR	Griffon d'arrêt à poil dur Korthals	7	40720	6711	502	8.5	5.1	27
LEO	Leonberger	2	24217	7546	306	6.5	4.2	20
LRT	Labrador Retriever	8	177421	41670	1640	5.5	4.4	22
MOP	Chien de Montagne des Pyrénées	2	18498	1941	85	6.1	4.5	29
NFL	Newfoundland	2	35336	5800	344	4.6	3.9	30

PNT	English Pointer	7	59460	7881	765	5.8	4.8	20
POO	Poodle	9	89826	8808	324	6.0	4.7	24
RGCo	Collie Rough	1	81873	6529	251	5.7	3.8	27
ROT	Rottweiler	2	76511	28544	1849	4.8	3.9	20
RUT	Parson/Jack Russell Terrier	3	23138	13668	716	3.2	3.4	30
RWD	Romagna Water Dog	8	713	229	21	2.5	3.0	23
SDH	Smooth-haired Dachshund	4	36441	3098	138	5.8	4.6	23
SHI	Shih Tzu	9	47162	10907	558	5.9	4.1	27
SHP	Shar Pei	2	20829	5801	343	4.7	3.7	20
SHU	Siberian Husky	5	53946	4221	228	4.8	5.0	25
SPI	German Spitz	5	19867	2853	188	6.7	4.2	20
SSP	English Springer Spaniel	8	31116	8457	620	6.3	4.4	23
SWD	Saarloos Wolfdog	1	651	201	22	3.1	5.1	20
WDH	Wire-haired Dachshund	4	78119	14360	1183	5.9	4.7	21
WEI	Short-haired Weimaraner	7	25179	6736	513	8.4	4.5	24
WHI	Whippet	10	32255	4506	315	5.4	4.9	20
WHT	West Highland White Terrier	3	55887	14100	669	5.8	3.9	24
YOT	Yorkshire Terrier	3	142382	24907	1121	6.6	4.3	28

EqG = Number of equivalent generations; *T* = Average generation lengths in years.

FCI groups: 1 - Sheepdogs and cattle dogs (except Swiss cattle dogs); 2 - Pinscher and Schnauzer - Molossoid breeds - Swiss mountain and cattle dogs and other breeds; 3 -Terriers; 4 – Dachshunds; 5 - Spitz and primitive types; 6 - Scent hounds and related breeds; 7 - Pointing dogs; 8 - Retrievers - Flushing dogs - Water dogs; 9 - Companion and toy dogs; 10 - Sighthounds

The 21 autosomal microsatellite markers of the ISAG panel (http://www.isag.org.uk/ISAG/all/2005ISAGPanelDOG.pdf) were chosen to perform the molecular analysis. For the entire sample, the amplification and the genotyping were performed by the same laboratory, namely Labogena, using a capillary sequencer (ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer, Applied Biosystems).

Analysis of the marker polymorphism

Observed (*Ho*), non-biased heterozygosity *He*, Wright's *Fis* coefficient, and mean number of alleles *MNA* were estimated using GENETIX software (Belkhir *et al.* 2001). For each breed/locus, Hardy-Weinberg equilibrium was checked, with sequential Bonferroni corrections, using the GENEPOP software (Raymond & Rousset 1995). Global tests across loci and samples were performed using the Fisher method. Simple general linear model was used to test FCI breed group effect on genealogical and molecular indicators.

Comparison of genealogical and molecular results

Because of the influence of pedigree knowledge on genealogical results, only breeds with an *EqG* higher than 6 were considered for the comparison. Canonical correlation analysis was performed at the breed scale using the SAS software (2004). The following factors were included in the analysis: reference population size, inbreeding F and kinship Φ of the reference population, F / Φ ratio, Ne_r, *fe* and *fa* as demographic/genealogical parameters, *He* and *Fis* as molecular parameters.

For each of the 24 breeds, Pearson Correlations were computed between individual genealogical kinship and different estimators of molecular resemblance: IDENTIX was used (Belkhir *et al.* 2002) to compute Queller & Goodnight (1989) (R_{QG}), Mathieu *et al* (1990) (R_M), and Lynch & Ritland (1999) (R_{LR}) estimators. MOLKIN (Gutiérrez *et al.* 2005) estimated molecular similarity (S_{EM}) (Eding & Meuwissen 2001) and shared allele distance (*DAS*) (Chakraborty & Jin 1993). The *Da* distance (Nei *et al.* 1983), was also computed between animals using the POPULATION software (Olivier Langella; http://www.pge.cnrs-gif.fr/bioinfo/populations/).

Results

Demographical and genealogical results

The breeds studied showed variable demographical situations, the number of dogs registered between 2001 and 2005 ranging from 42 (CUR) to 56,583 (GSD) (Table 1). Six breeds (BAR, BSG, CUR, CWD, RWD, SWD) had less than 500 dogs registered during this period. The number of breeders having registered litters during the period ranged between 5 (CUR) and 2,340 (ESE). According to the breed, the mean number of dogs registered by breeders ranged from 8 (CUR) to 35 (COT). The mean generation length (*T*) was on average 4.2 years for all breeds, with a range from 3.0 (BLF) to 5.3 (ISE). Differences were found significant among breeds (P<0.0001) and among FCI groups (P=0.001), pointing dog breeds (group 7) having higher *T* values (4.9) than groups 2, 3 and 9 (3.8, 3.7 and 3.9 respectively). Depending on the breed, the pedigree knowledge rose from almost non-existent (CUR breed with an *EqG* of 0.3 generations), to largely complete for breeds such as BEN and EPB with values of *EqG* equal to 9.1 and 9.2, respectively. Twenty-four breeds had an *EqG* value higher than 6. FCI breed groups also had a significant effect on *EqG* (P<0.04), with pointing dog breeds having deeper pedigree knowledge (7.5 *vs.* 5.5 on average). When comparing reference population size and number of breeders, the number of dogs produced by breeders during the 2001-2005 period ranged between 8 (CUR) and 35 (COT) (18 on average), showing that most of them are occasional and/or hobby breeders. FCI groups showed neither any significant effect on this ratio, nor on any other genealogical or molecular parameter.

Table 2 shows results given by genealogical estimators of diversity among breeds. For with *F* and Φ, the BRP breed showed the highest values (respectively 8.8% and 5.5%), while no inbreeding coefficient could be computed in the CUR breed due to lack of pedigree knowledge. The POO breed showed the lowest mean kinship (0.4%). The rate of inbreeding computed over the period 1980-2005, was respectively found null and negative for BLF and GSD breeds (due to a large number of imports), which explained why the realised effective size Ne_r was not computed for these two breeds, although their *EqG* was higher than 4. Among the other breeds, Ne_r ranged from 46 (ISE) to 2,136 (WHT), with the mean value being 226. According to ancestral approaches, the POO breed showed the highest diversity with respective *fe* and *fa* of 656 and 209, and the BAR breed had the lowest diversity (*fe* = 10 and *fa* = 9). According to the breeds, the ratio *fa*/*fe* ranged between 0.2 (BSG) and 0.95 (BOCo).

Table 2 Genealogical and molecular estimators of the genetic diversity of the 61 breeds studied (Ne_r was not computed for breeds with *EqG* lower than 4 and for the two breeds with null or negative ΔF (GSD and BLF)).

Breed code	Genealogical estimators					Molecular estimators			
	F(%)	Φ (%)	Ne_r	*fe*	*fa*	*He*	*Ho*	*Fis* (%)	*MNA*
ARI	3.2	1.6	_	58	48	0.70	0.67	4.2	5.9
ASD	1.1	1.2	_	167	55	0.66	0.65	1.4	5.5
AST	4.6	2.3	60	88	29	0.56	0.54	4.0	4.5
BAF	4.1	2.2	88	85	41	0.70	0.68	2.7	5.9
BAR	6.4	5.5	_	10	9	0.70	0.72	-2.8	5.4
BEA	4.6	1.9	76	163	44	0.69	0.66	4.1	5.3
BECo	4.4	2.2	60	111	37	0.55	0.57	-3.3	3.9
BEN	6.1	3.7	56	75	34	0.65	0.62	4.5	5.3
BLD	1.3	0.7	1216	276	84	0.53	0.52	1.7	3.8
BLF	3.2	2.4	_	105	41	0.60	0.59	2.3	4.4
BMD	1.8	1.2	167	154	58	0.53	0.49	8.0	4.0
BOCo	0.8	0.7	_	95	90	0.66	0.60	8.2	5.3
BOX	2.4	1.2	231	81	68	0.47	0.46	2.4	3.3
BRP	8.8	5.7	30	33	15	0.67	0.67	-0.9	5.4
BRZ	2.7	1.1	147	213	80	0.62	0.58	5.3	4.4
BSD	4.3	2.1	161	106	44	0.72	0.69	4.4	6.2
BSG	7.5	8.8	29	64	13	0.59	0.59	-0.4	4.2
BUT	1.1	1.3	295	133	53	0.37	0.41	-10.1	2.3
CAT	3.1	1.7	145	182	49	0.61	0.58	5.0	4.6
CKC	3.3	1.4	150	200	61	0.47	0.45	4.1	3.2
COT	6.2	3.9	56	27	25	0.73	0.70	3.6	6.5
CSP	2.3	0.6	199	512	140	0.65	0.56	13.5	4.7
CUR	_	_	_	_	_	0.77	0.77	0.4	7.4
CWD	0.2	1.2	_	61	22	0.61	0.60	1.3	4.6
DAL	2.4	1.9	120	136	43	0.58	0.59	-0.8	4.0
DBM	2.3	1.0	187	98	71	0.38	0.40	-5.4	2.9
DOA	1.5	1.0	310	128	61	0.64	0.66	-3.3	4.5
DOB	3.9	3.3	993	58	34	0.52	0.50	2.3	3.7
EPB	5.2	3.3	78	69	31	0.68	0.71	-3.2	5.4
ESE	2.1	1.3	195	186	58	0.66	0.64	2.7	5.4
GBG	2.0	1.4	_	67	54	0.74	0.70	6.4	6.6
GPD	3.5	2.5	81	150	40	0.70	0.69	1.8	6.0
GRD	4.4	1.1	375	235	94	0.67	0.64	4.6	5.2
GRT	1.3	0.6	219	243	106	0.58	0.58	0.2	4.0
GSD	1.8	0.7	_	152	129	0.55	0.52	4.3	4.0
ICD	1.4	0.9	_	140	61	0.71	0.68	3.5	5.8
ISE	5.8	2.0	46	183	43	0.70	0.65	6.9	5.7
KCS	2.8	2.8	218	105	27	0.44	0.46	-5.3	3.0
KOR	5.6	4.3	49	68	29	0.69	0.71	-2.7	5.4
LEO	2.8	2.3	722	97	50	0.59	0.61	-4.1	4.2
LRT	2.2	0.7	122	345	97	0.60	0.58	2.1	4.7
MOP	5.8	3.1	112	67	35	0.60	0.60	0.2	4.9

NFL	2.3	1.0	158	198	64	0.63	0.66	-5.1	5.0
PNT	2.4	1.5	161	99	50	0.62	0.57	8.0	5.0
POO	4.7	0.4	54	656	209	0.72	0.60	17.3	6.0
RGCo	3.9	1.2	95	165	63	0.45	0.44	2.8	3.2
ROT	1.7	0.6	274	189	124	0.55	0.54	0.5	4.1
RUT	2.2	1.2	_	63	56	0.77	0.75	2.6	6.9
RWD	0.3	2.1	_	52	22	0.65	0.67	-2.1	5.2
SDH	5.0	1.1	82	241	78	0.63	0.57	9.2	4.9
SHI	2.8	0.8	176	310	91	0.63	0.62	0.7	4.8
SHP	2.9	1.2	89	148	63	0.72	0.67	7.2	6.0
SHU	2.6	0.8	90	197	94	0.64	0.60	6.4	4.8
SPI	6.6	2.1	52	207	48	0.71	0.63	11.7	5.8
SSP	2.9	1.8	128	126	46	0.71	0.64	10.3	5.7
SWD	6.4	3.6	_	25	14	0.52	0.53	-2.5	3.8
WDH	3.0	0.8	109	261	99	0.69	0.66	5.3	5.6
WEI	5.6	4.6	50	90	23	0.64	0.66	-3.3	4.5
WHI	3.5	1.1	87	226	66	0.64	0.56	12.5	4.7
WHT	2.2	0.9	2136	317	93	0.46	0.47	-0.5	3.1
YOT	3.4	0.9	117	145	86	0.70	0.71	-2.4	5.4

F = mean inbreeding coefficient; Φ = mean kinship coefficient; Ne_r= realized effective size; *fe* = effective number of founders; *fa* = effective number of ancestors; *He* = non-biased heterozygosity; *Ho* = observed heterozygosity; *MNA* = mean number of alleles.

Heterozygosities and Hardy Weinberg Equilibrium

Amongst the 21 markers, 240 alleles were identified, with the number of alleles per markers ranging from 7 to 18 (Table S1). According to the breed, *He* values rose from 0.37 (BUT) to 0.77 (CUR and RUT) with a mean value around 0.62 (Table 2). *Fis* ranged from –0.1 (BUT) to 0.17 (POO). Out of the 1,281 HWE tests performed, 14 had a significant deficit after sequential Bonferonni corrections, concerning different loci and breeds. Using global tests, seven breeds (SDH, GBG, PNT, ISE, CSP, POO, WHI) and four loci (*AHTh171*, *FH2848*, *INU005*, *REN247M23*) were found to have a deficit. No test was found to be significant for heterozygote excess.

Canonical Correlation Analysis

Only the first canonical correlation of genealogical and molecular data was significant (r=0.76, P=0.01). The first genealogical canonical axis was primarily associated with *fe* (r=0.877), while the first molecular axis was associated primarily with *Fis* (r=0.996). As shown in Table 3, *fe* and *fa* were strongly correlated as expected (r=0.90, P<0.0001), as well as Φ and *F* (r=0.75, P<0.0001). Φ and *fa* were negatively correlated (r=0.71, P<0.0001), while *Fis* was positively correlated with *fe* (r=0.66, P=0.0004), with *F* / Φ ratio (r=0.50, P=0.01), and negatively with Φ (r=-0,46, P=0.03).

Correlations between genealogical and molecular estimators of individual similarities

Values of mean correlations over the 24 breeds ranged from 0.33 (S_{EM} and 1 - *Da*) to 0.43 (Lynch & Ritland 1999) (Table 4). Correlations dropped from 0.71 (R_{LR} estimator on the BSG breed) to 0.05 (S_{EM} on MOP breed) depending on the breed and the estimator used (Table S2). Except for this last case, all correlations with genealogical kinship were found significant (P<0.05) for the 24 breeds and six coefficients tested.

Table 3 Correlation among eight genealogical/molecular parameters and their canonical variable

	Correlations between parameters and their canonical variable	Reference population size	Φ	*F*	*F* / Φ	Ne_r	*fe*	*fa*	*He*	*Fis*
Reference population size	0.28	1	0.06	-0.07	-0.36	-0.04	-0.33	-0.24	-0.46	-0.26
Φ	-0.58	0.06	1	0.75	-0.63	-0.07	-0.60	-0.71	-0.12	-0.46
F	-0.30	-0.07	0.75	1	-0.19	-0.22	-0.49	-0.61	0.18	-0.21
F / Φ	0.64	-0.36	-0.63	-0.19	1	-0.17	0.71	0.80	0.25	0.50
Ne_r	0.02	-0.04	-0.07	-0.22	-0.17	1	-0.06	-0.03	-0.21	-0.04
fe	0.88	-0.33	-0.60	-0.49	0.71	-0.06	1	0.90	0.01	0.66
fa	0.65	-0.24	-0.71	-0.61	0.80	-0.03	0.90	1	0.01	0.49
He	0.10	-0.46	-0.12	0.18	0.25	-0.21	0.01	0.01	1	0.20
Fis	0.99	-0.26	-0.46	-0.21	0.50	-0.04	0.66	0.49	0.20	1

F = mean inbreeding coefficient; Φ = mean kinship coefficient; Ne_r= realised effective size; *fe* = effective number of founders; *fa* = effective number of ancestors; *He* = non-biased heterozygosity.

Discussion

The aim of this study was to assess within-breed genetic diversity on a large set of breeds showing various demographic/genetic statuses. Some differences found in genealogical indicators of variability could be related to historical origins, specific breeding practices and physiological parameters of the breeds. Among the five breeds with the deepest pedigree knowledge, four (BEN, BSG, EPB, KOR) were of French origin and four (BSG, EPB, KOR, WEI) were pointing dog breeds, which have to be related, in both cases, to a low number of imported dogs. In pointing dog breeds, a larger number of occasional breeders (Leroy *et al.* 2007), which rarely use imported dogs, may explain this fact. Moreover pedigrees are generally better known in French breeds than in foreign breeds, since a large number of the worldwide population is then raised in France. The pedigree knowledge was, however, low in the case of recently recognized/partially reconstructed French breeds (CUR and BAR) or French breeds where a large number of dogs are usually registered without pedigree (ARI and GBG). Concerning mean generation lengths, *T* was quite low for breeds from some FCI groups: group 2, which includes large-sized breeds with small longevity (Jones *et al.* 2008) that end their reproductive career earlier (Leroy *et al.* 2007) and groups 3 and 9, involving small-sized breeds, which are allowed by French kennel club rules to begin their reproductive career earlier. On the contrary, in pointing dog breeds (group 7), a large number of bitches are used for hunting, and could then begin their reproductive career later. Such practices could explain the highest generation length found for those breeds.

Table 4 Average values across breeds of correlations between genealogical kinship and different estimators of marker similarity or distance, computed on pairs of individuals of 24 breeds

	S_{EM}	1 - *DAS*	R_{QG}	R_M	R_{LR}	*1 - Da*
Mean correlation	0.33	0.35	0.37	0.35	0.43	0.33

Estimators of molecular resemblance and distances: S_{EM} (Eding & Meuwissen 2001); *DAS* (Chakraborty & Jin 1993); R_{QG} (Queller & Goodnight 1989); R_M (Mathieu *et al.* 1990); R_{LR} Lynch & Ritland (1999); *Da* (Nei & al. 1983).

The results may be comparable to those found in other studies. For instance, Mäki *et al.* (2001) found genealogical results of the same order for GSD, GRT and LRT Finnish populations: for a number of equivalent generations of 4.3 years for the three breeds (against respectively 5.1, 4.8 and 5.5 in our study), the mean *F* was slightly higher in the Finnish study with respectively 2.3, 3.0 and 2.3% against 1.8, 1.3 and 2.2%, which can be easily explained by differences in population sizes and situations. In a study on the Polish Hound, Glazewska (2007) found a very high mean inbreeding coefficient (37%) but the population was very small for a quite complete pedigree knowledge. Only small differences were found with the nine French breeds studied by Leroy *et al.* (2006), and most of them can be explained by the fact that both the reference populations and whole data set were not exactly the same. The only striking result was the difference about BSG *fe* (21 in the previous article and 64 in our study), with *fa* being found similar (13) in both studies. Using the initial reference population and the new data set, *fe* was also found to be 64 while *EqG* was higher than in the Leroy *et al.* study (7,06 against 5.9). This difference in the number of known generations for a same reference population induces a different founder population and could probably explain the increase in *fe*. The comparison between *fe* and the effective number of ancestors *fa* allows to reveal bottlenecks (Boichard et al. 1997). Consequently we can suppose BSG breed has precociously passed through such a bottleneck, which was not detected in the first study. For molecular data, the results on heterozygosities were quite similar with those of a study led in the USA on 28 breeds and 100 microsatellites (Irion *et al.* 2003): in both studies, BUT had the lowest heterozygosity in all breeds (0.39 and 0.37 in our study) while the RUT breed showed the highest heterozygosity (0.76 and 0.77, respectively). When compared with another study using 21 microsatellite markers (Para *et al.* 2008), heterozygosities were found similar for the four common breeds (ESE, EPB, GPD, PNT), ranging between 0.60 and 0.70 in both studies.

The results presented in this study illustrate quite well the differences of information brought about for genetic diversity by genealogical and molecular data. Such differences can be explained by the characteristics of the two approaches. Indeed, it is generally assumed that breeds with small population sizes, high inbreeding and low genealogical diversity parameters (Ne_r, *fa*…) should have low heterozygosities and high *Fis*. However correlations were in general found to be non significant when using breeds with high pedigree completeness level. The two parameters primarily used to compute the canonical variable (*fe* and *Fis*), were positively correlated, while a negative correlation should have been expected.

The results of canonical correlation analysis should therefore be taken with caution. Among genealogical and demographic indicators, a positive correlation across breeds between realized effective size (Ne_r) and reference population size should be expected. However, several factors influencing Ne_r, such as variations in number of unregistered/imported dog over time (which influences the estimation of the inbreeding), existence of subpopulations, inbreeding practices, could explain why we did not meet such correlation. Furthermore, the current average values of inbreeding (*F*) and expected heterozygosity (*He*) were found to be positively correlated across breeds. Population genetic models indicate that an increase of inbreeding should induce a decrease of heterozygosity. If each population had the same initial values of F and He, then the current values of *F* and *He* should therefore be negatively correlated. Different factors may explain the positive correlation between these current values which was found in our study. Especially, the breeds with the highest current average inbreeding could be, by chance, the breeds with the highest initial heterozygosity, so that their current value of *He* remains higher than those of tbreeds with lower inbreeding. Unfortunately, due to lack of biological samples from the ancient generations, such an hypothesis cannot be checked. One may also suggest that heterozygote animals were favoured by selection (Falconer & Mackay 1996). Therefore, a decline in heterozygosity could be lower than expected from results obtained with pedigree data. Under this assumption, genealogical estimators could show recent events while molecular data report on genetic variation by itself. In some breeds like BAR breed, despite a high inbreeding coefficient underestimated by a low pedigree knowledge, heterozygosity was found to be very high (0.70) which is probably linked to the influence of some recent crosses (Leroy *et al.* 2006). High heterozygosity (0.77), also found in a rare French breed with a small population size (CUR), can be explained by the fact that this breed has been recognised only recently (2003) and therefore has no real selection background.

The positive correlation found between F / Φ ratio and F_{IS} was expectable. Björnerfeldt *et al.* (2008) showed that existence of more or less closed varieties in POO breed was related to high F_{IS} values and significant heterozygote deficit (Walhund effect). When existing, such genetically isolated varieties should be quite inbred and not related with each other. It is therefore not surprising that in our data set, POO and CSP breeds, which are known to have such varieties (based on size and/or colours), had both high F / Φ ratio and F_{IS} value. Furthermore, we can not exclude that in some breeds, inbreeding practices could led to heterozygote deficit, negative F_{IS} values and high F / Φ ratio (Moureaux *et al.* 1996).

Despite counterintuitive results at the breed scale, links between genealogical and molecular parameters are proven at the individual scale by the correlations between genealogical and molecular kinships for the 24 breeds with high pedigree completeness level. Queller & Goodnight (1989) and Lynch & Ritland (1999) coefficients were found to have the best correlations, which can be explained by the fact that both estimators take into account allele frequencies at the breed scale. By using two pig breeds and 10 different molecular estimators, Toro *et al.* (2002) found within the breeds absolute correlations between 0.19 and 0.69, which is of the same order as our results.

Among the reasons that can explain the differences of results between the genealogical and molecular approaches, pedigree errors are another source of bias as suggested by Slate *et al.* (2004) as well as the fact that pedigree files do not take into account allele frequencies at the base population (generation zero). Moreover, for the sampling of the 24 breeds, mean Φ were quite low (2.79 on mean): since correlations depend on relatedness composition (Csillery *et al.* 2006), correlations could probably be higher when variances of Φ increased (Slate *et al.* 2004). Within our breeds, large variances of Φ were linked with large mean Φ (Table S2). This explains why the two breeds (BRP and BSG) with the highest mean Φ (respectively 5.7 and 8.8) always had correlations between Φ and molecular coefficients larger than 0.55.

Fernandez *et al.* (2005) wrote that marker information (except if the number of markers was very high) is not very useful to establish conservation strategies that should be based on minimization of global coancestries: they suggested to favour pedigree information when possible. Bijma (2000) evaluated that, on the basis of pedigree data, acceptable values of ΔF per generation should be lower than a value situated between 0.5 and 1% in order to limit the extent of inbreeding depression, which means that the realised effective size Ne_r should not be lower than 50. As Ne_r and *fa* values were found particularly low in BRP and BSG breeds, breeders of these breeds should be careful with genetic diversity even if heterozygosities were not particularly low in these breeds. In our study, ten breeds had a number of equivalent generations lower than 4, which can be explained by two main reasons: a short history of the French recognised population, or a large number of imported dogs; in such cases, molecular approaches can not be ignored in the evaluation of genetic variability. In the BUT breed, the extremely low hetetorygosity rate (0.37), may be due to a bottleneck occurring in the XXth century (Irion et al. 2003) and should be taken into account by breeders: inbreeding should be

avoided in the breed, and the number of reproducing animals should be maximised. To conclude, since genotyping with a large number of markers is becoming less and less expensive, we believe that further research will provide better correlations between genealogical and molecular data: the molecular approach should become more and more useful as a conservation tool.

Acknowledgements

The authors thank the Société Centrale Canine and Association Nationale de la Recherche Technique for both financial and logistic support, Prof. Stéphane Robin for useful discussions about statistical analyses, breeders and CERCA for samples provided, and Wendy Brand-Williams for linguistic revision.

References

Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. & Bonhomme F. (1996) GENETIX, logiciel sous WindowsTM pour la génétique des populations. In: *Laboratoire Génome, Populations, Interactions CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II*, Montpellier.

Belkhir K., Castric V. & Bonhomme F. (2002) Identix, a software to test for relatedness in a population using permutation methods *Molecular Ecology Notes*, **2**, 611-14.

Bijma P. (2000) Long-term genetic contributions: prediction of rates of inbreeding and genetic gain in selected populations. PhD Thesis. *Department of Animal Sciences*, p. 225. Wageningen University, Wageningen.

Björnerfeldt S., Hailer F., Nord M. & Vila C. (2008) Assortative mating and fragmentation within dog breeds. *BMC Evolutuonary Biology*, doi:10.1186/1471-2148-8-28

Boichard D., Maignel L. & Verrier E. (1997) Value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution*, **29**, 5-23.

Boichard D. (2002) PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In: *7th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier (France).

Caballero A. & Toro M.A. (2000) Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetical research*, **75**, 331-43.

Chakraborty R. & Jin L. (1993) Determination of relatedness between individuals by DNA fingerprinting. *Human Biology*, **65**, 875-95

Csillery K., Johnson T., Beraldi D., Clutton-Brock T., Coltman D., Hansson B., Spong G. & Pemberton J.M. (2006) Performance of marker-based relatedness estimators in natural populations of outbred vertebrates. *Genetics*, **173**, 2091-101.

Eding H. & Meuwissen T. (2001) Marker-based estimates of between and within population kinships for the conservation of genetic diversity. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, **118**, 141-59.

Falconer D.S. & Mackay T.F. (1996) *Introduction to Quantitative Genetics. 4th edn*. Longman, Harlow, Essex.

Fernandez J., Villanueva B., Pong-Wong R. & Toro M.A. (2005) Efficiency of the Use of Pedigree and Molecular Marker Information in Conservation Programs *Genetics*, **170**, 1313-21.

Głażewska I. (2007) Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. Livestock Science, doi:10.1016/j.livsci.2007.06.012

Gutiérrez J. P., Royo L. J., Alvarez I. & Goyache F. (2005) MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *Journal of Heredity* **96**, 718-21.

Irion D.N., Schaffer A.L., Famula T.R., Eggleston M.L., Hughes S.S. & Pedersen N.C. (2003) Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers. *Journal of Heredity*, **94**, 81-7.

Jones P., Chase K., Martin A., Ostrander E.A. & Lark K.G. (2008) SNP Based Association Mapping of Dog Stereotypes. *Genetics*, doi:10.1534/genetics.108.087866

Leroy G., Rognon X., Varlet A., Joffrin C. & Verrier E. (2006) Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *Journal of animal Breeding and Genetics* **123**, 1-9.

Leroy G., Verrier E., Wisner-Bourgeois C. & Rognon X. (2007) Breeding goals and breeding practices of French dog breeders: results from a large survey. *Revue de Médecine Vétérinaire* **158**, 496-503.

Lüpke L. & Distl O. (2005) Microsatellite marker analysis of the genetic variability in Hanoverian Hounds. *Journal of animal Breeding and Genetics* **122**, 131-9.

Lynch M., & Ritland K. (1999) Estimation of pairwise relatedness with molecular markers. *Genetics* **152**, 1753-66.

Mäki K., Groen A. F., Liinamo A.E., Ojala M. (2001) Population structure, inbreeding trend and their association with hip and elbow dysplasia in dogs. *Animal Science* **73**, 217-28.

Malécot G. (1948) *Les mathématiques de l'hérédité*. Masson, Paris.

Mathieu E., Autem M., Roux M. & Bonhomme F. (1990) Epreuves de validation dans l'analyse de structures génétiques multivariées: comment tester l'équilibre panmictique? *Revue de Statistique Appliquée* **38**, 47-66.

Moureaux S., Verrier E., Ricard A. & Mériaux J.C. (1996) Genetic variability within French race and riding horse breeds from genealogical data and blood marker polymorphism. *Genetic Selection and Evolution* **28**, 83-102

Nei M., Tajima F. & Tateno Y. (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* **19**, 153-70.

Parra D., Méndez J., Canon J. & Dunner S. (2008) Genetic differentiation in pointing dog breeds inferred from microsatellites and mitochondrial DNA sequence. *Animal Genetics*, **39**, 1-7

Parker H. G., Kim L. V., Sutter N. B., Carlson S., Lorentzen T. D., Malek T. B., Johnson G. S., DeFrance H. B., Ostrander E. A. & Kruglyak L. (2004) Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science* **304**, 1160-4.

Patterson D.F. (1993) Understanding and controlling inherited diseases in dog and cat. *Tidjschrift voor Diergeneeskunde* **118**, 23-7.

Queller D.C. & Goodnight K.F. (1989) Estimating relatedness using molecular markers. *Evolution* **43**, 258-74.

Raymond M. & Rousset F. (1995) GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* **86**, 248-9.

SAS Institute Inc. (2004) *SAS 2004: version 9.1.2*, Cary, NC, USA.

Slate J., David P., Dodds K. G., Veenvliet B. A., Glass B. C., Broad T. E., & McEwan J. C. (2004) Understanding the relationship between the inbreeding coefficient and multilocus heterozygosity: theoretical expectations and empirical data. *Heredity* **93**, 255-65.

Toro M. A., Barragán C., Óvilo C., Rodriganez J., Rodriguez C. & Silio L. (2002) Estimation of coancestry in Iberian pigs using molecular markers, . *Conservation Genetics* **3**, 309-20.

Supplementary data

Table S1 Size range, number of alleles, polymorphism information content (PIC), and observed heterozygosities for the 21 loci studied.

