

# Structure de population et diversité génétique des races ovines suisses

Alexander Burren<sup>1</sup>, Christine Flury<sup>1</sup>, Christian Aeschlimann<sup>2</sup>, Christian Hagger<sup>1</sup> et Stefan Rieder<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Haute école des sciences agronomiques, forestières et alimentaires HAFL, 3052 Zollikofen

<sup>2</sup>Fédération suisse d'élevage ovin, Caprovis Data AG, 3000 Berne

<sup>3</sup>Haras national suisse ALP-Haras, 1580 Avenches

Renseignements: Stefan Rieder, e-mail: stefan.rieder@haras.admin.ch, tél. +41 26 676 62 09



Oxford (OX)



Brun Noir du pays (BNP)



Nez Noir du Valais (NN)



Blanc des Alpes (BA)

Les quatre populations les plus importantes de Suisse. (Photos: Fédération suisse d'élevage ovin)

## Introduction

Dans le cadre de l'Année de la biodiversité 2010, la Fédération suisse d'élevage ovin a mis à disposition les données généalogiques (pedigrees) des quatre populations ovines les plus importantes de Suisse: Oxford (15%; n=10858), Brun Noir du pays (15%; n=10964), Nez Noir du Valais (20%; n=14371), Blanc des Alpes (44%; n=32169), en vue d'une analyse de la diversité génétique<sup>1</sup>. L'analyse des données du herd-book permet de décrire la structure des quatre populations et de calculer des paramètres génétiques. Ceux-ci permettent d'apprécier l'état et l'évolution de la diversité génétique. Sur cette base, on peut déterminer quelles mesures sont nécessaires et appropriées pour la conservation des races. Le mouton *Oxford* (OX) est une race lourde de Suisse. Il

est élevé depuis le 19<sup>e</sup> siècle et descend de croisements de moutons de Grabs suisses avec des moutons Oxford provenant d'Angleterre et des moutons à viande à tête noire allemands. Ces deux races étrangères sont encore utilisées de nos jours pour les croisements d'amélioration (SZV 2010).

Le *Brun Noir du pays* (BNP) est une race suisse très ancienne, issue de différentes races locales. Son origine remonte au mouton de Frutigen. On suppose que la couleur brune fut obtenue par croisement avec un mouton valaisan brun, le Roux de Bagnes. Avant l'uniformisation de la race en 1925, les moutons bruns de l'Oberland bernois étaient croisés avec des races ovines noires du Jura, du Saanenland et du pays de Fribourg, conduisant au

<sup>1</sup>Les nombres entre parenthèses indiquent la représentation de la race dans l'effectif total actif du herd-book ainsi que le nombre d'animaux actifs du herd-book au 1<sup>er</sup> mai 2010 et âgés de plus de 6 mois.

brun-noir des Alpes. Depuis 1925, on a renoncé aux croisements avec d'autres races (SBSVS 2010; SZV 2010).

Le *Nez Noir du Valais (NN)* est documenté dès le 14<sup>e</sup> siècle. On suppose qu'il est issu du croisement de moutons de la vallée de Visp avec des moutons bergamasques de Lombardie. La désignation de race «nez noir» a été utilisée dès la fin du 19<sup>e</sup> siècle et fait peut-être référence au croisement avec des moutons Corswold d'Angleterre et d'Allemagne (Baars *et al.* 2006).

Le mouton *Blanc des Alpes (BA)* descend de plusieurs types locaux du mouton blanc des régions alpines. L'amélioration durable des performances carnée et lainière des anciennes races locales a été assurée grâce au croisement tant avec des moutons Mérinos allemands qu'avec des moutons français Ile-de-France. La race Ile-de-France continue à être utilisée pour les croisements d'amélioration (SZV 2010).

## Animaux, matériel et méthodes

L'analyse porte sur tous les animaux du herd-book nés de 1970 à 2008. Les animaux nés avant 1970 ou de sexe inconnu ont été exclus des analyses.

Les paramètres génétiques comme le coefficient de consanguinité ou le degré de parenté dépendent considérablement du couvrement et de la longueur du pedigree (Sölkner et Baumung 2001). Dans le cas présent, le couvrement des quatre pedigrees chute pour les dates de naissances avant 1996, entre autres en raison de l'enregistrement non-électronique des données (fig. 2). Pour cette raison, l'évolution des paramètres n'est représentée qu'à partir de 1996. Les animaux nés entre 1970 et 1995 sont cependant pris en compte dans les calculs comme ascendants.

