

# Analyse généalogique des races bovines laitières françaises

La recherche du progrès génétique maximal à court terme conduit à un appauvrissement de la variabilité génétique à long terme. Ce constat, très général, est probablement très marqué chez les bovins laitiers, le besoin en reproducteurs mâles étant très réduit du fait de l'efficacité exceptionnelle de l'insémination artificielle. Cet article présente un bilan de la situation dans les huit principales races françaises, sur la base des données généalogiques disponibles.

Au cours des 25 dernières années, l'élevage bovin laitier en France a connu une intensification constante, tant par la voie génétique que par l'amélioration de la conduite. L'instauration des quotas de production en 1984 n'a pas modifié fondamentalement cette orientation, l'augmentation de la productivité par vache étant compensée par une diminution du nombre de vaches. Malgré des inflexions nettes du critère de sélection vers la quantité de matière utile en 1978, puis vers une combinaison de la quantité de matière

protéique et du taux protéique en 1993 (Colleau *et al* 1994), l'objectif de sélection est resté assez stable tout au long de cette période et assez homogène entre populations animales et entre éleveurs.

Cet état de fait a conduit à une homogénéisation du cheptel national et à une simplification extrême du paysage racial. La Frisonne rapidement « holsteinisée » (Boichard *et al* 1993), bénéficiant d'un progrès génétique très élevé, a progressé au détriment des autres races, en particulier la Normande. Actuellement, en dehors des populations faisant l'objet de conservation et après la reconversion des races Salers, Aubrac et Maine-Anjou en populations allaitantes, le cheptel laitier français ne compte plus que 8 races, d'importance numérique très contrastée : la Prim'Holstein est majoritaire, la Normande et la Montbéliarde ont un effectif important et une extension nationale, tandis que les 5 autres races (Abondance, Pie Rouge des Plaines, Brune, Tarentaise et Simmental Française) n'ont qu'une extension régionale.

Durant cette période, la sélection des races laitières s'est intensifiée d'année en année, dans un contexte de compétition entre races, entre programmes nationaux intra race, voire au niveau international en race Holstein. L'instauration des quotas, provoquant une diminution du nombre de femelles et donc des capacités de financement des programmes de sélection, n'a pas remis en cause cet effort, mais a plutôt accéléré les réformes de structure et le regroupement des opérateurs.

## Résumé

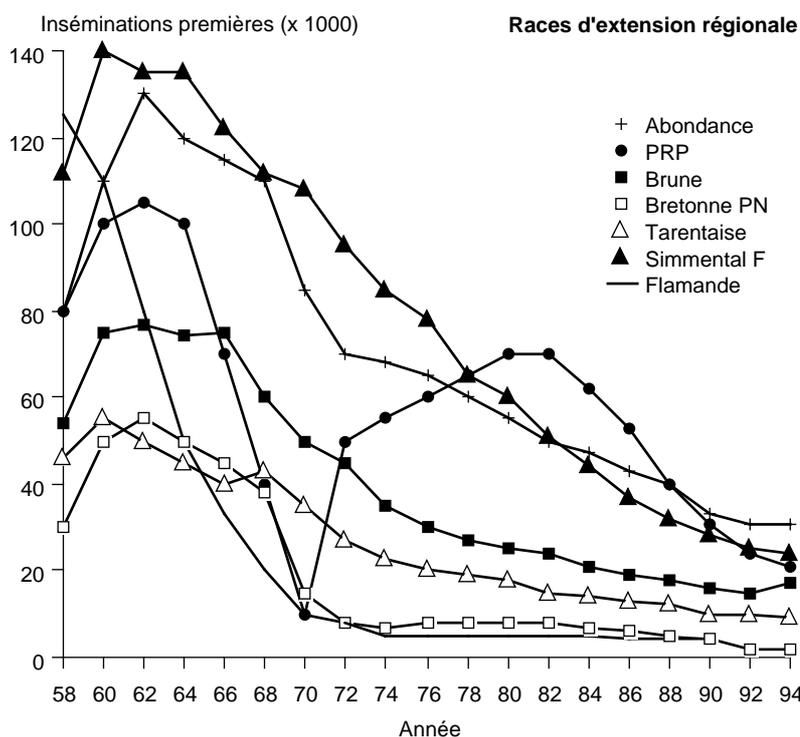
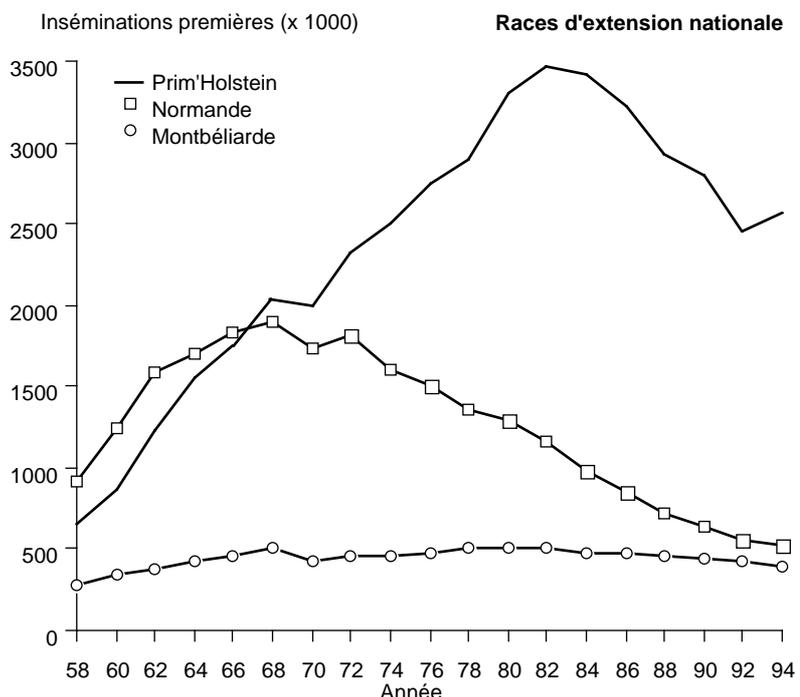
Cet article présente un bilan de la variabilité génétique dans les huit principales races bovines laitières françaises établi à partir de l'information généalogique. La stratégie d'ouverture diffère entre populations, les races Normande et Tarentaise étant fermées, les races Prim'Holstein, Pie Rouge des Plaines, Brune et Simmental Française faisant largement appel à des gènes extérieurs, tandis que les races Montbéliarde et Abondance ont procédé à une légère infusion de gènes Holstein rouge. Lorsque la qualité des généalogies et la structure de la population permet de le calculer correctement, le niveau de consanguinité est faible mais il s'accroît assez rapidement, de l'ordre de 1 % par génération, ce qui correspond à un effectif génétique réalisé de quelques dizaines de reproducteurs. Le nombre d'ancêtres efficace, dérivé des probabilités d'origine de gènes, est compris entre 17 et 64 et n'est pas corrélé avec le nombre de femelles dans la population. Les races bovines laitières, du fait de l'efficacité de l'insémination artificielle, sont donc des populations extrêmement réduites en terme d'origines génétiques. Des études plus approfondies devront rapidement proposer des solutions visant à préserver la variabilité génétique, mais restant compatibles avec les programmes de sélection actuels. Sans préjuger des réponses à apporter, il semble cependant nécessaire, d'une part, de maintenir toutes les populations existantes et, d'autre part, d'augmenter le nombre de pères à taureaux.

Cette compétition conduit à rechercher le progrès génétique maximal à court terme, au détriment de la variabilité génétique à moyen et long terme. Ce problème général est accentué chez les bovins laitiers par deux phénomènes : d'une part, l'intervalle de génération est long, de sorte que le progrès à court terme n'est pleinement exprimé qu'au bout de 8 à 10 ans, ce qui relativise la notion de long terme aux yeux des sélectionneurs ; d'autre part, le potentiel de diffusion exceptionnel des mâles par insémination artificielle, bien supérieur à

celui des autres espèces, permet de concentrer l'effort de sélection sur un très petit nombre d'individus et réduit d'autant l'effectif génétique des populations.