Locus	CFA	Size range	No of alleles	PIC	Ho
AHT121	CFA13	70-122	18	0.86	0.67
AHT137	CFA11	125-157	16	0.85	0.68
AHTh130	CFA36	111-143	16	0.86	0.65
AHTh171	CFA06	217-245	14	0.86	0.64
AHTh260	CFA16	234-258	13	0.80	0.62
AHTk211	CFA26	85-97	7	0.73	0.54
AHTk253	CFA23	280-300	10	0.73	0.57
CXX279	CFA22	110-130	10	0.78	0.64
FH2054	CFA12	144-184	11	0.83	0.70
FH2848	CFA02	228-246	10	0.80	0.58
INRA21	CFA21	83-109	10	0.74	0.57
INU005	CFA33	106-138	12	0.73	0.58
INU030	CFA12	132-156	8	0.70	0.57
INU055	CFA10	204-224	10	0.72	0.58
REN105L03	CFA11	227-247	11	0.81	0.60
REN162C04	CFA07	192-216	12	0.71	0.56
REN169D01	CFA14	202-224	11	0.81	0.64
REN169O18	CFA29	156-178	11	0.77	0.62
REN247M23	CFA15	266-280	8	0.65	0.47
REN54P11	CFA18	222-248	13	0.82	0.62
REN64E19	CFA34	139-155	9	0.76	0.60

Table S2 Correlation between genealogical kinship and different estimators of molecular similarity or distance, computed on pairs of individuals of 24 breeds.

	Breeds	Similarity (Eding & Meuwissen 2001)	1 - *DAS* (Chakraborty & Jin 1993)	Queller & Goodnight (1989)	Mathieu et al (1990)	Lynch & Ritland (1999)	1 - *Da* (Nei et al. 1983)
BAF	Basset fauve de Bretagne	0.21***	0.21***	0.25***	0.2***	0.29***	BAF
BEA	Beagle	0.22**	0.27***	0.27***	0.25***	0.39***	BEA
BEN	Beauceron	0.33***	0.37***	0.34***	0.32***	0.31***	BEN
BSD	Belgian Shepherd Dog Malinois	0.5***	0.54***	0.56***	0.53***	0.61***	BSD
BRP	Berger des Pyrénées	0.69***	0.62***	0.64***	0.62***	0.64***	BRP
BLF	Bouledogue français	0.33***	0.3***	0.36***	0.3***	0.43***	BLF
BSG	Braque Saint-Germain	0.58***	0.57***	0.66***	0.62***	0.71***	BSG
CAT	Cairn Terrier	0.27***	0.3***	0.31***	0.3***	0.4***	CAT
CKC	Cavalier King Charles Spaniel	0.15**	0.23***	0.21***	0.18***	0.27***	CKC
MOP	Chien de Montagne des Pyrénées	0.05(NS)	0.17***	0.15**	0.18***	0.34***	MOP
COT	Coton de Tuléar	0.33***	0.37***	0.4***	0.39***	0.45***	COT
DOB	Dogue de Bordeaux	0.34***	0.36***	0.35***	0.37***	0.38***	DOB
CSP	English Cocker Spaniel	0.37***	0.41***	0.4***	0.4***	0.39***	CSP
ESE	English Setter	0.16*	0.19**	0.23**	0.19**	0.3***	ESE
SSP	English Springer Spaniel	0.45***	0.45***	0.49***	0.47***	0.52***	SSP
EPB	Epagneul Breton	0.19***	0.19***	0.22***	0.17***	0.25***	EPB
GPD	German Short-haired Pointing Dog	0.18***	0.17***	0.22***	0.18***	0.25***	GPD
LEO	Leonberger	0.18***	0.15**	0.23***	0.17***	0.33***	LEO
SPI	German Spitz	0.57***	0.57***	0.57***	0.58***	0.6***	SPI
GRD	Great Dane	0.42***	0.45***	0.49***	0.48***	0.55***	GRD
KOR	Griffon d'arrêt à poil dur Korthals	0.39***	0.39***	0.38***	0.37***	0.44***	KOR
ISE	Irish Red Setter	0.48***	0.56***	0.56***	0.52***	0.64***	ISE
WEI	Short-haired Weimaraner	0.19**	0.28***	0.25***	0.28***	0.39***	WEI
YOT	Yorkshire Terrier	0.35***	0.35***	0.39***	0.36***	0.44***	YOT
Average value across breeds		0.33	0.35	0.37	0.35	0.43	0.33

NS non significant, $^{*}P< 0.05$, $^{**}P< 0.01$, $^{***}P< 0.001$.

E - Etudes des relations entre données généalogiques et moléculaires à partir de populations simulées

Les résultats de l'article "*Genetic diversity of dog breeds : Within breed diversity comparing genealogical and molecular data*" ont permis de mettre en evidence une certaine corrélation au niveau individuel entre données généalogiques et moléculaires. En fonction des 24 races utilisées, le coefficient de corrélation entre Φ et l'indice de similarité R_{XY} de Lynch et Ritland (1999) variait de 0,25 à 0,71 pour une moyenne de 0,43. Nous avons cherché à comparer ces résultats avec des données simulées, pour tester l'adéquation entre les données attendues et les données de terrains.

La structure généalogique des races constitue probablement un des principaux facteurs qui influent sur cette corrélation (Csillery *et al.* 2006). Dans un premier temps, des populations ont été simulées avec différentes structures, avec pour chaque simulation, deux types de corrélations calculées :

- Entre coefficient de consanguinité *F* et hétérozygotie *H*.
- Entre coefficient de parenté Φ et indice de similarité R_{XY} de Lynch et Ritland (1999).

Nous avons aussi cherché à évaluer l'importance d'éventuelles fausses filiations au sein des races françaises. C'est en effet à cause de ce phénomène que se développent l'identification génétique et le contrôle de filiation. Il existe plusieurs motifs d'erreur accidentelle de filiation, un des plus importants résidant sans doute dans la capacité des lices à la double saillie. Par ailleurs, certains enjeux, par exemple commerciaux, peuvent inciter des éleveurs peu scrupuleux à déclarer intentionnellement de fausses filiations. Bien que certaines évaluations paraissent exagérées (30% de fausses filiations évoquées par Durand et Chary, 2005), il nous est apparu intéressant de tenter d'apprécier l'effet de fausses filiations sur les corrélations entre indices généalogiques et moléculaires, et ceci à partir de populations simulées ayant une structure généalogique similaire aux races analysées.

L'une des principales limitations de l'information moléculaire étant liée à la quantité d'information apportée, l'effet du nombre de marqueurs sur les corrélations entre les deux types de données (F et H ou Φ et R_{XY}) a aussi été testé.

I. Materiel et méthode : modélisation des populations

A partir des paramètres modifiables par le logiciel EASYPOP (Balloux, 2001), trois situations ont d'abord été établies pour simuler des populations de paramètres généalogiques et moléculaires variables. Pour chaque situation, les paramètres communs sont les suivants :

- Diploïdie et existence de deux sexes (sex-ratio de 50%)
- 30 générations non chevauchantes, avec 5 000 individus par génération.
- Reproduction de type polygynique partielle : au sein de chaque groupe ou « îlot », un mâle est le père d'une proportion fixée de la génération suivante (voir tableau 3.2). En ce qui concerne les mères et les autres pères (subordonnés), ils sont sélectionnés au sein de l'îlot de manière aléatoire pour chaque descendant.
- On compte 21 marqueurs non liés, avec 3 allèles chacun, ce qui correspond au nombre efficace d'allèles observé en moyenne sur les populations analysées dans l'article. Le taux de mutation est supposé de 10^{-5}, dans le cadre d'un « *single step mutation model* ». A la génération 1, les allèles sont répartis au hasard entre les individus.
- Seules les 7 dernières générations sont prises en compte (en intégralité) dans les généalogies.

Pour les trois situations, différents paramètres étaient fixés (voir tableau 3.2), et une population a été simulée pour chaque situation.

Tableau 3.2 - Valeurs des paramètres utilisés pour modéliser les populations de structures généalogiques variables

	Proportion de portées effectuées par les mâles subordonnés	Modèle migratoire (en îlots)	
		Nombre d'îlots	Taux de migration (mâle et femelle)
Situation 1	20 %	50	0,7
Situation 2	10 %	25	0,5
Situation 3	10 %	10	0,1

Dans un deuxième temps, dix populations ont été simulées selon les paramètres de la situation 2. Pour chacune des dix populations simulées, les fichiers généalogiques ont été créés en modifiant aléatoirement une certaine proportion de filiations. Pour ce faire, de « vrais » parents, choisis au hasard, ont été remplacés par d'autres parents choisis aléatoirement parmi les reproducteurs contemporains des « vrais » parents. Plusieurs valeurs de proportions de fausses filiations ont été comparées : 1%, 5%, 10%, 15%, 20% et 30%. L'effet des fausses filiations sur les corrélations a été évalué à partir d'un modèle linéaire généralisé incluant la fréquence de fausse filiation et la nature des paramètres corrélés (F et H ou Φ et R_{XY}), l'interaction entre les deux variables ayant été testée.

Enfin, les paramètres de simulation de la situation 2 ont été une nouvelle fois utilisés, en augmentant le nombre de marqueurs : dix nouvelles populations ont été générées pour 200 marqueurs. Des tirages de 5, 10, 21, 50, 100 et 150 marqueurs respectivement, ont été effectués pour chaque population. L'effet du nombre de marqueurs sur les corrélations a été évalué à partir d'un modèle linéaire généralisé incluant le logarithme népérien (ln) du nombre de marqueur, le type de corrélation (F et H ou Φ et R_{XY}), ainsi que l'interaction entre les deux variables.

Dans chaque cas, F et H ont été évalués sur l'ensemble de la dernière génération (5 000 individus) et Φ et R_{XY} sur un tirage de 200 individus à l'interieur de celle-ci. Les généalogies ont été analysées à partir du logiciel PEDIG (Boichard, 2002), pour calculer les F et les Φ individuels. Les taux d'hétérozygotie de chaque individu ont été calculées à partir de GENETIX (Belkhir *et al.*, 1996), tandis qu'IDENTIX (Belkhir *et al.*, 2002) a permis d'évaluer les indices de similarité.

II. Résultats

1. Effets de la structure généalogique sur les corrélations

Les trois simulations initiales permettaient d'obtenir des populations avec des structures généalogiques différentes (Tableau 3.3). Alors que dans la situation 1, on trouve des

coefficients de consanguinité et de parenté moyens plutôt faibles (respectivement 1,74% et 1,16%), l'hétérozygotie y était plutôt élevée (*H*=0,64). Au contraire, la situation 3 présente des coefficients généalogiques plutôt élevés (*F*=19,73% et Φ=5,75%) et une hétérozygotie faible (*H*=0,43).

Au sein de l'article nous avions trouvé sur les 24 races des valeurs d'*EqG* variant entre 6,1 et 9,2. Les Φ et les F moyens montaient de 0,6 à 8,8% et de 2,1 à 8,8%, tandis que He variait de 0,47 à 0,73. Les résultats de la situation 2 se situent donc largement dans cette échelle de valeur.

Tableau 3.3 - Paramètres généalogiques, hétérozygoties *H*, et corrélations (r) avec les indices de similarité R_{XY} de Lynch et Ritland (1999) obtenus sur des populations simulées à partir de trois situations

Paramètres	*EqG*	*F* (%)	Φ (%)	*H*	$r_{(F,H)}$	$r_{(\Phi,RXY)}$
Situation 1	7	1,74 *(3,62)*	1,16 *(1,88)*	0,64	-0,19***	0,23***
Situation 2	7	5,58 *(6,73)*	2,60 *(3,19)*	0,59	-0,41***	0,40***
Situation 3	7	19,73 *(13,43)*	5,75 *(9,19)*	0,46	-0,67***	0,75***

Sur les trois populations simulées, les corrélations entre données généalogiques et moléculaires semblent augmenter avec les coefficients de parenté et de consanguinité moyens et leurs écarts-type.

2. Impacts des fausses filiations

A partir des dix simulations effectuées avec des paramètres de la population 2, les écarts-type obtenus étaient plus forts pour *F* que pour Φ. Sur les dix simulations le *F* moyen était de 5% (*e.t.*=0,52% entre les simulations) alors que le Φ était de 2,74% (*e.t.*=0,15% entre les simulations). Les fausses filiations ne semblent pas avoir d'effet sur ces valeurs moyennes, aucune variation significative n'ayant été obtenue lorsque la fréquence de fausses filiations variait.

En revanche les fausses filiations ont une influence claire sur les corrélations obtenues entre données généalogiques et moléculaires, comme le montre la Figure 3.1.

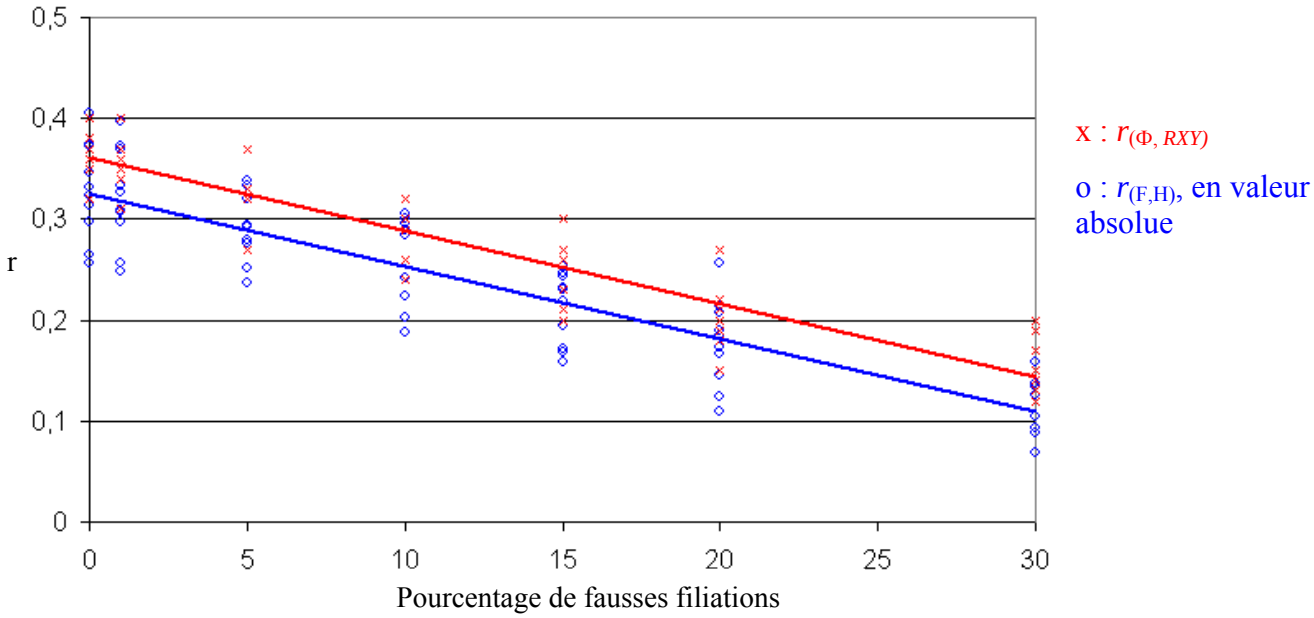


Figure 3.1 - Effet du pourcentage de fausses filiations sur les corrélations (*r*) entre données généalogiques et moléculaires

A partir d'un modèle linéaire généralisé, il a été possible d'une part, de mettre en évidence un effet significatif du pourcentage de fausses filiations ($P<0.0001$) sur les corrélations entre paramètres généalogiques et moléculaires. D'autre part, la nature même des paramètres corrélés avait elle aussi un effet significatif ($P<0.0001$) sur les corrélations, ces dernières

étant plus élevées entre Φ et R_{XY} qu'entre F et H. En revanche les deux variables ne montraient pas d'interaction significative. Avec un modèle prenant en compte ces deux variables, un r^2 de 0,83 était obtenu. La corrélation diminuait de 0,007 par point de pourcentage de fausses filiations en plus. En passant de 0 à 30% de taux de fausses filiations, les corrélations chutaient de 0,37 à 0,16 pour $r_{(\Phi, RXY)}$ et de 0,33 à 0,12 pour $r_{(F,H)}$ (en valeur absolue).

3. Effet du nombre de marqueurs

Comme on pouvait s'y attendre, les corrélations semblent augmenter avec le nombre de marqueurs (Figure 3.2). La modélisation indique un effet significatif du logarithme népérien du nombre de marqueurs (P<0.0001) sur celles-ci. Les corrélations sont aussi significativement plus élevées entre Φ et R_{XY} qu'entre F et H (P=0.0015). Encore une fois, aucune interaction significative n'a été obtenue. Avec les deux variables, un r^2 de 0,97 était obtenu. En passant de 5 à 200 marqueurs, les corrélations augmentent de 0,19 à 0,77 pour le couple (Φ, R_{XY}) et de 0,18 à 0,75 pour le couple (F,H), en valeur absolue.

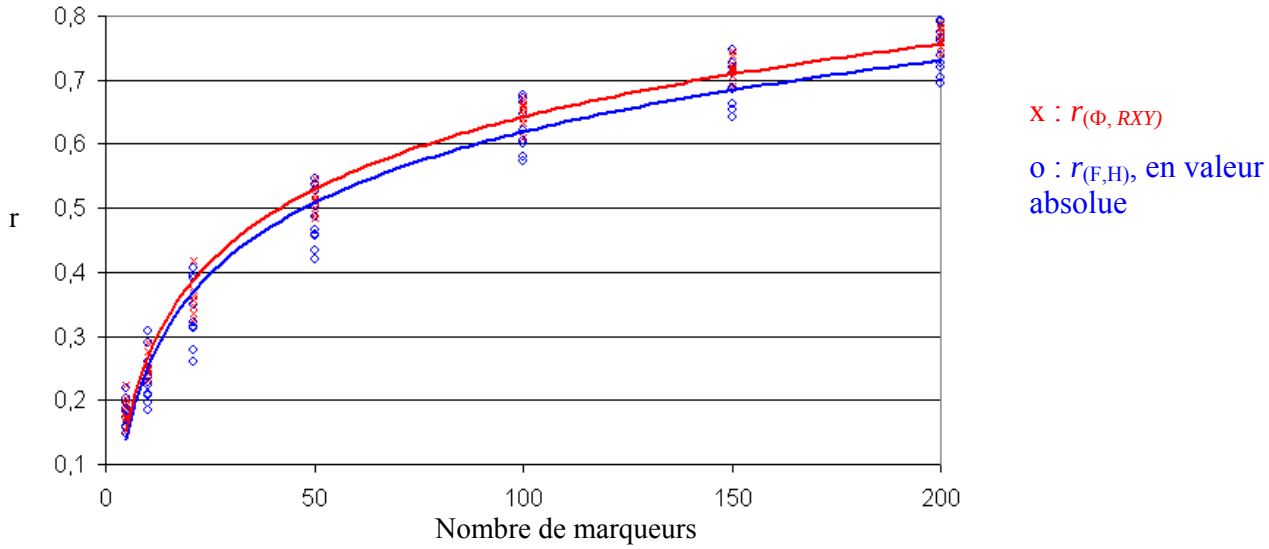


Figure 3.2 - Effet du nombre de marqueurs sur les corrélations (r) entre données généalogique et moléculaire

III. Discussion

L'étude comparée des trois situations montre que les populations avec des parentés et des consanguinités importantes sont aussi celles qui ont une faible hétérozygotie. Ce résultat était d'autant plus attendu que les populations étaient simulées sur 30 générations, avec dans la situation 3, de très fortes valeurs de *F* et Φ.

Le second point à retenir concerne les corrélations qui sont d'autant plus importantes que les valeurs de *F* et Φ (et leurs écart-types) sont élevés. Slate *et al.* (2004) ont montré que les corrélations entre hétérozygoties n'augmentaient pas avec la valeur moyenne de F mais avec sa variance. En effet, on peut supposer que les paramètres généalogiques et moléculaires devraient être liés par une relation de type linéaire (Hill et Weir, 2007), à une erreur de variance plus ou moins constante (aléa des allèles, fréquences alléliques initiales, générations remontées). Dans un tel contexte, la corrélation va être par définition meilleure sur une large échelle de valeurs de Φ et de *F* que sur un champ restreint de valeurs.

Au sein des populations étudiées, des valeurs moyennes de paramètres généalogiques vont cependant de paire avec des variances élevées de ces paramètres. Ces résultats justifieraient donc que des corrélations supérieures à 0,60 aient été obtenues pour les deux races avec les parentés moyennes les plus importantes (Braque Saint Germain et Berger des Pyrénées).

Parmi les trois situations, seule la deuxième permet de simuler des populations de configuration généalogique et moléculaire similaire à ce qui a pu être trouvé au sein des 24 races, ce qui justifie de l'utiliser en exemple. Il est intéressant de constater qu'en répétant ces simulations, les variations de valeurs observées entre les simulations sont plus fortes au sein des *F* que des Φ. Ceci peut en partie être expliqué par le fait que dans chaque population simulée, le *F* moyen est calculé sur les 5 000 valeurs de la dernière génération, alors que le Φ moyen est estimé à partir des $\frac{n(n-1)}{2}$ coefficients calculés à partir l'échantillon, soit 19 900 dans notre cas.

Les corrélations obtenues entre Φ et R_{XY} sont apparues dans nos simulations légèrement supérieures aux corrélations entre *F* et *H*. Ces résultats peuvent probablement être expliqués par le fait que Φ est calculé sur les individus de la dernière génération, alors que *F* est calculé

sur les parents de celle-ci. Une génération est donc perdue dans ce dernier cas, ce qui a pu nuire à la précision de cet indice et donc à la corrélation.

Les résultats montrent aussi clairement les liens entre la diminution de la corrélation et la proportion de fausses filiations. Il parait cependant difficile d'en faire des conclusions précises en ce qui concerne les races étudiées, même si les populations simulées sont relativement similaires aux populations canines étudiées, tant d'un point de vue généalogique que moléculaire. D'une part les structures généalogiques étaient très variables en fonction des races (Φ moyen entre 0,6 et 8,8%). Or nous avons pu voir que ces différences ont des effets significatifs sur les corrélations entre données généalogiques et moléculaires. D'autre part, les corrélations ont été calculées pour les races sur des échantillons de taille modérée (20 à 30 individus). Ces deux raisons, ajoutées à la non-connaissance des fréquences alléliques initiales, peuvent expliquer les différences de corrélations obtenues en fonction des races. Il est cependant possible d'émettre une hypothèse quant à la limite maximale des fréquences de fausses filiations. Avec 20% de fausses filiations, le coefficient de corrélation chutait de 0,37 à 0,20. Sur nos données réelles, les corrélations obtenues ne se situaient jamais en dessous de 0,25 ; il apparaît donc peu probable que pour les races étudiées, la proportion de fausses filiations dépasse 20%. Il est néanmoins difficile d'estimer si ce pourcentage est de 0, 1 ou 10%. Afin d'affiner ces résultats, il pourrait être envisagé d'une part, d'accroître le nombre d'individus génotypés, afin de limiter les biais d'échantillonage, et d'autre part, d'effectuer des simulations personnalisées pour chaque race.

En ce qui concerne l'effet du nombre de marqueurs sur les corrélations nos résultats sont relativement similaires à ceux obtenus par Baumung et Sölkner (2003). Pour *F* et *H*, les corrélations restent modérées et ne dépassent pas 0,60 si au moins une centaine de marqueurs n'est pas utilisée. Afin d'obtenir des évaluations satisfaisantes de parentés individuelles à partir de données moléculaires, il serait nécessaire d'augmenter ce nombre jusqu'à une valeur autour de cent cinquante à deux cent marqueurs, comme l'ont souligné Eding et Meuwissen (2001). Au cours des prochaines années, le développement des SNP devrait permettre d'effectuer ce genre d'études sans trop de difficultés.

F - Conclusion

A partir des 61 races analysées, il nous a été possible de mettre en évidence les différences d'informations apportées par les pedigrees d'une part, et par les marqueurs moléculaires, d'autre part. Les données généalogiques permettent d'obtenir des informations complètes sur les dynamiques de populations, ainsi que des indicateurs fiables de la variabilité génétique intra-raciale. Du fait d'une connaissance très variable des généalogies, il est cependant souvent difficile de comparer les situations des différentes races. Pour certaines des populations étudiées, il était rarement possible de remonter à plus de trois ou quatres générations, et les généalogies sont apparues en conséquence trop incomplètes pour être informatives en terme de variabilité. L'approche moléculaire n'ayant pas cet inconvénient, elle permet une comparaison de la variabilité génétique sur l'ensemble des races étudiées. Cependant, du fait du nombre forcément limité de marqueurs employés, elle est souvent considérée comme moins fiable que l'approche généalogique (Fernandez *et al.*, 2005).

A l'échelle des populations, aucune corrélation franchement significative n'a pu être obtenue entre les deux sources de données. En revanche, en s'intéressant aux résultats race par race, nous avons pu, d'une part, mettre en évidence des résultats similaires à d'autres études (Irion *et al.*, 2003), et d'autre part, expliquer d'éventuelles similitudes ou différences entre résultats généalogiques et moléculaires. Par exemple, il a été possible de mettre en évidence pour deux races (Caniche et English Cocker Spaniel) des effets Walhund se traduisant par des valeurs importantes de F_{IS}, et des écarts importants entre Φ et F. Dans le cas du Barbet, les retrempes récentes, effectuées à partir de plusieurs races sur cette population d'effectif très limité et de généalogie mal connue, permettaient d'expliquer la différence entre une très faible valeur de *fa* et une hétérozygotie importante. Au niveau individuel, les corrélations entre données généalogiques et moléculaires, évaluées sur les races étudiées, étaient toutes significatives mais relativement modérées. Des résultats similaires ont pu être obtenus à partir de simulations, montrant une relation linéaire entre les corrélations et la fréquence des fausses filiations, et logarithmique vis-à-vis du nombre de marqueurs utilisés.

Les résultats obtenus sur notre panel de races ne font que souligner la nécessité d'utiliser les deux approches de manière complémentaire, pour évaluer la situation des races en terme de variabilité génétique. Ces résultats doivent aussi être interprétés en intégrant le contexte historique et social dans lequel évoluent les populations, en tenant compte de facteurs tels que les variations d'effectifs (effets de mode, …), leur éventuelle importance culturelle (utilisations traditionnelles…) ou l'existence de races génétiquement très proches. Les méthodes permettant d'évaluer les relations génétiques entre populations vont en conséquence être traitées au cours du prochain chapitre.

Quatrième partie

Analyse de la diversité inter-raciale

A - Introduction - quels outils pour analyser la diversité entre les races ?

L'un des principaux avantages de l'outil moléculaire est, nous l'avons dit, de pouvoir effectuer des comparaisons entre populations. Il permet notamment d'évaluer l'originalité génétique des races ainsi que les éventuels liens qui existent entre elles. Son développement a donc permis d'apporter de nouvelles informations portant sur la phylogénie ou les relations génétiques entre populations, jusque-là essentiellement établies à partir de données morphologiques, physiologiques ou géographiques. Parmi les autres applications de l'approche inter-populationnelle, il est aussi possible de mesurer la contribution des races à la diversité génétique de l'espèce et d'affecter des chiens à une race. Ces méthodes vont être dans un premier temps présentés et illustrés à partir des études existantes et de nos résultats préliminaires (Leroy *et al.,* 2006a et c). Cette approche sera ensuite appliquée à l'étude du panel de 61 races.

I. Etude des liens génétiques entre populations

Analyser le passé et les relations génétiques entre différentes populations n'a rien de simple pour les espèces domestiques, et en particulier pour les races canines : leur histoire est longue, complexe, et faite de multiples croisements, plus ou moins bien connus. De plus, la notion de race ne correspond pas forcément, comme nous l'avons vu, à un groupe génétique homogène et cohérent. C'est pourquoi les méthodes d'analyse de distance et d'élaboration de phenogrammes, qui fonctionnent correctement entre espèces voire entre populations sauvages, ne sont pas forcément les mieux adaptées pour analyser les liens génétiques entre les populations domestiques (Posada et Crandall, 2001). D'autres approches, développées plus récemment, sont désormais employées indépendamment ou en complément de ces méthodes, avec de nouvelles applications telles que les assignations d'individus à une

population donnée. Nous allons donc nous intéresser à faire un état des lieux de ces différentes méthodes.

1. Différenciation des populations

Un des moyens les plus simples pour étudier la diversité génétique entre populations, développé par Wright (1968), consiste à comparer les hérérozygoties intra et inter-population, par le biais des écarts à l'équilibre d'Hardy-Weinberg, représentés par les indices de fixation. Trois indices peuvent ainsi être distingués : le F_{IS} (Individus et Sous-population) établit à partir de la moyenne des F_{IS} sur chaque population, le F_{IT} (Individus et population Totale) calculé à partir de la population totale, et le F_{ST} (Sous-population et population Totale) qui mesure la différenciation génétique entre populations. Les trois paramètres sont liés par la relation suivante.

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$$

Une autre manière d'apprécier la différenciation entre populations est de calculer le coefficient de différenciation génétique G_{ST} (Nei, 1987). Il est défini par la relation suivante : $G_{ST} = (H_T - H_S)/H_T$. H_T correspond au taux d'hétérozygotie attendue pour la population totale, et H_S à la moyenne des taux d'hétérozygotie attendue pour chaque population. En fonction des études, F_{ST} ou G_{ST} peuvent être employés, mais ils sont en fait équivalents.

Trois des études sur les races canines (Koskinen et Bredbacka 2000 ; Irion *et al.,* 2003 ; Veit-Kensch *et al.,* 2007) donnaient des résultats de différenciation génétique similaires avec des valeurs de F_{ST} ou de G_{ST} de l'ordre de 0,23. Celle de Parker *et al.* (2004) obtenait une variation inter-raciale de 0,27. A titre de comparaison, de premiers résultats obtenus sur 13 races (Leroy *et al.,* 2006c) donnaient un G_{ST} de l'ordre de 0,26.

2. Utilisation des distances génétiques et établissement des phylogénies

Le calcul des matrices de distances génétiques entre populations et l'établissement, à partir de ces dernières, de phénogrammes, constituent les méthodes les plus classiques d'étude de liens génétique entre populations, et ont donc été fréquemment utilisées sur les races canines. Ces distances peuvent être établies à partir d'un modèle de mutation particulier, « *infinite-allele mutation* » (IAM), « *stepwise mutation model* » (SMM)…), ainsi que d'un paramètre du génotypage (fréquences alléliques, diversité des regroupements, allèles partagés…). Nous présenterons brièvement les distances les plus communément utilisées.

