



Variabilité génétique des aulacodes d'élevage

Gbangboche A.B.^{1,2,*}, Koudande D.O.³, Sogbohossou E.¹, Kingueleoua K.K.C.³, Edea O. G.¹, Mensah G. A.³.

(1) *Faculté des Sciences Agronomiques – Université d'Abomey-Calavi, 01 BP 526 Cotonou, Bénin*

(2) *École de Gestion et d'Exploitation des Systèmes d'Élevage, Université d'Agriculture de Kétou, BP 43 Kétou, Bénin*

(3) *Institut National des Recherches Agricoles du Bénin (INRAB) – Centre de Recherche Agricole Agonkanmey - 01 BP 2359 RP - Cotonou. République du Bénin.*

*Auteur pour la correspondance : Gbangboche Armand Bienvenu. Université d'Agriculture de Kétou, BP 43 Kétou, République du Bénin. Tel 00229 96 11 47 27 ; gbangboche_ab@hotmail.com

Mots clés : consanguinité, parenté, généalogie, gène, fondateur, Bénin

Keywords: inbreeding, kinship, genealogy, gene, founder, Benin

1 RESUME

La variabilité génétique des aulacodes d'élevage a été évaluée à partir d'un pedigree constitué de 1956 individus. Les résultats obtenus révèlent que l'effectif des fondateurs F à l'origine est supérieur à celui de fondateurs vrais (97 vs 88). Le nombre de fondateurs efficaces Fe est très inférieur au nombre de fondateurs vrais (56 vs 88). L'équilibre entre fondateurs efficaces Fe et ancêtres Fa met en exergue la gestion satisfaisante de la variabilité génétique. Le niveau de consanguinité F de la population de référence et d'apparentement moyen des reproducteurs est de 0,52% et 0,93% respectivement. Les intervalles entre génération compris entre 1,84 et 2,09 ne révèlent aucune différence significative quel que soit le sens : père – fils, $1,84 \pm 0,87$; père – fille, $2,09 \pm 0,80$; mère – fils, $2,01 \pm 0,83$; mère – fille, $2,04 \pm 0,83$. Quant à l'âge des parents à la naissance des descendants, il varie entre 2,59 à 2,76 ans sans aucune différence significative : Père-fils, $2,59 \pm 1,16$; père-fille, $2,76 \pm 1,14$; mère-fils, $2,64 \pm 1,14$; mère-fille, $2,60 \pm 1,18$. Toutefois, les valeurs issues des paramètres sont faibles, preuve d'une variabilité restreinte de la population considérée. La mise à jour régulière de ces paramètres permettra d'affiner la connaissance de la variabilité génétique de ces aulacodes.

Genetic variability of breeding grasscutter

SUMMARY

The genetic variability of breeding grasscutter was assessed from a pedigree consisting of 1956 individuals. The results show that the number of founders F from the origin is greater than that of true founders (97 vs 88). The number of effective founders Fe is less than the number of real founders (56 vs 88). The balance between effective founders Fe and ancestors Fa highlights the satisfactory management of genetic variability. The level of inbreeding coefficient F of the reference population and average relatedness was 0.52% and 0.93% respectively. The intervals between generation range from 1.84 and 2.09, with no significant difference regardless of the direction: father - son, 1.84 ± 0.87 ; father- daughter, 2.09 ± 0.80 ; mother-son, 2.01 ± 0.83 ; mother - daughter, 2.04 ± 0.83 . The parental age at birth of offspring, it ranges from 2.59 to 2.76 years without any significant difference: father-son,

2.59±1.16; father-daughter, 2.76±1.14; mother-son, 2.64±1.14; mother-daughter, 2.60±1.18. However, the values from these parameters are low, evidence of limited variability of the considered population. Updating of these parameters on regular basis will help to refine the knowledge of the genetic variability of these grasscutters.