Cet article présente une analyse rétrospective de l'évolution de la structure génétique de la population au contrôle laitier des huit principales races bovines laitières françaises, analyse réalisée à partir de l'information généalogique disponible. L'objectif est d'établir, sur la base d'indicateurs simples, dans quelle mesure la variabilité génétique disponible pour la sélection a pu être maintenue à un niveau suffisant et s'il ne conviendrait pas, en vue du long terme, d'adopter certaines mesures visant à préserver cette variabilité.

**Figure 1.** Evolution du nombre des inséminations premières pour les races françaises (source : UNCEIA).



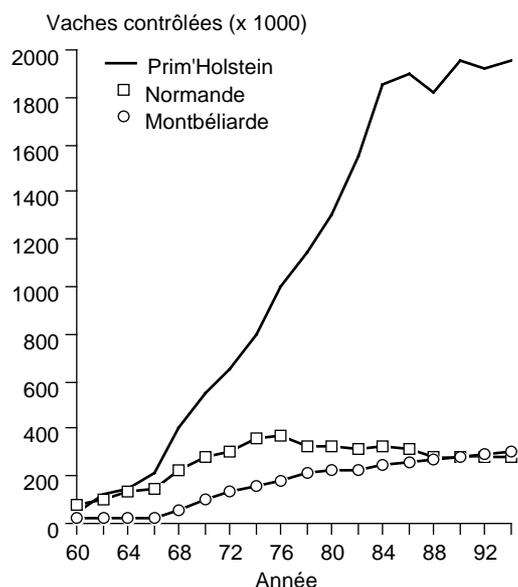
## 1 / Situation actuelle des principales races laitières et évolution récente

Au cours des 30 dernières années, le nombre total de vaches inséminées a augmenté régulièrement jusqu'en 1984, et fortement décliné ensuite. Cette évolution générale traduit des évolutions raciales très contrastées, comme le montre la figure 1 relative au nombre de premières inséminations. Dans les années 60, la race la plus importante était la Normande, mais la plupart des races avaient une extension limitée à leur berceau d'origine ou leur première aire d'implantation : la Française Frisonne Pie Noir (devenue Prim'Holstein) dans le Nord et le Nord-Est de la France, la Flamande dans le Nord, la Montbéliarde en Franche Comté, l'Abondance et la Tarentaise dans les Alpes du Nord, la Brune en Bourgogne et dans le Sud-Ouest, la Tachette de l'Est (devenue Simmental Française) dans l'Est, et l'Armoricaine (devenue Pie Rouge des Plaines) et la Bretonne Pie Noir en Bretagne. Les années 70 ont été marquées par le développement de la Française Frisonne sur l'ensemble du territoire, en particulier dans l'Ouest, au détriment de la Normande et des races régionales, qui ont vu leurs effectifs s'effondrer. Dans le même temps, la Montbéliarde se maintenait dans son berceau et se développait dans le quart Sud-Est et le Massif Central. Depuis 1984, toutes les races voient leur effectif diminuer, particulièrement la Normande, dont la régression rapide est inquiétante.

Les effectifs au Contrôle Laitier (figure 2) ont présenté une très forte croissance jusqu'en 1984, puis une relative stabilité ensuite. Il en résulte que la proportion contrôlée ne cesse de s'accroître (65 % environ en 1995).

Le critère le plus synthétique pour décrire l'effort de sélection est le nombre de taureaux mis à l'épreuve sur descendance chaque année. Assez faible au début des années 70, il a régulièrement augmenté, et n'a généralement pas diminué depuis 1984, en dépit de la diminution du nombre de vaches à inséminer, donc de la capacité de financement des pro-

**Figure 2.** Evolution des effectifs de vaches au contrôle laitier dans les trois races nationales (source : France Contrôle Laitier).



grammes de sélection (tableau 1). Toutes races confondues, plus de 1 000 taureaux sont testés chaque année. L'effort de testage est maintenant de l'ordre d'un taureau pour 3 500 inséminations premières, alors qu'il était d'un taureau pour 5 000 inséminations premières en 1982.

Si l'épreuve de la descendance (« testage ») est la phase la plus visible, la plus longue et la plus coûteuse du programme de sélection, c'est probablement aussi celle qui a le moins évolué, en dépit d'efforts pour en réduire la durée et pour améliorer la connexion du dispositif (entre élevages, entre départements, entre unités de sélection, voire entre pays). Des évolutions plus spectaculaires ont eu lieu en amont, pour la procréation des jeunes taureaux, et en aval, dans leur diffusion, pour augmenter le progrès génétique. L'intervalle entre générations a été raccourci en choisissant comme mères à taureaux des femelles de plus en plus jeunes et en utilisant systématiquement la superovulation et le transfert embryonnaire. De même, l'âge des pères à taureaux a sensiblement diminué. Une évolu-

**Tableau 1.** Nombre de taureaux indexés sur descendance par année de naissance (moyenne sur 2 ans pour les 5 races régionales).

Race	1975	1982	1988
Abondance	3	14	8
Pie Rouge des Plaines	8	7	6
Brune	7	8	4
Tarentaise	2	8	2
Simmental	8	6	8
Montbéliarde	67	110	134
Normande	146	139	147
Prim'Holstein	345	734	614

tion importante réside également dans la concentration des origines des taureaux de testage sur un nombre de plus en plus faible de pères à taureaux (tableau 2), en particulier depuis le début des années 80, au profit de l'intensité de sélection, mais au détriment de la sécurité des résultats et sans doute de la variabilité génétique. En aval, la production de semence a été modifiée pour augmenter le nombre de doses produites par taureau, ce qui permet d'augmenter la pression de sélection après testage (passée de 20 % à 10 % de taureaux mis en service) et de mieux satisfaire les éleveurs en préservant un reliquat commercialisable à l'extérieur très rémunérateur. Ainsi, la diffusion exceptionnelle de certains taureaux d'élite (certains produisent jusqu'à 600 000 doses) rentabilise les programmes de sélection, mais nuit au maintien de la variabilité génétique à terme des populations.

## 2 / Quelques éléments de démographie

### 2.1 / Les données analysées

Toute la suite de cette étude repose sur l'analyse des données généalogiques de la fraction au contrôle laitier des huit principales races laitières élevées actuellement en France. Ces données concernent toutes les femelles au Contrôle Laitier ayant eu une mise bas entre septembre 1975 et janvier

**Depuis les années 80 le nombre de pères à taureaux a beaucoup diminué : de 1/3 en race Montbéliarde à plus de 2/3 en Normande et Prim'Holstein.**

**Tableau 2.** Evolution du nombre de pères à taureaux dans les trois principales races françaises.

Race	Période	Nombre de pères ayant produit x % des taureaux mis en testage			Nombre de taureaux mis en testage
		x = 60 %	x = 80 %	x = 100 %	
Montbéliarde	76-80	10	18	55	409
	81-85	6	11	46	524
	86-90	5	11	37	596
Normande	76-80	10	25	89	747
	81-85	10	20	59	680
	86-90	8	13	31	628
Prim'Holstein	76-80	44	102	341	2 084
	81-85	23	53	221	2 886
	86-90	13	29	135	3 055

**Tableau 3.** Effectifs des populations analysées.

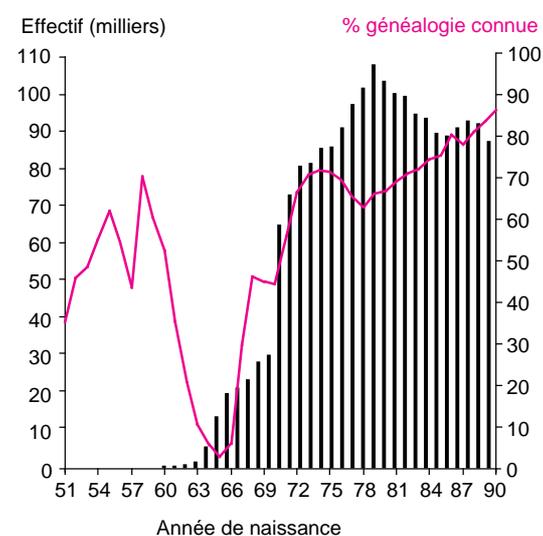
Race <sup>(1)</sup>	Effectif total	Mâles d'IA français	Autres mâles	Femelles	Femelles nées en 1988-1991
Prim'Holstein	11 180 346	12 363	138 252	11 029 552	2 316 371
Normande	2 338 305	4 550	23 752	2 309 823	358 900
Montbéliarde	1 664 506	2 503	36 803	1 625 192	331 600
Simmental	121 239	321	7 746	113 161	13 947
Brune	91 579	210	5 043	86 323	13 856
PRP	102 270	142	5 676	96 448	12 502
Abondance	106 520	253	4 955	101 312	12 345
Tarentaise	48 320	180	3 690	44 450	5 817

(1) Par ordre d'effectif de femelles décroissant.