- La distance standard de Nei (1972) *Ds*, basée sur les distances arithmétiques entre fréquences alléliques, constitue la distance la plus classiquement utilisée. Soit x_{ij} (respectivement y_{ij}) la fréquence de l'allèle i du $j^{\text{ième}}$ locus au sein de la population x (respectivement y), et r le nombre de locus étudiés, *Ds* est calculée ainsi :

$$Ds = -\ln\left(\frac{\sum_j \sum_i x_{ij} y_{ij} / r}{\sum_j \sum_i x_{ij}^2 / r \sum_j \sum_i y_{ij}^2 / r}\right)$$

- Sur le principe de la distance angulaire *Dc* de Cavalli-Sforza et Edwards (1967), Nei et al. (1983) ont formulé une variante corrigée *Da* :

$$Da = 1 - \frac{1}{r} \sum_j \sum_i \sqrt{x_{ij} y_{ij}}$$

- L'indice de fixation F_{ST} (Wright, 1968) évoqué précédemment, a aussi pu être utilisé. Il est calculé à partir de la formule suivante :

$$\mathrm{F_{ST}} = \frac{\left(\sum_j \sum_i x_{ij}^2 / r + \sum_j \sum_i y_{ij}^2 / r\right) / 2 - \sum_j \sum_i x_{ij} y_{ij} / r}{1 - \sum_j \sum_i x_{ij} y_{ij} / r}$$

Reynolds *et al.* (1983) ont, à partir de là, développé une distance appropriée à des temps de divergence courts, en utilisant la formule suivante :

$$D_L = -\ln(1 - F_{ST})$$

A partir des matrices de distances calculées, les arbres sont établis en utilisant deux méthodes en général. L'*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages* (UPGMA) agglomère itérativement les populations les plus proches (Sokal et Michener, 1958). Cette méthode suppose que les vitesses d'évolution sont identiques entre les différentes branches de l'arbre (hypothèse de l'horloge moléculaire) et donc que la distance mesurée sur l'arbre entre deux populations est proportionnelle au temps de divergence entre

ces deux populations. Le principe du *Neighbor-Joining* (NJ) (Saitou et Nei, 1987) consiste à minimiser la longueur totale de l'arbre Cette méthode n'impose aucune contrainte dans les vitesses d'évolution entre les lignées (pas d'horloge moléculaire) et permet l'élaboration d'arbres non racinés ou réseaux. En effectuant des tirages au sein des allèles et en calculant la fréquence de chaque regroupement à partir des arbres ainsi constitués (*bootstraps*), il est possible de tester la stabilité des embranchements obtenus au sein d'un arbre.

La comparaison entre les différentes méthodes a permis de démontrer que l'hypothèse de l'horloge moléculaire était rarement respectée pour des populations ayant divergées récement, et donc soumises à la dérive génétique plus qu'aux mutations. Dans ces conditions, l'UPGMA pouvait générer des arbres incorrects (Bennett *et al.*, 1997). En ce qui concerne les distances, les études de comparaisons ont tendance à favoriser les distances *Da* (Takezaki et Nei, 1996 ; Nagamine et Higuchi, 2001) ou D_L (Laval *et al.*, 2002), pour des populations proches génétiquement (soumises à la dérive génétique).

Pour l'espèce canine, les études ont employé des distances et des méthodes de regroupement variables (Koskinen et Bredbacka, 2000 ; Irion *et al.,* 2003 ; Perker *et al.*, 2004 ; Veit-Kensch *et al.,* 2007 ; Björnerfeldt *et al.* 2008). De manière générale, peu d'embranchements stables étaient obtenus à partir des méthodes de bootstraps.

Avec cinq races de chiens d'arrêt, et sur la distance *Da* (Leroy *et al.*, 2006a) (Figure 4.1), deux regroupements étaient obtenus à plus de 75%, en concordance avec les résultats de Parra *et al.* (2008), utilisant les *Fst* et des races similaires (le Drahtaar remplaçant le Setter irlandais).

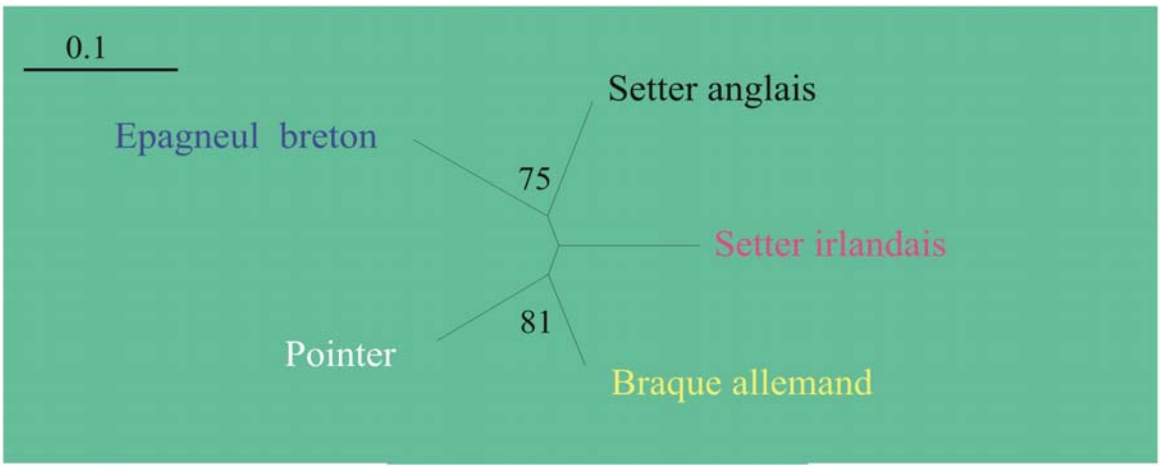


Figure 4.1 - Phénogramme obtenu par la méthode du Neighbor-Joining à partir des distances *Da* (1000 bootstraps) (d'après Leroy *et al.*, 2006a)

A partir des matrices de distance génétique, il est aussi possible d'établir des réseaux réticulés plutôt que de simples arbres (Morrison, 2005). Ces réseaux ont été développés sur l'hypothèse que deux populations de la même espèce peuvent être apparentées de plusieurs manière (divergence, épisodes d'introgrétions…), et que les relations entre les différentes populations peuvent être aussi multiples que complexes. De nouvelles méthodes (*split decomposition*, réticulogrammes…) ont en conséquence été établies pour prendre en compte la complexité de ces relations (Posada et Crandall 2001).

3. Analyses multidimensionnelles

Connaissant toute la complexité des relations entre races, une méthode exploratoire, fréquemment utilisée, consiste à résumer toute l'information portée par les marqueurs en variables synthétiques. A partir de ces variables, individus, populations et marqueurs peuvent être placés sur un espace à plusieurs dimensions. Les fréquences alléliques sont utilisées à partir des Analyses en Composante Principale (ACP), tandis que les Analyses Factorielles de Correspondance (AFC), adaptées à des variables non quantitatives, peuvent être employées directement sur les génotypes (Lebart *et al.*, 1997). L'espace formé par les axes les plus informatifs permet d'apprécier la structure génétique des populations, de manière exploratoire.

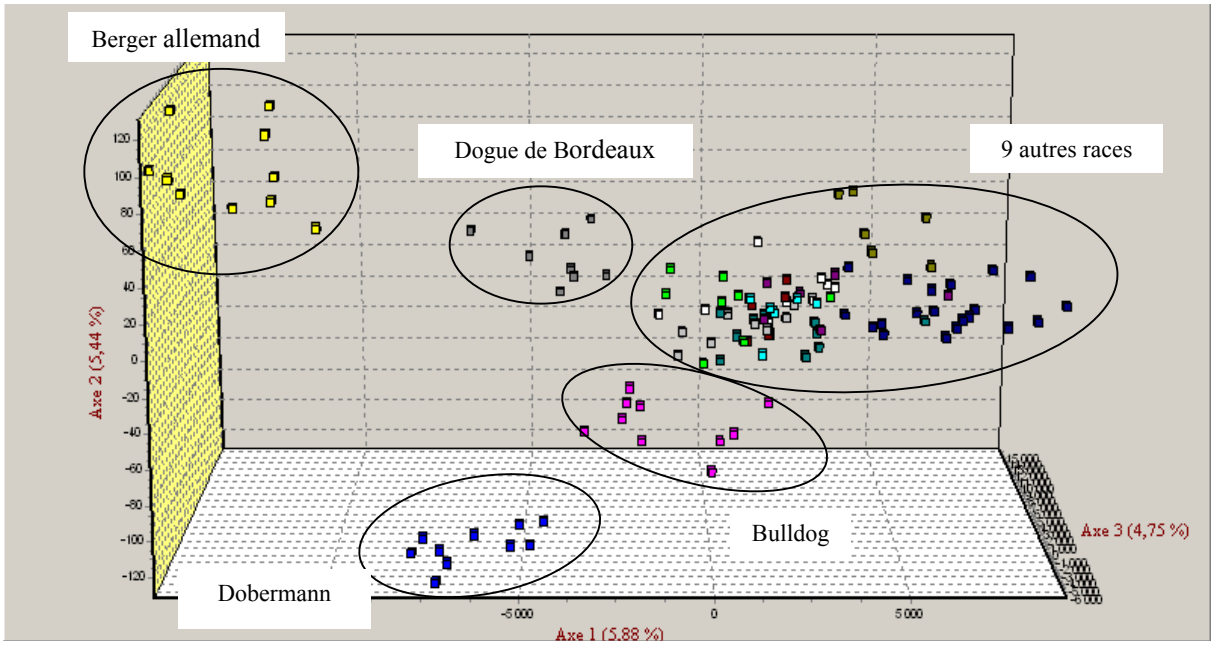


Figure 4.2 - Projection par AFC dans l'espace des trois premières dimensions des individus de 13 races canines (d'après Leroy *et al.* 2006c)

Employée sur des populations bovines (Canon *et al*., 2001, Moazami-Goudarzi et Laloë 2002 ; Li *et al*., 2005) équines (Leroy *et al.*, 2008), ou canines (Altunok *et al.*, 2005), l'AFC a permis de mettre en évidence des séparations génétiques entre des populations supposées proches. Cependant, lorsque le nombre de races étudiées est grand, il peut devenir plus difficile d'avoir des informations précises sur l'ensemble des populations, comme l'illustre la Figure 4.2, issue de l'étude sur les 13 races canines (Leroy *et al.* 2006c).

4. Méthodes de clustering

Afin de mettre en évidence l'existence de groupes génétiquement distincts à l'intérieur d'une population, Pritchard *et al.* (2000) ont développé un algorithme basé sur des méthodes bayesiennes de clustering. En supposant qu'il existe un nombre *K* de sous-populations (*clusters*) au sein de l'échantillon étudié, chaque individu est affecté à un ou plusieurs clusters (si l'on suppose l'existence de croisements) avec un certain pourcentage. A partir des logarithmes de probabilités conditionnelles (Evanno *et al.*, 2005), il est possible d'évaluer la valeur de *K* la plus vraisemblable et donc le nombre de sous-populations le plus probable.

Employées sur l'espèce canine (Parker *et al.*, 2004 et 2007 ; Schelling *et al.*, 2005 ; Veit-Kensch *et al.,* 2007 ; Parra *et al*., 2008), les méthodes de clustering ont permis de montrer une bonne adéquation entre les races et les clusters ainsi créés qui constituent donc bien des ensembles génétiques distincts et cohérents. Pour seulement deux couples de races très proches (Grand et Petit Bassets griffons vendéens, et Berger belge malinois et Tervueren, considérés comme des races différentes par l'American Kennel Club mais comme des variétés par la FCI), les populations étaient considérées comme appartenant au même cluster par Parker *et al.* (2004 et 2007). A partir de 132 races, cette même étude distinguait plus ou moins cinq groupes : des races asiatiques/anciennes, des races de type mastiff/terrier, des populations de berger/lévrier, un groupe de chiens de chasse, et des chiens de montagne. Sur nos résultats préliminaires (Leroy *et al.,* 2006a), les cinq races de chiens d'arrêt étudiées constituaient des ensembles génétiquement distincts.

Le clustering constitue une approche de plus en plus fréquemment utilisée pour étudier la structuration des populations domestiques et sauvages. Il a par ailleurs une autre application

possible : l'affectation d'individus au sein des populations. Avant d'étudier cette utilisation, nous allons nous intéresser aux approches permettant d'étudier la contribution de populations à la diversité génétique d'une espèce.

II. Contribution des populations à la diversité de l'espèce

Dans un contexte de conservation, il est rarement possible, pour des raisons économiques, d'affecter à toutes les populations d'une espèce des moyens nécessaires à leur préservation. Aussi est-il parfois nécessaire d'établir des priorités et de choisir les populations à protéger en premier lieu. A partir de cette constatation, Weitzman (1992) a développé, une fonction de diversité *V(S)*, basée sur les distances génétiques entre chaque groupe (en l'occurrence, des espèces pour l'étude de Weitzman). Pour une population *k*, la contribution *CB* à la diversité inter-population correspondrait à la perte de diversité *Vk*, lorsque *k* est supprimée. Le principal défaut de cette méthode est la non prise en compte de la diversité intra-populationelle (Caballero et Toro, 2002 ; Ollivier et Fouley, 2005), ce qui peut avoir pour conséquence une surestimation de l'importance prise par des races n'ayant que peu de diversité. En conséquence, plusieurs indices ont été développés pour surmonter ce problème :

- Ollivier et Foulley (2005) ont complété l'approche de Weitzman, en introduisant la contribution intra-race *CW* définie par la formule suivante, où *H(S)* correspond à l'hétérozygotie intra-population moyenne sur le total des groupes, et *H(S/k)* à l'hétérozygotie intra-population moyenne lorsque *k* est supprimée.

$$CW = 1 - \frac{H(S/k)}{H(S)}$$

  A partir de là, un indice de diversité aggrégée, *D,* est défini selon la formule suivante. α et β étant des constantes de pondération pouvant respectivement être remplacées par F_{ST} et (1- F_{ST}) (Ollivier et Foulley, 2005).

$$D = \alpha \cdot CB + \beta \cdot CW$$

- Une approche parallèle a été développée par Caballero et Toro (2002), la diversité totale GD_T étant définie comme la somme de la diversité génétique intra-population GD_{WS} (*within subpopulations*) et de la diversité génétique inter-population GD_{BS} (*between subpopulations*). Ces composantes peuvent être définies selon les formules suivantes (Toro et Caballero, 2004), avec *n* le nombre de populations, p_{ki} et p_{kj} les fréquences de

l'allèle *k* au sein des populations *i* et respectivement *j*, $f_{ij} = \sum_k p_{ki} p_{kj}$ la coancestralité moyenne entre les populations *i* et *j* et $D_{ij} = \sum_k \frac{1}{2}(p_{ki} - p_{kj})^2$ la distance minimum de Nei (1972) entre *i* et *j*.

$$GD_T = 1 - \sum_i \sum_j \frac{f_{ij}}{n^2}$$

$$GD_{WS} = 1 - \sum_i \frac{f_{ii}}{n}$$

$$GD_{BS} = \sum_i \sum_j \frac{D_{ij}}{n^2}$$

Les contributions des populations à la diversité peuvent ainsi être évaluées à partir des pertes ou gains de diversité obtenus lorsque la population est supprimée.

Il convient de relativiser l'utilité pratique de ces outils : s'inscrivant dans une approche « conservation de gènes », ils ne prennent pas en compte des paramètres tels que les aptitudes particulières des races, ainsi que leur importance culturelle, voire affective. Les informations fournies par de telles analyses sont utiles au gestionnaire mais doivent être considérées parmi un ensemble d'approches complémentaires visant à préciser l'originalité et/ou la valeur patrimoniale d'une race ou d'un ensemble de races.

III. Méthodes d'affectation des individus à une population

La possibilité d'affecter un individu à une population constitue une approche particulière de l'étude de la diversité génétique inter-populationelle, puisqu'elle ne permet que de voir si les races constituent des groupes suffisamment homogènes pour pouvoir à partir d'un échantillon d'ADN, identifier la race d'un individu de manière fiable. L'affectation a aussi une application beaucoup plus pratique. Lors de l'inscription d'un individu de généalogie inconnue à une race (à titre initial), le simple examen de confirmation est parfois vu comme insuffisant par les clubs, qui craignent de faire rentrer dans la race des individus morphologiquement proches du standard, mais porteurs de caractères morphologiques ou comportementaux exogènes, non exprimés, et non désirables. Ceci explique que 21 races et

variétés, en général d'effectifs importants, ont un livre fermé au titre initial. Il existe bien un système de livre d'attente, mais il ne concerne qu'un nombre très restreint d'individus. Pour les races à livre ouvert, les inscriptions à titre initial concernent 0,8% du total des inscriptions. En comparaison, les inscriptions au livre d'attente concernent 0,4% des inscriptions (Statistiques SCC 2007) pour les races à livre fermé. Ce chiffre est probablement largement supérieur au nombre réel d'entrées au sein du livre définitif par cette voie, puisqu'il prend en compte les trois générations au livre d'attente. En agissant ainsi, ces clubs renoncent à une grande partie de leur cheptel, puisque à peine un tiers de chiens issus de portées LOF passent la confirmation. Mettre en place un système d'affectation génétique en complément de la confirmation à titre initial pourrait permettre de réouvrir ces livres : les clubs pourraient ainsi s'assurer que l'individu sans généalogie, en plus d'être morphologiquement dans le standard, serait aussi génétiquement proche de la race.

1. Arbres individuels

En évaluant les distances entre individus plutôt qu'entre populations, il est possible de voir comment les individus sont regroupés et si certains membres présumés d'une population sont placés en dehors de cette dernière. Dans ces cas-là, les indices de similarité allélique, telle que la *DAS,* sont plutôt employés pour calculer les distances entre individus, et des arbres non racinés sont en général utilisés pour avoir une image de la population.

Dans les études effectuées sur l'espèce canine, la plupart des membres d'une race étaient regroupés ensemble. C'est le cas de l'étude de Schelling *et al.* (2005), pour laquelle seuls les individus de l'échantillon test (comprenant des Staffordshire bull terriers, des American Staffordshire bull terriers et des chiens d'apparence raciale similaire), étaient séparés entre les branches. Sur les 409 individus étudiés par Veit-Kensch *et al.* (2007), huit d'entre eux n'étaient pas placés avec les membres de leur race. Nos résultats (Leroy *et al.,* 2006a), permettaient d'affecter correctement 98 des 100 individus appartenant à cinq races de chien d'arrêt (Figure 4.3).

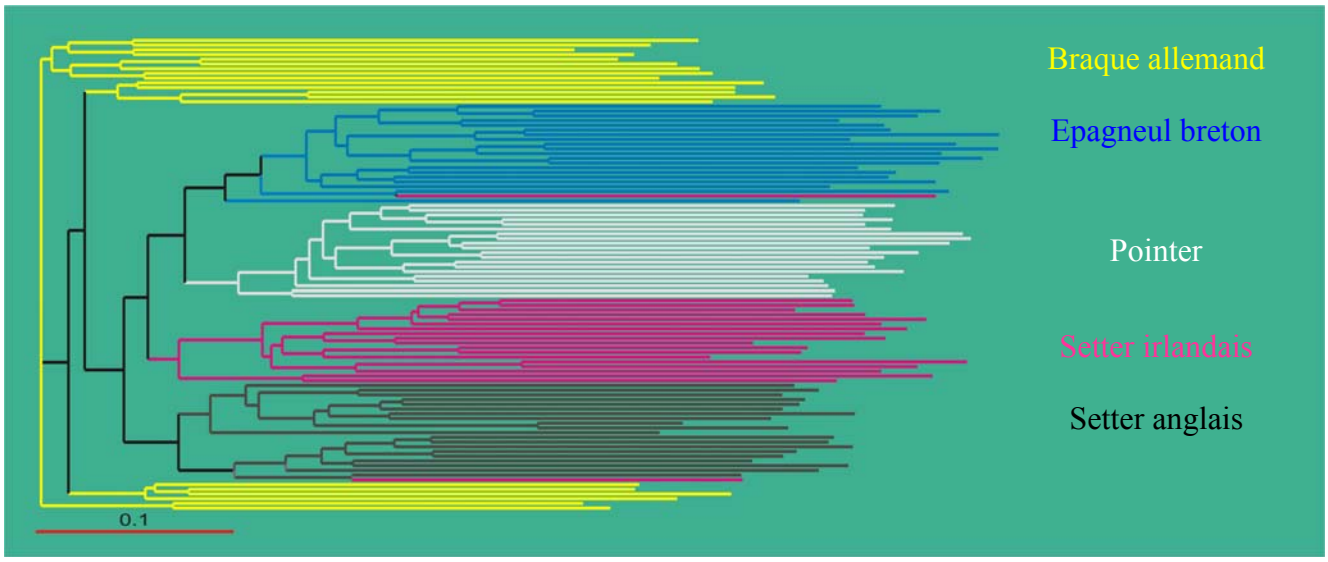


Figure 4.3 - Réseau individuel obtenu à partenir de la *DAS* et de la méthode de Neighbor joining (d'après Leroy *et al*., 2006a)

Cette approche risque cependant d'impliquer les mêmes limites et contraintes que les phénogrammes classiques, qui perdent de l'information en fusionnant l'information génotypique entre paires (de populations ou d'individus) en un simple chiffre (Parker *et al.,* 2004).

2. Méthodes de clustering

L'approche développée par Pritchard *et al*. (2000) et vue précédemment, peut, par définition, être employée pour affecter les individus à une population. Schelling *et al.* (2005) l'utilisaient pour une étude dans laquelle chacune des races constituait un unique cluster, tandis que l'échantillon test était séparé en deux groupes. 99% des 414 individus étudiés par Parker *et al.* (2004) étaient correctement affectés à leur race. Dans l'étude de Veit-Kensch *et al.* (2007), la quasi-totalité des individus étaient aussi correctement affectés à leur race. Enfin 99% des individus étaient correctement assignés au cours de nos analyses sur les cinq races de chiens d'arrêt (Leroy *et al.,* 2006a).

3. Tests d'affectation individuels

Parallèlement aux méthodes de clustering de Pritchard *et al*. (2000), d'autres approches bayesiennes ont été développées, cette fois-ci exclusivement pour affecter les individus à des populations. A partir d'un jeu de données de référence, incluant plusieurs populations, ces

approches vont évaluer, pour un individu donné, la population d'appartenance la plus probable, en utilisant les similarités génotypiques (Cornuet *et al*. 1999), les fréquences alléliques (Paetkau *et al.,* 1995 ; Rannala *et al*., 1997) ou les distances génétiques (Cornuet *et al*., 1999). Leur principe est relativement simple. Il s'agit, dans un premier temps, de regarder de quelle population l'individu étudié est le plus proche statistiquement. A partir de chaque population de ce même jeu de données, il est ensuite possible de simuler une population fictive (Paetkau *et al*., 2004), et de comparer les maximums de vraisemblances ou les distances, entre les individus étudiés/simulés et les populations de référence. Un animal génétiquement plus proche d'une sous-population que 23% des individus simulés aurait donc une probabilité de 23% d'appartenir à la sous-population en question.

L'avantage de cette méthode est d'une part de pouvoir comparer, pour un individu, les affectations à chaque sous-population de référence, et ceci de manière indépendante. D'autre part, ce type d'approche permet de détecter des individus qui ne peuvent être affectées à aucune sous-population. Ainsi, pour Schelling *et al*. (2005), 18% des individus n'étaient affectés à aucune sous-population, mais en supprimant le groupe « test » constitué d'individus de race indéterminée, ce pourcentage chutait à 3,5%. En 2003, Koskinen obtenait, en fonction des méthodes employées, un pourcentage d'affectations correctes allant jusqu'à 100%. Nos analyses (Leroy *et al,*. 2006a) fournissait un pourcentage de 99% sur 100 individus de cinq races, mais cette proportion passait à 97,5% pour treize races (Leroy *et al.*, 2006c).

IV. Conclusion

Etant donné le nombre de races et d'animaux analysés au cours de ce travail, des choix ont été faits en ce qui concerne les méthodes employées. Par exemple, les arbres individuels et les AFC n'ont pas été employés car ils auraient été confus et peu informatifs sur un échantillon de plus de 1500 individus. De la même manière, les approches de Weitzman ne sont pas facilement adaptables à un nombre important de races (Derban *et al.*, 2002) ; nous avons donc privilégié la méthode développée par Caballero et Toro (2002) pour étudier la contribution des races à la diversité. Les approches inter-populationelles sont présentées au sein de l'article "*Genetic diversity of dog breeds: Between breeds diversity, breed affectation and conservation approaches*" [(1)].

[(1)] En soumission auprès de la revue *« Animal Genetics »*.

B - Article - Genetic diversity of dog breeds: Between breeds diversity, breed assignation and conservation approaches

Leroy G. [1,2,3], Verrier E.[1,2], Meriaux J.C.[4], Rognon X.[1,2]

[1]AgroParisTech, UMR1236 Génétique et Diversité Animales, 16 rue Claude Bernard F-75321 Paris, France

[2]INRA, UMR1236 Génétique et Diversité Animales, Domaine de Vilvert, F-78352 Jouy-en-Josas, France

[3]Société Centrale Canine, 155 av. Jean Jaurès, F-93535 Aubervilliers, France

[4]LABOGENA, Domaine de Vilvert, F-78352 Jouy-en-Josas, France

Corresponding author: Grégoire Leroy, Tel: +33 144081746 / Fax:+ 33 144088622
email: gregoire.leroy@agroparistech.fr

Running Title: Genetic structure of dog breeds

Keywords: dog, breed assignment, genetic relationships, microsatellite

Abstract

Genetic relationships between 61 dog breeds were investigated, using a sampling of 1514 animals and a panel of 21 microsatellite markers. According to the distance based and Bayesian methods, it appears that breed constituted the main genetic structure and that groups including genetically close breed may have a very weak basis. Depending on the method used, between 85.7 and 98.3% of dogs could be assigned to their breed, with large variations according to the breed. It appeared that breed heterozygosity influenced assignment results differently according to the method used. Because of the genetic structure of the breed set, within-breed and between breeds diversity variations when breeds were removed were highly negatively correlated (r=-0.963, P<0.0001).

Introduction

The history of dog breeds is rather complex, the first domesticated species having followed man in all of his migrations. Differentiated breeds in dog species have been assessed since antiquity (Clutton-Brock 1999). However, separation of dog populations into closed breeds during the 19th century has probably led to an increase of breed differentiation. Recent developments of analyses based on genetic information, such as microsatellite markers, have allowed to develop some useful tools to study within and between breed genetic diversity.

Phenograms constitute the most common tool to study genetic relationships between species. Within a given species however, phenograms, based on genetic distances, are more and more considered as not relevant to the study of breed history: relationships between breeds are indeed not hierarchical (Posada & Crandall 2001) because of the frequent gene flows and breed crosses. Therefore, new methods have been developed, using for instance networks instead of trees. A Bayesian approach developed by Pritchard *et al.* (2000) constitutes another method, which assigns populations and animals to some clusters. It has already been used in some studies on dog species (Parker *et al.* 2004 and 2007, Schelling *et al.* 2005, Veit-Kensch *et al.* 2007). Some other methods have also been proposed to assess if breeds constitute genetically differentiated structures, testing assignation of animals to their own breed (Piry *et al.* 2004). Using such approaches, animals can be directly assigned to the breed, with the best likelihood value (direct method), or populations can be simulated for each breed tested (population simulation method). In this case, for each animal, assignment can be compared to simulations, which allows to exclude the animal from a breed, if it is found to be more

"distant" from the breed than a chosen proportion of individuals simulated (type-I error). These methods have already been used in dog (Koskinen 2003, Parker *et al.* 2004, Schelling *et al.* 2005). To study conservation priorities across breeds, following the Weitzman (1992) approach, it is possible to estimate the contribution of a given breed to the diversity of a whole set of breeds (Caballero & Toro 2002, Simianer *et al.* 2003).

The aim of this study was to investigated genetic relationships among a large number of dog breeds raised in France, the within-breed diversity being analysed in a contempory study (Leroy *et al.* 2008a). Genetic relations, specie structure, as well as individual assignations and contributions to diversity have been investigated.

Material and methods

Breeds studied, animals sampled and markers used

Among the 300 dog breeds raised in France, 61 breeds have been chosen (Table 1). These 61 breeds are representative of the 10 groups of the FCI (*Federation Cynologique Internationale*) nomenclature. This nomenclature splits the species into 10 breed groups (see table 1), on the basis of morphology, current use, and historical criteria. Among the 61 breeds considered here, three are rare (BAR, BSG, CUR) or local (CUR) French breeds. A total of 1,514 animals were sampled, the number of animals per breed ranging between 20 and 30. Within each breed, the animals were sampled in a way they showed values for the average coefficients of inbreeding and kinship similar to those computed for the whole breed (see Leroy et al. 2008a for details). An outgroup of 14 European wolves, sampled in different zoos, was also used. The 21 autosomal microsatellite markers of the ISAG panel were chosen to perform the analysis.

Statistical analysis

Heterozygosities and F_{ST} were estimated using GENETIX software (Belkhir *et al.* 2001). Nei's *Da* distance (Nei *et al.* 1983) was computed for the 61 breeds and wolves, using the POPULATIONS software (Olivier Langella; POPULATIONS 1.2.28, http://bioinformatics.org/%7Etryphon/populations/ 2002) A neighbor-joining tree was then established with 1,000 bootstraps on the loci. Bootstrap values above 70% were considered here as significant (Hillis & Bull 1993). We also used the Neighbor-net method (Bryant &

Moulton 2004) to compute a phylogenetic network of the breeds, based on *Da* distance, using SPLITSTREE 4.8 (Huson & Bryant 2006).

Clustering approaches were conducted on the 61 breeds using the STRUCTURE software (Pritchard *et al.* 2000) as follows. Different values of the number (*K*) of clusters *a priori* defined were compared: *K* =2-7, 10, 20, 30, 40, 50, 61 and 70. For each value of *K*, 50 runs were performed with a burn-in period of 40,000 and 60,000 MCMC repetitions under admixture and correlated allele frequency model. Since consistency across runs seems an informative method for assessing species structure across dog breeds (Parker *et al.* 2007), we used Clumpp (Jakobsson & Rosenberg 2007) to compute similarities over runs for the different *K*, using LargeKGreedy algorithm to compute the similarity function *G'*. For each *K*, the mean *Q*-matrix over all runs was used. Method proposed by Evanno et al. (2005) to detect true *K* value was also used, based on computation of ΔK for $K = 2$ to 69 (10 runs by *K*).

To evaluate individual breed assignment, the method suggested by Rosenberg *et al.* (2001) was also used: for *K*=61, animals were considered as correctly assigned in their breed, if they were primarily associated to the cluster that regrouped the largest number of animals belonging to the breed. For clusters involving two or three breeds, runs were performed for *K*= 2 or 3, using only breeds associated in the subcluster.

An individual assignment was tested using GENECLASS2 software (Piry *et al.* 2004): direct assignment and population simulation method were used with the *leave-one-out* procedure. In the second case, populations of 10 000 animals for each breed sample were simulated with a resampling algorithm of Paetkau *et al.* (2004). In both cases, the Bayesian method developed by Rannala & Mountain (1997) assigned animals (real and simulated) to breeds.

The contribution of each breed to the diversity of the whole set was computed following the method by Caballero & Toro (2002). Let p_{ki} the average frequency of allele *k* in breed *i*. Then, the average coancestry between breeds *i* and *j* is

$$f_{ij} = \Sigma_k \, p_{ki} \, p_{kj}. \qquad (1)$$

When using several markers, coancestry is averaged over loci.