L'analyse de la prolificité a été effectuée avec les logiciels SAS et Excel. Elle a tenu compte de tous les animaux dont la date de naissance et les deux parents étaient connus. Les agneaux multiples ont été identifiés par la date de naissance et les numéros d'identification des parents.

Les pedigrees ont été analysés avec les logiciels CFC (Sargolzaei *et al.* 2006), PEDIG (Boichard 2002) et POPREPORT (Groeneveld *et al.* 2009). Pour permettre des analyses spécifiques par sexe et pour certaines périodes, les deux derniers logiciels analysent non seulement l'identité des animaux et de leur père et mère mais aussi leur date de naissance et leur sexe. Les animaux dont le sexe et/ou la date de naissance sont inconnus ne sont pas pris en compte. Comme le logiciel CFC ne tient pas compte de ces données, les tailles d'échantillon varient entre les calculs effectués en fonction du nombre d'animaux dont la date de naissance est inconnue.

## Résumé

L'année 2010 a été déclarée Année internationale de la biodiversité par les Nations Unies. Dans ce contexte, la Fédération suisse d'élevage ovin a mis à disposition les données du herdbook pour les quatre races ovines les plus importantes de Suisse en vue d'une analyse de la diversité génétique. L'analyse porte sur les races Oxford (OX; n=10 858), Brun Noir du pays (BNP; n=10 964), Nez Noir du Valais (NN; n=14 371) et Blanc des Alpes (BA; n=32 169). Elle a été effectuée avec des logiciels courants pour analyses de génétique des populations. Le coefficient de consanguinité moyen a généralement augmenté entre 1996 et 2008 chez les quatre races, malgré d'importantes fluctuations. Le plus grand accroissement de consanguinité a été observé chez la race NN (5,9 → 9,3 %), suivie des races OX (2,4 → 4,3 %), BNP (2,4 → 3,8 %) et BA (1,4 → 2,5 %). L'accroissement de consanguinité était associé à une baisse de la taille de population effective. La race BA possède le plus grand nombre effectif de fondateurs, d'ancêtres et de génomes fondateurs. Ces trois paramètres ont diminué au cours des années chez les quatre races, avec une baisse plus prononcée chez la race BA. La perte de diversité génétique entre 1996 et 2008 était également indiquée par la contribution marginale des gènes de l'ancêtre principal. Celle-ci a augmenté chez les quatre races (NN 11,05 → 19,79 %; OX 7,67 → 11,27 %; BNP 4,45 → 5,19 %; BA 2,84 → 4,69 %). D'après ces résultats, seule la race NN aurait besoin de pratiques d'élevage ciblées pour maintenir sa diversité génétique. Chez les trois autres races, l'évolution des indices de diversité génétique devrait être surveillée régulièrement.



**Encadré 1 | Paramètres génétiques étudiés**

Le couvrement du pedigree selon MacCluer *et al.* (1983) et Boichard *et al.* (1997).

Le **degré de parenté génétique additive (f)** entre deux individus et leur changement annuel ( $\Delta f$ ). Le degré de parenté correspond au double du coefficient de parenté, qui exprime la probabilité qu'un allèle à un locus quelconque d'un individu provient du même ancêtre qu'un allèle au même locus d'un autre individu. Le calcul a été effectué selon la méthode de Boichard (2002).

Le **coefficient de consanguinité (F)**, qui exprime la probabilité que deux allèles pris au hasard à un locus d'un individu proviennent du même ancêtre, ainsi que le **taux d'accroissement de consanguinité ( $\Delta F$ )** par génération (Falconer et Mackay 1996).

La **taille de population effective ( $N_e$ )**. Ce paramètre représente le nombre d'individus dans une population idéale<sup>2</sup> qui conduiraient au même accroissement de consanguinité ou à la même variation des fréquences d'allèles que ceux observés dans une population réelle (Schüler *et al.* 2001). Elle a été calculée avec la formule  $N_e = 1 / (2 \times \Delta F)$ , donc à partir du taux d'accroissement de consanguinité par génération (Falconer et Mackay 1996).

Les nombres effectifs de fondateurs, d'ascendants et de génomes fondateurs (Boichard *et al.* 1997; Caballero et Toro 2000, Lacy 1989) sont décrits comme suit par Sölkner et Baumung (2001):

Le **nombre effectif de fondateurs ( $f_f$ )** est défini comme le nombre de fondateurs qui pourraient produire la variabilité génétique observée si leurs contributions relatives à la population actuelle étaient égales.