2 INTRODUCTION

L'aulacode (*Thryonomys swinderianus*, Temminck, 1927), est un rongeur de forme massive, trapue et ramassée dont le poids vif moyen varie entre 2 et 6 kg (MENSAH *et al.*, 2001). Rencontré dans toute l'Afrique sub-saharienne, sa chair est très prisée par les consommateurs de gibier. Depuis plus de deux décennies, le développement de l'élevage d'aulacode en captivité (figure 1) a commencé afin de réaliser la conservation *ex-situ* de cette espèce fortement chassée et menacée (JORI *et al.*, 1994) et d'en faire une source de diversification des revenus de l'éleveur. D'abord à titre expérimental en 1983, l'élevage en captivité a été introduit en milieu réel en 1989 au niveau de trente-cinq éleveurs pilotes avec une intensification des travaux de recherche en zootechnie (HEYMANS ET MENSAH, 1984 ; MENSAH *et al.*, 1986; MENSAH et BAPTIST, 1986 ; ADJANOHOON, 1988; ADJANOHOON, 1992 ; STIER *et al.*, 1991 ; JORY *et al.*, 1994 ; HEYMANS, 1996; N'TSAME et EDDERAI, 2000 ; FANTODJI *et al.*, 2004). Depuis certains temps, les éleveurs signalent les pertes de performances des animaux, particulièrement, pour les caractères de croissance, viabilité, fertilité et de résistance aux maladies. Le nombre de reproducteurs étant limité, les animaux se reproduisent entre eux de façon anarchique, ce qui pourrait réduire la variation

génétique à travers la fixation de gènes, qui pourraient affecter négativement les caractères d'intérêt économique (NEVO, 1978). Cette situation fait suspecter à juste titre, entre autre, une dépression due à la consanguinité et c'est dans ce contexte qu'une série d'études prospectives a été proposée, prenant également en compte l'analyse de la variabilité génétique des aulacodes, afin de déterminer leur origine génétique, de mesurer le niveau de consanguinité et d'apporter une aide à l'éleveur dans le choix des accouplements.



Figure 1 : élevage en captivité de l'aulacode (*Thryonomys swinderianus*, Temminck, 1927).

3 MATERIEL ET METHODES

3.1 Collecte de données :

L'échantillonnage s'est basé essentiellement sur les exploitations à cheptel élevé dans le département du Plateau au sud du Bénin, afin de pouvoir facilement constituer la généalogie et d'exploiter les données. Dans un premier temps, 6 élevages, avec un effectif total de 6970 têtes d'animaux soit l'équivalent de 35% de l'ensemble du département ont été retenus pour

abriter la présente étude. Les données sont collectées à partir des fiches de suivi des animaux et des informations complémentaires obtenus sur chaque animal. Ainsi pour chaque candidat (animal), les informations relevées contiennent l'identité, la date de naissance, le sexe, les ascendants et descendants. Ensuite, une généalogie exploitable de 1956 animaux a



été reconstituée à partir de l'ensemble des données collectées pour être analysée.

3.2 Méthodes d'analyse : Les méthodes d'analyse de la variabilité génétique utilisées, sont celles décrites par BOICHARD *et al.* (1996). Les indicateurs de la variabilité génétique ont été calculés sur la base des informations contenues dans le pedigree exploité, totalisant un effectif de 1956 aulacodes nés entre 2005 et 2009, à partir du programme ENDOG[®] version 4.5 (GUTIERREZ et GOYACHE, 2005). Après avoir caractérisé structurellement la généalogie, les intervalles entre les générations, la taille effective de la population, la probabilité d'origine des gènes (les fondateurs et les ancêtres), le coefficient de consanguinité et de parenté ont été calculés. Le mode de calcul des probabilités d'origine des gènes considère qu'un gène autosomal quelconque d'un animal lui a été transmis soit par son père, soit par sa mère avec une variabilité égale de 0,5 et que ce gène peut provenir de chacun des quatre grands-parents avec une même probabilité de 0,25 et de chacun des huit arrières grands-parents avec une probabilité de 0,125. Avec ce principe, il est possible de remonter toute l'ascendance d'un animal jusqu'aux ancêtres fondateurs, c'est-à-dire les ancêtres dont les parents sont inconnus. La mesure de la consanguinité d'un animal est égale au coefficient de parenté entre ses deux parents. On la définit comme la probabilité pour qu'un locus pris au hasard chez cet animal, présente les deux allèles identiques par descendance, c'est à dire proviennent de la copie d'un allèle présent chez un ancêtre commun au père et à la mère de l'animal. Un coefficient non nul révèle la présence d'au