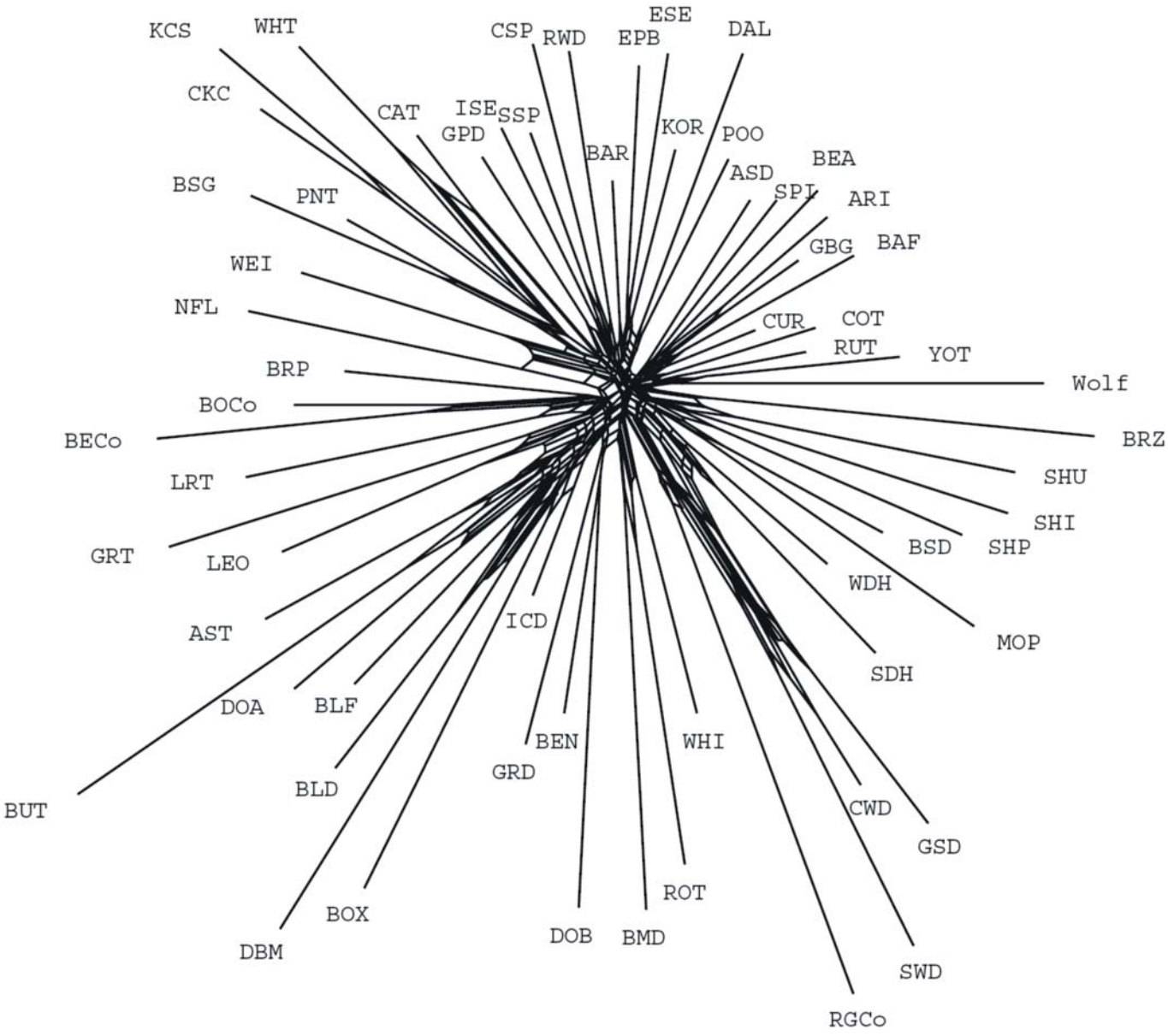


Figure 1 Neighbor-Net for the 61 dog populations and a group of 14 wolves, based on Da distance.

The total genetic diversity (GD_T) is assumed to be the sum of the within-breed genetic diversity (GD_{WS}) and the between breeds genetic diversity (GD_{BS}):

$$GD_T = 1 - \Sigma_i\Sigma_j f_{ij}/n^2 \quad (2)$$

$$GD_{WS} = 1 - \Sigma_i f_{ii}/n \quad (3)$$

$$GD_{BS} = \Sigma_i\Sigma_j D_{ij}/n^2 \quad (4)$$

In the equations, n is the number of breeds, and D_{ij} the Nei's minimum distance between breeds i and j. Contribution of a breed to diversity is computed by the loss or gain of diversity ΔG when the breed is removed.

Results:

Breed relationships and clustering

The NeighborNet based on *Da* distance (Fig. 1) formed a star, with only a few gatherings concerning a small number of breeds. For instance, some terrier/molossoïd breeds (AST, BOX, BUT, DOA, BLF, BLD, DBM, ICD) grouped together. Some of the results were in agreement with the bootstrap values found higher than 70% (Fig. S1): ARI with GBG (88%), CAT with WHT (96%), CKC with KCS (99%), BSG with PNT (100%), BECo with BOCo (88%), CWD with SWD (72%) and GSD with CWD/SWD (70%). The Wolf sample showed no significant relationship with any breed, even recently crossed dog/wolves breed (CWD and SWD), which is in agreement with Veit Kensch et al. (2007) results. Breed showing on average low genetic distances with the other breeds (COT, CUR, GBG, RUT, see Table S1) had high heterozygosity values (Table 2). On contrary breeds with low heterozygosity were found isolated from other breeds (BUT, DBM). Pearson correlations computed between F_{ST} and *Da* distances were found significant (P<0.0001) and high (r=0.94).

Bayesian clustering approaches gave us complementary information on breed relationships (Fig. 2). Using Evanno *et al.* (2005) approach, several high ΔK peaks were detected (Fig. S2 B): one particularly high for K=2, which is explained by a particular low likelihood variance, and three for K=10, K=61 and K=68 (also linked with low variance). Log likelihood values across runs reached a plateau when K was close to 60 (Fig. S2 A). As K increased from 2 to 7, the average values of the similarity coefficient were equal to 0.94, 0.72, 0.56, 0.53, 0.54, 0.53, respectively. When K=2, a majority of the breeds were segregated from a group constituted by molossoid breeds and some large shepherd dogs (BEN and GSD). As K increased, CWD, GSD and SWD breeds constituted a clear distinct cluster, which can be explained by the fact that SWD and CWD breeds constitute GSD/Wolf crossed breeds, created during the middle of the XXth century. Some breeds from the terrier/molossoïd groups (AST, BLD, BLF, BOX, BUT, DBM, DOA, DOB) constituted a less "stable" cluster, since depending on the runs, some of these breeds being not always assigned in the cluster. Water dogs (BAR, RWD), pointing dogs (BSG, PNT, ESE, EPB, GPD, KOR, ISE, WEI) and a few other breeds (CAT, DAL, LRT, SHI) formed another cluster, quite stable according to the runs, at least until K=7. As K increased from 20 to 70, the average values of the similarity coefficient values rose from 0.50 to 0.88 (Fig. S2 C).

Breed assignment

Using clustering approaches for K=61, 50 breeds were assigned to their own private clusters (Figure 2). Individuals of three breeds (CSP, SPI, and CUR) were associated with two clusters, with various membership values. In the CSP and SPI breeds, pairs of clusters were almost specific of the breeds (including no more than 3 animals from other breeds). For a given breed, the pair of clusters was therefore considered as the private breed clusters. By contrast, the two CUR breed clusters included too many animals from other breeds to be considered as private clusters. Four pairs of breeds (CWD/GSD, ARI/GBG, BSG/PNT, CKC/KCS) were assigned to one cluster each (more or less clearly according to the runs). Each pair was analysed separately and the SWD breed was added to the CWD/GSD pair, since some CWD animals were assigned as SWD. Within each group, breeds were clearly segregated. Over the 61 breeds, 95.4 % of individual were correctly assigned in their breed (Table 1). However, depending on the breed, the proportion of correct assignment ranged from 18% (CUR) to 100% (44 breeds).

Table 1 Individual assignations of the 1514 dogs studied, according to different methods. Using the assignment method, animals were assigned using the Rannala and Mountain (1997) method with the resampling algorithm of Paetkau et al. (2004) for the population simulation approach.

Code used in this paper	Full Name	FCI Group	N° of dogs analysed	Bayesian clustering method (STUCT-URE)	Assignment method (GENECLASS2)		
					Direct assigne-ment	Population simulation approach	
						Breed sample	Animals from other breeds
ARI	Ariégeois	6	22	100%	90.9%	59.1%	0%
ASD	Australian Shepherd	1	22	100%	100%	68.2%	0%
AST	American Staffordshire Terrier	3	29	100%	100%	82.8%	0%
BAF	Basset fauve de Bretagne	6	30	90%	96.7%	80%	0.1%
BAR	Barbet	8	20	95%	95%	80%	0%
BEA	Beagle	6	20	100%	95%	75%	0%
BECo	Bearded Collie	1	30	100%	100%	93.3%	0%
BEN	Beauceron	1	30	100%	100%	90%	0%
BLD	Bulldog	2	30	100%	100%	76.7%	0%
BLF	Bouledogue français	9	30	100%	100%	96.7%	0%
BMD	Bernese Mountain Dog	2	22	100%	100%	95.5%	0%
BOCo	Border Collie	1	20	100%	100%	90%	0%
BOX	German Boxer	2	20	100%	100%	85%	0%
BRP	Berger des Pyrénées	1	28	96.4%	96.4%	89.3%	0%
BRZ	Borzoi	10	25	100%	100%	96%	0%
BSD	Belgian Shepherd Dog Malinois	1	29	100%	93.1%	86.2%	0.1%
BSG	Braque Saint-Germain	7	20	100%	95%	95%	0%
BUT	Bull Terrier	3	23	100%	100%	87%	0%
CAT	Cairn Terrier	3	20	85%	100%	55%	0.1%
CKC	Cavalier King Charles Spaniel	9	30	100%	100%	73.3%	0%
COT	Coton de Tuléar	9	25	88%	92%	76%	0.4%
CSP	English Cocker Spaniel	8	30	100%	100%	96.7%	0%
CUR	Cursinu	5	22	18.2%	86.4%	86.4%	11%
CWD	Czeslovakian Wolfdog	1	22	81.8%	90.9%	86.4%	0%
DAL	Dalmatian	6	20	100%	100%	75%	0%
DBM	Dobermann	2	30	100%	100%	100%	0%
DOA	Dogo Argentino	2	21	100%	100%	100%	0%
DOB	Dogue de Bordeaux	2	30	100%	100%	93.3%	0%
EPB	Epagneul Breton	7	30	100%	100%	96.7%	0%
ESE	English Setter	7	20	100%	100%	90%	0%
GBG	Griffon bleu de Gascogne	6	27	77.8%	96.3%	92.6%	1.4%
GPD	German Short-haired Pointing Dog	7	30	93.3%	96.7%	86.7%	0%
GRD	Great Dane	2	30	100%	100%	90%	0%
GRT	Golden Retriever	8	20	100%	100%	80%	0%
GSD	German Shepherd Dog	1	30	100%	100%	100%	0%
ICD	Italian Corso Dog	2	30	96.7%	100%	83.3%	0%
ISE	Irish Red Setter	7	30	100%	96.7%	90%	0%
KCS	King Charles Spaniel	9	20	100%	100%	70%	0%

KOR	Griffon d'arrêt à poil dur Korthals	7	27	96.3%	96.3%	77.8%	0%
LEO	Leonberger	2	20	100%	100%	76.7%	0%
LRT	Labrador Retriever	8	22	100%	100%	90.9%	0%
MOP	Chien de Montagne des Pyrénées	2	29	100%	100%	93.1%	0%
NFL	Newfoundland	2	30	100%	100%	90%	0%
PNT	English Pointer	7	20	95%	100%	90%	0.1%
POO	Poodle	9	24	66.7%	87.5%	83.3%	0.1%
RGCo	Collie Rough	1	27	100%	100%	96.3%	0%
ROT	Rottweiler	2	20	100%	100%	95%	0%
RUT	Parson/Jack Russell Terrier	3	30	86.7%	96.7%	96.7%	0.9%
RWD	Romagna Water Dog	8	23	100%	100%	91.3%	0%
SDH	Smooth-haired Dachshund	4	23	100%	100%	82.6%	0%
SHI	Shih Tzu	9	27	100%	100%	74.1%	0%
SHP	Shar Pei	2	20	100%	100%	95%	0.1%
SHU	Siberian Husky	5	25	100%	100%	88%	0%
SPI	German Spitz	5	20	70%	95%	90%	0.1%
SSP	English Springer Spaniel	8	23	69.6%	95.7%	82.6%	0%
SWD	Saarloos Wolfdog	1	20	100%	100%	100%	0.1%
WDH	Wire-haired Dachshund	4	21	95.2%	100%	71.4%	0%
WEI	Short-haired Weimaraner	7	24	100%	100%	83.3%	0%
WHI	Whippet	10	20	100%	100%	70%	0%
WHT	West Highland White Terrier	3	24	100%	100%	45.8%	0%
YOT	Yorkshire Terrier	3	28	100%	100%	92.9%	0%
	Mean		25	95.4%	98.3%	85.7%	0.2%

FCI groups: 1 - Sheepdogs and cattle dogs (except Swiss cattle dogs); 2 - Pinscher and Schnauzer - Molossoid breeds - Swiss mountain and cattle dogs and other breeds; 3 -Terriers; 4 – Dachshunds; 5 - Spitz and primitive types; 6 - Scent hounds and related breeds; 7 - Pointing dogs; 8 - Retrievers - Flushing dogs - Water dogs; 9 - Companion and toy dogs; 10 - Sighthounds

When using the direct assignment method (Table 1), correct assignments ranged between 86% (CUR) and 100% (43 breeds), and on the whole data set 98.3% of animals were assigned within their own breed. Among the 26 animals that were not correctly assigned, four were considered as CUR, four as RUT, four as BAR and three as GBG. Using the population simulation method 85.7% of the animals were assigned to their breed, respectively. If choosing an exclusion threshold of 0.001 (type-I error), only 8 animals were excluded from their own breed. Depending on the breed, between 45.8% and 100% of the animals were well assigned. Animals that were not correctly assigned were mainly considered as CUR by the algorithm: among the non-CUR animals, 11% were assigned as CUR. After removal of this breed, the proportion of correct assignation rose to 93.4%. Three other breeds (RUT, GBG, COT) also exhibited similar results with 0.4 to 1.4% of the animals from other breeds assigned in those breeds (Table 1).

Contribution to diversity

ΔGD_{WS} ranged from –0.00243 (RUT) to 0.0041 (BUT), while ΔGD_{BS} ranged from –0.00417 (BUT) to 0.0024 (CUR) (Table 2). Pearson correlations involving *He*, ΔGD_{WS} and ΔGD_{BS} were found to be highly significant ($P<0.0001$), with high absolute value: ($r(_{He,\ \Delta GDWS})$=-0.999, $r(_{He,\ \Delta GDBS})$=0.963, and $r(_{\Delta GDWS,\ \Delta GDBS})$=-0.963). The largest decrease of total diversity was found when removing the GRT breed (-0.00103) or the SHP breed (-0.00097). On the contrary, removing the WHT or CKC breed led to a gain of variability equal to +0.00102 or +0.00092, respectively.

Discussion

Analysis of the between breeds relationships

The bootstrap method used on phenograms constitutes a classical way to evaluate the consistency of genetic relationships between breeds. According to previous studies on dog breeds, phenograms exhibited low bootstrap values. Studying 28 breeds raised in USA, Irion *et al.* (2003) found only two branchings appearing more than 95% of the time. Parker *et al.* (2004) had such gatherings only six times for 85 breeds tested, also raised in USA. In comparison, we had three relationships appearing more than 95% of the time. In the present study, each significant branching was in agreement with the known history of the breeds. For

instance, ARI and GBG breeds were found to be quite close, which is linked to a common historical and geographical origin (South-West of France), while BSG is historically considered as a half-blood PNT, which explains that the breed were found to be genetically related. Most of these significant branchings were found to match with pairs of breeds being not well separated by STRUCTURE software. This can easily be explained by the fact that STRUCTURE approach detects only high hierarchical organization levels. Therefore, since the number of breeds studied was large, it failed to separate breeds that are relatively similar. However, when studied independently, these pairs of breeds segregated clearly. NeighborNet constitutes an alternative method to understand breed relations, taking into account the non-hierarchical relations between breeds. In studies on other domestic species, neighbornet networks differentiated clear groups of breeds, in agreement with similar geographical origins or uses (e.g. Lenstra *et al.* 2005, Negrini *et al.* 2007, Berthouly *et al.* 2008, Leroy *et al.* 2008b). In this study, the neighbornet network constituted a star-like pattern, which did not segregate any large structure. According to such a pattern, breeds seems to emerge from an undifferentiated gene pool, which is questionable, since a large number of differentiated breeds was already identified before the standardization of breeds in the XIXth century (Clutton-Brock 1999).

Bayesian clustering approaches gave us more precise information on breed relationships. Using Evanno *et al.* (2005) approach, several high ΔK values (revealing potential best K) were observed, which is similar to Parker *et al.* (2007) results. This can be linked to large variation of the variance of likelihood from one to another K, showing that this method maybe not adapted in a context of a large number of populations. However likelihood reached a plateau when for a *K* value between 50 and 70. According to Garnier *et al.* (2004), it indicates that best K was close to 60, i.e. close to the supposed number of breeds. Consequently breed seems clearly to constitute the main genetic structure in the dog specie. When the number of clusters *a priori* defined was small (4-7), similarity coefficients showed moderate values (around 0.54) (Rosenberg *et al.* 2002). This indicates that depending on the runs, most of the breeds are clustered quite differently, which is illustrated by mean *Q*-matrix (Figure 2). However, it also indicates that some structures (weakly defined) can be found, but only concerning small number of breeds. In our study, some historically close breeds are frequently sorted together, such as pointing dog breeds (BSG, PNT, ESE, EPB, GPD, KOR, ISE, WEI) or scent hound breeds (ARI, BAF, BEA, GBG). Breed assignations were quite similar between the Parker *et al.* study (2007) and our results: for instance, for *K*=5, AST,

BLD, BOX and BLF are sorted in the same cluster in both studies. However the NFL breed, grouped with the four breeds in the Parker *et al*. (2007), is assigned to another cluster in our analysis. We have however to notice that among these groups some breeds have nothing to do with the other breeds, from an historical point of view (Glen of Imaal Terrier with molossoïd breeds (Parker *et al.* 2007), SHI with hunting dog breeds in our study)**.** Combining these information and neighbornet results may indicate that if some groups including breeds genetically close may exist, basis of such clustering are weaker than previously assumed. We could then suppose that, bottlenecks consecutive to isolation of closed breeds were particularly strong, leading to a large differentiation of dog breeds and explaining why it appear difficult to identify differentiated breed groups. To conclude on breed relationships analysis, we can note that some of our results were not in agreement with international FCI nomenclature. Since the FCI nomenclature is a practical classification, that can eventually be linked to history, morphology, current use and breeding practices (Leroy *et al.* 2007, 2008a), our results should not have any influence on such nomenclature.

Breed assignments

Because each breed constitutes a rather homogeneous genetic group, there is a clear consensus about the possibility of assigning animals to breeds. Depending on the method used, between 86% and 98% of animals were correctly assigned in our study. In comparison, Parker *et al.* (2005), using 96 microsatellites on 414 dogs from 85 breeds, were able to assign 99% of animals to their breed. With 21 microsatellite loci, 311 animals and 7 breeds, Schelling *et al.* (2005) obtained 96.5% of correct assignation. Veit-Kensch *et al.* (2007) correctly assigned 99% of 409 animals from nine breeds and one wolf population (23 microsatellites).

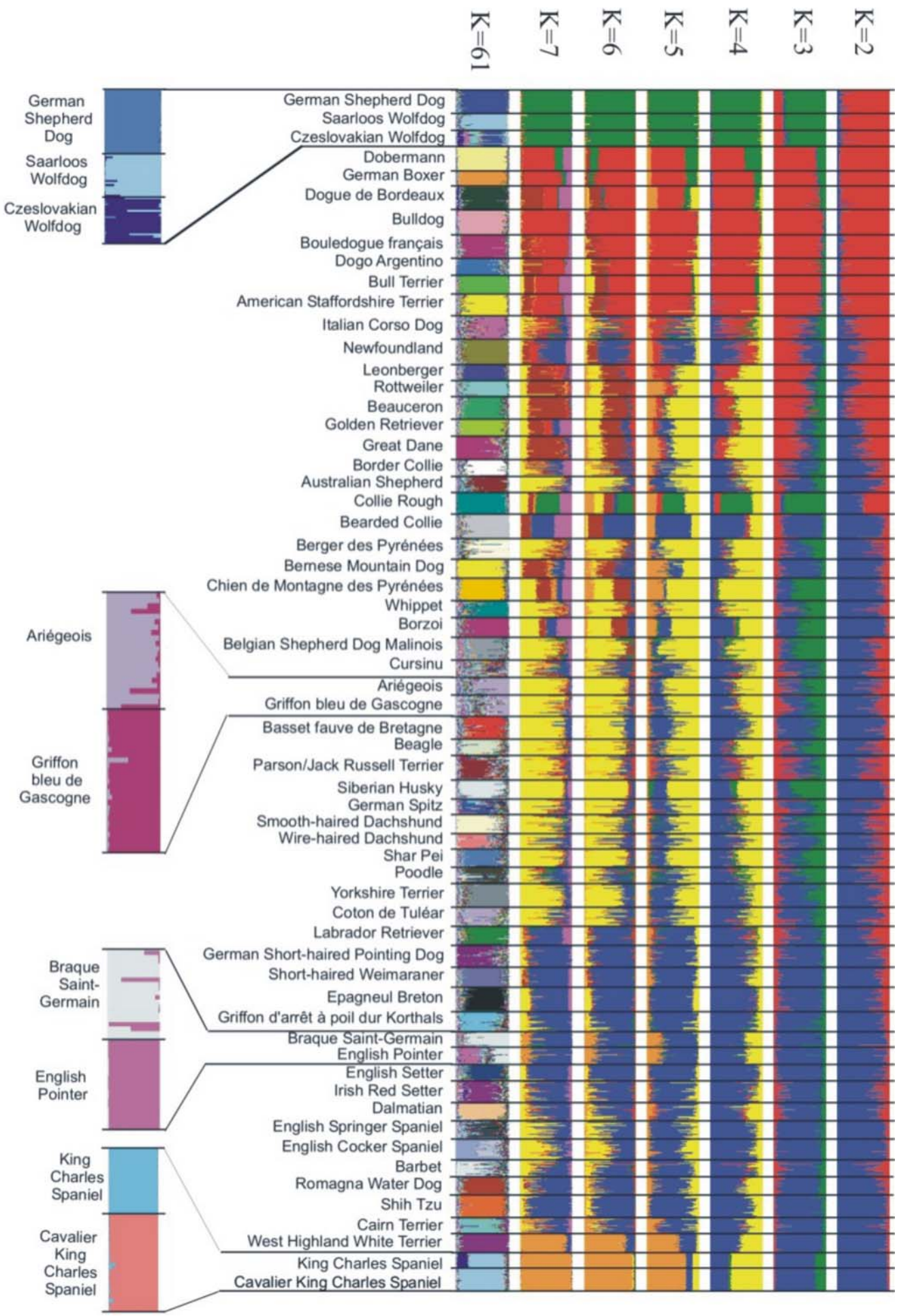


Figure 2 Estimated membership fractions of each dog of the 61 breeds to the inferred *K* cluster, using mean Q-matrix over 50 runs, with *K*=2-7 and 61. Three clusters containing two breeds and one cluster containing three breeds each are subdivided at *K*=2 and *K*=3 respectively.

Table 2 Heterozygosities and contributions[a] of the different breeds to genetic diversity according to different approaches.

Breed code	*He*	ΔGD_{WS} ($x10^3$)	ΔGD_{BS} ($x10^3$)	ΔGD_T ($x10^3$)
ARI	0.70	-1.27	1.32	0.05
ASD	0.66	-0.57	1.19	0.61
AST	0.56	0.94	-0.90	0.04
BAF	0.70	-1.31	1.22	-0.08
BAR	0.70	-1.28	1.73	0.45
BEA	0.69	-1.01	1.01	0.00
BECo	0.55	1.14	-1.29	-0.15
BEN	0.65	-0.54	0.36	-0.19
BLD	0.53	1.47	-1.30	0.17
BLF	0.60	0.26	-0.14	0.12
BMD	0.53	1.46	-1.74	-0.28
BOCo	0.66	-0.54	0.44	-0.10
BOX	0.47	2.50	-2.57	-0.07
BRP	0.67	-0.80	0.94	0.14
BRZ	0.62	0.08	-0.66	-0.57
BSD	0.72	-1.72	1.10	-0.62
BSG	0.59	0.56	-0.39	0.17
BUT	0.37	4.10	-4.17	-0.06
CAT	0.61	0.24	0.30	0.54
CKC	0.47	2.42	-1.50	0.92
COT	0.73	-1.77	1.77	0.00
CSP	0.65	-0.54	0.65	0.10
CUR	0.77	-2.39	2.37	-0.02
CWD	0.61	0.22	-0.67	-0.45
DAL	0.58	0.69	0.07	0.76
DBM	0.38	3.94	-3.90	0.04
DOA	0.64	-0.22	-0.33	-0.55
DOB	0.52	1.68	-2.36	-0.69
EPB	0.68	-1.06	0.76	-0.30
ESE	0.66	-0.56	0.13	-0.43
GBG	0.74	-2.01	1.85	-0.15
GPD	0.70	-1.41	1.25	-0.16
GRD	0.67	-0.91	0.48	-0.43
GRT	0.58	0.66	-1.69	-1.03
GSD	0.55	1.21	-1.61	-0.41
ICD	0.71	-1.46	1.60	0.15
ISE	0.70	-1.26	1.10	-0.16
KCS	0.44	3.05	-2.65	0.40
KOR	0.69	-1.08	1.43	0.35
LEO	0.59	0.50	-0.21	0.29
LRT	0.60	0.44	-0.40	0.04
MOP	0.60	0.37	-0.73	-0.36
NFL	0.63	-0.10	-0.01	-0.11
PNT	0.62	0.12	0.45	0.56

POO	0.72	-1.67	1.45	-0.21
RGCo	0.45	2.79	-3.49	-0.71
ROT	0.55	1.25	-1.31	-0.05
RUT	0.77	-2.43	2.07	-0.36
RWD	0.65	-0.48	0.57	0.09
SDH	0.63	-0.10	0.28	0.18
SHI	0.63	-0.15	-0.04	-0.19
SHP	0.72	-1.59	0.62	-0.97
SHU	0.64	-0.24	0.06	-0.18
SPI	0.71	-1.46	1.39	-0.08
SSP	0.71	-1.51	1.45	-0.06
SWD	0.52	1.71	-2.49	-0.78
WDH	0.69	-1.14	1.20	0.06
WEI	0.64	-0.26	0.55	0.29
WHI	0.64	-0.27	0.36	0.09
WHT	0.46	2.58	-1.56	1.03
YOT	0.70	-1.26	1.31	0.05

[a] ΔGD_{WS} = Loss or gain of gene diversity within subpopulations when the breed is removed;

ΔGD_{BS} = Loss or gain of gene diversity between subpopulations when the breed is removed;

ΔGD_{T} = Loss or gain of total diversity when the breed is removed;

Breed sampling is probably one of the main parameters that influence individual assignation. On the one hand, since our population set was large, some of the breeds were genetically close, increasing the probability of having an animal incorrectly assigned to a genetically nearby breed. As an example, 2 CWD animals were classed as SWD. On the other hand, within-breed diversity influenced the results, with some differences according to the method used. Breeds with high *He* (COT, CUR, GBG, RUT) showed indeed a low assignation rate, using the structure approach. However, with the population simulation method, a large proportion of animals belonging to other breeds were assigned to these four breeds. This last result can be explained by the fact that large numbers of alleles (linked to high *He* values) were found in these four breeds (Leroy *et al.* 2008a). By using the population simulation algorithm, a large number of allelic combinations were therefore generated, largely covering combinations found in other breeds. Consequently, many animals were wrongly assigned in these four breeds. Thus, when breeds with high genetic diversity are included in the data set, population simulation method can be less efficient than the other approaches. However, using this method, animals can potentially be excluded from all breeds. This is not possible with the Pritchard approach or the direct assignment approach, where animals are compulsorily assigned to a cluster/breed, even if they do not belong to any of the breeds sampled. According to these considerations, population simulation and direct assignment approaches should be used jointly. Population simulation should allow to confirm that a dog is potentially assigned to one or more breed. Direct assignment then could be used to assign the animal to the most likely breed.

On domestic species, one possible application of breed assignation could be the registration to the studbook of animals without pedigree but showing the standard phenotype of the breed. Given the fact that more than 98% of the animals have been correctly assigned to their breed using the 21 microsatellite markers of the ISAG parentage panel, this panel appears to be well suited for such an application in a number of dog breeds. Dogs of 43 breeds were perfectly assigned in our data set. In order to confirm the results obtained for those breeds, it may need further sampling, including historically close breeds, populations of the same breed raised in another countries, and animals showing the same phenotype but not registered. In several other breeds, additional markers could lead to such an application (Bjørnstad & Røed 2002). Finally, few breeds such as CUR exhibited a low genetic homogeneity, which can be linked to

historical events: a lack of common selection background in the CUR breed. In this case, such an application will not be conceivable.

Contribution to diversity and implications for conservation

Computation of contribution to between breeds diversity is influenced by genetic relationships among breeds (i..e genetic structure of the breed set) on the one hand, and by within-breed diversity on the other hand. Therefore, approaches based only on the between breeds diversity overestimate the contribution of breeds with low within-breed diversity (Caballero & Toro 2002). Using genetic distances, such breeds (BUT or DBM in our data set) appeared to be isolated from other breeds, while breeds with high diversity (CUR, COT and RUT) were found to be close to most of the breeds, as illustrated in Figure 1. Breeds with low within-breed diversity therefore appear to be genetically more differentiated than other breeds and have frequently high contributions to between breed diversity, unlike breeds with high within-breed diversity. It underlines quite well the fact that between breed diversity approaches should not be used independently from within-breed diversity approaches. Since high correlations were found between ΔGD_{BS}, ΔGD_{WS} and *He* compared with other studies (Fabuel *et al.* 2004, Berthoully *et al.* 2007, Leroy *et al.* 2008b), genetic *He* constitutes here the main parameter that influences contributions to between breed diversity, while genetic relationships among breeds had only a few influence on these results. Such correlations are explained by the particular genetic structure of our data set (few large genetic substructures, i.e. star-like pattern). The bias inherent to between-breed diversity seems, however, to be well corrected when using both approaches to compute total diversity. This is why the two breeds (CKC, WHT) that increased GD_T the most, when removed, had both low *He* and a significant close breed in the set. The data set included only a few local breeds with small effective (BAR, BSG, CUR), which could be concerned by conservation measure. In each case removing of the breeds will not have led to a large decrease of total diversity. Conservation approaches could be applied using a larger number of local breeds, assessing conservation priorities among them. However, before final conservation decisions (Reist-Marti *et al.* 2003) other considerations, such as sociocultural value or special use of breed should be taken into account.

Acknowledgements

The authors thank the Société Centrale Canine and the Association Nationale de la Recherche Technique (ANRT) for both financial and logistic support. Breeders, CERCA, CNRS-UMR 6061 Laboratoire de Génétique et Développement and zoological parks are acknowledged for samples provided. Mrs Wendy Brand-Williams is acknowledged for linguistic revision.

References

Belkhir K., Castric V. & Bonhomme F. (2002) Identix, a software to test for relatedness in a population using permutation methods *Molecular Ecology Notes*, **2**, 611-14.

Berthouly C., Bed'hom B., Tixier-Boichard M., Chen C.F., Lee Y.P., Laloë D., Legros H., Verrier E. & Rognon X. (2007) Using molecular markers and multivariate methods to study the genetic diverisy on local european and asian chickens breeds. *Animal Genetics*, *in press.*

Bjørnstadt G. & Røed K.H. (2003) Evaluation of factors affecting individual assignment precision using microsatellite data from horse breeds and simulated breed crosses. *Animal Genetics*, **33**, 264-270

Bryant D. & Moulton V. (2004) Neighbor-Net: An Agglomerative Method for the Construction of Phylogenetic Networks. *Molecular Biology and Evolution*, **21**, 255-65.