1995, ainsi que tous leurs ascendants connus. Elles ne comprennent pas les animaux les plus jeunes, nés depuis 1993. En pratique, la part de généalogies connues est très faible avant la fin des années 60, période d'application de la Loi sur l'Élevage instaurant les structures actuelles, en particulier l'identification unique des animaux. L'information se résume à l'identification de l'individu, de son père, de sa mère, à son sexe, son année de naissance, et son pays d'origine pour les animaux étrangers. Les taureaux d'insémination artificielle sont clairement identifiés. Les animaux issus de croisement non agréé ne sont pas considérés. Les effectifs analysés sont présentés au tableau 3.

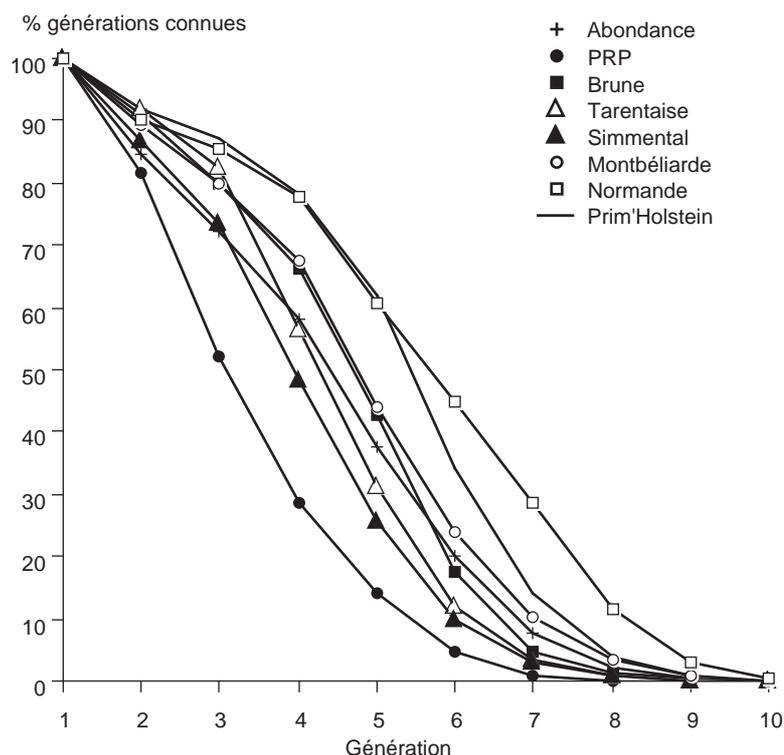
## 2.2 / Connaissance des généalogies

La connaissance des généalogies n'est que partielle. La figure 3 montre l'évolution en race Normande, assez représentative de la plupart des races. Pour les animaux nés et

**Figure 3.** Evolution de la connaissance des généalogies en race Normande.

enregistrés avant 1960, très peu nombreux et essentiellement de sexe mâle, le taux de généalogies connues est assez élevé, reflétant à la fois la contribution importante des animaux inscrits au Herd Book de longue date et la qualité de l'information les concernant. Ce taux est minimal entre 1960 et 1966, avant la mise en place de l'identification unique et l'accroissement considérable des effectifs contrôlés. Après 1970, il s'accroît très rapidement d'abord, plus lentement ensuite pour atteindre 80 à 92 % suivant les races. La fraction résiduelle de généalogies inconnues a diverses origines. La non validation d'une généalogie est une cause mineure. En race Abondance, la séparation fréquente entre élevages laitiers et élevages de génisses, associée à une gestion imparfaite des données, explique le taux faible de 60 % de généalogies connues jusqu'en 1986, bien amélioré depuis. En race Pie Rouge des Plaines, l'importation de gènes étrangers ne s'est pas toujours accompagnée de l'enregistrement du pedigree complet. Mais la cause majeure touche essentiellement les élevages nouvellement entrés au Contrôle Laitier, dans lesquels la généalogie des animaux nés avant l'adhésion est généralement inconnue.

Il en résulte une différence de qualité d'information entre animaux, entre années et entre races, qui nécessite des précautions



d'analyse et d'interprétation. La figure 4 présente l'évolution du pourcentage d'ancêtres connus selon le rang d'ascendance pour les femelles nées de 1988 à 1991, groupe qui sera fréquemment l'objet d'analyses dans cette étude. La connaissance du pedigree est généralement bonne sur 3 générations, puis décroît très rapidement, pour devenir quasiment nulle entre la 7<sup>e</sup> et la 10<sup>e</sup> génération suivant les races. C'est en race Normande que la connaissance des pedigrees est la meilleure et en race Pie Rouge des Plaines qu'elle est la moins bonne. Le tableau 4 quantifie ces différences par le nombre d'équivalent-génération connus et par le nombre moyen d'ancêtres connus. Pour un individu donné, le nombre d'équivalent-génération est obtenu en sommant les coefficients  $(1/2)^n$  sur tous les ancêtres connus,  $n$  étant le rang d'ascendance de l'ancêtre. Ainsi, un parent compte pour 0,5 et un grand-parent pour 0,25. Le nombre d'équivalent-génération peut aussi être obtenu en sommant les proportions d'ancêtres connus par rang d'ascendance.

### 2.3 / Intervalles entre générations

L'intervalle de génération est défini comme l'âge moyen du parent à la naissance de ses descendants. Dans l'approche la plus courante, il peut être défini selon chacune des quatre voies de transmission de gènes : père-fils, père-fille, mère-fils, mère-fille. Il peut aussi être défini plus précisément en distinguant les différents types de reproducteurs, par exemple père de testage, de service ou de monte naturelle, ou au contraire plus globalement sur l'ensemble des voies pour passer d'une génération à la suivante.

Le tableau 5 présente les intervalles de génération pour les animaux nés en 1972, 1981 et 1989 pour chacune des races, sur les 4 principales voies, les mâles considérés étant les mâles d'insémination artificielle. L'intervalle père-descendant est toujours plus long que l'intervalle mère-descendant, du fait des contraintes du testage. Dans la plupart des races, l'intervalle s'est allongé entre 1972 et 1981, puis, suivant les races et les voies, a stagné ou diminué. La légère diminution de l'intervalle mère-fille est probablement imputable

**Tableau 4.** Caractérisation de l'information généalogique de la population des femelles nées en 1988-1991.

Race	Nombre maximum de générations remontées	Nombre moyen d'ancêtres connus	Nombre d'équivalent-génération connus
Prim'Holstein	17	99	4,7
Normande	16	159	5,0
Montbéliarde	14	79	4,2
Simmental	13	40	3,5
Brune	18	59	4,0
Pie Rouge des Plaines	11	23	2,8
Abondance	13	62	3,8
Tarentaise	12	46	3,8

table au raccourcissement de la carrière des vaches depuis l'instauration des quotas. Le raccourcissement des voies père-fils et mère-fils correspond à une forte volonté d'accélérer les programmes de sélection, particulièrement dans les plus grandes populations.