moins un ancêtre commun dans l'ascendance des deux parents. A l'inverse un coefficient de consanguinité nul peut à la fois traduire l'absence d'ancêtre commun dans l'ascendance des deux parents d'un animal ou le manque de connaissance des généalogies (MEUWISSEN et LUO, 1992). L'estimation de l'intervalle entre génération est obtenue à partir de la formule suivante (HILL, 1979) :

$$L = \frac{L_{mm} + L_{mf} + L_{fm} + L_{ff}}{4}$$

où L_{mm} correspond à l'intervalle entre père et fils, L_{mf} entre père et fille, L_{fm} entre mère et fils et L_{ff} entre mère et fille. La taille effective (N_e), est le nombre d'individus qui transmettent des gènes à la prochaine génération. C'est l'effectif génétique de la population idéale, (N_e) peut être beaucoup plus petit que la population totale à cause de sex - ratio inégaux, du comportement reproducteur ou autres facteurs empêchant certains adultes de se reproduire. En général la variabilité génétique augmente avec N_e . Dans une population d'effectif limité composée à chaque génération de N_m mâles et de N_f femelles, l'effectif génétique s'écrit :

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{4N_m} + \frac{1}{4N_f}$$

ou $\frac{1}{2N_e}$ est l'accroissement (approximatif) de consanguinité par génération dans une population de N_m mâles et N_f femelles (WRIGHT, 1931 ; FOLCH et JORDANA 1998).

4 RESULTATS ET DISCUSSION

Le tableau 1 décrit les paramètres généalogiques, la probabilité d'origine des gènes, le niveau de consanguinité F de la population de référence et d'apparentement moyen des reproducteurs. Toutefois, les paramètres calculés sont faibles, preuve d'une

variabilité restreinte de la population considérée.

4.1 Probabilité d'origine des gènes : On constate que l'effectif de fondateurs F à l'origine est supérieur à celui de fondateurs vrais (97 vs 88, tableau 1). Ceci renseigne que ces fondateurs F ne représentent pas la



variabilité génétique étant entendu qu'ils n'étaient pas indépendants (BOICHARD *et al.*, 1996). Le nombre de fondateurs efficaces F_e est très inférieur au nombre de fondateurs vrais, puisqu'il est de 56 et 88 respectivement. Les contributions des fondateurs vrais à la population actuelle sont donc très déséquilibrées dans la transmission de stock génétique. Cette tendance a été mise en exergue chez les races porcines (LENOIR et MERCAT, 2008). Quant au nombre d'ancêtres efficaces F_a , il est analogue à celui des fondateurs efficaces F_e (Tableau 1). Puisqu'il est calculé à partir des contributions des ancêtres les plus importants (fondateurs ou non), il a l'avantage

de traduire l'existence ou non d'un goulot d'étranglement dans les pedigrees dès que F_a est inférieur à F_e (BOICHARD *et al.*, 1996). Dans le cas présent, on est en absence de goulot d'étranglement, lequel se produit lorsqu'une population subit une sévère réduction temporaire de sa taille. Après un étranglement, la taille effective N_e est grandement réduite et la variabilité génétique diminue à cause de la dérive génique ou l'endogamie. A ce titre, la figure 2, présente la contribution cumulée des 93 ancêtres vrais, dont 21 ancêtres expliquent les 50% des gènes de la population et 70 ancêtres pour plus de 90% des gènes.