Caballero A. & Toro M.A. (2002) Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics*, **3**, 289-99.

Clutton-Brock J. (1999) *A natural history of domesticated mammals*. Cambridge Univ. Press, Cambridge.

Evanno G., Regnaut S., & Goudet J. (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology* **14**, 2611–2620.

Fabuel E., Barragán L., Silio L., Rodriguez M.C. & Toro M.A. (2004) Analysis of genetic diversity and conservation priorities in Iberian pigs based on microsatellite markers, *Heredity*, **93**, 104-113

Garnier S., Alibert P., Audiot P., Prieur B. & Rasplus J.Y. (2004).Isolation by distance and sharp discontinuities in gene frequencies: implications for the phylogeography of an alpine insect species, Carabus solieri, *Molecular Ecology* **13**, 1883-1897.

Hillis, D.M. & Bull J.J. (1993) An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis, *Systematic Biology* **42**, 182–192.

Huson D. & Bryant D. (2006) Application of Phylogenetic Networks in Evolutionary Studies. *Molecular Biology and Evolution*, **23**, 254-67.

Irion D.N., Schaffer A.L., Famula T.R., Eggleston M.L., Hughes S.S. & Pedersen N.C. (2003) Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers. *Journal of Heredity*, **94**, 81-7.

Jakobsson M. & Rosenberg N. (2007) CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*, **23**, 1801-6.

Koskinen M.T. (2003) Individual assignment using microsatellite DNA reveals unambiguous breed identification in the domestic dog. *Animal Genetics*, **34**, 297-301

Lenstra J.A. & the ECONOGENE Consortium (2005) Evolutionary and demographic history of sheep and goats suggested by nuclear, mtDNA and Y chromosome markers. In: *FAO, International Workshop, The role of biotechnology for the characterisation and conservation of crop, forestry, animal and fishery genetic resources*, pp. 97-100, Torino.

Leroy G., Verrier E., Meriaux J.C. & Rognon X. (2008a) Genetic diversity of dog breeds : Results on within breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Animal Genetics*, *submitted.*

Leroy G., Callèle L., Verrier E., Mériaux J.C., Ricard A. & Rognon X. (2008b) Genetic of a large set of horse breeds raised in France assessed by microsatellite polymorphism. *Genetics Selection Evolution*, *in press.*

Negrini R., Nijman I.J., Milanesi E., Moazami-Goudarzi K., Williams J.L., Erhardt G., Dunner S., Rodellar C., Valentini A., Bradley D.G., Olsaker I., Kantanen J., Ajmone-Marsan P. & Lenstra J.A. (2007) Differentiation of European cattle by AFLP fingerprinting. *Animal Genetics*, **38**, 60-6.

Nei M., Tajima F. & Tateno Y. (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution*, **19**, 153-70.

Paetkau D., Slade R., Burden M. & Estoup A. (2004) Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology*, **13**, 55-65.

Parker H.G., Kim L.V., Sutter N.B., Carlson S., Lorentzen T.D., Malek T.B., Johnson G.S., DeFrance H.B., Ostrander E.A. & Kruglyak L. (2004) Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science*, **304**, 1160-64.

Parker H.G., Kukekova A.V., Akey D.T., Goldstein O., Kirkness E.F., Baysac K.C., Mosher D.S., Aguirre G.D., Acland G.M. & Ostrander E.A. (2007) Breed relationships facilitate fine-mapping studies: a 7.8-kb deletion cosegregates with Collie eye anomaly across multiple dog breeds. *Genome research*, **17**, 1562-71.

Piry S., Alapetite A., Cornuet J.M., Paetkau D., Baudouin L. & Estoup A. (2004) GeneClass2: A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant Detection. *Journal of Dairy Science*, **95**, 536-9.

Posada D. & Crandall K.A. (2001) Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends Ecol Evol*, **16**, 37-45.

Pritchard J.K., Stephens M. & Donnelly P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, **155**, 945-59.

Rannala B. & Mountain J.L. (1997) Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceeding of the National Academy of Sciences*, **94**, 9197-201.

Reist-Marti S.B., Simianer H., Hanotte O. & Rege J.E.O. (2003) Weitzman's approach and Conservation of Breed Diversity: an Application to African Cattle Breeds, *Conservation Biology* **17**, 1299–1311

Rosenberg N.A., Burke T., Elo K., Feldman M.W., Freidlin P.J., Groenen M.A., Hillel J., Maki-Tanila A., Tixier-Boichard M., Vignal A., Wimmers K. & Weigend S. (2001) Empirical evaluation of genetic clustering methods using multilocus genotypes from 20 chicken breeds. *Genetics*, **159**, 699-713.

Rosenberg N.A., Pritchard J.K., Weber J.L., Cann H.M., Kidd K.K., Zhivotovsky L.A. & Feldman M.W. (2002) Genetic structure of human populations. *Science*, **298**, 2381-5.

Schelling C., Gaillard C. & Dolf G. (2005) Genetic variability of seven dog breeds based on microsatellite markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, **122**, 71-7.

Simianer H., Marti S.B., Gibson J., Hannotte O. & Rege J.E.O. (2003) An approach to the optimal allocation of conservation funds to minimize loss of genetic diversity between livestock breeds. *Ecological Economy*, **45**, 377-92.

Veit-Kensch C.E., Medugorac I., Jedrzejewski W., Bunevich A.N. & Foerster M. (2007) A heuristic two-dimensional presentation of microsatellite-based data applied to dogs and wolves. *Genet Sel Evol*, **39**, 447-63.

Weitzman M.L. (1992) On diversity. *Quarterly Journal of Economics*, **107**, 363-405.

Supplementary data

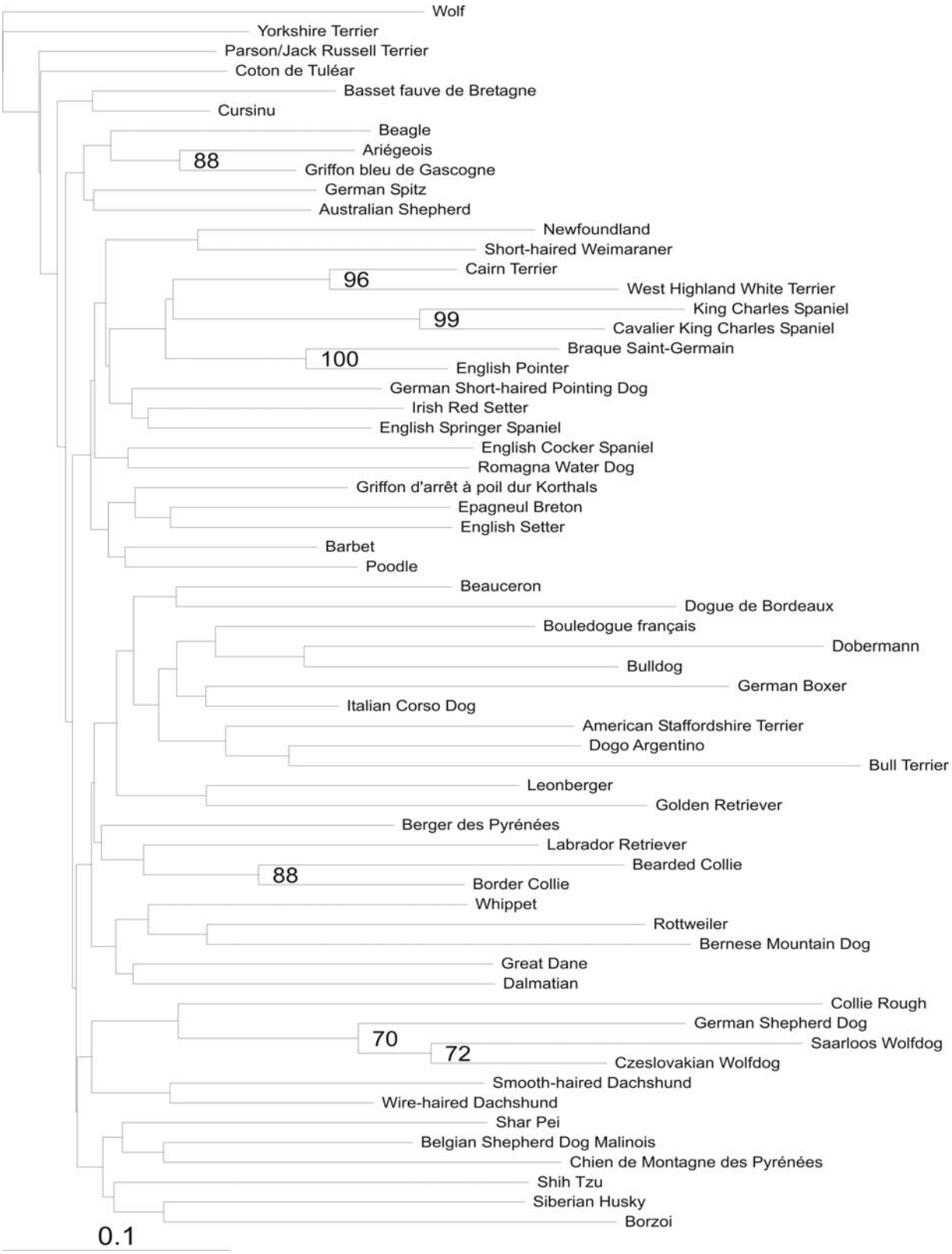


Figure S1 Neighbor-joining tree of the 61 dog populations and a group of 14 wolves, based on *Da* distance and established with 1000 bootstraps on the loci.

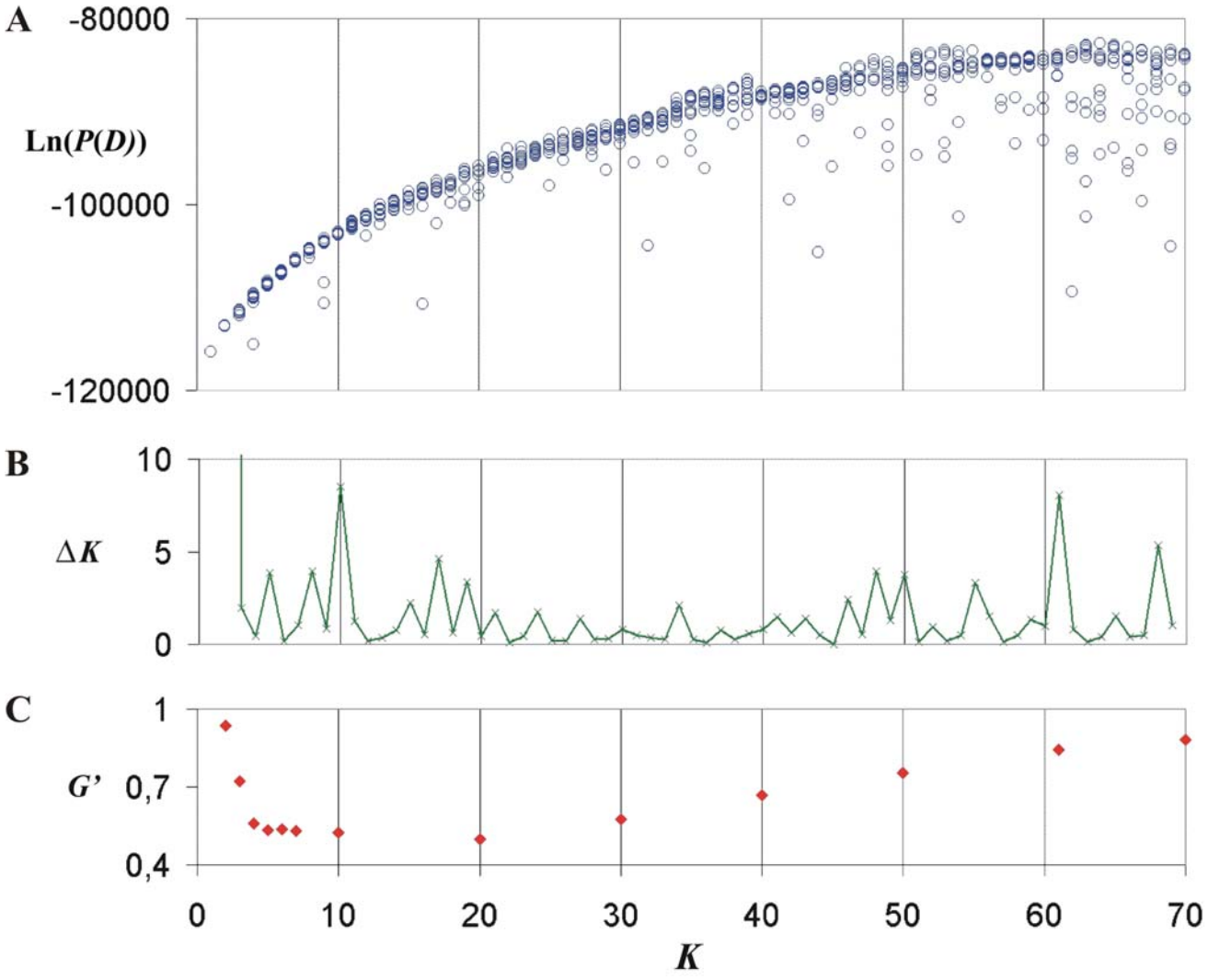


Figure S2 Evolution of log likelihood Ln(*P*(*D*)) across runs (A), Δ*K* (Evanno et al. 2005) (B), and the similarity function *G'* (C) according to the number of clusters *K* (for K=2 a Δ*K* value of 201 was found).

Table S1 Analyses of F_{ST} values and Da distances of the 61 dog breeds and 14 wolves compared in pairs (Da in italic above the diagonal and F_{ST} below the diagonal).

	ARI	ASD	AST	BAF	BAR	BEA	BECo	BEN	BLD	BLF	BMD	BOCo	BOX	BRP	BRZ	BSD	BSG	BUT	CAT	CKC	COT	CSP	CUR	CWD	DAL	DBM	DOA	DOB	EPB	ESE	GBG
ARI		*0,20*	*0,35*	*0,22*	*0,25*	*0,22*	*0,42*	*0,22*	*0,36*	*0,34*	*0,44*	*0,29*	*0,43*	*0,24*	*0,37*	*0,25*	*0,39*	*0,44*	*0,32*	*0,37*	*0,24*	*0,30*	*0,21*	*0,39*	*0,32*	*0,46*	*0,35*	*0,45*	*0,30*	*0,32*	*0,13*
ASD	0,10		*0,31*	*0,20*	*0,21*	*0,23*	*0,36*	*0,24*	*0,35*	*0,30*	*0,37*	*0,29*	*0,42*	*0,25*	*0,35*	*0,25*	*0,35*	*0,43*	*0,31*	*0,34*	*0,21*	*0,28*	*0,20*	*0,37*	*0,32*	*0,44*	*0,33*	*0,39*	*0,27*	*0,29*	*0,21*
AST	0,22	0,22		*0,37*	*0,33*	*0,32*	*0,42*	*0,36*	*0,34*	*0,30*	*0,44*	*0,31*	*0,48*	*0,35*	*0,48*	*0,38*	*0,47*	*0,39*	*0,36*	*0,44*	*0,29*	*0,40*	*0,29*	*0,42*	*0,45*	*0,55*	*0,35*	*0,40*	*0,41*	*0,40*	*0,32*
BAF	0,10	0,10	0,24		*0,24*	*0,23*	*0,39*	*0,29*	*0,41*	*0,36*	*0,45*	*0,30*	*0,44*	*0,27*	*0,39*	*0,27*	*0,37*	*0,50*	*0,27*	*0,35*	*0,21*	*0,29*	*0,16*	*0,39*	*0,30*	*0,45*	*0,40*	*0,41*	*0,29*	*0,28*	*0,19*
BAR	0,11	0,10	0,20	0,10		*0,23*	*0,32*	*0,29*	*0,34*	*0,29*	*0,41*	*0,32*	*0,40*	*0,23*	*0,39*	*0,25*	*0,29*	*0,44*	*0,28*	*0,34*	*0,18*	*0,28*	*0,17*	*0,30*	*0,29*	*0,41*	*0,33*	*0,33*	*0,23*	*0,23*	*0,19*
BEA	0,11	0,13	0,20	0,13	0,12		*0,38*	*0,30*	*0,37*	*0,34*	*0,39*	*0,31*	*0,48*	*0,28*	*0,37*	*0,25*	*0,40*	*0,47*	*0,33*	*0,34*	*0,24*	*0,30*	*0,22*	*0,38*	*0,28*	*0,45*	*0,37*	*0,42*	*0,30*	*0,36*	*0,20*
BECo	0,25	0,25	0,30	0,24	0,21	0,24		*0,42*	*0,48*	*0,46*	*0,48*	*0,25*	*0,53*	*0,39*	*0,43*	*0,42*	*0,48*	*0,60*	*0,37*	*0,49*	*0,29*	*0,40*	*0,32*	*0,46*	*0,39*	*0,54*	*0,47*	*0,49*	*0,42*	*0,41*	*0,37*
BEN	0,12	0,14	0,24	0,17	0,17	0,16	0,25		*0,38*	*0,29*	*0,39*	*0,30*	*0,43*	*0,26*	*0,42*	*0,28*	*0,41*	*0,50*	*0,35*	*0,42*	*0,31*	*0,33*	*0,21*	*0,37*	*0,37*	*0,43*	*0,35*	*0,34*	*0,33*	*0,35*	*0,26*
BLD	0,22	0,26	0,26	0,27	0,23	0,24	0,34	0,26		*0,26*	*0,50*	*0,44*	*0,39*	*0,40*	*0,45*	*0,40*	*0,46*	*0,52*	*0,37*	*0,51*	*0,37*	*0,41*	*0,31*	*0,46*	*0,41*	*0,37*	*0,35*	*0,44*	*0,38*	*0,41*	*0,32*
BLF	0,19	0,20	0,20	0,21	0,16	0,19	0,27	0,19	0,21		*0,43*	*0,37*	*0,41*	*0,33*	*0,44*	*0,33*	*0,44*	*0,48*	*0,39*	*0,42*	*0,31*	*0,39*	*0,27*	*0,42*	*0,38*	*0,46*	*0,31*	*0,39*	*0,34*	*0,38*	*0,31*
BMD	0,24	0,24	0,31	0,28	0,24	0,24	0,31	0,25	0,34	0,28		*0,41*	*0,56*	*0,43*	*0,47*	*0,47*	*0,46*	*0,60*	*0,45*	*0,43*	*0,39*	*0,38*	*0,35*	*0,49*	*0,41*	*0,59*	*0,46*	*0,49*	*0,40*	*0,41*	*0,39*
BOCo	0,15	0,17	0,20	0,16	0,17	0,17	0,16	0,17	0,29	0,22	0,25		*0,46*	*0,27*	*0,41*	*0,29*	*0,41*	*0,48*	*0,27*	*0,40*	*0,25*	*0,37*	*0,23*	*0,42*	*0,37*	*0,52*	*0,33*	*0,41*	*0,38*	*0,32*	*0,27*
BOX	0,27	0,31	0,36	0,28	0,26	0,31	0,39	0,31	0,32	0,32	0,39	0,31		*0,48*	*0,50*	*0,44*	*0,51*	*0,53*	*0,45*	*0,59*	*0,42*	*0,51*	*0,33*	*0,45*	*0,42*	*0,51*	*0,38*	*0,46*	*0,44*	*0,46*	*0,39*
BRP	0,11	0,12	0,24	0,14	0,13	0,15	0,25	0,16	0,26	0,20	0,27	0,16	0,31		*0,40*	*0,29*	*0,37*	*0,47*	*0,33*	*0,32*	*0,24*	*0,34*	*0,23*	*0,37*	*0,34*	*0,51*	*0,34*	*0,42*	*0,32*	*0,34*	*0,23*
BRZ	0,19	0,21	0,30	0,20	0,20	0,21	0,26	0,23	0,29	0,25	0,29	0,23	0,33	0,21		*0,40*	*0,46*	*0,63*	*0,37*	*0,44*	*0,35*	*0,43*	*0,34*	*0,50*	*0,42*	*0,56*	*0,49*	*0,54*	*0,42*	*0,41*	*0,32*
BSD	0,12	0,13	0,22	0,13	0,11	0,12	0,25	0,16	0,24	0,19	0,26	0,16	0,26	0,15	0,20		*0,39*	*0,52*	*0,33*	*0,37*	*0,23*	*0,31*	*0,21*	*0,37*	*0,34*	*0,47*	*0,37*	*0,40*	*0,29*	*0,33*	*0,24*
BSG	0,21	0,21	0,32	0,19	0,15	0,22	0,31	0,24	0,33	0,28	0,31	0,25	0,35	0,22	0,27	0,21		*0,60*	*0,33*	*0,40*	*0,35*	*0,38*	*0,31*	*0,39*	*0,36*	*0,51*	*0,48*	*0,49*	*0,33*	*0,33*	*0,32*
BUT	0,31	0,33	0,34	0,32	0,30	0,34	0,46	0,38	0,42	0,37	0,45	0,37	0,48	0,35	0,43	0,34	0,42		*0,52*	*0,60*	*0,43*	*0,56*	*0,43*	*0,58*	*0,46*	*0,58*	*0,38*	*0,56*	*0,52*	*0,48*	*0,45*
CAT	0,19	0,18	0,26	0,16	0,15	0,20	0,25	0,21	0,27	0,26	0,29	0,15	0,34	0,20	0,22	0,19	0,21	0,41		*0,37*	*0,24*	*0,34*	*0,22*	*0,45*	*0,35*	*0,52*	*0,39*	*0,43*	*0,35*	*0,30*	*0,25*
CKC	0,24	0,25	0,34	0,23	0,25	0,24	0,36	0,29	0,38	0,31	0,33	0,30	0,44	0,22	0,32	0,24	0,30	0,49	0,29		*0,36*	*0,36*	*0,32*	*0,49*	*0,36*	*0,54*	*0,52*	*0,52*	*0,41*	*0,43*	*0,35*
COT	0,11	0,11	0,19	0,10	0,08	0,12	0,18	0,16	0,23	0,17	0,24	0,13	0,27	0,12	0,18	0,10	0,18	0,29	0,13	0,24		*0,25*	*0,15*	*0,33*	*0,28*	*0,44*	*0,31*	*0,37*	*0,25*	*0,25*	*0,22*
CSP	0,14	0,14	0,25	0,15	0,14	0,15	0,26	0,18	0,27	0,22	0,23	0,20	0,32	0,16	0,22	0,15	0,21	0,37	0,20	0,22	0,12		*0,28*	*0,45*	*0,36*	*0,58*	*0,41*	*0,38*	*0,33*	*0,32*	*0,32*
CUR	0,08	0,10	0,18	0,07	0,07	0,10	0,18	0,11	0,18	0,14	0,20	0,10	0,21	0,11	0,16	0,09	0,16	0,30	0,11	0,21	0,07	0,13		*0,29*	*0,26*	*0,42*	*0,28*	*0,35*	*0,19*	*0,23*	*0,16*
CWD	0,20	0,24	0,30	0,22	0,17	0,22	0,32	0,23	0,31	0,25	0,31	0,24	0,30	0,22	0,28	0,21	0,23	0,42	0,26	0,34	0,18	0,24	0,15		*0,45*	*0,43*	*0,46*	*0,49*	*0,40*	*0,44*	*0,36*
DAL	0,16	0,20	0,31	0,15	0,16	0,18	0,27	0,23	0,31	0,25	0,29	0,21	0,32	0,19	0,25	0,18	0,23	0,37	0,21	0,29	0,15	0,21	0,12	0,28		*0,45*	*0,37*	*0,49*	*0,32*	*0,29*	*0,31*
DBM	0,33	0,35	0,42	0,32	0,31	0,34	0,45	0,34	0,35	0,37	0,47	0,39	0,45	0,38	0,41	0,33	0,38	0,53	0,42	0,48	0,32	0,39	0,30	0,37	0,40		*0,53*	*0,50*	*0,44*	*0,56*	*0,47*
DOA	0,17	0,20	0,22	0,21	0,18	0,18	0,30	0,22	0,24	0,19	0,29	0,20	0,31	0,19	0,28	0,19	0,28	0,31	0,24	0,35	0,16	0,21	0,14	0,25	0,22	0,40		*0,40*	*0,39*	*0,41*	*0,33*
DOB	0,31	0,29	0,32	0,29	0,24	0,28	0,34	0,26	0,35	0,28	0,35	0,30	0,37	0,29	0,34	0,24	0,34	0,46	0,32	0,41	0,24	0,27	0,24	0,32	0,36	0,44	0,29		*0,43*	*0,43*	*0,40*
EPB	0,15	0,13	0,25	0,14	0,12	0,16	0,25	0,19	0,23	0,20	0,25	0,20	0,28	0,16	0,22	0,13	0,19	0,34	0,20	0,27	0,13	0,17	0,08	0,22	0,20	0,33	0,20	0,28		*0,25*	*0,25*
ESE	0,17	0,18	0,28	0,16	0,13	0,20	0,26	0,20	0,27	0,23	0,26	0,19	0,31	0,20	0,22	0,17	0,22	0,34	0,19	0,33	0,14	0,19	0,11	0,26	0,18	0,41	0,22	0,31	0,15		*0,26*
GBG	0,05	0,11	0,18	0,10	0,07	0,09	0,22	0,14	0,19	0,14	0,22	0,14	0,22	0,12	0,16	0,11	0,17	0,29	0,14	0,24	0,09	0,15	0,06	0,18	0,15	0,32	0,15	0,26	0,12	0,13	
GPD	0,13	0,14	0,25	0,12	0,11	0,15	0,22	0,17	0,23	0,20	0,27	0,17	0,26	0,16	0,21	0,14	0,16	0,33	0,14	0,27	0,12	0,17	0,07	0,20	0,13	0,33	0,18	0,28	0,14	0,15	0,10
GRD	0,16	0,17	0,24	0,18	0,17	0,15	0,24	0,16	0,24	0,21	0,23	0,16	0,27	0,17	0,23	0,14	0,23	0,38	0,20	0,27	0,15	0,19	0,12	0,24	0,20	0,35	0,20	0,28	0,19	0,22	0,14
GRT	0,24	0,28	0,31	0,24	0,23	0,25	0,32	0,26	0,28	0,27	0,33	0,27	0,35	0,24	0,28	0,22	0,32	0,44	0,29	0,35	0,22	0,26	0,18	0,28	0,30	0,40	0,29	0,35	0,23	0,25	0,21
GSD	0,24	0,24	0,29	0,27	0,23	0,23	0,34	0,28	0,35	0,30	0,34	0,27	0,35	0,26	0,31	0,21	0,32	0,45	0,31	0,37	0,21	0,27	0,20	0,18	0,32	0,44	0,28	0,36	0,26	0,31	0,22
ICD	0,13	0,13	0,19	0,15	0,10	0,12	0,21	0,15	0,18	0,12	0,23	0,14	0,21	0,13	0,19	0,12	0,19	0,28	0,17	0,27	0,11	0,15	0,08	0,15	0,18	0,27	0,14	0,24	0,12	0,17	0,10
ISE	0,15	0,15	0,22	0,13	0,10	0,14	0,21	0,17	0,25	0,21	0,26	0,15	0,26	0,15	0,20	0,14	0,18	0,32	0,17	0,26	0,11	0,15	0,08	0,23	0,19	0,32	0,21	0,25	0,15	0,14	0,12
KCS	0,28	0,29	0,37	0,24	0,26	0,27	0,41	0,33	0,42	0,36	0,37	0,32	0,44	0,28	0,39	0,25	0,32	0,49	0,31	0,22	0,26	0,28	0,23	0,34	0,33	0,51	0,36	0,44	0,31	0,33	0,25
KOR	0,11	0,11	0,26	0,11	0,10	0,14	0,23	0,17	0,25	0,20	0,27	0,17	0,27	0,14	0,20	0,14	0,16	0,32	0,13	0,25	0,11	0,14	0,07	0,18	0,15	0,36	0,19	0,29	0,12	0,13	0,09
LEO	0,19	0,21	0,24	0,20	0,18	0,22	0,28	0,21	0,25	0,23	0,30	0,21	0,31	0,22	0,27	0,22	0,25	0,41	0,19	0,35	0,18	0,24	0,14	0,25	0,25	0,40	0,24	0,32	0,19	0,21	0,14
LRT	0,19	0,20	0,29	0,19	0,18	0,23	0,25	0,22	0,29	0,22	0,31	0,22	0,31	0,19	0,27	0,21	0,26	0,41	0,25	0,35	0,14	0,23	0,15	0,25	0,22	0,38	0,23	0,30	0,21	0,18	0,17
MOP	0,19	0,24	0,31	0,20	0,20	0,21	0,29	0,24	0,34	0,27	0,32	0,20	0,35	0,20	0,24	0,17	0,28	0,45	0,23	0,28	0,19	0,20	0,16	0,28	0,24	0,40	0,26	0,33	0,26	0,26	0,20