### 2.4 / Tailles de famille

Le tableau 6 présente le nombre de descendants femelles au Contrôle laitier, par type de reproducteur. Les tailles de famille sont très variables selon le type de parent considéré. Près de la moitié des femelles n'ont pas de filles contrôlées, les autres en ayant 1,6 en moyenne. Ce nombre a tendance à diminuer avec le temps, du fait du raccourcissement des carrières et de la baisse des effectifs. Les taureaux de monte naturelle (MN) ont un nombre de filles très limité, généralement une ou deux, rarement trois à six, les familles plus grandes étant de rares exceptions. L'effectif de filles de testage par taureau est généralement plus élevé dans les races à gros effectifs contrôlés. Ceci s'explique à la fois par une contrainte du testage moins limitante, par un seuil minimal de précision requis pour que l'index d'un taureau soit publié plus élevé, et par la recherche des résultats d'indexation les plus précoces possibles. Par ailleurs, le nombre total de taureaux de service reste toujours très limité, indépendamment du nombre de femelles. En conséquence, l'effectif de filles par taureau de service augmente avec la taille de la population. Il a également augmenté avec le temps dans toutes les races, même si

**Les intervalles de génération père-fils et mère-fils ont diminué dans la plupart des races, ce qui traduit l'accélération des programmes de sélection.**

**Tableau 5.** Intervalles de génération selon les races et les voies, par année de naissance du produit.

Race	Père-fils <sup>(1)</sup>			Mère-fils <sup>(1)</sup>			Père-fille			Mère-fille		
	1972	1981	1989	1972	1981	1989	1972	1981	1989	1972	1981	1989
Prim'Holstein	9,5	10,5	8,4	6,4	5,8	3,5	6,3	7,6	7,4	4,8	4,9	4,5
Normande	9,4	9,2	8,2	5,2	5,2	5,0	6,9	8,0	7,5	4,5	5,0	4,6
Montbéliarde	9,6	8,8	8,2	4,6	6,9	5,5	6,7	7,5	7,8	4,0	5,1	4,9
Simmental	6,9	9,3	7,7	3,8	3,3	3,9	6,3	6,6	6,8	4,6	5,0	4,6
PRP	8,7	8,7	7,3	(2)	(2)	(2)	4,3	7,2	5,9	3,7	4,9	4,5
Brune	11,9	11,4	9,8	7,0	7,7	4,2	7,8	7,8	9,5	4,8	5,4	4,9
Abondance	9,8	11,2	12,0	5,4	7,5	7,0	7,5	7,7	7,4	4,6	5,4	5,2
Tarentaise	11,0	13,4	13,0	(2)	7,4	6,0	5,9	9,0	7,3	4,7	5,4	5,3

(1) Compte tenu du petit nombre de taureaux, les effectifs sont lissés sur 3 ans pour les 5 races régionales.

(2) Indéterminé.

**Tableau 6.** Nombre de filles contrôlées par type et par année de naissance du parent.

Race	Taureau de service <sup>(1)</sup>		Taureau de testage <sup>(1)</sup>			Taureau de MN			Femelle <sup>(2)</sup>		
	1972	1981	1972	1981	1987	1972	1981	1987	1972	1981	1985
Prim'Holstein	2 501	3 822	82	86	82	4,3	3,5	3,0	1,8	1,7	1,5
Normande	2 404	5 346	61	68	75	3,4	2,7	2,8	1,7	1,6	1,5
Montbéliarde	1 226	3 106	74	80	79	5,1	4,1	3,4	1,8	1,7	1,5
Simmental	933	1 322	67	85	65	2,9	3,7	1,8	1,6	1,6	1,4
Brune	355	326	74	62	124	3,4	3,5	3,0	1,8	1,6	1,5
PRP	787	626	95	53	70	2,3	4,0	2,5	1,8	1,6	1,5
Abondance	810	486	57	60	43	3,8	3,5	2,4	1,7	1,6	1,4
Tarentaise	248	298	61	64	29	3,6	4,5	3,5	1,6	1,7	1,5

(1) Compte tenu du petit nombre de taureaux, les effectifs sont lissés sur 3 ans pour les 5 races régionales.

(2) Femelles ayant au moins une fille (40 à 60 % des vaches n'ont pas de filles contrôlées). L'année 1985 correspond à une descendance encore incomplète.

une simple moyenne illustre mal la diffusion massive des quelques taureaux particulièrement demandés.

### 3 / La consanguinité et son évolution récente

#### 3.1 / Rappels de quelques concepts

Par définition, le coefficient de consanguinité (F) d'un individu est la probabilité qu'à un locus autosomal (c'est-à-dire non porté par les chromosomes sexuels), neutre vis-à-vis de la sélection, cet individu ait reçu deux gènes identiques par descendance, c'est-à-dire deux copies d'un même gène ancêtre. Il est donc compris entre 0 et 1. Un coefficient non nul révèle la présence d'au moins un ancêtre commun au père et à la mère de l'individu. Dans une population fermée, l'augmentation de consanguinité est inéluctable, même si elle n'est pas recherchée. Elle s'accompagne d'une diminution de l'hétérozygotie moyenne. Ainsi, dans une population idéale de taille finie, c'est-à-dire fermée, non sélectionnée, en générations séparées et accouplée au hasard, la perte relative d'hétérozygotie est égale à la hausse du niveau de consanguinité. A terme, ceci se traduit par la perte aléatoire d'allèles (dérive génétique). La diminution d'hétérozygotie et la perte concomitante de variabilité génétique est d'autant plus rapide que le nombre de reproducteurs est réduit. On appelle effectif génétique ( $N_e$ ) la taille d'une population idéale présentant une évolution relative de consanguinité par génération de  $\Delta F/(1-F) = 1/(2 N_e)$ . Dérive génétique, augmentation de consanguinité et effectif génétique sont donc liés.

Dans une population réelle au fonctionnement complexe, l'évolution de la variabilité génétique au cours du temps n'est pas simple à mesurer directement. Une méthode indirecte classique consiste à calculer l'évolution de la consanguinité au cours du temps puis en déduire l'effectif génétique  $N_e$  réalisé dans la population réelle, c'est-à-dire la taille de la

population idéale qui présenterait la même évolution asymptotique de consanguinité.

Les coefficients de consanguinité calculés sont relatifs à la généalogie considérée. Ils sont d'autant plus élevés que le nombre de générations remontées est important, et deux générations au minimum sont nécessaires pour qu'un coefficient puisse être non nul. Or, dans les populations bovines étudiées, le nombre de générations connues est très variable : d'une part, les individus au pedigree connus sur 10 générations côtoient des animaux dont les parents sont inconnus ; d'autre part, l'information généalogique est de qualité très diverse suivant les races et les années.

Diverses méthodes ont été développées pour calculer à un coût raisonnable les coefficients de consanguinité de façon exhaustive pour des fichiers pouvant comprendre des millions d'individus. Les plus efficaces sont d'une part celle de Meuwissen et Luo (1992) dérivée de l'approche de Quaas (1976), et d'autre part celle de VanRaden (1992), qui est une variante de la méthode tabulaire classique de Lush. La méthode de VanRaden permet de supposer un apparentement entre fondateurs, ce qui, dans une certaine mesure, permet de s'affranchir de l'hétérogénéité de la connaissance du pedigree. Le coefficient de parenté entre deux parents inconnus, classiquement considéré comme nul, est alors supposé égal au coefficient de parenté moyen observé entre les individus contemporains des parents. C'est cette méthode qui est utilisée ici.

#### 3.2 / Niveau actuel de consanguinité

Le niveau de consanguinité des animaux nés entre 1988 et 1991 est présenté aux tableaux 7a et 7b. Il est le plus faible en races Pie Rouge des Plaines et Simmental Française, deux races largement ouvertes sur diverses origines étrangères et dans lesquelles les généalogies sont mal connues. Dans les autres races, la majorité des animaux ont un coefficient de consanguinité non nul. Fréquemment, en particulier dans les trois races principales, les taureaux d'insémination artificielle sont plus consanguins que

**Tableau 7a.** Consanguinité (F) des mâles d'insémination artificielle nés en 1988-1990 dans les 8 races laitières françaises.