Tableau 1 : Caractérisation généalogique et nombre de fondateurs (F), de fondateurs vrais, de fondateurs efficaces (F_e), et d'ancêtres efficaces (F_a), du niveau de Consanguinité F de la population de référence et d'apparentement moyen des reproducteurs

Paramètres	Valeurs
Paramètres généalogiques	
Effectif de la population d'aulacodes	1956
Moyenne de générations maximales remontée	0,97
Moyenne de générations complètes remontée	0,46
Moyenne de générations équivalentes remontée	0,72
Variabilité génétique par la probabilité d'origine des gènes	
Taille de la population d'aulacodes	653
Taille de la population de référence	293
Population dont l'un ou aucun des parents n'est connue	357
Fondateurs, F	97
Fondateurs vrais	88
Fondateurs efficaces, F_e	56
Ancêtres vrais	93
Ancêtres efficaces, F_a	56
Ancêtres expliquant 50 % des gènes	21
Niveau de Consanguinité F de la population de référence et d'apparentement moyen des reproducteurs	
Coefficient de consanguinité	0,52
Coefficient de parenté	0,93

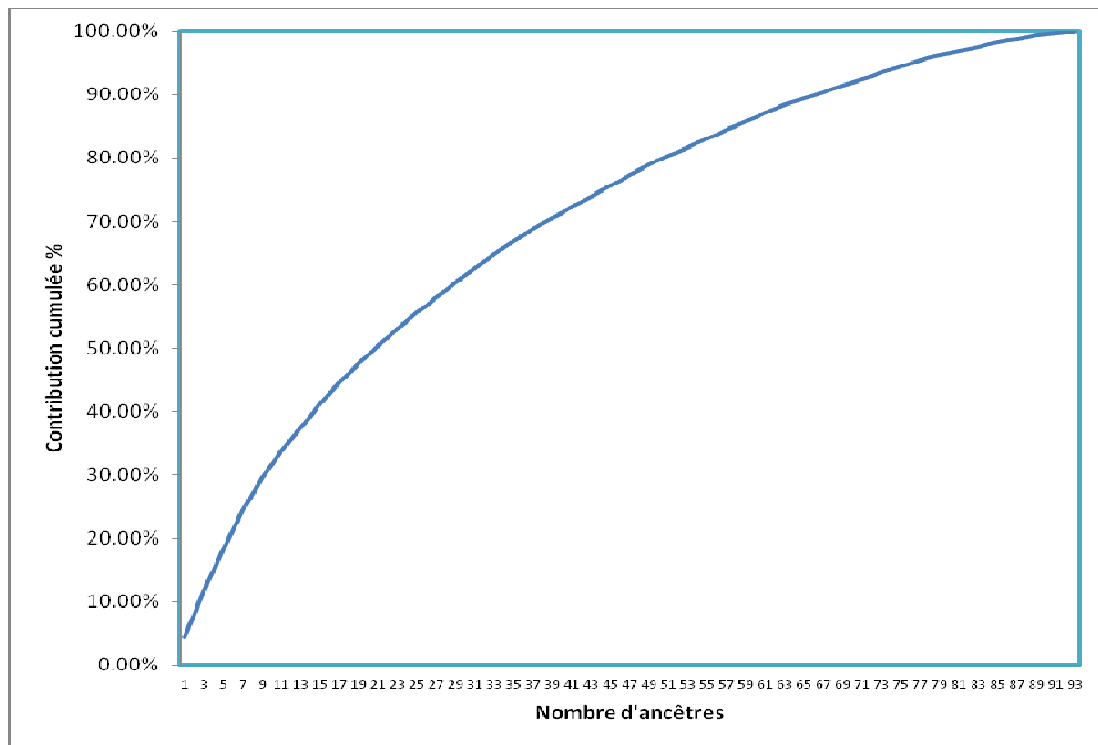


Figure 2 : Probabilité d'origine des gènes et contribution des ancêtres

4.2 Consanguinité et apparentement des reproducteurs :

Le niveau de consanguinité F de la population de référence et d'apparentement moyen des reproducteurs, est de 0,52% et 0,93% respectivement. Ces indicateurs sont faibles et c'est la preuve que la consanguinité n'est pas donc forcément un problème. Selon LORIMER (2007), la consanguinité peut être tolérée jusqu'à une valeur de 5 % et au-delà nous devons nous en inquiéter et prendre les mesures nécessaires pour la faire chuter, par la pratique des accouplements exogames. Un coefficient de consanguinité non nul révèle la présence d'au moins un ancêtre commun dans l'ascendance des deux parents. A l'inverse, un coefficient nul peut à la fois traduire l'absence d'ancêtre commun dans l'ascendance des deux parents d'un animal ou le manque de connaissance des généalogies (LENOIR et MERCAT, 2008). La faible consanguinité de cette étude (0,52%), démontre une gestion efficace des accouplements malgré le faible nombre de 97 fondateurs à l'origine. Les bonnes pratiques en

élevage d'aulacodes d'ailleurs recommandées par des travaux antérieurs (MENSAH et BAPTIST, 1986) ont sans doute contribué à cette fin.