	ARI	ASD	AST	BAF	BAR	BEA	BECo	BEN	BLD	BLF	BMD	BOCo	BOX	BRP	BRZ	BSD	BSG	BUT	CAT	CKC	COT	CSP	CUR	CWD	DAL	DBM	DOA	DOB	EPB	ESE	GBG
NFL	0,16	0,18	0,21	0,19	0,19	0,17	0,30	0,17	0,24	0,22	0,27	0,21	0,33	0,16	0,24	0,19	0,26	0,39	0,24	0,25	0,18	0,19	0,14	0,27	0,25	0,36	0,23	0,32	0,19	0,23	0,15
PNT	0,19	0,18	0,31	0,16	0,12	0,18	0,25	0,22	0,30	0,26	0,29	0,20	0,33	0,18	0,23	0,19	0,09	0,41	0,14	0,25	0,15	0,19	0,12	0,22	0,17	0,37	0,25	0,32	0,19	0,18	0,15
POO	0,12	0,15	0,24	0,13	0,09	0,13	0,21	0,17	0,21	0,19	0,24	0,15	0,26	0,13	0,18	0,10	0,17	0,34	0,17	0,25	0,10	0,13	0,07	0,17	0,15	0,34	0,17	0,25	0,11	0,12	0,09
RGCo	0,31	0,30	0,39	0,29	0,30	0,33	0,41	0,33	0,42	0,35	0,41	0,36	0,45	0,30	0,35	0,30	0,36	0,54	0,36	0,42	0,27	0,31	0,29	0,33	0,39	0,51	0,36	0,41	0,33	0,34	0,28
ROT	0,20	0,21	0,30	0,22	0,20	0,22	0,30	0,23	0,35	0,26	0,29	0,25	0,40	0,23	0,29	0,21	0,28	0,43	0,28	0,33	0,19	0,26	0,19	0,31	0,27	0,41	0,27	0,34	0,26	0,29	0,20
RUT	0,09	0,09	0,16	0,10	0,08	0,10	0,19	0,14	0,18	0,13	0,21	0,12	0,24	0,11	0,17	0,10	0,16	0,27	0,13	0,22	0,07	0,13	0,06	0,18	0,15	0,30	0,12	0,20	0,13	0,14	0,06
RWD	0,16	0,15	0,25	0,17	0,15	0,16	0,25	0,17	0,24	0,23	0,26	0,18	0,32	0,17	0,20	0,18	0,20	0,38	0,15	0,27	0,14	0,16	0,11	0,24	0,19	0,36	0,22	0,30	0,20	0,20	0,16
SDH	0,18	0,16	0,26	0,16	0,15	0,17	0,27	0,23	0,31	0,22	0,29	0,17	0,29	0,18	0,24	0,16	0,23	0,38	0,22	0,28	0,15	0,20	0,12	0,23	0,19	0,36	0,24	0,32	0,20	0,24	0,16
SHI	0,17	0,18	0,29	0,17	0,17	0,19	0,24	0,21	0,32	0,27	0,28	0,17	0,35	0,17	0,24	0,19	0,20	0,39	0,19	0,27	0,18	0,19	0,13	0,24	0,23	0,42	0,26	0,34	0,19	0,20	0,18
SHP	0,15	0,13	0,22	0,15	0,14	0,17	0,26	0,19	0,26	0,22	0,26	0,17	0,29	0,16	0,21	0,12	0,21	0,36	0,18	0,26	0,10	0,16	0,11	0,23	0,22	0,36	0,19	0,25	0,16	0,16	0,13
SHU	0,15	0,15	0,28	0,14	0,16	0,18	0,30	0,24	0,30	0,26	0,31	0,23	0,32	0,18	0,21	0,16	0,23	0,36	0,20	0,31	0,13	0,19	0,14	0,25	0,23	0,41	0,22	0,32	0,18	0,21	0,13
SPI	0,09	0,10	0,20	0,11	0,10	0,12	0,22	0,16	0,24	0,19	0,26	0,16	0,28	0,12	0,19	0,11	0,19	0,30	0,18	0,25	0,08	0,13	0,07	0,20	0,15	0,34	0,15	0,28	0,14	0,16	0,09
SSP	0,11	0,11	0,23	0,09	0,08	0,13	0,24	0,15	0,25	0,19	0,26	0,17	0,28	0,12	0,20	0,12	0,17	0,31	0,16	0,21	0,09	0,12	0,08	0,20	0,15	0,34	0,21	0,27	0,13	0,15	0,09
SWD	0,25	0,29	0,36	0,26	0,24	0,24	0,37	0,29	0,38	0,34	0,38	0,29	0,38	0,28	0,34	0,24	0,35	0,47	0,32	0,39	0,24	0,29	0,19	0,22	0,34	0,45	0,32	0,37	0,28	0,32	0,24
WDH	0,12	0,12	0,22	0,12	0,11	0,15	0,25	0,17	0,23	0,21	0,22	0,16	0,24	0,14	0,20	0,12	0,19	0,32	0,19	0,25	0,11	0,16	0,07	0,22	0,16	0,34	0,18	0,29	0,13	0,17	0,11
WEI	0,17	0,17	0,25	0,16	0,14	0,17	0,24	0,19	0,27	0,24	0,25	0,18	0,32	0,19	0,23	0,18	0,19	0,39	0,14	0,26	0,12	0,16	0,12	0,20	0,20	0,38	0,24	0,31	0,16	0,20	0,14
WHI	0,15	0,16	0,24	0,17	0,15	0,16	0,27	0,21	0,28	0,22	0,25	0,19	0,32	0,15	0,20	0,15	0,24	0,39	0,20	0,27	0,13	0,18	0,13	0,25	0,21	0,38	0,21	0,30	0,20	0,21	0,13
WHT	0,28	0,29	0,33	0,27	0,23	0,29	0,35	0,30	0,35	0,31	0,36	0,27	0,39	0,26	0,29	0,26	0,26	0,50	0,16	0,33	0,23	0,26	0,20	0,33	0,33	0,47	0,34	0,39	0,28	0,30	0,23
YOT	0,12	0,13	0,21	0,12	0,11	0,13	0,21	0,18	0,25	0,20	0,23	0,15	0,26	0,16	0,17	0,15	0,17	0,34	0,14	0,27	0,10	0,16	0,09	0,21	0,18	0,31	0,20	0,26	0,16	0,19	0,10
Wolf	0,14	0,17	0,22	0,15	0,13	0,16	0,26	0,19	0,26	0,19	0,23	0,15	0,25	0,16	0,20	0,15	0,19	0,37	0,18	0,28	0,11	0,17	0,10	0,19	0,20	0,36	0,18	0,27	0,17	0,16	0,10

	GPD	GRD	GRT	GSD	ICD	ISE	KCS	KOR	LEO	LRT	MOP	NFL	PNT	POO	RGCo	ROT	RUT	RWD	SDH	SHI	SHP	SHU	SPI	SSP	SWD	WDH	WEI	WHI	WHT	YOT	Wolf
ARI	*0,26*	*0,32*	*0,40*	*0,42*	*0,26*	*0,28*	*0,42*	*0,24*	*0,33*	*0,35*	*0,34*	*0,29*	*0,34*	*0,26*	*0,46*	*0,36*	*0,22*	*0,32*	*0,35*	*0,32*	*0,30*	*0,30*	*0,19*	*0,24*	*0,45*	*0,27*	*0,31*	*0,29*	*0,38*	*0,25*	*0,32*
ASD	*0,26*	*0,30*	*0,43*	*0,35*	*0,22*	*0,27*	*0,38*	*0,20*	*0,31*	*0,31*	*0,38*	*0,29*	*0,32*	*0,27*	*0,39*	*0,33*	*0,19*	*0,29*	*0,29*	*0,33*	*0,27*	*0,28*	*0,19*	*0,23*	*0,45*	*0,22*	*0,29*	*0,28*	*0,40*	*0,22*	*0,37*
AST	*0,40*	*0,43*	*0,43*	*0,42*	*0,31*	*0,36*	*0,47*	*0,38*	*0,35*	*0,41*	*0,49*	*0,31*	*0,47*	*0,39*	*0,51*	*0,44*	*0,30*	*0,41*	*0,41*	*0,46*	*0,38*	*0,42*	*0,32*	*0,38*	*0,53*	*0,34*	*0,38*	*0,37*	*0,41*	*0,34*	*0,42*
BAF	*0,28*	*0,34*	*0,38*	*0,44*	*0,27*	*0,28*	*0,36*	*0,22*	*0,34*	*0,33*	*0,34*	*0,36*	*0,31*	*0,25*	*0,43*	*0,40*	*0,20*	*0,33*	*0,30*	*0,31*	*0,31*	*0,29*	*0,25*	*0,22*	*0,45*	*0,25*	*0,31*	*0,31*	*0,39*	*0,23*	*0,37*
BAR	*0,23*	*0,32*	*0,37*	*0,37*	*0,20*	*0,23*	*0,37*	*0,21*	*0,30*	*0,30*	*0,33*	*0,34*	*0,22*	*0,19*	*0,45*	*0,36*	*0,19*	*0,27*	*0,29*	*0,32*	*0,31*	*0,32*	*0,21*	*0,20*	*0,42*	*0,24*	*0,27*	*0,28*	*0,33*	*0,24*	*0,33*
BEA	*0,28*	*0,29*	*0,39*	*0,38*	*0,25*	*0,30*	*0,38*	*0,25*	*0,37*	*0,40*	*0,34*	*0,31*	*0,33*	*0,25*	*0,47*	*0,38*	*0,21*	*0,31*	*0,30*	*0,33*	*0,36*	*0,33*	*0,23*	*0,27*	*0,40*	*0,28*	*0,30*	*0,31*	*0,42*	*0,26*	*0,37*
BECo	*0,33*	*0,37*	*0,44*	*0,48*	*0,32*	*0,35*	*0,54*	*0,38*	*0,38*	*0,36*	*0,44*	*0,43*	*0,39*	*0,34*	*0,58*	*0,46*	*0,34*	*0,39*	*0,42*	*0,40*	*0,47*	*0,50*	*0,36*	*0,39*	*0,58*	*0,42*	*0,35*	*0,43*	*0,47*	*0,37*	*0,52*
BEN	*0,32*	*0,29*	*0,40*	*0,43*	*0,25*	*0,30*	*0,47*	*0,30*	*0,33*	*0,38*	*0,37*	*0,27*	*0,35*	*0,31*	*0,48*	*0,35*	*0,27*	*0,30*	*0,38*	*0,35*	*0,36*	*0,42*	*0,27*	*0,30*	*0,47*	*0,31*	*0,34*	*0,33*	*0,44*	*0,34*	*0,42*
BLD	*0,36*	*0,41*	*0,41*	*0,52*	*0,28*	*0,41*	*0,56*	*0,37*	*0,35*	*0,40*	*0,49*	*0,36*	*0,42*	*0,35*	*0,54*	*0,48*	*0,30*	*0,39*	*0,50*	*0,50*	*0,44*	*0,45*	*0,35*	*0,41*	*0,57*	*0,38*	*0,42*	*0,40*	*0,45*	*0,39*	*0,46*
BLF	*0,37*	*0,35*	*0,42*	*0,48*	*0,25*	*0,38*	*0,47*	*0,34*	*0,35*	*0,33*	*0,44*	*0,34*	*0,40*	*0,34*	*0,47*	*0,38*	*0,25*	*0,40*	*0,38*	*0,49*	*0,40*	*0,45*	*0,36*	*0,35*	*0,55*	*0,38*	*0,41*	*0,32*	*0,42*	*0,35*	*0,38*
BMD	*0,43*	*0,42*	*0,47*	*0,52*	*0,41*	*0,43*	*0,47*	*0,42*	*0,45*	*0,44*	*0,47*	*0,43*	*0,43*	*0,41*	*0,56*	*0,40*	*0,38*	*0,42*	*0,46*	*0,45*	*0,47*	*0,51*	*0,45*	*0,46*	*0,57*	*0,39*	*0,38*	*0,41*	*0,51*	*0,39*	*0,45*
BOCo	*0,32*	*0,31*	*0,43*	*0,44*	*0,26*	*0,29*	*0,44*	*0,33*	*0,35*	*0,34*	*0,35*	*0,38*	*0,35*	*0,29*	*0,53*	*0,40*	*0,24*	*0,35*	*0,32*	*0,34*	*0,34*	*0,40*	*0,29*	*0,33*	*0,52*	*0,30*	*0,31*	*0,33*	*0,37*	*0,32*	*0,38*
BOX	*0,42*	*0,44*	*0,50*	*0,47*	*0,29*	*0,40*	*0,58*	*0,41*	*0,39*	*0,42*	*0,51*	*0,48*	*0,48*	*0,44*	*0,60*	*0,53*	*0,39*	*0,45*	*0,45*	*0,52*	*0,47*	*0,48*	*0,44*	*0,48*	*0,52*	*0,39*	*0,49*	*0,46*	*0,50*	*0,43*	*0,44*
BRP	*0,30*	*0,30*	*0,39*	*0,43*	*0,24*	*0,27*	*0,38*	*0,29*	*0,36*	*0,31*	*0,32*	*0,29*	*0,30*	*0,27*	*0,44*	*0,38*	*0,24*	*0,30*	*0,31*	*0,34*	*0,33*	*0,35*	*0,24*	*0,25*	*0,47*	*0,27*	*0,36*	*0,28*	*0,36*	*0,31*	*0,35*
BRZ	*0,37*	*0,44*	*0,45*	*0,49*	*0,36*	*0,38*	*0,55*	*0,37*	*0,43*	*0,46*	*0,40*	*0,42*	*0,40*	*0,38*	*0,58*	*0,47*	*0,35*	*0,37*	*0,43*	*0,42*	*0,43*	*0,36*	*0,35*	*0,40*	*0,56*	*0,37*	*0,40*	*0,34*	*0,43*	*0,35*	*0,45*
BSD	*0,30*	*0,30*	*0,38*	*0,34*	*0,26*	*0,31*	*0,40*	*0,28*	*0,38*	*0,38*	*0,28*	*0,37*	*0,35*	*0,24*	*0,46*	*0,36*	*0,24*	*0,35*	*0,32*	*0,37*	*0,28*	*0,32*	*0,25*	*0,27*	*0,44*	*0,27*	*0,37*	*0,30*	*0,41*	*0,33*	*0,39*
BSG	*0,29*	*0,41*	*0,48*	*0,51*	*0,32*	*0,32*	*0,39*	*0,28*	*0,39*	*0,42*	*0,42*	*0,41*	*0,17*	*0,32*	*0,53*	*0,42*	*0,32*	*0,34*	*0,39*	*0,36*	*0,41*	*0,40*	*0,35*	*0,33*	*0,54*	*0,32*	*0,34*	*0,40*	*0,34*	*0,35*	*0,41*
BUT	*0,47*	*0,54*	*0,57*	*0,62*	*0,39*	*0,45*	*0,58*	*0,46*	*0,56*	*0,53*	*0,65*	*0,48*	*0,57*	*0,50*	*0,73*	*0,52*	*0,41*	*0,55*	*0,52*	*0,57*	*0,52*	*0,50*	*0,41*	*0,45*	*0,63*	*0,45*	*0,55*	*0,52*	*0,61*	*0,50*	*0,56*
CAT	*0,27*	*0,37*	*0,41*	*0,50*	*0,28*	*0,30*	*0,39*	*0,26*	*0,29*	*0,40*	*0,33*	*0,38*	*0,27*	*0,33*	*0,54*	*0,41*	*0,23*	*0,32*	*0,39*	*0,34*	*0,34*	*0,35*	*0,33*	*0,30*	*0,52*	*0,32*	*0,25*	*0,29*	*0,18*	*0,25*	*0,40*
CKC	*0,39*	*0,36*	*0,44*	*0,51*	*0,39*	*0,39*	*0,20*	*0,36*	*0,48*	*0,47*	*0,38*	*0,38*	*0,33*	*0,39*	*0,54*	*0,40*	*0,33*	*0,39*	*0,42*	*0,42*	*0,43*	*0,44*	*0,37*	*0,31*	*0,53*	*0,37*	*0,39*	*0,36*	*0,36*	*0,38*	*0,45*
COT	*0,25*	*0,29*	*0,34*	*0,35*	*0,21*	*0,23*	*0,40*	*0,24*	*0,31*	*0,27*	*0,31*	*0,34*	*0,30*	*0,23*	*0,42*	*0,34*	*0,16*	*0,28*	*0,27*	*0,36*	*0,26*	*0,30*	*0,20*	*0,21*	*0,44*	*0,23*	*0,26*	*0,25*	*0,34*	*0,21*	*0,29*

	GPD	GRD	GRT	GSD	ICD	ISE	KCS	KOR	LEO	LRT	MOP	NFL	PNT	POO	RGCo	ROT	RUT	RWD	SDH	SHI	SHP	SHU	SPI	SSP	SWD	WDH	WEI	WHI	WHT	YOT	Wolf
CSP	*0,33*	*0,37*	*0,43*	*0,48*	*0,30*	*0,29*	*0,41*	*0,26*	*0,40*	*0,38*	*0,34*	*0,37*	*0,35*	*0,28*	*0,47*	*0,47*	*0,27*	*0,30*	*0,38*	*0,36*	*0,35*	*0,40*	*0,27*	*0,24*	*0,49*	*0,31*	*0,33*	*0,35*	*0,37*	*0,32*	*0,42*
CUR	*0,18*	*0,24*	*0,31*	*0,34*	*0,17*	*0,20*	*0,34*	*0,18*	*0,27*	*0,27*	*0,28*	*0,26*	*0,23*	*0,19*	*0,46*	*0,33*	*0,14*	*0,24*	*0,25*	*0,26*	*0,25*	*0,28*	*0,19*	*0,21*	*0,38*	*0,18*	*0,25*	*0,26*	*0,33*	*0,22*	*0,29*
CWD	*0,39*	*0,45*	*0,43*	*0,22*	*0,30*	*0,41*	*0,47*	*0,32*	*0,41*	*0,40*	*0,45*	*0,46*	*0,36*	*0,32*	*0,48*	*0,47*	*0,37*	*0,41*	*0,38*	*0,41*	*0,43*	*0,42*	*0,40*	*0,38*	*0,24*	*0,40*	*0,37*	*0,45*	*0,49*	*0,40*	*0,41*
DAL	*0,28*	*0,32*	*0,39*	*0,50*	*0,30*	*0,35*	*0,42*	*0,27*	*0,41*	*0,35*	*0,39*	*0,40*	*0,30*	*0,26*	*0,55*	*0,40*	*0,28*	*0,34*	*0,35*	*0,40*	*0,38*	*0,41*	*0,29*	*0,31*	*0,53*	*0,32*	*0,35*	*0,32*	*0,43*	*0,32*	*0,42*
DBM	*0,49*	*0,47*	*0,49*	*0,56*	*0,36*	*0,47*	*0,59*	*0,51*	*0,51*	*0,46*	*0,52*	*0,45*	*0,47*	*0,47*	*0,65*	*0,48*	*0,43*	*0,46*	*0,49*	*0,59*	*0,53*	*0,59*	*0,48*	*0,49*	*0,53*	*0,48*	*0,50*	*0,47*	*0,59*	*0,44*	*0,52*
DOA	*0,35*	*0,37*	*0,47*	*0,43*	*0,26*	*0,40*	*0,53*	*0,37*	*0,42*	*0,38*	*0,43*	*0,40*	*0,43*	*0,34*	*0,51*	*0,40*	*0,27*	*0,40*	*0,43*	*0,45*	*0,37*	*0,42*	*0,31*	*0,46*	*0,54*	*0,36*	*0,44*	*0,38*	*0,49*	*0,37*	*0,42*
DOB	*0,44*	*0,40*	*0,50*	*0,53*	*0,35*	*0,38*	*0,58*	*0,45*	*0,48*	*0,42*	*0,47*	*0,47*	*0,44*	*0,38*	*0,53*	*0,49*	*0,32*	*0,42*	*0,48*	*0,50*	*0,38*	*0,48*	*0,40*	*0,43*	*0,55*	*0,44*	*0,46*	*0,42*	*0,51*	*0,42*	*0,46*
EPB	*0,30*	*0,34*	*0,37*	*0,42*	*0,25*	*0,28*	*0,46*	*0,24*	*0,35*	*0,34*	*0,44*	*0,32*	*0,30*	*0,25*	*0,53*	*0,42*	*0,26*	*0,37*	*0,35*	*0,37*	*0,34*	*0,37*	*0,31*	*0,25*	*0,51*	*0,27*	*0,32*	*0,37*	*0,42*	*0,30*	*0,40*
ESE	*0,29*	*0,39*	*0,37*	*0,52*	*0,31*	*0,25*	*0,46*	*0,23*	*0,36*	*0,29*	*0,40*	*0,40*	*0,29*	*0,25*	*0,50*	*0,48*	*0,26*	*0,33*	*0,40*	*0,35*	*0,31*	*0,40*	*0,29*	*0,28*	*0,53*	*0,30*	*0,31*	*0,34*	*0,40*	*0,33*	*0,35*
GBG	*0,23*	*0,30*	*0,37*	*0,40*	*0,22*	*0,23*	*0,39*	*0,20*	*0,28*	*0,31*	*0,34*	*0,29*	*0,27*	*0,22*	*0,44*	*0,37*	*0,17*	*0,31*	*0,32*	*0,36*	*0,31*	*0,28*	*0,21*	*0,22*	*0,47*	*0,24*	*0,29*	*0,26*	*0,38*	*0,23*	*0,29*
GPD		*0,33*	*0,41*	*0,42*	*0,24*	*0,23*	*0,38*	*0,21*	*0,30*	*0,31*	*0,37*	*0,32*	*0,22*	*0,26*	*0,47*	*0,41*	*0,22*	*0,27*	*0,33*	*0,33*	*0,36*	*0,33*	*0,21*	*0,21*	*0,46*	*0,23*	*0,25*	*0,32*	*0,37*	*0,27*	*0,34*
GRD	0,16		*0,41*	*0,49*	*0,27*	*0,33*	*0,46*	*0,32*	*0,35*	*0,40*	*0,40*	*0,33*	*0,34*	*0,30*	*0,51*	*0,38*	*0,24*	*0,34*	*0,35*	*0,39*	*0,35*	*0,41*	*0,29*	*0,35*	*0,54*	*0,35*	*0,32*	*0,33*	*0,41*	*0,38*	*0,40*
GRT	0,25	0,23		*0,53*	*0,37*	*0,38*	*0,51*	*0,36*	*0,42*	*0,45*	*0,42*	*0,33*	*0,41*	*0,33*	*0,61*	*0,51*	*0,37*	*0,48*	*0,41*	*0,44*	*0,39*	*0,45*	*0,40*	*0,38*	*0,56*	*0,34*	*0,44*	*0,44*	*0,50*	*0,42*	*0,49*
GSD	0,26	0,27	0,35		*0,34*	*0,46*	*0,50*	*0,36*	*0,46*	*0,43*	*0,50*	*0,51*	*0,47*	*0,40*	*0,51*	*0,48*	*0,36*	*0,44*	*0,35*	*0,45*	*0,42*	*0,40*	*0,39*	*0,45*	*0,37*	*0,37*	*0,42*	*0,42*	*0,57*	*0,40*	*0,50*
ICD	0,13	0,14	0,22	0,20		*0,26*	*0,44*	*0,21*	*0,29*	*0,28*	*0,36*	*0,26*	*0,28*	*0,24*	*0,44*	*0,37*	*0,18*	*0,29*	*0,30*	*0,30*	*0,31*	*0,31*	*0,25*	*0,26*	*0,42*	*0,24*	*0,30*	*0,27*	*0,35*	*0,25*	*0,34*
ISE	0,11	0,18	0,23	0,27	0,13		*0,41*	*0,24*	*0,33*	*0,33*	*0,36*	*0,29*	*0,26*	*0,25*	*0,48*	*0,45*	*0,28*	*0,30*	*0,35*	*0,35*	*0,36*	*0,37*	*0,28*	*0,21*	*0,44*	*0,26*	*0,31*	*0,31*	*0,38*	*0,30*	*0,33*
KCS	0,27	0,30	0,38	0,37	0,29	0,29		*0,36*	*0,52*	*0,47*	*0,47*	*0,44*	*0,34*	*0,42*	*0,57*	*0,44*	*0,39*	*0,44*	*0,46*	*0,50*	*0,47*	*0,47*	*0,39*	*0,35*	*0,52*	*0,39*	*0,45*	*0,41*	*0,35*	*0,40*	*0,47*
KOR	0,09	0,17	0,24	0,22	0,11	0,13	0,28		*0,28*	*0,34*	*0,39*	*0,33*	*0,23*	*0,22*	*0,43*	*0,42*	*0,21*	*0,28*	*0,34*	*0,30*	*0,34*	*0,27*	*0,23*	*0,23*	*0,41*	*0,25*	*0,26*	*0,33*	*0,36*	*0,26*	*0,40*
LEO	0,16	0,22	0,27	0,31	0,18	0,18	0,39	0,16		*0,39*	*0,48*	*0,37*	*0,36*	*0,34*	*0,53*	*0,39*	*0,31*	*0,36*	*0,40*	*0,40*	*0,45*	*0,41*	*0,32*	*0,34*	*0,59*	*0,33*	*0,27*	*0,36*	*0,38*	*0,36*	*0,41*
LRT	0,16	0,23	0,30	0,29	0,16	0,19	0,35	0,20	0,25		*0,45*	*0,37*	*0,32*	*0,33*	*0,47*	*0,46*	*0,29*	*0,35*	*0,40*	*0,40*	*0,39*	*0,43*	*0,33*	*0,34*	*0,52*	*0,39*	*0,37*	*0,38*	*0,46*	*0,32*	*0,40*
MOP	0,21	0,24	0,28	0,31	0,21	0,21	0,36	0,22	0,29	0,30		*0,42*	*0,35*	*0,33*	*0,51*	*0,39*	*0,33*	*0,34*	*0,34*	*0,34*	*0,36*	*0,44*	*0,37*	*0,37*	*0,51*	*0,35*	*0,41*	*0,33*	*0,42*	*0,39*	*0,44*
NFL	0,19	0,18	0,22	0,31	0,15	0,17	0,32	0,20	0,23	0,24	0,25		*0,36*	*0,31*	*0,47*	*0,42*	*0,30*	*0,39*	*0,37*	*0,39*	*0,38*	*0,41*	*0,32*	*0,31*	*0,53*	*0,30*	*0,36*	*0,40*	*0,42*	*0,33*	*0,41*
PNT	0,12	0,19	0,29	0,31	0,17	0,15	0,28	0,12	0,23	0,21	0,23	0,22		*0,26*	*0,51*	*0,42*	*0,27*	*0,29*	*0,35*	*0,30*	*0,36*	*0,39*	*0,30*	*0,26*	*0,48*	*0,32*	*0,28*	*0,33*	*0,28*	*0,31*	*0,36*
POO	0,11	0,14	0,20	0,23	0,11	0,12	0,28	0,11	0,18	0,20	0,18	0,16	0,14		*0,42*	*0,41*	*0,24*	*0,30*	*0,31*	*0,30*	*0,30*	*0,32*	*0,23*	*0,25*	*0,43*	*0,25*	*0,29*	*0,32*	*0,40*	*0,30*	*0,33*
RGCo	0,31	0,34	0,41	0,39	0,30	0,31	0,46	0,29	0,37	0,35	0,36	0,34	0,35	0,28		*0,57*	*0,41*	*0,53*	*0,51*	*0,61*	*0,54*	*0,52*	*0,47*	*0,50*	*0,54*	*0,46*	*0,54*	*0,50*	*0,53*	*0,49*	*0,53*
ROT	0,23	0,23	0,34	0,33	0,23	0,25	0,37	0,25	0,27	0,30	0,26	0,27	0,27	0,22	0,41		*0,31*	*0,42*	*0,40*	*0,47*	*0,48*	*0,43*	*0,37*	*0,42*	*0,61*	*0,38*	*0,45*	*0,33*	*0,50*	*0,41*	*0,48*
RUT	0,10	0,11	0,20	0,19	0,08	0,12	0,25	0,09	0,17	0,16	0,18	0,16	0,13	0,11	0,26	0,17		*0,27*	*0,28*	*0,32*	*0,23*	*0,30*	*0,20*	*0,20*	*0,47*	*0,24*	*0,30*	*0,24*	*0,35*	*0,19*	*0,29*
RWD	0,13	0,18	0,29	0,27	0,15	0,16	0,32	0,13	0,21	0,22	0,20	0,21	0,15	0,15	0,35	0,24	0,13		*0,33*	*0,33*	*0,40*	*0,41*	*0,29*	*0,29*	*0,48*	*0,30*	*0,31*	*0,35*	*0,37*	*0,31*	*0,39*
SDH	0,17	0,18	0,27	0,23	0,16	0,16	0,32	0,18	0,25	0,24	0,19	0,22	0,20	0,17	0,34	0,25	0,13	0,18		*0,34*	*0,36*	*0,37*	*0,31*	*0,30*	*0,49*	*0,23*	*0,36*	*0,33*	*0,46*	*0,31*	*0,35*
SHI	0,17	0,21	0,28	0,30	0,17	0,16	0,34	0,16	0,23	0,25	0,21	0,22	0,17	0,16	0,38	0,28	0,15	0,18	0,20		*0,34*	*0,35*	*0,29*	*0,34*	*0,50*	*0,36*	*0,35*	*0,38*	*0,42*	*0,36*	*0,42*
SHP	0,17	0,14	0,21	0,23	0,15	0,16	0,29	0,16	0,24	0,21	0,22	0,18	0,19	0,12	0,33	0,27	0,09	0,19	0,18	0,19		*0,31*	*0,27*	*0,32*	*0,51*	*0,30*	*0,38*	*0,34*	*0,43*	*0,34*	*0,36*
SHU	0,17	0,21	0,27	0,27	0,16	0,19	0,33	0,14	0,25	0,24	0,27	0,24	0,22	0,15	0,32	0,27	0,13	0,22	0,21	0,21	0,15		*0,28*	*0,33*	*0,45*	*0,31*	*0,37*	*0,34*	*0,45*	*0,31*	*0,42*
SPI	0,11	0,15	0,22	0,23	0,13	0,15	0,26	0,10	0,19	0,19	0,21	0,17	0,17	0,10	0,31	0,21	0,09	0,16	0,16	0,16	0,12	0,13		*0,24*	*0,46*	*0,22*	*0,32*	*0,28*	*0,40*	*0,26*	*0,31*
SSP	0,09	0,17	0,22	0,25	0,12	0,09	0,25	0,11	0,19	0,18	0,20	0,16	0,13	0,11	0,30	0,23	0,08	0,15	0,14	0,16	0,13	0,15	0,12		*0,46*	*0,26*	*0,30*	*0,33*	*0,37*	*0,24*	*0,33*
SWD	0,25	0,31	0,36	0,30	0,24	0,24	0,39	0,24	0,36	0,33	0,33	0,33	0,31	0,24	0,41	0,40	0,24	0,30	0,31	0,31	0,29	0,29	0,25	0,24		*0,48*	*0,49*	*0,53*	*0,55*	*0,43*	*0,47*
WDH	0,12	0,17	0,19	0,24	0,13	0,13	0,27	0,14	0,20	0,22	0,21	0,16	0,19	0,11	0,32	0,21	0,11	0,17	0,13	0,21	0,14	0,16	0,11	0,13	0,27		*0,30*	*0,32*	*0,42*	*0,26*	*0,35*
WEI	0,13	0,17	0,28	0,26	0,17	0,17	0,31	0,13	0,17	0,22	0,24	0,21	0,15	0,15	0,35	0,28	0,14	0,16	0,21	0,19	0,18	0,21	0,17	0,14	0,30	0,18		*0,42*	*0,37*	*0,29*	*0,42*
WHI	0,18	0,18	0,28	0,25	0,14	0,16	0,31	0,18	0,23	0,24	0,21	0,22	0,21	0,16	0,33	0,20	0,12	0,18	0,16	0,22	0,16	0,20	0,15	0,17	0,32	0,16	0,23		*0,34*	*0,31*	*0,38*
WHT	0,25	0,24	0,36	0,40	0,22	0,25	0,36	0,24	0,30	0,33	0,32	0,30	0,20	0,25	0,40	0,37	0,22	0,24	0,31	0,28	0,25	0,30	0,27	0,24	0,40	0,27	0,26	0,26		*0,32*	*0,41*
YOT	0,13	0,16	0,24	0,23	0,12	0,12	0,29	0,13	0,19	0,19	0,21	0,19	0,15	0,14	0,29	0,23	0,08	0,16	0,15	0,18	0,14	0,15	0,13	0,11	0,24	0,12	0,14	0,16	0,21		*0,29*
Wolf	0,14	0,16	0,24	0,26	0,14	0,13	0,30	0,17	0,20	0,20	0,21	0,19	0,16	0,12	0,31	0,25	0,11	0,17	0,16	0,20	0,13	0,19	0,14	0,12	0,25	0,13	0,18	0,17	0,24	0,10	

C - Conclusion

L'utilisation de 1514 individus appartenant à 61 races a permis une analyse à grande échelle de la diversité inter-raciale au sein de l'espèce canine. Si au regard des 300 races élevées en France, l'échantillonnage des populations est loin d'être exhaustif, deux principaux résultats ressortent néanmoins de cette étude.