Race	Animaux consanguins (%)	Niveau moyen de F (%)	Niveau moyen de F des animaux consanguins (%)	Animaux (%) avec F > 6,25 %	F maximale (%)
Holstein	92	2,60	2,84	6	16,02
Normande	100	2,02	2,02	1	7,29
Montbéliarde	87	1,55	1,79	6	25,88
Simmental	14	0,43	3,12	0	4,69
Brune	77	1,50	1,95	0	4,88
PRP	0	0,00	0,00	0	0,00
Abondance	55	1,03	1,87	0	6,25
Tarentaise	40	2,84	7,11	20	12,50

**Tableau 7b.** Consanguinité (F) des femelles nées en 1988-1990 dans les 8 races laitières françaises.

Race	Animaux consanguins (%)	Niveau moyen de F (%)	Niveau moyen de F des animaux consanguins (%)	Animaux (%) avec F > 6,25 %	F maximale (%)
Holstein	62	0,95	1,52	1	31,26
Montbéliarde	59	0,64	1,09	1	18,16
Normande	67	0,81	1,95	1	28,21
Simmental	26	0,55	2,10	1	25,31
Brune	53	1,06	1,99	3	26,56
PRP	6	0,12	2,82	0	26,56
Abondance	50	1,11	2,23	4	27,78
Tarentaise	45	1,75	3,89	8	28,90

Les coefficients de consanguinité dépendent de la connaissance des généalogies. Ils ne sont donc pas comparables entre races.

les femelles, ce qui traduit, d'une part, la meilleure connaissance de leur généalogie et, d'autre part, les choix de sélection et d'accouplements plus sévères pour les procréer. Cependant, dans toutes les populations, le niveau de consanguinité reste faible, inférieur à 3 %, ce qui est logique compte tenu de l'information disponible. La proportion d'animaux présentant un coefficient de consanguinité supérieur à 6,25 % (soit le produit de l'union de deux cousins germains) n'est importante qu'en race Tarentaise (8 % chez les femelles) et, dans une moindre mesure, en race Brune. Les coefficients élevés, supérieurs à 12,5 %, restent très rares chez les femelles, et correspondent plus vraisemblablement à des erreurs d'accouplement qu'à une politique délibérée. En effet, la consanguinité n'est généralement pas recherchée ni préconisée : du fait de l'augmentation d'homozygotie qui l'accompagne, elle se traduit, à court terme, à la fois par une diminution des performances, dite dépression de consanguinité, et par l'expression de tares génétiques récessives, souvent létales.

### 3.3 / Evolution du niveau de consanguinité

L'évolution récente du niveau de consanguinité est beaucoup plus riche d'enseignement. Si on exclut les races Pie Rouge des Plaines et Simmental Française, la hausse de consanguinité moyenne au cours de la dernière génération varie de 0,40 à 1,83 points de pourcentage suivant les races (tableau 8). Cette évolution correspond à des effectifs génétiques

estimés compris entre 27 et 125. Ces résultats sont assez disparates et difficiles à comparer. Les effectifs génétiques réalisés sont cependant tous assez faibles, et sans rapport avec le nombre de femelles en contrôle. On peut noter que la hausse de consanguinité est maximale en race Tarentaise, qui est la population la plus petite, qu'elle est proche de 1 point de pourcentage par génération dans les races Holstein, Normande et Brune, et que les résultats plus modérés en races Montbéliarde et Abondance peuvent partiellement s'expliquer par l'infusion récente de sang Holstein Rouge qui a en partie brisé les liens de parenté existants. Par ailleurs, la connaissance partielle des pedigrees conduit à une sous-estimation de la consanguinité. Ainsi, les effectifs génétiques les plus faibles sont peut-être les plus fiables. A l'opposé, l'effectif géné-

**Tableau 8.** Evolution de la consanguinité au cours de la dernière génération et effectif génétique estimé des 8 races laitières françaises.

Race	Evolution de la consanguinité (%/génération)	Effectif génétique réalisé ( $N_e$ )
Holstein	1,09	46
Normande	1,07	47
Montbéliarde	0,40	125
Simmental	0,24	208
Brune	0,90	56
PRP	0,02	2 500
Abondance	0,47	106
Tarentaise	1,83	27

**Le niveau de consanguinité observé reste faible dans l'ensemble des populations, mais il augmente rapidement dans la plupart des races.**

tique très élevé qui est calculé en Pie Rouge des Plaines, n'a que peu de signification, compte tenu de la connaissance très partielle des pedigrees dans cette race.

## 4 / Les probabilités d'origine de gène

### 4.1 / Rappels de quelques concepts

Un gène autosomal neutre quelconque d'un individu lui a été transmis par son père ou par sa mère, avec une probabilité égale de 0,5. Ce gène peut provenir d'un des quatre grands-parents avec une probabilité de 0,25. On peut remonter ainsi le pedigree de l'individu, et calculer l'espérance de la contribution à son génome de chacun de ses ancêtres connus (James, 1972). On définit les fondateurs comme l'ensemble des ancêtres d'une population, dont les parents sont eux-mêmes inconnus. Sous l'hypothèse d'absence de mutations, les fondateurs sont la source de tous les gènes actuels. Chaque fondateur  $k$  peut être caractérisé par l'espérance de sa contribution  $q_k$ , dite probabilité d'origine de gènes, au génome d'un individu ou d'un groupe d'individus. La somme de ces probabilités d'origine de gènes sur tous les fondateurs est égale à 1.

Les probabilités d'origine de gènes permettent d'étudier la structure génétique d'une population de diverses façons. Nous en présenterons deux. Pour de plus amples détails, on peut se reporter à l'article de Vu Tien Khang (1983). En groupant les fondateurs par origine, on peut caractériser l'influence sur la population actuelle d'un groupe initial, par exemple un troupeau, une région, une souche ou pays d'origine, ainsi que son évolution au cours du temps. Nous utiliserons cette approche pour mesurer l'impact des divers croisements sur les populations actuelles.

Une deuxième approche possible est de mesurer la contribution des fondateurs les plus influents. On suppose que les  $f$  fondateurs constituent un stock génétique initial de  $f$  génomes complets indépendants. Ces  $f$  génomes ne sont pas tous transmis à la population actuelle, une proportion importante étant généralement perdue au cours des générations par dérive génétique. L'équilibre plus ou moins respecté des contributions des fondateurs peut être synthétisé en un nombre de fondateurs efficaces  $f_e$  (Lacy 1989, Rochambeau *et al* 1989), c'est-à-dire le nombre de fondateurs qui, s'ils contribuaient tous de la même façon, conduiraient à la même variabilité génétique que dans la population actuelle.

$$f_e = 1 / \sum_{k=1}^f q_k^2$$

Si les contributions des fondateurs sont équilibrées, le nombre de fondateurs efficaces est égal à  $f$ . Dans tous les autres cas, il est inférieur.

Boichard *et al* (1996) ont montré que cette approche, simple et classique, surestime le nombre de fondateurs efficaces si le pedigree contient d'importants goulets d'étranglement, ce qui est le cas chez les bovins laitiers avec les taureaux d'insémination artificielle. Une méthode alternative permet de déceler les ancêtres les plus importants, qu'ils soient fondateurs ou non, et de déterminer leurs contributions marginales  $p_k$  au pool de gènes actuel. Par analogie, on définit alors le nombre d'ancêtres efficaces  $f_a$ .

$$f_a = 1 / \sum_{k=1}^f p_k^2$$

Par construction,  $f_a$  est inférieur ou égal à  $f_e$ .