4.3 Intervalles entre génération :

Les intervalles entre génération correspondent à l'âge moyen (en année) des reproducteurs au moment où naissent les animaux qui les remplaceront dans le troupeau (FALCONER et MACKAY, 1996). Les valeurs du tableau 2 ne révèlent aucune différence significative quel qu'en soit le sens : père – fils, $1,84 \pm 0,87$; père – fille, $2,09 \pm 0,80$; mère – fils, $2,01 \pm 0,83$; mère – fille, $2,04 \pm 0,83$. Ces intervalles sont déterminés par l'âge au premier accouplement et la carrière de reproduction de l'animal (FOLCH et JORDANA, 1998). Dans la présente étude, les reproducteurs ont donc été mis en accouplement au moins à 10 mois (0,84 année) d'âge, tenant compte classiquement de l'âge de la mise en reproduction du mâle (7 à 8 mois), la femelle (6 à 7 mois), la durée de la gestation (5 mois), l'âge au sevrage (de 2 à 6 semaines) selon MENSAH et BAPTISTE



(1986), MENSAH *et al.* (1986). Quant à l'âge des parents à la naissance des descendants, il varie entre 2,59 à 2,76 ans sans aucune différence significative : Père-fils, $2,59 \pm 1,16$;

père-fille, $2,76 \pm 1,14$; mère-fils, $2,64 \pm 1,14$; mère-fille, $2,60 \pm 1,18$.

Tableau 2 : Distribution de l'intervalle entre génération et de l'âge moyen des parents à la naissance des descendants

Paramètres	Valeurs (effectif)
Intervalle entre génération	
Père-Fils (L_{mm})	$1,84 \pm 0,87(10)$
Père-Fille (L_{mf})	$2,09 \pm 0,80(14)$
Mère-Fils (L_{mf})	$2,01 \pm 0,89(12)$
Mère-Fille (L_{ff})	$2,04 \pm 0,83(24)$
Total	$2,01 \pm 0,83(60)$
Age des parents à la naissance des descendants	
Père-Fils	$2,59 \pm 1,16(200)$
Père-Fille	$2,76 \pm 1,14(105)$
Mère-Fils	$2,64 \pm 1,14(283)$
Mère-Fille	$2,60 \pm 1,18(178)$
Total	$2,63 \pm 1,16(766)$

5 CONCLUSION

Ce bilan présente les premières informations sur la variabilité génétique des aulacodes d'élevages, notamment l'intervalle entre génération, entre père – fils et fille, et entre mère-fils et fille, l'âge moyen des parents à la naissance des descendants, la taille effective de la population, de la probabilité d'origine des gènes, la consanguinité et de l'apparentement. L'équilibre entre fondateurs efficaces F_e et ancêtres F_a , démontrent aussi de la gestion satisfaisante de la variabilité génétique. Toutes fois, les paramètres calculés sont faibles, preuve d'une variabilité restreinte de la population considérée. Par ailleurs, cette évaluation s'est bornée à une estimation en un temps t avec des effectifs limités dans les généalogies, d'où la nécessité d'actualiser les indicateurs de la variabilité par le recueil et l'enregistrement

continus des données, la sensibilisation des éleveurs, leur organisation. En fonction de l'évolution et sous réserve de maîtrise des conditions d'élevage, il sera nécessaire de mettre en place certaines actions pour gérer au mieux la variabilité à savoir l'introduction de sang étranger dans les élevages, le développement de la technologie de sperme et l'insémination artificielle. Les marqueurs moléculaires peuvent être utilisés pour étudier la génétique du recrutement et les modifications génétiques au sein des élevages d'aulacodes. Enfin le faible taux de consanguinité justifie que l'hypothèse de départ qui tient la consanguinité comme source de baisses de performances enregistrées dans les élevages évalués est réservée et ceci nécessite des investigations complémentaires.