Le **nombre effectif d'ancêtres ( $f_a$ )** correspond au nombre minimal d'ascendants (pas forcément des fondateurs) nécessaires pour expliquer la diversité génétique totale de la population actuelle. Contrairement à  $f_e$ , le coefficient  $f_a$  inclut l'effet de la perte d'allèles causée par des goulots<sup>3</sup> d'étranglement.

Le **nombre effectif de génomes fondateurs ( $f_{ge}$ )** décrit la probabilité que des gènes de la population fondatrice aient persisté jusqu'à la population actuelle, et l'égalité de leur distribution. Comme  $f_{ge}$  inclut les effets de l'emploi dans l'élevage, des tailles de famille, des goulots d'étranglement et de la dérive génétique aléatoire<sup>4</sup>. La valeur de  $f_{ge}$  est toujours inférieure à  $f_e$  ou  $f_a$  (Sölkner et Baumung 2001).

Les **contributions génétiques marginales** des plus importants ancêtres au pool génétique entier (Boichard 2002; Boichard *et al.* 1997). Le terme «marginal» désigne la contribution unique, qui n'est pas expliquée par d'autres ancêtres (Sölkner et Baumung 2001).

<sup>2</sup> Une population idéale est définie comme une population infiniment grande, dont les individus s'accouplent entièrement au hasard, sans sélection, mutation ou migration, de sorte que les fréquences génotypiques et alléliques restent constantes d'une génération à l'autre (Schüler *et al.* 2001).

<sup>3</sup> Lorsqu'une population est décimée, par exemple par une épidémie, puis reconstituée à partir d'un petit nombre d'individus, elle traverse un goulot d'étranglement (Schüler *et al.* 2001).

<sup>4</sup> Variation aléatoire des fréquences génétiques (ou même perte de gènes) d'une génération à la suivante, sans patron évident (Schüler *et al.* 2001).

L'analyse a servi à décrire la démographie des populations et à étudier les paramètres génétiques définis dans la boîte.

## Résultats et discussion

Les effectifs des quatre races enregistrés au herd-book ont varié entre 160 463 et 533 758 animaux (tabl. 1). Le pedigree de la race BA était plus volumineux que celui des trois autres races, avec une proportion plus forte de pères inconnus et une proportion plus faible d'animaux consanguins. Les animaux NN avaient la plus faible pro-

portion d'animaux sans descendants et la plus grande proportion de mères. Chez les quatre races, il y avait nettement plus de pères inconnus que de mères inconnues.

### Evolution des naissances de 1996 à 2008

Le nombre de naissances a peu changé durant la période étudiée chez trois races, alors qu'il a considérablement baissé depuis 2001 chez la race BA (fig. 1).

Entre 1996 et 2008, les animaux mâles NN étaient en moyenne légèrement plus jeunes à la reproduction (2,3 ans) que ceux des autres races (OX: 2,5; BNP: 2,6; BA: 2,7 ans). Parmi les femelles, les BA étaient les plus âgées

**Tableau 1** | Nombre d'animaux des quatre pedigrees (années de naissance 1970–2008)

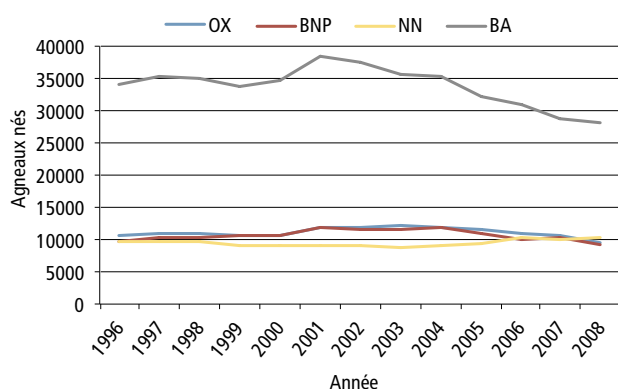
Catégorie	OX		BNP		NN		BA	
	Animaux	%	Animaux	%	Animaux	%	Animaux	%
Effectif total	168 469	100	160 463	100	157 185	100	533 758	100
Pères	7 095	4,21	5 524	3,44	7 842	4,99	19 056	3,57
Mères	43 175	25,63	33 719	21,01	50 299	32	132 952	24,91
Animaux sans descendants	118 199	70,16	121 220	75,54	99 044	63,01	390 712	73,2
Animaux avec parents inconnus (fondateurs)	1 737	1,03	1 018	0,63	1 980	1,26	8 590	1,61
Père connu, mère inconnue	0	0	1	0,001	0	0	0	0
Père inconnu, mère connue	5 744	3,41	7 257	4,52	4 819	3,07	64 441	12,07
Date de naissance inconnue	1 578	0,94	735	0,46	1 662	1,06	5 503	1,03
Animaux consanguins	152 179	90,33	148 126	92,31	143 704	91,42	406 020	76,07

à l'agnelage (3,5 ans). Les mères des trois autres races ont agnelé à un âge moyen de 3,1 (OX), 3,0 (BNP) et 3,1 (NN) ans.