Mais on peut montrer aisément que  $f_a$  sur-estime le nombre de génomes de fondateurs encore présents dans la population actuelle ( $N_g$ ), parce qu'il repose sur les espérances des contributions des ancêtres et non sur leurs contributions réelles, et qu'il ne prend donc pas en compte les pertes aléatoires de gènes au cours des générations par dérive génétique. Une approche analytique est difficilement réalisable dans les populations au pedigree complexe, mais  $N_g$  peut être estimé par simulation (McCluer *et al* 1986). Le principe consiste à créer  $2f$  gènes à un locus quelconque chez les  $f$  fondateurs puis à simuler leur transmission le long du pedigree jusqu'à la population actuelle, dans laquelle les fréquences géniques  $f_k$  sont estimées par simple comptage. Ces fréquences sont utilisées pour estimer  $N_g$  :

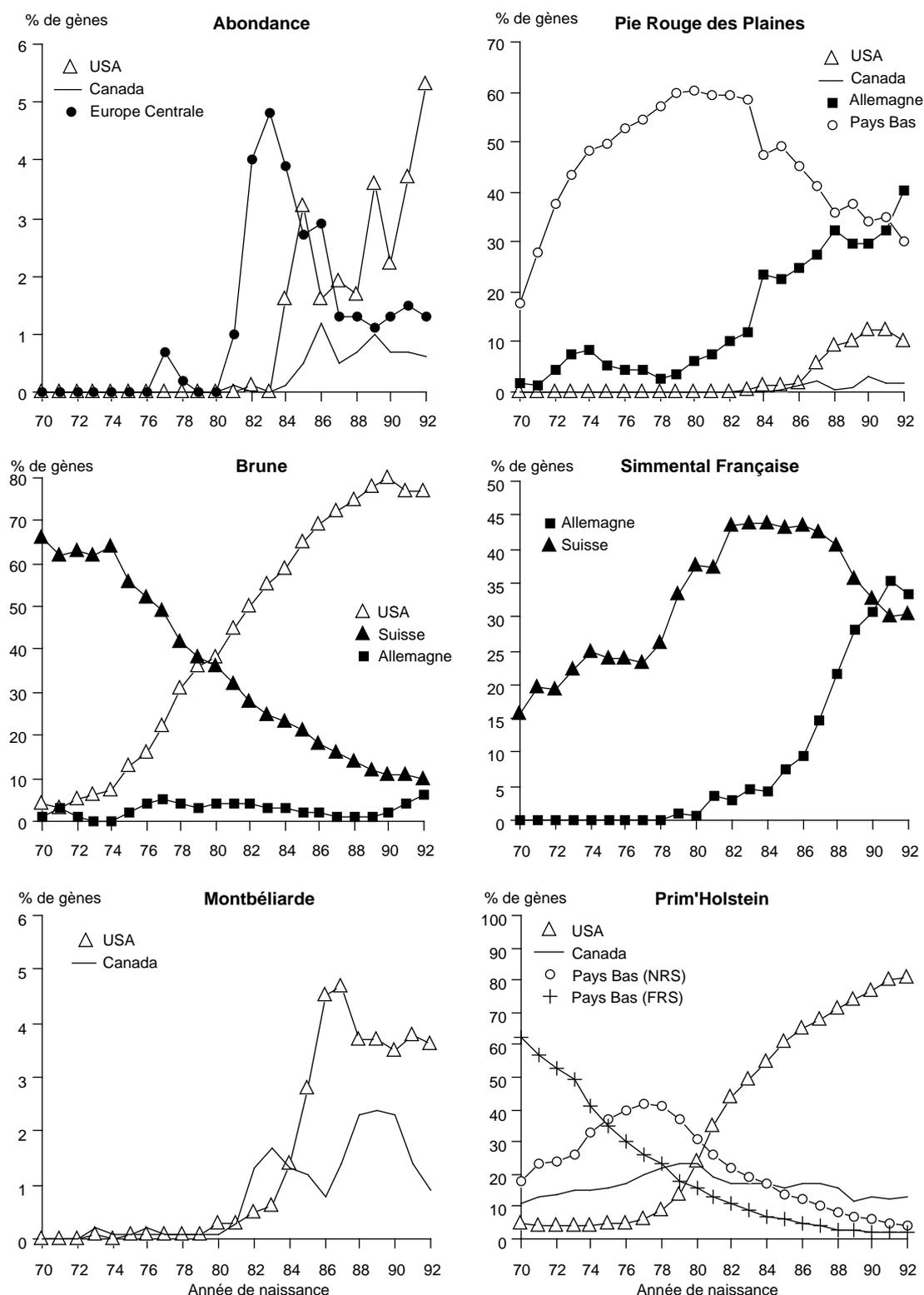
$$N_g = 1 / 2 \sum_{k=1}^{2f} f_k^2$$

### 4.2 / Composition génétique des races françaises et évolution

Les races laitières françaises ont eu des stratégies très différentes vis-à-vis de l'utilisation de gènes extérieurs. Ce qui est présenté ci-dessous ne reflète bien entendu pas les nombreux croisements, industriels ou autres, non autorisés dans le cadre des programmes de sélection et conduisant à la création d'individus n'appartenant pas à la race. Les races Normande et Tarentaise n'ont pas eu recours à des gènes extérieurs, les races Montbéliarde et Abondance ont subi une légère infusion de gènes Holstein rouge, tandis que les races Prim'Holstein, Brune, Simmental Française et Pie Rouge des Plaines ont été et restent encore des populations très ouvertes. L'évolution des contributions des différentes origines au patrimoine génétique des femelles en fonction de leur année de naissance, est présentée dans la figure 5.

En race Abondance, après quelques essais peu concluants d'importations de gènes Pie Rouge d'Europe Centrale, une infusion Holstein rouge nord-américaine a débuté en 1984 et progresse lentement pour atteindre 6 % des gènes chez les femelles nées en 1992. Cette

Figure 5. Evolution des contributions étrangères dans différentes races, selon l'année de naissance.



**L'introduction de gènes extérieurs a été très variable selon les races : nulle en Normande et Tarentaise, faible en Montbéliarde et Abondance, et très importante dans les 4 autres races.**

proportion ne devrait pas augmenter dans le futur, si l'utilisation de taureaux croisés s'arrête dans les faits.

En race Montbéliarde, les premiers essais d'infusion Holstein remontent au début des années 70 pour procréer des taureaux demi-sang, mais ne prennent une certaine ampleur qu'au début des années 80. Depuis 1986, la part des gènes Holstein est de 4 à 6 % et devrait rester stable, voire diminuer légère-

ment. La majorité des femelles croisées sont 1/8 Holstein.

La race Holstein, d'extension mondiale, connaît des flux génétiques internationaux très importants. Le passage de la Française Frisonne Pie Noir à la Holstein s'est réalisé grâce à une série d'importations successives et un croisement d'absorption systématique : rameau de Frise dans les années 60, Hollandais dans les années 65-70, Holstein canadien

dans les années 70 et le début des années 80, alors que les importations des USA ne prenaient leur véritable essor que vers 1975. En 1992, le pourcentage de gènes Holstein était proche de 90 %, dont 78 % d'origine américaine. Boichard *et al* (1993) ont montré la succession des différents génotypes, les 50 % Holstein culminant en 1982, les 3/4 en 1987, les 7/8 en 1990, les 15/16 étant majoritaires dès 1992.

La race Brune présente un profil assez comparable. L'approvisionnement traditionnel très majoritaire en Suisse a décliné vers 1975, date à laquelle un croisement d'absorption avec la Brown Swiss américaine a été engagé, croisement en voie d'achèvement aujourd'hui.

La Pie Rouge des Plaines est une autre race très ouverte qui utilise massivement les gènes de la race Meuse-Rhin-Yssel d'origine néerlandaise, et d'origine allemande depuis les années 1980. La part de gènes Holstein rouge a augmenté entre 1986 et 1992 mais n'est pas connue avec précision, la généalogie des animaux néerlandais et allemands n'étant pas remontée systématiquement. Elle augmentera sans doute fortement dans les prochaines années.

Enfin, la race Simmental Française, traditionnellement très ouverte sur la Suisse, importe largement d'Allemagne depuis le début des années 1980. Ceci est peut-être dû à une volonté de ne pas « holsteiniser » la Simmental Française, la Simmental Suisse ayant procédé récemment à une infusion massive de sang Holstein, alors que la Fleckvieh

allemande est restée plus fermée à ce type d'apport. Ainsi, les trois origines française, suisse et allemande sont maintenant assez équilibrées.