Comparativement à d'autres espèces telles que la poule (Berthouly *et al.*, 2008) ou le cheval (Leroy *et al.*, 2008), il apparaît difficile de mettre en évidence des groupes homogènes rassemblant plus de deux ou trois races génétiquement proches. Ce résultat, similaire à ce qui a pu être retrouvé dans d'autres études sur l'espèce canine (Parker *et al.*, 2007), est sans doute lié à l'intensité des goulots d'étranglement qui ont suivi la création des races canines. Les fortes corrélations trouvées entre contributions à la variabilité inter-raciale et contribution à la variabilité intra-raciale viennent confirmer cette hypothèse.

Les races semblent constituer en revanche des structures génétiques homogènes dans l'ensemble. Ce résultat est bien illustré par les pourcentages élevés d'affectation raciale (jusqu'à 98.3% d'affectations correctes). Il est intéressant de constater une variabilité de ces affectations en fonction des races et des méthodes employées. En effet, les races les plus hétérozygotes semblent avoir des scores d'affectation plus faibles que la moyenne, au moins pour des méthodes directes d'affectation. Ce n'est pas la première fois qu'une étude montre qu'il est possible d'affecter des chiens à une race à partir de marqueurs moléculaires. Le fait que le panel ISAG ait été utilisé permet de supposer que ce panel pourrait être employé dans des applications concernant des chiens de généalogie inconnue.

Cinquième partie

Discussion générale et Conclusion

Au cours de ce travail, plusieurs approches ont été employées pour évaluer des critères de diversité des populations canines. Une partie des critères évalués était spécifique de certaines approches. Dans d'autre cas en revanche, les analyses traitant des mêmes phénomènes, une analyse comparative entre les approches était réalisable. De telles comparaisons ayant déjà été effectuées entre les données généalogiques et moléculaires au sein de la 3ème partie, nous allons maintenant confronter ces analyses aux résultats de l'enquête, ainsi qu'à certaines données statistiques obtenues du LOF. Nous nous intéresserons ensuite aux solutions envisageables pour d'améliorer la gestion de la variabilité génétique des races, ainsi qu'aux suites à donner à ce travail.

I. Comparaison des données apportées par les différentes approches

Le regroupement des races au sein des groupes de la nomenclature FCI a permis de discriminer un certain nombre de procédés employés par les éleveurs en terme de pratiques d'élevage. Il paraît donc intéressant d'observer si de telles différences peuvent être mises en relation avec les paramètres que nous avons pu mesurer à partir des données généalogiques ou moléculaires. Les 61 races utilisées représentent les dix groupes de la FCI, mais elles ne sont cependant pas exhaustives des 300 races élevées en France et, *a fortiori*, de la diversité des races élevées à l'échelle mondiale. Afin d'apporter des informations complémentaires à ces comparaisons entre approches, le tableau 5.1 présente certaines statistiques globales obtenues en fonction des groupes, à partir des données d'inscriptions au LOF en 2007.

Tableau 5.1 - Statistiques d'inscriptions au LOF en 2007											
Statistiques LOF 2007	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	**Ensemble**
Total des inscriptions	32 203	26 514	26 576	3 995	4 219	13 490	22 768	23 107	25 780	2 251	**180 903**
% de pedigrees à l'export sur le total des inscriptions	3,3%	3,1%	1,4%	2,4%	5,6%	1,8%	1,6%	1,9%	2,7%	8,0%	**2,5%**
% d'inscriptions au titre de l'import	0,7%	1,1%	0,7%	1,1%	2,1%	0,4%	0,4%	0,4%	1,1%	2,5%	**0,8%**
% d'inscriptions à titre initial	0,4%	0,1%	0,2%	0,0%	2,5%	4,3%	0,1%	0,0%	0,3%	0,6%	**0,6%**
% d'inscriptions issues de père étranger	5,2%	6,5%	2,5%	5,3%	3,2%	0,9%	2,1%	2,7%	1,5%	6,9%	**3,4%**

Avant de s'intéresser à la comparaison des approches proprement dite, certains chiffres obtenus sur l'ensemble de la population LOF méritent d'être soulignés. D'une part, les inscriptions au titre de l'import constituent moins de 0,8% du total des inscriptions au LOF, soit trois fois moins que le nombre de pedigrees établis au titre de l'exportation. Ceci souligne l'importance du cheptel français de chien de race d'un point de vue international. Il convient de remarquer que les groupes raciaux pour lesquels il y a le plus d'importations (groupe 5 et 10) sont aussi ceux pour lesquels les exportations sont les plus nombreuses. Ce résultat suggère que les populations concernées sont gérées de manière beaucoup plus internationale que les autres races. D'autre part, il est intéressant de constater que la fréquence des inscriptions issues d'une saillie avec un mâle étranger est quatre fois plus importante que celle des inscriptions au titre de l'import. En terme de flux de gènes, l'utilisation de reproducteurs étrangers, pourrait en conséquence être considérée comme beaucoup plus importante que les importations d'animaux. Cette assertion doit cependant être tempérée par le fait que les importations sont souvent effectuées afin d'obtenir des reproducteurs, qui vont donc transmettre leurs gènes à la génération suivante.

Les statistiques d'importations et d'inscriptions à titre initial semblent en cohérence avec les résultats obtenus à partir de l'enquête et des analyses généalogiques. Nous avons pu constater que les éleveurs des 4, 5 et 10èmes groupes indiquaient plus fréquemment que les autres effectuer des saillies à l'étranger. Ce n'est donc pas un hasard si, au sein de ces même groupes, il existe, d'une part, une proportion importante d'importations et de saillies

effectuées avec un étalon étranger, et, d'autre part, le nombre de générations remontées (sans prendre en compte la race Cursinu) reste modéré pour les races en question. En comparaison, les résultats obtenus pour les races des groupes 6 et 7 (questionnaire et statistiques LOF) indiquent peu d'introgressions en provenance de pays étrangers. Si au sein du groupe 6, la fréquence des inscriptions à titre initial est très élevée (presque 5% des inscriptions), elle est quasiment nulle pour le 7ème groupe, ce qui est cohérent avec les valeurs d'*EqG* élevées calculées pour les races de ce groupe.

Les intervalles de générations obtenus à partir des analyses généalogiques à partir des données du LOF, et les âges à la reproduction évalués à partir du questionnaire constituent une autre source de comparaison possible. Les races des 2 et 3èmes groupes, qui selon l'enquête, avaient des âges moyens de début et de fin de carrière de reproducteurs précoces, montraient aussi des intervalles de génération plus courts. Les résultats de l'enquête sur les âges de mise à la reproduction et de fin de carrière doivent cependant être relativisés.

En effet, en estimant ces derniers avec les données généalogiques sur trois races (Berger allemand, Cavalier King Charles, Epagneul breton), il a été possible de mettre en évidence une sous-estimation de l'âge moyen de mise à la reproduction par les éleveurs, ainsi qu'une sur-estimation de l'âge moyen de fin de carrière (Tableau 5.2).

Tableau 5.2 - Âges de mise à la reproduction et de fin de carrière évalués sur trois races à partir des données de l'enquête et des généalogies (d'après le travail de Sacy et Lenepveu (2008))

Age moyen de mise à la reproduction (en années)						
	Berger allemand		Cavalier King Charles		Epagneul breton	
Donnée source	Etalon	Lice	Etalon	Lice	Etalon	Lice
généalogie	3,3	3,0	2,3	2,4	3,6	3,4
questionnaire	2,1	2,2	1,7	2,2	2,4	2,6
Age moyen de fin de carrière de reproducteur (en années)						
	Berger allemand		Cavalier King Charles		Epagneul breton	
Donnée source	Etalon	Lice	Etalon	Lice	Etalon	Lice
généalogie	5,1	4,9	4,6	4,2	5,4	4,7
questionnaire	8,7	7,2	8,2	6,6	9,5	7,2

Les différences entre les résultats obtenus par les deux types de données étaient significatives ($P<0.0001$) Les tendances entre races restaient cependant les mêmes selon les deux sources. De telles différences peuvent s'expliquer par le fait que les éleveurs ont probablement donné leurs estimations minimale et maximale des âges de reproduction sur l'ensemble de leurs reproducteurs, et non une moyenne, ce qui a pu induire les sous-estimations et sur-estimations respectives. Les biais d'échantillonage ont aussi pu jouer sur les résultats de l'enquête. Ces différences illustrent bien le fait que certains éléments de réponses du questionnaire correspondent aux ressentis des éleveurs, et demandent à être interprétés avec précaution.

En terme de variabilité, il apparaît difficile d'établir des comparaisons sur la base des groupes FCI. En effet, les situations sont trop variables au sein des groupes, notamment en terme d'effectifs, pour obtenir de véritables tendances à partir des données généalogiques. Les races du groupe 7 montrent effectivement des coefficients élevés de parenté, mais ceci est en grande partie dû au fait que nous disposons de généalogies très complètes pour ces races. En ce qui concerne les données moléculaires, nous n'avons pas pu mettre en évidence de tendances entre groupes, en terme d'hétérozygotie. Il est en revanche intéressant de constater que les relations génétiques mises en évidence à partir de l'approche inter-populations sont, la plupart du temps, cohérentes avec la classification FCI. Les couples et le triplet de races obtenus à partir des valeurs significatives de bootstrap sont classés dans les même groupes. Les regroupements obtenus à partir des approches bayesiennes concernent fréquement les chiens de mêmes groupes, avec par exemple, les chiens d'arrêt ou les chiens de vènerie dans des clusters respectifs. Les résultats peuvent cependant être en contradiction avec la nomenclature FCI, fondée sur des critères de classification (morphologiques, historiques et d'utilisation) parfois divergents. Ainsi il n'est pas étonnant que le Bouledogue français (groupe 9) se retrouve dans le même cluster que le Bull dog (groupe 2), ainsi que le Bull terrier et l'American Staffordshire terrier (groupe 3). Ces quatre races partagent en effet une histoire commune.

II. Maintien de la variabilité génétique au sein des populations

Pour les gestionnaires de races, sélectionner une population sur un standard ou des aptitudes, tout en cherchant à maintenir une certaine variabilité génétique, doit être un défi permanent. En effet, ces objectifs sont parfois antinomiques, et il convient donc pour les éleveurs et les clubs de maintenir un équilibre entre ces deux directions. Au cours des lignes qui vont suivre, nous tenterons d'apporter un certain nombre d'éléments d'information permettant d'orienter les choix de gestion de la variabilité à l'intérieur des populations.

Il existe de nombreuses solutions permettant de gérer la variabilité au sein des races. Mais toutes ne sont pas adaptées à un contexte précis. Par exemple, les mesures de gestion doivent être adaptées aux effectifs des populations, comme le souligne Denis (1997). Si les populations à faible effectif sont concernées en premier lieu par une perte potentielle de variabilité, il convient aussi de surveiller les races plus importantes numériquement. Au cours des dernières années, un certain nombre de ces populations ont souffert de l'accroissement de l'incidence de certaines affections héréditaires (Brooks et Sargan, 2001), et nous avons pu voir au cours de ce travail que les races qui montraient une hétérozygotie faible n'étaient pas forcément des populations à faible effectif.

Les phénomènes responsables de la perte de diversité ou, au contraire, permettant d'améliorer la variabilité génétique au sein des races ont été évoqués dans la première partie de la thèse. Nous étudierons comment jouer sur ces mécanismes afin d'améliorer la gestion de la variabilité des populations, en illustrant notre propos à partir des races que nous avons pu étudier au cours de ce travail.

1. Dérive génétique et gestion des effectifs

La dérive génétique touche d'autant plus les populations que le nombre de leurs reproducteurs est faible. Notons que parmi les 54 races d'origine française, 14 montraient en 2003 des tailles de population inferieures à 1 000 individus (Leroy, 2004), et dont probablement un nombre de reproducteurs très faible. Dans notre étude, deux races pouvaient

être prises en exemple : le Barbet et le Braque Saint-Germain. La situation est un peu différente pour le Cursinu, reconnu très récemment, et qui montre déjà un nombre d'inscriptions (125 en 2007) largement supérieur aux deux races précédentes (32 et 26 inscriptions respectivement). Pour les clubs concernés, le principal objectif doit être d'augmenter les effectifs de la population active (c'est-à-dire participant à la reproduction), ce qui passe par la motivation de nouveaux propriétaires et éleveurs, et donc par une promotion dynamique de la race. Ceci est bien illustré par l'ouvrage de Triquet (1997) sur la renaissance de la race Dogue de Bordeaux. Il est aussi du devoir de la SCC de soutenir cette promotion afin de faire connaître ces populations au grand public, à l'image de ce qui a été fait, par exemple, en 2006, avec l'édition de plaquettes sur les races à petit effectif.

2. Maximisation et usage équilibré du nombre de reproducteurs

Le calcul du nombre d'ancêtres efficace (*fa*) a permis, nous l'avons vu, de bien illustrer l'utilisation déséquilibrée des reproducteurs au sein des races canines. Les populations à petit effectif ne sont pas les seules concernées. Dans un certain nombre des races étudiées d'effectifs importants (Epagneul breton et American Staffordshire terrier par exemple), ce nombre efficace d'ancêtres tourne autour d'une trentaine d'individus. Or nous savons que ce déséquilibre d'utilisation des reproducteurs a tendance à accélérer la dérive génétique.

Pour les clubs qui souhaitent limiter ce déséquilibre, plusieurs mesures sont envisageables. Il peut s'agir de promouvoir un nombre étendu de reproducteurs lors des expositions nationales d'élevage, ou bien de fixer un nombre maximal de saillies effectuées par un mâle au cours d'une année. Notons qu'une telle mesure est déjà employée par certains clubs étrangers (par exemple Club du Berger allemand en Allemagne) et qu'elle est d'usage courant en élevage de chevaux.

3. Limitation des unions entre apparentés

Selon certains auteurs (Caballero et Toro, 2000), la méthode la plus efficace pour maintenir la variabilité génétique au sein des populations reste de minimiser l'apparentement au sein des reproducteurs d'une génération. En conséquence, si l'union entre apparentés est à déconseiller pour les populations numériquement importantes, cette pratique est clairement à proscrire

pour les races à faible effectif. Il convient donc de saluer les efforts de maintien de la variabilité au sein de la race Braque Saint-Germain, qui se traduisent par une consanguinité réelle plus faible que la consanguinité attendue. Une deuxième recommandation peut-être faite pour minimiser l'apparentement : il s'agit de favoriser l'utilisation de lignées peu connues et moins employées.

Le plan des accouplements lui-même peut se faire selon différentes méthodes pour minimiser la diminution de variabilité (plan rotatif d'accouplements …). Ces dernières sont relativement complexes à mettre en œuvre, et restreignent profondément les choix des éleveurs. Elles nécessitent donc une importante motivation et une claire entente parmi les éleveurs. Ces méthodes ne devraient être employées que dans des cas critiques, pour des populations où le nombre de reproducteurs est relativement faible.

4. Faire appel à des reproducteurs d'origines différentes

L'utilisation de reproducteurs d'origines différentes constitue l'unique moyen d'augmenter la variabilité génétique et de diminuer la consanguinité au sein d'une population. Il convient d'être conscient que plus le reproducteur sera génétiquement différent de la population ciblée, plus la variabilité de celle-ci s'en trouvera renforcée, mais plus le reproducteur aura des chances d'apporter à la population des caractères exogènes non souhaités. Une fois le reproducteur sélectionné, il devra donc être utilisé dans un premier temps avec prudence. Après quelques portées concluantes (un nombre variable en fonction de la taille du cheptel), il conviendra alors de l'employer de manière élargie, tout en évitant de trop l'utiliser afin de ne pas entraîner une nouvelle chute de variabilité. Nous différencierons au sein du paragraphe suivant trois catégories d'origine : les populations de pays étrangers, les inscriptions à titre initial, et les retrempes à partir d'autres races.

Certaines races sont élevées de manière indépendante dans différents pays, et ce depuis près d'un siècle, ce qui a pu avoir pour conséquence une certaine différenciation génétique entre populations. Jones *et al.* (2006) ont en effet indiqué qu'il existait, dans certaines races, d'importantes différences de pool génétique entre populations américaines et britanniques. En conséquence, l'utilisation de chiens importés peut constituer une source intéressante d'apport de variabilité. Cependant, les statistiques d'imports et d'exports du LOF indiquent que

certaines races sont d'ores et déjà gérées de manière internationale, ce qui restreint l'utilisation des imports comme source de variabilité. Au sein de la race Bull terrier, qui connaît de forts apports étrangers (en 2007, 6,4 % des inscriptions étaient issues de saillies avec des mâles étrangers), nous avons obtenu une hétérozygotie très faible, comparable aux résultats de deux autres études menées aux Etats-Unis (Irion *et al.*, 2003) et en Suède (Bjornerfeldt *et al.*, 2008). En conséquence, l'utilisation de reproducteurs étrangers ne semble pouvoir constituer pour cette race une source de variabilité. Ce moyen ne peut donc pas être utilisé pour toutes les populations.

L'utilisation de reproducteurs de généalogie inconnue, par le biais des inscriptions à titre initial, peut constituer une autre source de variabilité génétique. Elle est cependant souvent considérée avec méfiance par les éleveurs et clubs. Un chien inscrit à titre initial peut en effet tout aussi bien être directement issu du pool génétique usuel de la race, et donc n'apporter aucune variabilité génétique, qu'être porteur de caractères morphologiques ou comportementaux non désirés au sein de la race. Ceci a justifié, nous l'avons vu, la fermeture d'un certain nombre de livres au titre initial, les livres d'attente ne pouvant être considérés comme comparables en terme d'entrées. Les titres initiaux peuvent pourtant constituer une importante source de variabilité, en particulier pour les races à effectif réduit qui peuvent ainsi élargir leur nombre de reproducteurs potentiels. Les affectations raciales à partir de marqueurs peuvent permettre de mettre en évidence l'appartenance de ces individus au pool génique de la race, ou d'exclure des individus trop différents (Leroy *et al.*, 2006c). Elles pourraient donc constituer des outils utiles à l'intégration de reproducteurs de généalogie inconnue au pool génétique des races.

La retrempe à partir de races différentes constitue le moyen le plus radical pour accroître la variabilité génétique au sein des populations raciales, et faire chuter la consanguinité. Dans l'histoire de l'ensemble des races, les retrempes semblent avoir existé de manière plus ou moins officielle. Nous l'avons vu, cela n'a pas empêché la plupart d'entre elles de constituer des groupes génétiques cohérents. Même la race Barbet, reconstituée au moins en partie au cours des trente dernières années, semble relativement homogène vis-à-vis des autres populations étudiées. La retrempe pouvant être autorisée, sur demande du club, et avec l'accord de la SCC, les clubs ne doivent pas hésiter à l'employer si le besoin s'en fait sentir. Il convient cependant que cette dernière soit effectuée de manière réfléchie, et officielle. Le choix de la race employée pour la retrempe dépendra des besoins du club. Les approches

inter-raciales constituent une source d'information intéressante quant à la proximité génétique des autres populations, et peuvent être utilisées pour orienter les choix des éleveurs en matière de retrempe.

En conclusion, deux points méritent d'être abordés. D'une part, les décisions doivent rester aux mains des éleveurs et des clubs, qui connaissent leur race mieux que personne. A partir des indicateurs de diversité qui peuvent leur être fourni, c'est à eux de décider où s'arrête la recherche de l'homogénéité, et où commence le maintien de la variabilité. D'autre part, des actions de gestion de la variabilité ne pourront être menées à bien que s'il existe une certaine entente au sein du club de la race. Il est donc important de prendre en compte le facteur humain, et de comprendre la nécessité de trouver des compromis entre les éleveurs. Obtenir une entente parfaite peut paraître illusoire, étant donné la diversité de points de vue que nous avons pu mettre en évidence au sein même des races. Cette diversité peut cependant être exploitée si chacun reste conscient que l'objectif doit être avant tout d'avoir une race viable et en bonne santé.

III. Bilan et perspectives

Au cours de cette thèse, des approches différentes ont été employées et appliquées à une large échelle. Le fait d'avoir analysé plus de soixante races en fait une des études les plus exhaustives en terme d'analyse de généalogies. De plus, le nombre d'individus génotypés est très important en comparaison d'autres travaux réalisés sur l'espèce canine. On pourrait d'ailleurs reprocher à ce travail d'avoir privilégié l'exhaustivité à la précision, et de ne pas avoir cherché à approfondir les mécanismes qui régissent les variations de la diversité génétique au sein des populations, sur un nombre plus restreint de races. Il pourra cependant être répondu que pour mettre en évidence une telle diversité de situations, il était nécessaire d'étudier un grand nombre de populations, sur une espèce qui compte plus de trois cent races rien qu'en France. Il n'en reste pas moins qu'à la suite de ce travail, un certain nombre d'éléments méritent d'être approfondis au cours de futures recherches.

1. Mise en application des affectations raciales

Nous avons évoqué le fait qu'à la suite des analyses de la diversité inter-raciale, il apparaissait tout à fait envisageable d'utiliser les affectations des animaux à une race, fondées sur les 21 marqueurs du panel ISAG, comme outil et support de l'inscription d'individus à titre initial. Il s'agirait de génotyper les candidats à cette inscription, afin de vérifier que ces derniers sont génétiquement proche de la race, en plus d'être morphologiquement compatible avec le standard. Entre la mise en évidence de la possibilité d'application et la mise en œuvre, il conviendrait de tester un tel système sur une race dont le club aurait la motivation d'employer cet outil. Pour cela, de nouveaux génotypages devraient être effectués, d'une part, sur des candidats à l'inscription à titre initial, d'autre part, sur des races proches n'ayant jusqu'à présent pas été étudiées. Enfin, il conviendrait de tester des échantillons issus de la même race, mais de pays différents, ce qui pourrait être fait dans le cadre d'échanges avec d'autres laboratoires.

2. Elargissement des échantillonnages

Au cours de ce travail, le panel des 21 marqueurs microsatellites a pu être utilisé de manière efficace sur des problématiques de génétique des populations. Ce panel, recommandé par l'ISAG pour effectuer les identifications génétiques et les contrôles de filiation, est donc utilisé par un grand nombre de laboratoires, en France et dans le monde, avec un nombre croissant d'animaux typés en routine. Il devrait donc être possible de collaborer avec d'autres laboratoires, sur les thématiques suivantes :

- élargissement du nombre d'individus échantillonnés par race ;
- élargissement du nombre de races étudiées ;
- analyses sur plusieurs pays.

3. Utilisation de nouveaux marqueurs et valorisations ultérieures de l'échantillonage

Si les 21 marqueurs ont permis d'obtenir un certain nombre de résultats intéressants, concernant autant des problématiques inter-raciales que des problématiques intra-raciale, la

faiblesse des corrélations obtenues à l'échelle des populations montre les limites de ce panel. L'utilisation de SNPs en grand nombre devrait permettre d'obtenir des résultats beaucoup plus informatifs. L'échantillonnage effectué au cours de ce travail pourrait en conséquence être utilisé à cette fin, dans les prochaines années. A plus long terme, il pourra aussi être employé pour aborder des problématiques d'évolution d'une génération à l'autre.

4. Amélioration des outils généalogiques

La principale faiblesse des outils généalogiques est clairement liée à l'hétérogénéité raciale en terme d'information à disposition. Cette hétérogénéité pourrait en partie être compensée par l'apport d'informations provenant des pays étrangers, mais le processus paraît difficile à mettre en place, à court terme, sur un grand nombre de pays et de races. Il apparaît donc nécessaire d'étudier la manière dont la connaissance des généalogies influe sur les estimations de paramètres. L'emploi de modélisations peut constituer une première approche valable pour étudier ces phénomènes et établir des hypothèses. Dans un second temps, la diversité des situations rencontrées au sein des 60 races analysées (Cursinu non compris) devraient permettre de tester ces hypothèses. A la suite d'une telle étude, il pourrait éventuellement être possible d'obtenir des indicateurs plus précis de la variabilité génétique recontrée au sein des races.

5. Nouvelles enquêtes

En conclusion de ces perspectives, il convient de se pencher sur les informations apportées par les enquêtes. Nous avons pu voir que le nombre restreint de questionnaires renvoyés limitait les possibilités d'analyse statistique. Par conséquent, si de nouvelles enquêtes devaient avoir lieu, il conviendrait d'améliorer la communication autour de celles-ci, afin d'inciter un plus grand nombre d'éleveurs à répondre. Comme le questionnaire se révèle *a priori* moins précis que les données généalogiques sur un grand nombre de facteurs, de nouvelles enquêtes devraient se concentrer sur des questions impliquant les opinions et le ressenti des éleveurs. Il s'agirait aussi d'étudier les évolutions de ces opinions, notamment vis-à-vis de leurs races, ainsi que vis-à-vis des améliorations apportées à la SCC.

IV. Conclusion

Au terme de ce travail, nous pouvons conclure que l'utilisation de différentes sources d'informations a permis de mettre en évidence une importante hétérogénéité de situations au sein des races canines, que cela concerne la variabilité génétique ou les pratiques d'élevage. Cette hétérogénéité est probablement liée à la diversité d'utilisations de l'espèce, ainsi qu'à l'importance des éleveurs non proffesionnels, moins soumis à des contraintes financières, et donc à la nécessité de rationaliser leurs pratiques d'élevage.

La grande majorité des races canines étant par ailleurs génétiquement bien différenciées, il est probable que la plupart d'entre elles ont été soumises à des goulots d'étranglements ayant fortement erodé leur variabilité génétique. Par conséquent, il convient pour les éleveurs et les clubs de veiller au maintien de cette dernière, les solutions étant variables en fonction des situations des races. L'utilisation de manière complémentaire, des outils généalogiques et moléculaires permet de donner un certain nombre d'informations quant à la variabilité intrinsèque des races. A l'avenir, le développement de la génomique devrait permettre d'apporter un certain nombre d'outils permettant d'améliorer et d'aider cette gestion.

Bibliographie

Altunok V., Koban E., Chichi L., Schaffer A., Pedersen N.C., Nizaml oğlu M., Togan I. (2005) Genetic evidence for the distinctness of Kangal dogs. Bull. Vet. Inst. Pulawy 49, 249-254.

Ashmont (1893) Kennel Secrets : How to breed, exhibit and manage dogs. J. Loring Thayer Pub. Co., Boston.

Audiot A. (1995) Races d'hier pour l'élevage de demain. INRA, Paris.

Bannasch D.L., Bannasch M.J., Ryun J.R., Famula T.R., Pedersen N.C. (2005) Y chromosome haplotype analysis in purebred dogs. *Mamm. Genome* 16, 273-280.

Balloux F. (2001) EASYPOP (version 1.7), A computer program for the simulation of population genetics. J. Hered. 92, 301-302.

Balloux F., Amos W., Coulson T. (2004) Does heterozygosity estimate inbreeding in real populations? . *Mol. Ecol.* 13, 3021-3031.

Baumung R., Sölkner J. (2003) Pedigree and marker information requirements to monitor genetic variability. *Genet. Sel. Evol.* 35, 369-383.

Baumung R., Simianer H., Hoffmann I. (2004) Genetic diversity studies in farm animals – a survey. *J. Anim. Breed. Genet.* 121, 361-373.

Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N., Bonhomme F. (1996) GENETIX, logiciel sous WindowsTM pour la génétique des populations, Montpellier.

Belkhir K., Castric V., Bonhomme F. (2002) Identix, a software to test for relatedness in a population using permutation methods *Mol. Ecol. Notes* 2, 611-614.

Belyaev D.K. (1978) Destablizing Selection as a Factor in Domestication. *J. Hered.* 70, 301-308.

Bennett L.B., Shriver M.D., Bowcock A.M. (1997) Markers and Methods for Reconstructing Modern Human History. *DNA Seq.* 8, 329-341.

Berthouly C., Bed'hom B., Tixier-Boichard M., Chen C.F., Lee Y.P., Laloë D., Legros H., Verrier E., Rognon X. (2008) Using molecular markers and multivariate methods to study the genetic diverisy on local European and Asian chickens breeds. *Anim. Genet.* doi:10.1111/j.1365-2052.2008.01703.x

Björnerfeldt S., Hailer F., Nord M., Vila C. (2008) Assortative mating and fragmentation within dog breeds. *BMC Evol. Biol.* 2008, 28.

Boichard D., Maignel L., Verrier E. (1997) Value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29, 5-23.

Boichard D., Leroy P., Levéziel H., Elsen J.M. (1998) Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale. *INRA Prod. Anim.* 11, 67-80.

Boichard D. (2002) PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. 7th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier.

Botstein D., White R.L., Skolonick M., Davies R.W. (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. j. hum. genet.* 32(3) 314-331

Brooks M., Sargan D.R. (2001) Genetics Aspects of Disease in Dogs, In: The genetics of the dog. CABI Publishing, Wallingford1, 191-265.

Brouillette J.A., Venta P.J. (2002) Within-breed heterozygosity of canine single nucleotide polymorphisms identified by across-breed comparison. *Anim. Genet.* 33, 464-467.

Brown W.M., George M., Wilson A.C. (1979) Rapid Evolution of Animal Mitochondrial DNA *PNAS* 76, 1967-1971.

Caballero A., Toro M.A. (2000) Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.* 75, 331-43.

Caballero A., Toro M.A. (2002) Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv. Genet.* 3, 289-299.

Canon J., Alexandrino P., Bessa I., Carleos C., Carretero Y., Dunner S., Ferran N., Garcia D., Jordana J., Laloe D., Pereira A., Sanchez A., Moazami-Goudarzi K. (2001) Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genet. Sel. Evol.* 33, 311-32.

Cavalli-Sforza L., Edwards A.W.F. (1967) Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Am. J. Hum. Genet.* 19, 233-257.

Clutton-Brock J. (1999) A natural history of domesticated mammals. Cambridge Univ. Press, Cambridge.

Cole J.B. (2003) Population structure and genetics of longevity in a colony of dog guides. Louisiana State University, Baton Rouge.

Coppinger R., Coppinger L. (2001) Dogs : a new understanding of canine origin, behaviour and evolution. The university of Chicago Press, Chicago.

Cornuet J.M., Piry S., Luikart G., Estoup A., Solignac M. (1999) New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics* 153, 1989-2000.

Crockford S.J. (2000) Dog evolution: a role for thyroid hormone physiology in domestication changes, *In*: Dogs Through Time: An Archaeological Perspective. Archeopress, Oxford.

Crow J.F., Kimura M. (1970) An Introduction to Population Genetics Theory. Harper & Row, New York.

Csillery K., Johnson T., Beraldi D., Clutton-Brock T., Coltman D., Hansson B., Spong G., Pemberton J.M. (2006) Performance of marker-based relatedness estimators in natural populations of outbred vertebrates. *Genetics* 173, 2091-2101.

De Grossi Mazzorin J., A. T. (2000) Morphologicaland osteological changes in the dog from the Neolithic to the Roman period in Italy, In: Dogs Through Time: An Archaeological Perspective. Archeopress, Oxford.

De Singly F. (2005) L'enquête et ses méthodes - Le questionnaire. Armand Colin, Paris.

Denis B. (1997) Génétique et Sélection chez le Chien. CNVSPA/SSNOF, Paris.

Denis B., Courreau J.F. (2006) Regard scientifique sur le nombre de races chez le chien : Combien y a-t-il de véritables races ? . *Ethnozootechnie* 78, 105-110.

Derban S., Foulley J.L., Ollivier L. (2002) WEITZPRO: a software for analysing genetic diversity. INRA, Paris.

Digard J.P. (1999) Les Français et leurs animaux. Fayard, Paris.

Digard J.P. (2006) Essai d'ethno-archéologie chez le chien. *Ethnozootechnie* 78, 33-40.