La taille de portée diffère également entre les quatre races (tabl. 2). Des mises bas de 6 agneaux ne se trouvent que chez la race BNP, et des mises bas de 5 agneaux chez les races BNP et BA. Les races OX et NN avaient au plus 4 agneaux par mise bas. La proportion de naissances multiples a augmenté entre 1996 et 2008 chez les quatre races (augmentation chez NN: 9,34 %; BA 8,87 %; BNP: 5,49 %; OX: 2,68).

### Couvrement du pedigree

Chez les races OX et BNP, le couvrement du pedigree selon MacCluer *et al.* (1983) n'était jamais inférieur à 93 % en première génération; et même en sixième génération ascendante, il atteignait encore 90 % dès le milieu

**Figure 1** | Evolution des naissances.

des années 1990 (fig. 2). Le pedigree NN était moins complet et n'atteignait un couvrement supérieur à 90 % en première génération qu'à partir de 1976. En cinquième et sixième génération ascendante, la proportion d'animaux connus ne dépassait jamais 90 %. Le pedigree de la race BA était le moins complet, avec un couvrement maximal de 91,8 % en première génération en 2007. Le moindre couvrement résulte du herd-book ouvert et du programme d'élevage de la race BA: les ascendants d'animaux introduits par croisement ne sont que partiellement enregistrés dans le herd-book BA.

### Consanguinité et parenté

L'accroissement de consanguinité entre 1996 et 2008 était presque linéaire chez les races OX, BNP et BA, alors qu'il fluctuait beaucoup chez les moutons NN (fig. 3). Le coefficient de consanguinité moyen était le plus élevé chez la race NN avec 7,2 %, suivie des races OX (3,3 %), BNP (3,0 %) et BA (1,8 %). Ces résultats correspondent à ceux de Hagger (2002), qui ont étudié deux échantillons des races BA et BNP nés de 1996 à 1998 et qui ont obtenu des coefficients de consanguinité moyens de 1,61 % (BA) et 2,75 % (BNP). La proportion d'animaux consanguins nés entre 1996 et 2008 était de 96,7 % (NN), 94,7 % (OX), 94,5 % (BNP) et 82,1 % (BA). Le degré de parenté additive génétique moyen était de 2,6 % (OX), 1,7 % (BNP), 3,2 % (NN) et 0,8 % (BA).

Même si les taux d'accroissement de consanguinité ( $\Delta F$ ) ont fluctué considérablement entre 1996 et 2008, une tendance à l'accroissement est apparente chez les quatre races (fig. 4). Il en résulte une taille de population effective  $N_e$  décroissante, puisque  $N_e$  et  $\Delta F$  sont inverse-