### 4.3 / Analyse des contributions des fondateurs

Le nombre total de fondateurs est toujours très élevé, du fait de la connaissance incomplète des généalogies (un animal est considéré comme fondateur dès lors que ses parents sont inconnus). Cet effectif ne représente pas la variabilité génétique réelle, d'une part parce que ces fondateurs ne sont pas tous indépendants (mais l'information disponible ne permet pas de le quantifier), et surtout parce que leurs contributions à la population actuelle sont très déséquilibrées, la grande majorité des fondateurs ayant une contribution négligeable. Il en résulte que l'effectif de fondateurs efficace est assez faible, compris entre 50 et 146 (tableau 9), les valeurs les plus élevées étant observées dans les 3 principales races.

Les conséquences de forts goulets d'étranglement sont illustrées au tableau 10. Les ancêtres les plus importants en terme de contribution au patrimoine génétique sont dans la quasi-totalité des cas des taureaux d'insémination artificielle largement diffusés. Ces ancêtres majeurs ne sont pas en général des fondateurs au sens propre, puisque leur généalogie est connue. Les résultats du tableau 10 contrastent fortement avec les effectifs de femelles. Dans les différentes races, l'ancêtre le plus important contribue à lui seul pour une proportion comprise entre 6 et 16 % des gènes des femelles nées de 1988 à 1991. La moitié des gènes de ces femelles sont issus d'un nombre réduit d'ancêtres. Notamment la moitié des gènes en races Montbéliarde et Normande (environ 330 000 et 360 000 femelles considérées respectivement) provient de 20 ancêtres ou moins, et la moitié des gènes en race Prim'Holstein (2,3 millions de femelles considérées) provient de 29 ancêtres seulement. Il en résulte que le nombre d'ancêtres efficace, compris entre 17 en race Tarentaise et 63 en race Montbéliarde, est notablement plus faible (2 à 3 fois plus faibles suivant les races) que le nombre de fondateurs efficace.

Enfin, le nombre de génomes de fondateurs efficaces encore présents dans la population actuelle, estimé par simulation, est encore plus faible et compris entre 15 et 30, l'estimation en race Pie Rouge des Plaines (49) n'étant sans doute pas fiable, pour les mêmes raisons que celles évoquées pour la consanguinité. De façon imagée, on peut donc considérer que la population actuelle de chaque race est assimilable, en terme de variabilité génétique, à une population de 15 à 30 animaux complètement indépendants. En dépit d'un effectif de femelles important et réparti dans de nombreux troupeaux, les races bovines laitières sont donc des populations génétiquement très petites.

**La moitié des gènes des femelles nées de 1988 à 1991 provient d'un nombre d'ancêtres compris entre 7 et 29 selon la race.**

**Tableau 9.** Critères issus des probabilités d'origine de gènes.

Race	Nombre de fondateurs efficaces ( $f_e$ )	Nombre d'ancêtres efficaces ( $f_a$ )	$N_g$ <sup>(1)</sup>
Holstein	140	43	30,4
Normande	132	40	21,6
Montbéliarde	146	63	35,8
Simmental	75	33	24,4
Brune	84	28	19,3
PRP	96	64	49,6
Abondance	69	25	17,3
Tarentaise	50	17	15,2

(1)  $N_g$  = nombre de génomes de fondateurs encore présents dans la population actuelle, moyenne de 100 répliquations, écart-type = 1,3 à 3,9 suivant les races.

**Tableau 10.** Contribution des principaux ancêtres au patrimoine génétique des femelles nées de 1988 à 1991.

Race	Contribution de l'ancêtre le plus important (%)	Contribution des 5 plus importants ancêtres (%)	Nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes
Holstein	9,81	28,84	29
Normande	9,12	28,84	17
Montbéliarde	8,29	25,04	20
Simmental	10,59	33,09	14
Brune	11,89	34,89	11
PRP	5,87	20,79	23
Abondance	9,60	40,85	8
Tarentaise	15,92	44,60	7

## 5 / Discussion et conclusions

L'ensemble des résultats présentés permet de bien caractériser la structure génétique des principales races bovines laitières élevées en France. Même si le bilan ne porte que sur la population contrôlée, il est sans doute très représentatif de la population totale, compte tenu de la part de la population contrôlée et de l'impact de l'insémination artificielle dans le reste de la population.

Tout d'abord, la composition génétique de ces races est bien précisée, trois sous-ensembles se dégageant nettement : les races très ouvertes sur l'extérieur, où la proportion de gènes étrangers atteint ou dépasse 75 % (Brune, Prim'Holstein, Pie Rouge des Plaines et Simmental Française), celles où l'infusion de gènes étrangers est restée très limitée (Montbéliarde et Abondance) et celles qui sont restées strictement fermées (Normande et Tarentaise). Les évolutions à venir dépendront évidemment des décisions prises par les responsables de la sélection de ces races. Il ne fait guère de doute cependant que la gestion des races du premier sous-ensemble continuera de s'effectuer à une échelle internationale, pouvant aller jusqu'à une absorption complète (Brune et Prim'Holstein). Notons toutefois que l'ouverture de la Simmental Française s'apparente plus à un élargissement de sa base de sélection au-delà des frontières auprès de populations sœurs, qu'à un changement de race par absorption. Le maintien à un faible niveau du taux de gènes Red Holstein en races Montbéliarde et Abondance dépend quant à lui de la rigueur avec laquelle les décisions correspondantes sont appliquées.

L'essentiel de ce travail avait pour but d'éclairer la situation des races laitières en ce qui concerne leur variabilité génétique. Le maintien de la variabilité génétique est en effet nécessaire, d'une part, afin de permettre à l'avenir des marges de progrès génétique pour les caractères sélectionnés actuellement et, d'autre part, afin de permettre une éventuelle réorientation des objectifs de sélection si le contexte de la production l'impose. Notamment, la prise en compte des caractères jugés secondaires jusqu'à maintenant, tels que la fertilité, la résistance aux maladies ou la longévité, nécessite, pour être efficace, une variabilité génétique suffisante de ces caractères. Il est ainsi utile de faire régulièrement le point sur la structure des races exploitées.

L'approche mise en œuvre, fondée sur la seule analyse des généalogies, est sans doute la plus simple et la moins coûteuse à réaliser actuellement. Elle pourrait être complétée, d'une part, par une analyse de l'évolution de la variance génétique additive des différents caractères et, d'autre part, par une analyse des variations de fréquences alléliques pour différents marqueurs moléculaires. Les résultats obtenus ici donnent une première image de la variabilité des races, qui présente en outre l'avantage de caractériser l'ensemble du génome et non pas les gènes gouvernant un

caractère particulier ou des zones chromosomiques particulières.

En matière de consanguinité, les niveaux moyens calculés demeurent modérés. La proportion d'animaux ayant un coefficient individuel élevé est faible, indiquant que les éleveurs cherchent à éviter la consanguinité proche et que, jusqu'à maintenant, le choix des taureaux d'insémination a permis de le faire, avec sans doute plus de difficulté en race Tarentaise que dans les autres populations. L'évolution récente de la consanguinité correspond à des effectifs génétiques réalisés peu élevés, y compris pour les races ayant subi de nombreux croisements, sans commune mesure avec l'effectif de femelles reproductrices. Ce résultat est somme toute logique puisque c'est le sexe le moins représenté qui influe le plus sur l'évolution de la consanguinité et que, dans les populations étudiées, du fait du recours généralisé à l'insémination artificielle, les effectifs de reproducteurs mâles sont faibles, voire très faibles. De plus, la variabilité de la taille des descendance accentue le phénomène. Rappelons enfin que les coefficients de consanguinité calculés ici sont en moyenne sous-estimés, compte tenu d'une connaissance incomplète des généalogies.