Dunner S., Checa M.L., Gutierrez J.P., Martin J.P., Canon N.J. (1998) Genetic analysis and management in small populations: the Asturcon pony as an example. *Genet. Sel. Evol.* 30, 397-405.

Durand F., Chary J.F. (2005) Rapport sur la Gestion des races de l'espèce canine. COPERCI, Ministère de l'agriculture, de l'alimentation, de la pêche et de la ruralité.

d'Yauville M. (1788) Traité de vénerie. Imprimerie Royale, Paris.

Eding H., Meuwissen T. (2001) Marker-based estimates of between and within population kinships for the conservation of genetic diversity. *J. Anim. Breed. Genet.* 118, 141-159.

Egenvall A., Bonnett B.N., Olson P., Hedhammar A. (2000) Gender, age and breed pattern of diagnoses for veterinary care in insured dogs in Sweden during 1996. *Vet Rec* 146, 551-557.

El Mousadik A., Petit R.J. (1996) High level of genetic differentiation for allelic richness among populations argan tree [Argania spinosa (L. Skeels)] endemic to Morocco. *Theor. Appl. Genet.* 92, 832-836.

Evanno G., Regnaut S., Goudet J. (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* 14, 2611-2620.

Falconer D.S. (1974) Introduction à la génétique quantitative. Masson, Paris.

FAO (1998) Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Site. Food and Agricultural Organization, Roma.

Fernandez J., Villanueva B., Pong-Wong R., Toro M.A. (2005) Efficiency of the Use of Pedigree and Molecular Marker Information in Conservation Programs *Genetics* 170, 1313-1321.

Fondon III J.W., Garner H.R. (2004) Molecular origins of rapid and continuous morphological evolution. *PNAS* 101, 18058-18063.

Foulley J.L., Ollivier L. (2006) Estimating allelic richness and its diversity. ***Livest. Sci.*** 101, 150-158.

Gattegno D. (1995) Le Chien. Pardès, Puiseaux.

Głażewska I. (2007) Genetic diversity in Polish hounds estimated by pedigree analysis. . ***Livest. Sci.*** doi:10.1016/j.livsci.2007.06.012.

Hill W.G., Weir B.S. (2007) Prediction of multi-locus inbreeding coefficients and relation to linkage disequilibrium in random mating populations. ***Theo. Pop. Biol.*** 72, 179-185.

Houpt K.A., Willis M.B. (2001) Genetics of Behaviour. In: The genetics of the dog, CABI Publishing, Wallingford, 371-400.

Irion D.N., Schaffer A.L., Famula T.R., Eggleston M.L., Hughes S.S., Pedersen N.C. (2003) Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers. ***J. Hered.*** 94, 81-87.

James J.W. (1972) Computation of genetic contributions from pedigrees. ***Theor. Appl. Genet.*** 42, 272-273.

Jones P., Martin A., Vratimos A., Parker H.G., Kruglyak L., Ostrander E.A. (2006) Comparison of 120 dog breeds from the US and UK by SNP genotyping identifies breed and geographic gene pool differences. *3rd International Conference on Canine and Feline Genomics*, Davis.

Karjalainen L., Ojala M. (1997) Generation intervals and inbreeding coefficients in the Finnish Hound and theFinnish Spitz. ***J. Anim. Breed. Genet.*** 114, 33-41.

Karlsson E., Salmon Hillbertz N., Wade C., Andersson G., von Euler H., Hedhammer A., Zody M., Biagi T., Lai J., Anderson N., Liu G., Jones K., Andersoson L., Lindblad Toh K. (2006) Two-stages association mapping in dogs identifies coat color locus. *3rd International Conference on Canine and Feline Genomics*, Davis.

KC/BSAVA (2004) Purebred Dog Health Survey. http://www.thekennelclub.org.uk/item/549.

Koskinen M.T., Bredbacka P. (2000) Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites. *Anim. Genet.* 31, 310-7.

Koskinen M.T. (2003) Individual assignment using microsatellite DNA reveals unambiguous breed identification in the domestic dog. *Anim. Genet.* 34, 297-301.

Laidlaw J., Gelfand Y., Ng K.W., Garner H.R., Ranganathan R., Benson G., Fondon J.W., 3rd (2007) Elevated Basal Slippage Mutation Rates among the Canidae. *J. Hered.* 98, 452-460.

Langlois B. (2005) A review on the methods of parentage and inbreeding analysis with molecular markers In: Conservation genetics of endangered horse breeds, EAAP Publication n° 116, Wageningen Pers, Wageningen, 35-54.

Laval G., SanCristobal M., Chevalet C. (2002) Measuring genetic distances between breeds: use of some distances in various short term evolution models. *Genet. Sel. Evol.* 34, 481-507.

Lebart L., Morineau A., Piron M. (1997) Statistique exploratoire multidimensionnelle. Dunod, Paris.

Leroy G. (2004) Propositions et mise en place d'aides à la gestion génétique des races de chiens en France. Mémoire de stage. INA-PG Paris.

Leroy G., Meriaux J.C., Verrier E., Rognon X. (2006a) Genetic diversity and gene flows of five pointing dog breeds analyzed by microsatellite data. *3rd International Conference on Canine and Feline Genomics*, Davis.

Leroy G., Meriaux J.C., Verrier E., Rognon X. (2006b) Genetic diversity of two French dog breeds analyzed by microsatellite and pedigree data. *30th Conference of the International Society of Animal Genetics*, Porto Seguro.

Leroy G., Meriaux J.C., Verrier E., Rognon X. (2006c) Analyses de la diversité génétique chez le chien: Quels outils pour quelles questions ? *Ethnozootechnie* 78, 87-94.

Leroy G., Verrier E., Callèle L., Mériaux J.C., Ricard A., Rognon X. (2008) Genetic of a large set of horse breeds raised in France assessed by microsatellite polymorphism. *Genet. Sel. Evol.* submitted.

Li C.C., Weeks D.E., Chakrabarti A. (1993) Similarity of DNA fingerprints due to chance and relatedness. *Hum. Hered.* 43, 45-52.

Li M.H., Sternbauer K., Haahr P.T., Kantanen J. (2005) Genetic components in contemporary Faroe Islands Cattle as revealed by microsatellite analysis. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 309-17.

Licari S. (2006) Eléments d'émergence des principaux types de chiens à la lumière des témoignage iconographiques. *Ethnozootechnie* 78, 47-66.

Lüpke L., Distl O. (2005) Microsatellite marker analysis of the genetic variability in Hanoverian Hounds. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 131-139.

Lynch M., Ritland K. (1999) Estimation of pairwise relatedness with molecular markers. *Genetics* 152, 1753-1766.

Mäki K., Groen A.F., Liinamo A.E., Ojala M. (2001) Population structure, inbreeding trend and their association with hip and elbow dysplasia in dogs. *Anim. Sci.* 73, 217-228.

Malécot G. (1948) Les mathématiques de l'hérédité. Masson, Paris.

Megnin P. (1883) Le chien, Histoire, Hygiène, Médecine, Vade-mecum de l'éleveur et de l'amateur de chiens. Deyrolle, Paris.

Meyers-Wallen V.N. (2003) Ethics and genetic selection in purebred dogs. *Reprod. domestic. Anim.* 38, 73-6.

Moazami-Goudarzi K., Laloë D. (2002) Is a Multivariate Consensus Representation of Genetic Relationships Among Populations Always Meaningful? *Genetics* 162, 473-484.

Morrison D.A. (2005) Networks in phylogenetic analysis: new tools for population biology. *Int. J. Parasitol.* 35, 567-82.

Mussi M., Palombo M.R. (2001) Human/carnivore interaction in the middle Pleistocene of Latium (central Italy): an open question. *The World of Elephants*, Roma.

Nei M. (1972) Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106, 283-291.

Nei M., Tajima F., Tateno Y. (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* 19, 153-170.

Nei M. (1987) Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.

Nielen A.L., van der Beek S., Ubbink G.J., Knol B.W. (2001) Population parameters to compare dog breeds: differences between five Dutch purebred populations. *Vet. Q.* 23, 43-49.

Nunes H., Degueurce C. (2005) Les races de chiens dans la litterature naturaliste française du XVIIIème siècle. *Bull. soc. fr. hist. méd. sci. vét.* 4, 75-94.

Oliehoek P.A., Ubbink G.J., Hoekstra R.F. (2004) Cluster analysis of kinship in the Iceland Dog as a small pedigreed population. *55th EAAP Annual meeting*, Bled.

Olsen S.J., Olsen J.W. (1977) The chinese wolf, ancestor of new world dogs. *Science* 197.

Paetkau D., Calvert W., Stirling I., Strobeck C. (1995) Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Mol. Ecol.* 4, 347-354.

Paetkau D., Slade R., Burden M., Estoup A. (2004) Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Mol. Ecol.* 13, 55-65.

Parker H.G., Kim L.V., Sutter N.B., Carlson S., Lorentzen T.D., Malek T.B., Johnson G.S., DeFrance H.B., Ostrander E.A., Kruglyak L. (2004) Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science* 304, 1160-1164.

Parker H.G., Kukekova A.V., Akey D.T., Goldstein O., Kirkness E.F., Baysac K.C., Mosher D.S., Aguirre G.D., Acland G.M., Ostrander E.A. (2007) Breed relationships facilitate fine-mapping studies: a 7.8-kb deletion cosegregates with Collie eye anomaly across multiple dog breeds. *Genome Res.* 17, 1562-1571.

Parra D., Méndez J., Canon J., Dunner S. (2008) Genetic differentiation in pointing dog breeds inferred from microsatellites and mitochondrial DNA sequence. *Anim. Genet.* 39, 1-7.

Patterson D.F. (1993) Understanding and controlling inherited diseases in dog and cat. *Tidjschr. Diergeneeskd.* 118, 23-27.

Petit R.J., El Mousadik A., Pons O. (1998) Identifying Populations for Conservation on the Basis of Genetic Markers. *Conserv. Biol.* 12, 844-855.

Pires A.E., Ouragh L., Kalboussi M., Matos J., Petrucci-Fonseca F., Bruford M.W. (2006) Mitochondrial DNA sequence variation in Portuguese native dog breeds: diversity and phylogenetic affinities. *J. Hered.* 97, 318-30.

Phébus G. (1389) Le livre de chasse.

Posada D., Crandall K.A. (2001) Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends Ecol. Evol.* 16, 37-45.

Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.

Queller D.C., Goodnight K.F. (1989) Estimating relatedness using molecular markers. *Evolution* 43, 258-274.

Raisor M. (2004) Determining the Antiquity of Dog Origins: Canine domestication as a model for the consilience between molecular genetics and archaeology. Texas A&M University.

Rannala B., Mountain J.L. (1997) Detecting immigration by using multilocus genotypes. *PNAS* 94, 9197-9201.

Reynolds J., Weir B.S., Cockerham C.C. (1983) Estimation of the Coancestry Coefficient: Basis for a Short-Term Genetic Distance. *Genetics* 105, 767-779.

Russell N. (1986) Like engend'ring like, Heredity and animal breeding in early modern England. Cambridge University Press, Cambridge.

Sacy A., Lenepveu A. (2008) Evaluation des âges à la reproduction de chiens de race, à partir de deux types de données différentes, projet de statistique de troisième année, AgroParisTech, Paris

Saitou N., Nei M. (1987) The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4, 406-425.

Sargan D.R., Sampson J., Binn M.M. (2001) Molecular genetics of the dog, In: The genetics of the dog. CABI Publishing, Wallingford, 139-158.

Savolainen P., Zhang Y.P., Luo J., Lundeberg J., Leitner T. (2002) Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science* 298, 1610-1613.

Schelling C., Gaillard C., Dolf G. (2005) Genetic variability of seven dog breeds based on microsatellite markers. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 71-77.

Short A.D., Kennedy L.J., Barnes A., Fretwell N., Jones C., Thomson W., W.E.R. O. (2007) Hardy–Weinberg Expectations in Canine Breeds: Implications for genetic studies. *J. Hered.,* doi:10.1093/jhered/esm020.

Slate J., David P., Dodds K.G., Veenvliet B.A., Glass B.C., Broad T.E., McEwan J.C. (2004) Understanding the relationship between the inbreeding coefficient and multilocus heterozygosity: theoretical expectations and empirical data *Heredity* 93, 255-265.

Sokal G.G., Michener C.D. (1958) A statistical method for evaluating systematic relationships. *Kans. Univ. Sci. Bull.* 28, 1409-1438.

Sundqvist A.K., Björnerfeldt S., Leonard J.A., Hailer F., Hedhammar A., Ellegren H., Vilà C. (2006) Unequal Contribution of Sexes in the Origin of Dog Breeds. *Genetics* 172, 1121-1128.

Takezaki N., Nei M. (1996) Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* 144, 389-399.

Toro M.A., Barragán C., Óvilo C., Rodriganez J., Rodriguez C., L. S. (2002) Estimation of coancestry in Iberian pigs using molecular markers, . *Conserv. Genet.* 3, 309-320.

Toro M.A., Caballero A. (2004) Characterisation and conservation of genetic diversity between breeds. *55th EAAP Annual meeting*, Bled, Slovenia.

Triquet R. (1997) La Saga du Dogue de Bordeaux, Tome I, Du molosse antique au dogue moderne. Maradi, L'Isle en Dodon.

Triquet R. (1999) Dictionnaire encyclopédique des termes canins (2nde ed.). Maradi, L'Isle en Dodon.

Ubbink G.J., Knol B.W., Bouw J. (1992) The relationship between homozygosity and the occurrence of specific diseases in Bouvier Belge des Flandres dogs in The Netherlands. *Vet. Q.* 14, 137-40.

van der Beek S., Nielen A.L., Schukken Y.H., Brascamp E.W. (1999) Evaluation of genetic, common-litter, and within-litter effects on preweaning mortality in a birth cohort of puppies. *Am. J. Vet. Res.,* 60, 1106-1110.

Vawter L., Brown W.M. (1986) Nuclear and mitochondrial DNA comparisons reveal extreme rate variation in the molecular clock *Science* 234, 194-196.

Veit-Kensch C.E., Medugorac I., Jedrzejewski W., Bunevich A.N., Foerster M. (2007) A heuristic two-dimensional presentation of microsatellite-based data applied to dogs and wolves. *Genet. Sel. Evol.* 39, 447-463.

Verginelli F., Capelli C., Coia V., Musiani M., Falchetti M., Ottini L., Palmirotta R., Tagliacozzo A., De Grossi Mazzorin I., Mariani-Costantini R. (2005) Mitochondrial DNA from prehistoric canids highlights relationships between dogs and South-East European wolves. *Mol. Biol. Evol.* 22, 2541-2551.

Verrier E., Moureaux S., Tribout T., Delaunay I., Palhière I., Rochambeau H., Colleau J.J. (2005) Overview of the genetic variability in French selected livestock populations and management approaches. *Options and strategies for the conservation of farm animal genetic resources, Agropolis international workshop*, Montpellier.

Vilà C., Savolainen P., Maldonado J.E., Amorim I.R., Rice J.E., Honeycutt R.L., Crandall K.A., Lundeberg J., Wayne R.K. (1997) Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science* 276, 1687-1689.

Wayne R.K. (1993) Molecular evolution of the dog family. *Trends Genet.* 9, 218-224.

Wayne R.K. (2001) Consequences of Domestication: Morphological Diversity of the Dog. In: The genetics of the dog, CABI Publishing, Wallingford, 43-60.

Weir B.S. (1996) Genetic Data Analysis II. Sinauer Associates, Inc, Sunderland.

Weitzman M.L. (1992) On diversity. *Q. J. Econ.* 107, 363-405.

Wright S. (1922) Coefficients of inbreeding and relationship. *Am. Nat.* 56, 330-338.

Wright S. (1968) Evolution and the genetics of populations. University of Chicago Press, Chicago.

Zajc I., Mellersh C.S., Sampson J. (1997) Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds. *Mamm. Genome* 8, 182-185.

Sites internet consultés

American Kennel Club - akc.org : www.**akc**.org/

ENCI - Ente Nazionale della Cinofilia Italiana : www.enci.it/

FCI - Fédération Cynologique internationale : www.**fci**.be/home.asp

La Société Centrale Canine : www.scc.asso.fr/

Legifrance – Le service public de l'accès au droit : www.**legifrance**.gouv.fr/

The Kennel Club UK : www.the-**kennel-club**.org.uk/

Annexes

Formations suivies

Diplôme initial

Ingenieur agronome, Institut National Agronomique Paris-Grignon (2004)

Enseignements suivis au cours de la thèse

- Write Right Niveau 1- Rédaction et structuration de l'article scientifique – ABIES, Paris (oct. 2005)
- Science et sociologie : comment aborder le multidisciplinarité – AgroParisTech, Paris (nov. 2005)
- Cours Supérieur d'Amélioration Génétique des Animaux Domestiques - cession de statistique – AgroParisTech, Paris (fev. 2006)
- Analyse génétique de caractères complexes dans le domaine animal – ENSAR, Rennes (oct. 2006)
- Préparation à l'insertion professionnelle – 3ème année – ABIES, Paris (avr. 2007)

Participations à des conférences

- Conférence internationale « Biodiversité : science et gouvernance » - UNESCO, Paris (jan. 2005)
- International Canine Reproduction Convention - Royal Canin, Aimargues (fev. 2005)
- Journée de la société d'ethnozootechnie - Races domestiques en péril : 30 ans de sauvegarde, Bilan et perspective - ISAB, Beauvais (avr. 2005)
- Detection of Inherited Eye Diseases - ECVO/SCC, Charenton (sept. 2005)
- Premières rencontres nationales sur « le bien-être animal » - Assemblée nationale, Paris (oct. 2005)
- Journée de la société d'ethnozootechnie - le chien : domestication et raciation – Maison-Alfort (nov. 2005)
- Congrès annuel AFVAC – AFVAC, Toulouse (dec. 2005)
- Third International Conference on Advances in Canine and Feline Genomics - UC Davis, USA (aou. 2006)
- 30th Conference of the International Society of Animal Genetics - ISAG, Porto Seguro, Brésil (aou. 2006)
- Congrès annuel AFVAC – AFVAC, Bordeaux (dec. 2006)
- Rencontres de la Recherche Canine – ENVA/SCC/INAC, Maison-Alfort (avr. 2007)
- Congrès annuel AFVAC – AFVAC, Paris (dec. 2007)

Genetic diversity and gene flows of five pointing dog breeds analyzed by microsatellite data

G. Leroy[1,2], J.C. Meriaux[3], E. Verrier[1], X. Rognon[1]

[1] UMR INRA/INA P-G Génétique et Diversité Animales, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris, France, cedex 05,

[2] SCC, 155 avenue Jean Jaurès, 93535 Aubervilliers cedex,

[3] LABOGENA, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas cedex.

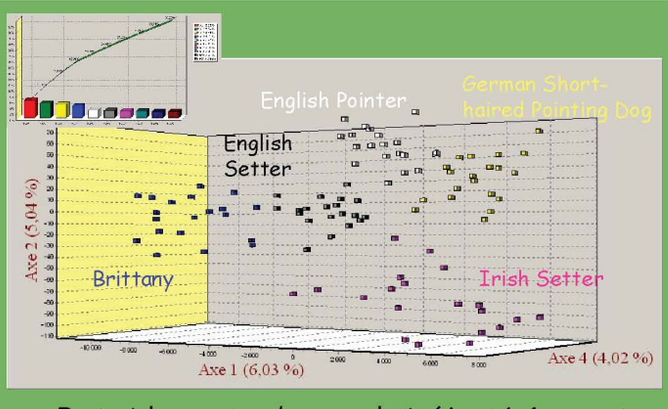
The very large diversity within dog species can be explained by several factors: early domestication, isolation, very large diversity of utilizations and selection criteria among populations, etc. From the 19th century, dog species has been divided into genetically closed populations, which has also contributed to this phenomenon. Those populations are however seldom completely closed: to improve a morphological or behavioral attribute, breeders have occasionally made some crosses with other breeds, officially or unofficially. This analysis seeks to study genetic diversity and genetic structure of five breeds selected as pointing dog: Brittany, English Pointer, English Setter, German Short-haired Pointing Dog, and Irish Red Setter breeds.

Material and methods:

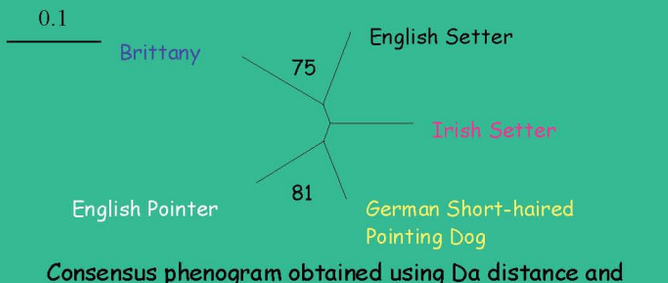
- 20 dogs from each breed were sampled, using buccal or blood samples. In each breed, dogs did not share direct parents.
- The 21 microsatellite markers of the 2006 international ISAG panel were used.

Genetic diversity and genetic relationships among the five breeds

Genetic variability within each breed			
Breed	Non biased heterozygoty	Observed heterozygoty	Efficient number of alleles
Brittany	0.68	0.62	2.96
English Pointer	0.61	0.55	2.48
English Setter	0.64	0.57	2.66
German Short-haired Pointing Dog	0.72	0.67	3.34
Irish Setter	0.68	0.62	2.95



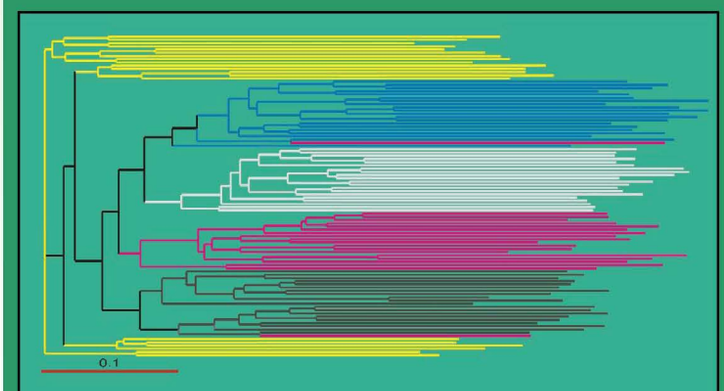
Factorial correspondence analysis (Axes 1-4 account for 19.71% of total variance) (Genetix software)



Consensus phenogram obtained using Da distance and Neighbor Joining clustering (Population software)

- Two pairs of breeds seem to be closer: Brittany and English Setter, English Pointer and German Short-haired Pointing Dog.

Assignation of individuals to breeds



Individual network obtained using DAS distance and Neighbor Joining clustering (Population software)

Efficiency of assignation of individuals to breeds using Bayesian approach (Rannala et al., 1997, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94: 9197-9221.) and a resampling algorithm (Paetkau et al., 2004, Mol. Ecol. 13:55-65.) (Geneclass2 software)

Breed	% of dogs correctly assigned	% of dogs non assigned	% of dogs secondary assigned to another breed (>5%)
Brittany	100%	0%	0%
English Pointer	100%	0%	25% (German short-haired P.)
English Setter	100%	0%	5% (Britanny)
German Short-haired Pointing Dog	100%	0%	0%
Irish Setter	95%	5%	10% (English and German short-haired P.)

- Using a clustering approach (Structure software), we found a similar result: one Irish Setter was not correctly assigned.
- According to the different methods, 98 to 99% of the animals are grouped with their own breed.
- The dogs which are not grouped with their own breed all belong to the Irish Setter breed.

- **The results obtained in this molecular analysis are mostly in agreement with historical data.**
- **Although some crosses have happened among the breeds, in particular during their initial creation, nowadays the are genetically well differentiated. Almost all individuals are clustered in their own breed.**
- **The Irish Setter breed seems to be genetically less structured than the other breeds.**

3rd International Conference on Canine and Feline Genomics • Davis, USA • August 2-5, 2006

(17/07/06)

Genetic diversity of two French dog breeds analyzed by microsatellite and pedigree data

G. Leroy[1,2], J.C. Meriaux[3], E. Verrier[1], X. Rognon[1]

[1] UMR INRA/INA P-G Génétique et Diversité Animales, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris, France, cedex 05,

[2] SCC, 155 avenue Jean Jaurès, 93535 Aubervilliers cedex,

[3] LABOGENA, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas cedex.

In France, the Brittany and Beauceron breeds are the two dog breeds from French origin with the highest population size. The Beauceron breed is a traditional shepherd dog, nowadays occasionally used as a protection dog, whereas the Brittany breed is a continental pointing dog, mainly selected for hunting purposes. Our objectives were to compare genetic variation using pedigree data and molecular methods.

Material and methods:

- 50 dogs from each breed using buccal or blood samples
- The 21 microsatellite markers of the 2006 international ISAG panel
- Pedigree data including all registered dogs from 1975 to 2001 and their known ancestors: 53976 dogs for the Brittany breed and 31326 dogs for the Beauceron breed

Relationship between inbreeding and heterozygoty:

- Brittany breed: correlation was found to be not significant.
- Beauceron breed: the Pearson correlation coefficient was equal to -0.421 (P=0.002).

General results:

Some characteristics of living populations of the two dog breeds (registered dogs born in 1997-2001 with both parents known. Leroy et al., 2006, J. Anim. Breed. Genet. 123(1):1-9)

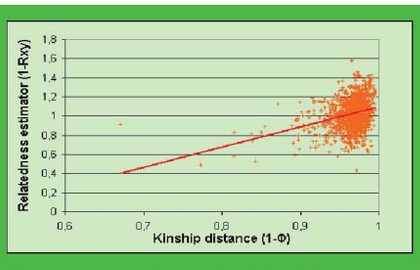
Breed	Number of equivalent generations traced (EqG)	Average coefficient of inbreeding (F)
Brittany	8.2	4.5%
Beauceron	8.1	5.4%

About the two samples

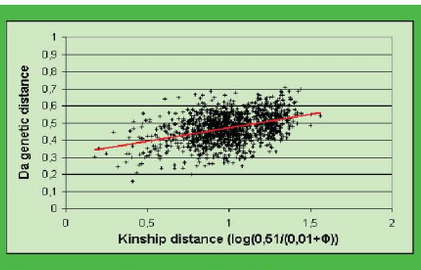
Breed	EqG	F	Average coefficient of kinship Φ	Non biased heterozygoty Hnb	Observed heterozygoty Ho	Efficient number of alleles Ae
Brittany	8.41	5.26%	3.46%	0.66	0.62	2.92
Beauceron	9.28	6.95%	4.93%	0.62	0.58	2.62

Relationship between kinship distance and molecular distance:

- Comparisons were made between kinship distance matrix and genetic distance matrix using two different methods for each matrix.
- Mantel tests were performed to check the correlation between distances in the matrices. For each result the correlation was significant (P<0.001).
- Depending on the method used, we found a Pearson correlation coefficient between 0.3 and 0.4.



Regression between kinship distance and relatedness distance 1-Rxy (Queller and Goodnight, 1989) for the Brittany breed



Regression between kinship distance and Nei et al.'s (1983) Da genetic distance for the Beauceron breed

Correlations between kinship distance and molecular distance using different methods

Breed	Kinship distance	Coefficients based on molecular data: Da (Nei et al., 1983)	Coefficients based on molecular data: 1 - Rxy (Queller and Goodnight, 1989)
Brittany	Log(0.51/(Φ+0.01))	0.340	0.328
	1 - Φ	0.323	0.310
Beauceron	Log(0.51/(Φ+0.01))	0.399	0.317
	1 - Φ	0.374	0.338

- **In our samples, Brittany breed showed a slightly higher genetic variability than Beauceron breed.**
- **Correlation results with kinship distances were quite similar whatever the method used.**
- **Correlations between kinship and molecular distances were never higher than 0.4 which can be explained by the sampling of both animals and loci and by the fact that we know nothing about the founders.**

30th Conference of the International Society of Animal Genetics• Porto Seguro, Brazil• August 20-25, 2006

SOCIETE CENTRALE CANINE

INRA Institut National de la Recherche Agronomique

Institut national agronomique Paris-Grignon

(10/07/06)

DIVERSITE GENETIQUE ET GESTION GENETIQUE DES RACES CANINES

AgroParisTech, UMR1236 Génétique et Diversité Animales, 16 rue Claude Bernard F-75321 Paris, France
Société Centrale Canine, 155 av. Jean Jaurès, F-93535 Aubervilliers, France

RESUME

Afin d'apporter des outils d'aides à la gestion des races canines en France, cette étude cherche à analyser la structure génétique de l'espèce ainsi que les pratiques d'élevage sous-jacentes. Trois approches ont été employées afin de caractériser cette structure : des données d'enquêtes, des analyses de généalogies ainsi que l'utilisation de marqueurs moléculaires.

Sur la base de 985 questionnaires remplis par des éleveurs de chiens, tant amateurs que professionnels, il a été possible de mettre en évidence des différences claires sur les pratiques en fonction des races élevées, ou du degré d'implication des éleveurs dans leur activité. Les analyses des données généalogiques de 61 races ont permis de confirmer cette hétérogénéité de pratiques et de situations en terme de variabilité génétique, avec certaines des populations montrant des évolutions de consanguinité préoccupantes. A partir de génotypages réalisés sur un échantillonnage de 1514 animaux appartenant aux 61 races, les résultats obtenus divergeaient parfois des données généalogiques. Cependant ces divergences pouvaient en partie être expliqués par les différences théoriques existantes entre les deux approches.. A l'échelle individuelle cependant, les corrélations entre parenté généalogique et similarité moléculaire étaient significatives pour les échantillons étudiés, et similaires à celles qui pouvaient être obtenues à partir de simulations. L'analyse des relations génétiques entre les populations a permis de confirmer que les races constituaient bien des structures génétiques homogènes. En effet, jusqu'à 98,3% des individus étaient correctement affectés au sein de leur race. Ce dernier résultat permet d'envisager des applications pratiques en terme de gestion des races.

MOTS CLES

Chien, race, élevage, diversité génétique, enquête, généalogie, microsatellite, affectation raciale

GENETIC DIVERSITY AND BREED MANAGEMENT IN DOGS

AgroParisTech, UMR1236 Génétique et Diversité Animales, 16 rue Claude Bernard F-75321 Paris, France
Société Centrale Canine, 155 av. Jean Jaurès, F-93535 Aubervilliers, France

ABSTRACT

Genetic structure and breeding practices in dog species were investigated in order to develop some management tools for dog breeds in France. Three approaches were therefore used: surveys, genealogical analysis, and polymorphism of microsatellite markers.

Nine-hundred eighty-five breeders, either hobby or professional, answered a questionnaire about their breeding practices. It showed some differences according to the breed raised or the status of the breeder. Pedigree analysis results realised on 61 breeds were in agreement with these results, practices and situations dealing with genetic diversity, with some results being quite different depending on the breeds. According to genealogical data, a low genetic diversity was found in some breeds. The results using molecular markers based on a sampling of 1514 dogs of the same breeds were sometimes in contradiction with pedigree analysis, which can be explained by the inherent specificities of both approaches. However, at the individual scale, correlations between genealogical kinship and molecular similarities were always significant. The analysis of genetic breed relationships confirmed the fact that breeds constitute homogeneous genetic groups, with 98.3% of dogs being correctly assigned in their breed. From this last result, some practical applications could be developed to establish policies for the management of genetic variability within breeds

KEYWORDS

Dog, breed, breeding, genetic diversity, survey, genealogy, microsatellite, breed assignment