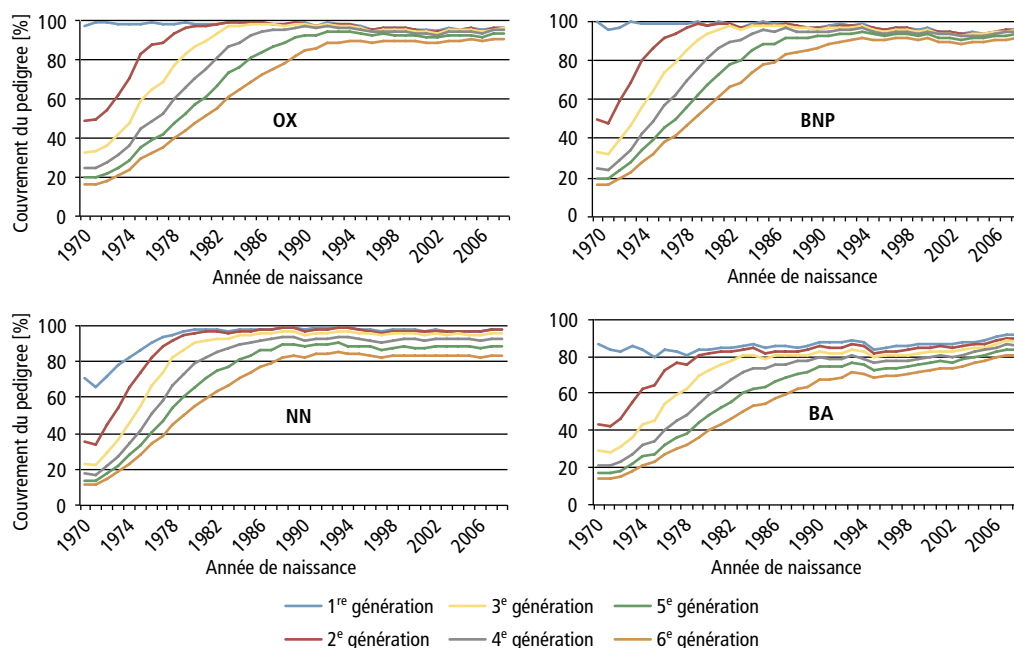


Figure 2 | Couvremet du pedigree des quatre races OX, BNP, NN et BA.

ment proportionnels (voir Animaux matériel et méthodes). Cependant, le  $\Delta F$  de la race NN était très petit en 2000 et même négatif en 2001. En conséquence,  $N_e$  était très élevé en 2000 et non défini en 2001 ( $N_e$  ne peut être calculé que pour des valeurs positives de  $\Delta F$ ). Ces fluctuations des paramètres estimés ne correspondent certainement pas à la réalité; elles s'expliquent entre autres par la structure des ancêtres et le couvremet incomplet de l'échantillon. Ainsi, Flury et Rieder (2011) trouvaient également des grandes fluctuations chez la population des vaches d'Hérens suisses, qu'ils expliquaient par le pedigree incomplet.

Les taux d'accroissement de consanguinité et les tailles de population effectives des quatre races (animaux nés entre 1996 et 2008) étaient en moyenne de

0,008 % et 63 (OX), 0,007 et 74 (BNP), 0,005 % et 145 (NN) et 0,005 % et 109 (BA). La taille de population effective permet de classifier les populations ovines dans les catégories de menace suivantes (OFAG 2002): < 25 sérieusement menacé, 25–39 menacé, 40–66 légèrement menacé, 67–200 potentiellement menacé, > 201 normal. Ces catégories indiquent le risque d'une perte d'information génétique à cause de changements de fréquences génétiques dus à des croisements, à la consanguinité, à la dérive génétique ou à la sélection. Il faut cependant noter que la définition des catégories de menace varie beaucoup entre sources et experts.

Les plus grands nombres effectifs de fondateurs, d'ascendants et de génomes fondateurs ont été trouvés entre 1996 et 2008 chez le BA (fig. 5). Chez toutes les

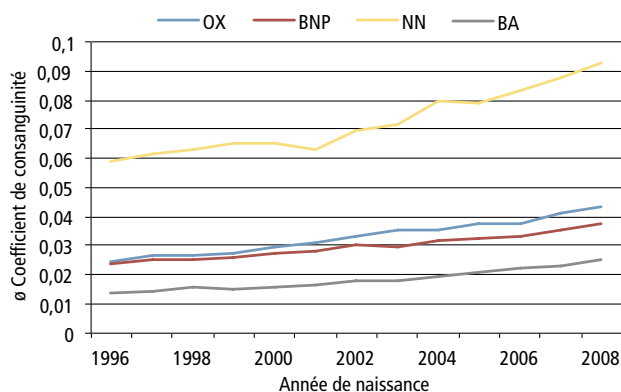


Figure 3 | Coefficient de consanguinité moyen.

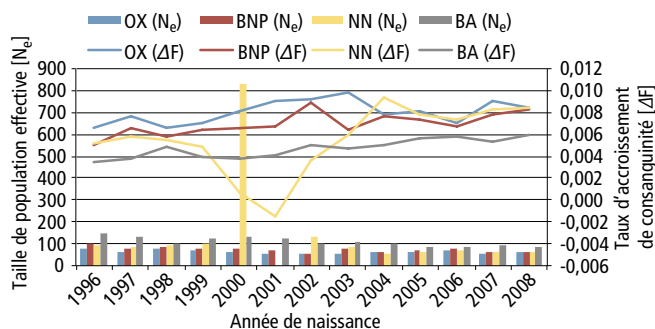


Figure 4 | Taux d'accroissement de consanguinité et taille de population effective.