Les critères issus de l'analyse des probabilités d'origine de gènes sont moins sensibles au degré de connaissance des généalogies (Boichard *et al* 1996). A ce titre, ils sont sans doute de meilleurs indicateurs de la variabilité génétique que ceux issus de la consanguinité. Les résultats montrent de façon nette pour toutes les races une très faible diversité des origines des gènes des populations actuelles. Les nombres de fondateurs efficace calculés ici sont du même ordre ou plus petits que ceux calculés pour des populations numériquement beaucoup plus réduites, telles que les races françaises de chevaux de sport ou de course (Moureaux *et al* 1996) et beaucoup plus faibles que celui calculé pour la race bovine Limousine (Boichard *et al* 1996). Ceci est sans nul doute la conséquence du très faible nombre d'animaux « stratégiques », pères et mères à taureaux, sur lesquels reposent les programmes de sélection. La réduction récente du nombre de pères à taureaux et la sélection de plus en plus précoce des mères à taureaux sur la base de leur ascendance devraient, à court terme, contribuer à resserrer encore plus les origines des gènes dans les différentes races.

Face à ce constat assez alarmiste, quelles mesures peut-on proposer ? Différentes voies peuvent être envisagées. La première et sans doute la plus importante est de maintenir les races existantes à un effectif raisonnable. Bien qu'il soit difficile, avec les outils actuels, d'apprécier précisément la part de variance génétique entre races dans la variance génétique totale, on peut cependant supposer qu'elle est assez forte. Ces races étant conduites généralement indépendamment les unes des autres, leurs effectifs génétiques s'ajoutent, et la disparition d'une des huit

**La variabilité génétique doit être préservée non seulement pour permettre une marge de progrès sur les caractères actuellement sélectionnés, mais surtout pour laisser la possibilité de sélectionner sur d'autres caractères.**

racres restantes entraînerait une perte importante, immédiate et sans doute irrémédiable. Alors que le maintien d'une population à très petit effectif est du ressort d'un programme de conservation financé par la collectivité, le maintien d'une population à un effectif plus important suppose des conditions socio-économiques favorables à ce maintien. Les populations, particulièrement les moins nombreuses, doivent donc trouver une « niche économique » adaptée à leur potentiel. Une méthode qui a fait ses preuves avec les races de l'Est (Abondance, Tarentaise, Montbéliarde et Simmental Française) consiste à associer la race à une filière et un produit à bonne valeur ajoutée, éventuellement protégé par une appellation d'origine contrôlée dont le cahier des charges précise le génotype animal.

Intra population, le facteur limitant est clairement le nombre très faible de pères à taureaux. Le mode de sélection habituellement préconisé et effectivement appliqué dans les lignées de petite taille, comme chez les volailles, est la sélection intra-famille. Ce mode de sélection suppose que chaque reproducteur laisse à la génération suivante un descendant reproducteur de même sexe et de même type. L'idéal serait donc que chaque mâle d'insémination artificielle laisse un fils en insémination artificielle et un seul. C'est bien entendu illusoire mais on devrait tenter de se rapprocher de cette situation. En pratique, il convient donc d'augmenter sensiblement le nombre de pères à taureaux par génération et surtout d'équilibrer le nombre de fils par père, en évitant les grandes familles. Au-delà de la préservation de la variabilité génétique, cette approche augmenterait sensiblement la sécurité du programme de sélection, les risques étant répartis sur un plus grand nombre d'individus.

Dans les grandes populations, la limitation de la diffusion des taureaux élite serait une mesure a priori assez efficace, mais elle est peu réaliste car elle mettrait en cause le financement des programmes de sélection. Notons toutefois qu'elle est déjà pratiquée dans une certaine mesure dans les races régionales, et que, volontairement ou non, c'est la norme dans toutes les autres espèces, bien plus limitées par les contraintes biologiques de l'insémination artificielle, plus rarement par la réglementation comme dans le cas des chevaux.

Une alternative pourrait consister à modifier l'utilisation des index de sélection. Actuellement, la sélection sur index BLUP Modèle Animal est la référence, car elle maximise le progrès génétique à court terme. Ce faisant, en incluant une information familiale, elle favorise la sélection d'individus apparentés entre eux, autrement dit, la sélection de certaines familles aux dépens d'autres, ce qui renforce la dérive génétique. Diverses modifications sont envisageables, comme la diminution de l'information familiale dans les index (Verrier *et al* 1993), ou la prise en compte dans le critère de sélection de la parenté moyenne du candidat avec la population, de façon à pénaliser l'accroissement de consanguinité qu'il induirait chez ses descendants.

Toutes ces mesures demandent à être étudiées plus précisément pour en mesurer l'impact sur la préservation de la variabilité génétique à long terme et sur le progrès génétique à court terme. Dans la situation actuelle, il est urgent de proposer des recommandations à la fois efficaces pour maintenir la variabilité et compatibles avec la rentabilité des programmes de sélection et leur survie à court terme dans une situation de compétition économique.

## Références bibliographiques

- Boichard D., Maignel L., Verrier E., 1996. Value of probabilities of gene origin to measure the genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* (in press).
- Boichard D., Bonaïti B., Barbat A., 1993. Effet du croisement Holstein sur les caractères laitiers en population Pie Noir. *INRA Prod. Anim.*, 6, 25-30.
- Colleau J.J., Régaldo D., Gastinel P.L., 1994. Adaptation de l'index français de sélection laitière (INEL) au contexte des quotas laitiers. *INRA Prod. Anim.*, 7, 151-167.
- James J., 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.*, 42, 272-273.
- Lacy R.C., 1989. Analysis of founder representation in pedigrees : founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo. Biol.*, 8, 111-123.
- MacCluer J.W., Van de Berg J.L., Read B., Ryder O.A., 1986. Pedigree analysis by computer simulation. *Zoo. Biol.*, 5, 147-160.
- Meuwissen T.H.E., Luo Z., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.*, 24, 305-313.
- Moureaux S., Verrier E., Ricard A., Meriaux J.C., 1996. Genetic variability within French race and riding horse breeds from genealogical data. *Genet. Sel. Evol.*, 28, 83-102.
- Quaas R.L., 1976. Computing diagonal elements of a large numerator relationship matrix. *Biometrics*, 92, 949-953.
- Rochambeau H. de, La Fuente L.F. de, Rouvier R., Ouhayoun J., 1989. Sélection sur la vitesse de croissance post-sevrage chez le lapin. *Genet. Sel. Evol.*, 21, 527-546.
- Van Raden P.M., 1992. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation for large populations. *J. Dairy Sci.*, 75, 3136-3144.
- Verrier E., Colleau J.J., Foulley J.L., 1993. Long term effects of selection based on the Animal Model BLUP. *Theor. Appl. Genet.*, 87, 446-454.
- Vu Tien Khang J., 1983. Méthodes d'analyse des données démographiques et généalogiques dans les populations d'animaux domestiques. *Genet. Sel. Evol.*, 15, 263-298.

## Abstract

---

### *Pedigree analysis of the French dairy cattle breeds.*

This paper presents an overview of the genetic variability of the 8 main French dairy cattle breeds, estimated through pedigree information. The Normande and Tarentaise breeds are closed populations, the Montbéliarde and Abondance breeds recently introduced a limited amount of Red Holstein genes, whereas the Holstein, Brown Swiss, Pie Rouge des Plaines, and Simmental populations widely use foreign germplasm, sometimes until complete absorption. The estimation of inbreeding is strongly dependent on the population structure and on the quality of the pedigree information. When inbreeding can be correctly estimated, its level is found to increase by about 1 % per generation, and the realized effective

size is close to or less than 50. The effective number of ancestors, derived from the probabilities of gene origins, varies from 17 to 64 according to the breed and is not related to the number of females in the population. Due to the efficiency of artificial insemination, the dairy cattle breeds are genetically small populations. Further investigations are needed to propose selection methods more favorable to the preservation of genetic diversity but still compatible with the selection programs. Two urgent proposals are to maintain all existing populations and to increase the number of bull sires in the breeds with the largest number of females.

BOICHARD D., MAIGNEL L., VERRIER E., 1996. Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. *INRA Prod. Anim.*, 9 (5), 323-335.