6 REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Adjanohoun E : 1988. Contribution au développement de l'élevage d'aulacode (*Thryonomys swinderianus* TEMMINCK, 1827) et à l'étude de sa reproduction.

Thèse de Doctorat de l'École Nationale Vétérinaire d'Alford. France, 198 p.
 Adjanohoun E : 1992. Le cycle sexuel et la reproduction de l'aulacode (*Thryonomys swinderianus*). Mammalia, 56 (1), 109-118.



- Boichard D, Maignel L. et Verrier E : 1996. Analyses généalogiques des races bovines laitières françaises. INRA (Productions animales), pp. 325-335.
- Falconer DS et Mackay TFC : 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman, Essex, U.K., 4th ed. edition.
- Fantodji A, Soro D. et Mensah GA : 2004. Reproduction du grand aulacode en captivité étroite en Côte d'Ivoire. Sciences et Nature (1) : 25-33.
- Folch P. et Jordana J : 1998. Demographic characterization, inbreeding and maintenance of genetic diversity in the endangered Catalanian donkey breed. Genet. Sel. Evol. 30 :195-201
- Gutiérrez J. et Goyache F: 2005. [A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information.](#) Journal of Animal Breeding and Genetics, 122 (3). pp. 172-176. ISSN 0931-2668.
- Heymans JC. et Mensah GA : 1984. Sur l'exploitation rationnelle de l'aulacode-rongeur Thryonomidae en République Populaire du Bénin : Données préliminaires. Tropicultura 2 (2) : 56-59.
- Heymans JC : 1996. L'élevage de l'aulacode (*Thryonomys swinderianus*). Cahier FAO Conservation (31) : 79 p.
- Hill WG : 1979. A note on effective population size with overlapping generations. Genetics, 92 : 317-322.
- Jori F, Mensah GA. et Adjanooun E : 1994. Grasscutter production: an example of rational exploitation of wildlife. Biodiversity and conservation. 4 : 257-265.
- Lenoir H. et Mercat MJ : 2008. Bilan des effectifs, des performances de reproduction et de la variabilité génétique des 6 races locales. TechniPorc, Vol. 31, N°3,- la revue technique de l'IFIP
- Lorimer H : 2007. Extrait de « Inbreeding and Genetics » (Consanguinité et Génétique). Université de Youngstown. 10 p.
- Mensah GA. et Baptist R : 1986. Aspects pratiques en élevage d'aulacode (*Thryonomys swinderianus*) : mode d'accouplement et durée de gestation, revue d'élevage et de médecine vétérinaire en pays tropicaux (39) : 239-242.
- Mensah GA, Holzer R, Schröder W. et Baptist R: 1986. Aspects pratiques en élevage d'aulacode (*Thryonomys swinderianus*) : Détection des chaleurs. Revue d'élevage et de médecine vétérinaire en pays tropicaux (39) : 243-246.
- Meuwissen THE. et Luo Z: 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. Génétique Sélection et Evolution, 24 : 305-313.
- Nevo E: 1978. Genetic variation in natural populations: patterns and theory. Theoretical Population Biology 13: 121-177.
- N'tsame N. et Edderaï D : 2000. Résultats zootechniques de la station d'aulacodiculture d'Owendo (1997-1999). In : Actes du Séminaire international : L'élevage intensif du gibier à but alimentaire en Afrique. Libreville, Gabon, 23 et 24 mai 2000, pp. 5-7.
- Stier CH, Mensah GA. et Gall CF: 1991. Élevage d'aulacodes (*Thryonomys swinderianus*) pour la production de viande. Revue Mondiale de Zootechnie, Vol. 69 : pp. 44-49.
- Wright S: 1931. Evolution in mendelian population. Genetics 16: 97-98.