Tableau 2 | Distribution des tailles de portée entre 1996 et 2008 [%]

Race	Nombre d'agneaux par mise bas						Proportion de naissances multiples
	1	2	3	4	5	6	
OX	48,95	47,32	3,66	0,07	-	-	51,05
BNP	43,97	48,18	7,32	0,52	0,016	0,002	56,03
NN	66,53	33,15	0,32	0,004	-	-	33,47
BA	54,24	43,58	2,13	0,05	0,001	-	45,76

racés, les trois paramètres ont montré une tendance à la baisse, qui était la plus prononcée chez la race BA. Si tous les fondateurs livraient le même nombre d'allèles à la descendance, le nombre  $f_e$  correspondrait au nombre réel d'animaux fondateurs du tabl. 1 | Comme  $f_e$  était nettement plus bas chez toutes les races, certains fondateurs doivent avoir produit moins de descendants. Leurs gènes se sont donc perdus. Les pertes génétiques dues aux goulots d'étranglement étaient les plus importantes chez les NN (grande différence entre  $f_e$  et  $f_a$ ) et les pertes dues à la dérive génétique étaient les plus importantes chez les BA (grande différence entre  $f_a$  et  $f_{ge}$ ).

Un autre paramètre ayant baissé entre 1996 et 2008 est le nombre d'ancêtres dont les contributions marginales expliquent 50 % de l'information génétique des agneaux d'une année (BFS 23→13, SBS 27→22, SN 22→

14, WAS 48→28). Comme pour les nombres effectifs de fondateurs, d'ascendants et de génomes fondateurs, la race BA avait le plus grand nombre d'ancêtres expliquant 50 % de l'information génétique. En contrepartie, ce paramètre a aussi baissé le plus fortement chez les BA entre 1996 et 2008.

Un autre indicateur d'une baisse de diversité génétique entre 1996 et 2008 est la proportion marginale de gènes de l'ancêtre principal (fig. 6). Cette proportion a augmenté chez toutes les races, avec une grande hausse chez les NN (de 11,05 % en 1996 à 19,79 % en 2008) et des augmentations moindres chez les autres races: OX (7,67 à 11,27 %), BNP (4,45 à 5,19 %) et BA (2,84 à 4,69 %). Chez la race NN, le même animal mâle E a expliqué la plus grande proportion marginale de gènes de la population sur les 13 années étudiées. Chez les races OX et BA,

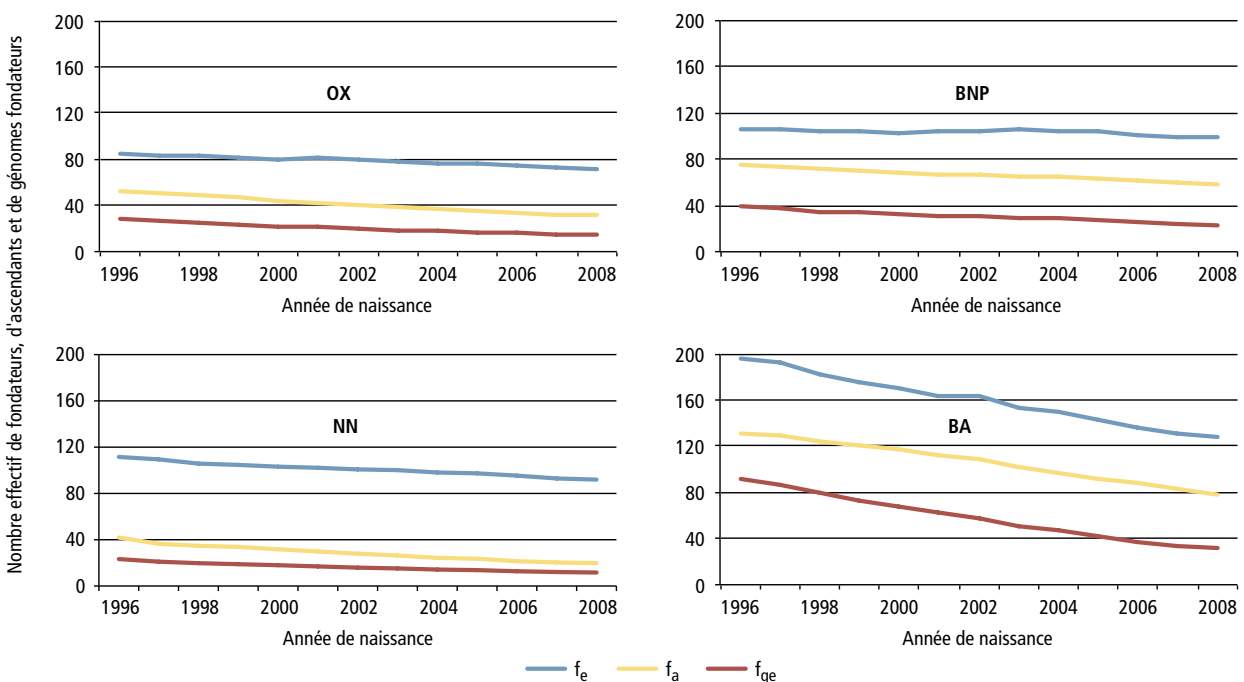


Figure 5 | Nombre effectif de fondateurs, d'ascendants et de génomes fondateurs.

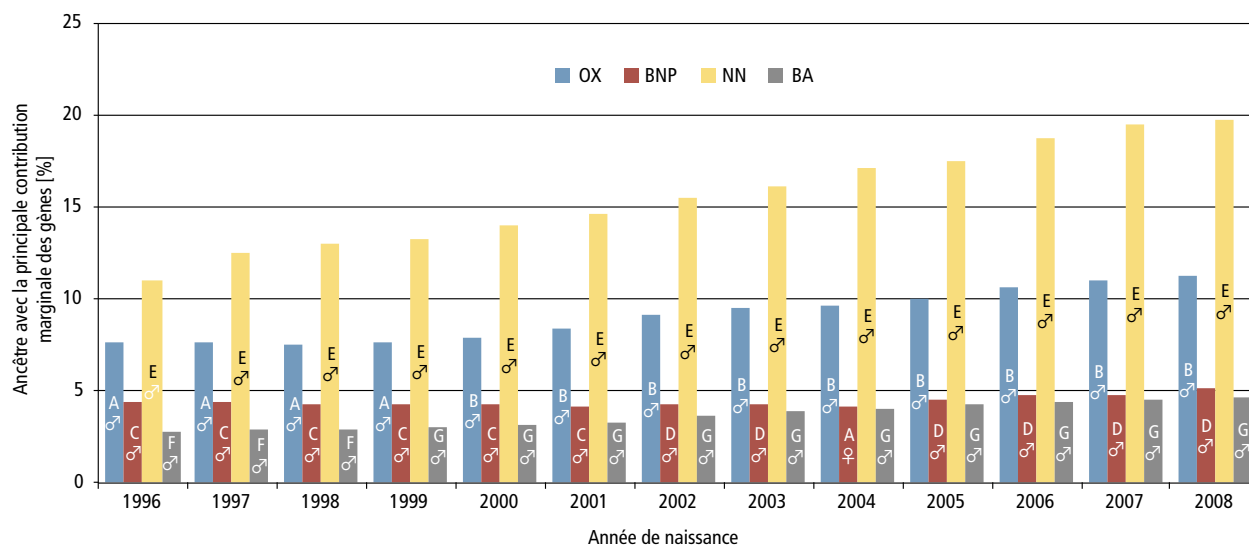


Figure 6 | Contribution marginale des gènes de l'ancêtre principal au pool génétique d'une année.

les animaux mâles A et B ou F et G ont livré les plus grandes proportions marginale de gènes. Chez les OX, trois animaux se partagent ce rôle: les mâles C et D et la femelle A. Ces résultats correspondent à ceux de Hagger (2002), qui avait trouvé des contributions marginales de gènes de l'ancêtre principal de 4,4 % et 2,9 % pour les races OX et BA en 1996.

## Conclusions

La diversité génétique a baissé chez les quatre races ovines au cours des années 1996 à 2008. Les raisons possibles sont une conduite plus rigoureuse du herd-book, un programme d'élevage plus intensif (épreuves de productivité) et la sélection.

Une baisse de diversité génétique peut réduire la productivité et la fécondité. De plus, elle élimine des ressources génétique pour l'élevage futur et réduit le potentiel d'adaptation aux changements de milieu.

Pour résoudre les conflits de buts entre de progrès d'élevage et le maintien de la diversité génétique, il faut optimiser la sélection de manière à obtenir le progrès d'élevage maximal avec un accroissement de consanguinité aussi faible que possible. Par exemple, dans le cas de chevaux des Franches-Montagnes, Hasler *et al.* (2011) ont identifié des étalons avec une bonne valeur d'élevage et un faible degré de parenté aux jumelles.

On pourrait aussi optimiser la sélection de cette manière pour les quatre races ovines étudiées, d'autant plus que des valeurs d'élevage pour la performance

existent déjà. Cependant, nos résultats indiquent que de telles mesures ne se justifient encore que pour la race NN. Pour les autres races, il suffit pour le moment de surveiller les paramètres génétiques décrits ici.

D'une manière générale, il est bon d'éviter l'accouplement d'animaux étroitement apparentés. Cette étude pourrait être approfondie en quantifiant pour chaque race l'influence de la consanguinité sur des critères de santé, de fécondité et de performance générale. ■

**Riassunto****Struttura della popolazione e diversità genetica delle razze ovine svizzere**

L'anno 2010 è stato dichiarato dalle Nazioni Unite anno della biodiversità. In questo contesto la Federazione svizzera d'allevamento ovino ha messo a disposizione, in vista dell'analisi sulla diversità genetica, i dati sulle quattro razze principali svizzere, contenuti nel registro delle mandrie. Sono state esaminate la pecora da carne dalla testa bruna (OX; n=10858), la nera/bruna di montagna (BNP; n=10964), la naso nero del Vallese (NN; n=14371) e la bianca delle Alpi (BA; n=32169). Le analisi si basano su tutti i registri delle mandrie degli anni dal 1996 al 2008 e dei loro antenati fino all'anno di nascita 1970. Questi dati sono stati valutati con un software standard per elaborare quesiti sulla genetica delle popolazioni. Il maggiore incremento nel coefficiente medio di consanguineità ha potuto essere osservato nel periodo esaminato nelle razze NN (5,9 → 9,3 %) seguito dalle razze OX (2,4 → 4,3 %), BNP (2,4 → 3,8 %) e BA (1,4 → 2,5 %). Sebbene i tassi di consanguineità nel periodo dal 1996 al 2008 ha mostrato alcuni forti oscillazioni, per tutte le quattro razze si è potuto osservare una sostanziale tendenza al rialzo. Questa è accompagnata da una tendenza al ribasso nella dimensione effettiva della popolazione. Il maggior numero di animali fondatori effettivi, antenati e genoma fondatore sono stati rilevati nella bianca delle Alpi. In tutte e quattro le razze si è riscontrato una tendenza al ribasso in questi tre parametri con una diminuzione nella razza BA molto più pronunciata rispetto alle altre razze. Un ulteriore indicatore di diminuzione della diversità genetica tra il 1996 ed il 2008 è rappresentato dal contributo marginale di geni del principale antenato. Esso è aumentato per tutte le quattro razze (NN 11,05 → 19,79 %; OX 7,67 → 11,27 %; BNP 4,45 → 5,19 %; BA 2,84 → 4,69 %). Sulla base di questi risultati, solo la popolazione NN richiede pratiche gestionali mirate per il mantenimento della diversità genetica. Nelle altre tre razze, i parametri di diversità genetica dovrebbero essere monitorati regolarmente.

**Summary****Population structure and genetic diversity of Swiss sheep breeds**

The year 2010 was declared by the United Nations as the International year of biodiversity. During that year, the Swiss Sheep Breeding Association made herd book data of its four largest breeds available for genetic diversity analyses. Those were Brown Headed Meat Sheep (OX; n=10858), Black Brown Mountain Sheep (BNP; n=10964), Valais Black Nose Sheep (NN; n=14371) and White Alpine Sheep (BA; n=32169).

The analyses included pedigree data from herd book animals born between 1996 and 2008. Ancestors were considered as far back as year of birth 1970. All data was analysed with common population genetic software tools.

Within the studied time span the largest increase in mean inbreeding coefficient was found for the NN breed (5,9 → 9,3 %), followed by the OX breed (2,4 → 4,3 %), the BNP breed (2,4 → 3,8 %) and the BA breed (1,4 → 2,5 %). Although the rate of inbreeding within the mentioned period from 1996 to 2008 fluctuated to some extent, all four breeds showed a general upward trend. This is accompanied by a general downward trend in effective population size. The White Alpine breed revealed the largest number of founder equivalents, effective ancestors and founder genome equivalents. Over the course of the years, all four breeds showed a downward trend for these three parameters, but the decline in the BA breed was found much more pronounced compared to the others. A further indicator of a declining genetic diversity is the marginal contribution of the most important ancestor. This parameter increased in all four breeds (NN 11,05 → 19,79 %; OX 7,67 → 11,27 %; BNP 4,45 → 5,19 %; BA 2,84 → 4,69 %) during the studied time span from 1996 to 2008.

Our results suggest that, for the short term, targeted population management should be envisaged for the NN breed only. However, genetic diversity analyses on a regular basis are recommended for all breeds.

**Key words:** swiss sheep breeds, genetic diversity, pedigree analysis, inbreeding.

**Bibliographie**

La liste bibliographique est disponible chez l'auteur.