

# Analyse de la variabilité génétique des races porcines collectives et des races locales en conservation à partir de l'information généalogique

Laurence MAIGNEL, Florence LABROUE

Institut Technique du Porc, Pôle Amélioration de l'Animal - B.P.3, 35651 Le Rheu Cedex

## **Analyse de la variabilité génétique des races porcines collectives et des races locales en conservation à partir de l'information généalogique**

L'analyse généalogique de quatre races porcines en sélection (Large White lignée femelle, Large White lignée mâle, Landrace français et Piétrain) et de cinq races locales en conservation (Basque, Gascon, Blanc de l'Ouest, Limousin et Bayeux) a été réalisée à partir de l'étude des pedigrees. La connaissance des généalogies, estimée à partir du pourcentage d'ancêtres connus en fonction du rang d'ascendance, est satisfaisante pour toutes les races : pour la population des femelles nées en 1999, on connaît l'équivalent de 10 générations complètes pour les deux lignées Large White et le Landrace, 6,9 pour le Piétrain et de 7,9 à 9,4 pour les races locales. La consanguinité moyenne augmente régulièrement dans toutes les populations, et atteint un niveau élevé chez les races locales (de 8 à 18 %) et moyen chez les populations en sélection, de taille beaucoup plus importante (de 2,2 à 4,6%). L'analyse des probabilités d'origine de gènes révèle une relative stabilité de la variabilité génétique chez les races locales sur la période 1995-1999, tandis que les quatre populations sélectionnées connaissent une réduction drastique de variabilité dans le même intervalle de temps, en particulier les lignées maternelles, beaucoup plus soumises aux goulots d'étranglement. L'étude permet, à l'aide des mêmes critères de mesure, de prouver a posteriori l'efficacité du programme de conservation des races locales, et de démontrer la nécessité d'un meilleur contrôle de la variabilité génétique chez les races en sélection, à l'aide de règles de gestion d'utilisation des reproducteurs ou d'aménagement des méthodes de sélection.

## **Study of the genetic variability of selected and local breeds using pedigree information**

The pedigree analysis of four selected pig breeds (Large White dam line, Large White sire line, French Landrace and Piétrain) and five local breeds (Basque, Gascon, Blanc de l'Ouest, Limousin and Bayeux) was performed using pedigree information. Pedigree completeness (estimated from the percentage of known ancestors by generation) was favourable in each breed : 10 generations equivalents were known for the two Large White lines and the French Landrace, 6.9 for the Piétrain breed, and between 7.9 and 9.4 for the local breeds. The rate of inbreeding increased in all populations, and reached a high level in local breeds (from 8 to 18%) and a lower level in the selected breeds, much larger in size (from 2.2 to 4.6%). The analysis of founders and ancestors through probabilities of gene origin showed a stability of genetic variability in the five local breeds within the 1995-1999 period. In the same time, the genetic variability was strongly reduced in the selected breeds, particularly in maternal lines, where bottlenecks seem to be more frequent. This study proved the efficiency of the conservation programme and highlighted the need for a better control of genetic variability in selected breeds. Such a control could be reached either using management rules for the use of breeding animals, or adapting breeding methods.

## INTRODUCTION

Les évolutions réalisées dans les programmes d'amélioration génétique porcine au cours des dix dernières années sont particulièrement importantes et ont contribué à augmenter l'efficacité des stratégies de sélection : amélioration des méthodes d'évaluation génétique, utilisation de plus en plus importante de l'insémination artificielle, augmentation des intensités de sélection, mise en place de « programmes hyperprolifériques » dans les lignées maternelles, etc... Dans un contexte de compétitivité entre les différents schémas de sélection, le progrès génétique maximal à court terme est recherché, bien souvent au détriment de la variabilité génétique à moyen et long terme. Cette variabilité est pourtant capitale, puisqu'elle représente une composante essentielle du progrès génétique et qu'elle détermine également l'aptitude des populations à s'adapter à des modifications dans les orientations de sélection. Au sein des populations sélectionnées, la réduction de la variabilité génétique est inéluctable, mais peut cependant être limitée par diverses mesures.

Dans les populations en conservation, une gestion efficace de la variabilité génétique est une priorité. En France, cinq races locales font l'objet d'un programme de conservation depuis 1981. Suite à la création de l'Association des Livres Généalogiques Collectifs des Races Locales de Porcs (LIGERAL), l'identification de tous les animaux de ces cinq races a été rendue obligatoire et l'historique des informations disponibles a été informatisé.

Cet article présente une analyse rétrospective de la variabilité génétique et de son évolution au sein des quatre populations sélectionnées des Livres Généalogiques Porcins Collectifs (LGPC) : Large White lignée mâle et lignée femelle, Landrace Français et Piétrain, et des cinq races locales regroupées au sein de l'association LIGERAL : Blanc de l'Ouest, Basque, Gascon, Bayeux et Limousin.

## 1. MATÉRIEL ET MÉTHODE

### 1.1. Fichiers généalogiques

L'analyse a porté sur l'ensemble de l'information généalogique disponible pour les quatre populations des LGPC

adhérentes à l'évaluation BLUP nationale. Ces informations ont été extraites de la base de données « Porcs Génétique » gérée au Centre de Traitement de l'Information Génétique (CTIG) de Jouy-en-Josas. Concernant les cinq races locales adhérentes à LIGERAL, les généalogies nécessaires à l'étude ont été extraites de la base de données « Races Locales » gérée par l'ITP (MARSAC et al, 1999).

Le tableau 1 présente les caractéristiques des fichiers analysés, pour chacune des races : Large White lignée femelle (LWF), Large White lignée mâle (LWM), Landrace Français (LF), Piétrain (PI), Gascon (GA), Basque (BA), Limousin (LI), Blanc de l'Ouest (BO) et Bayeux (BY).

La taille des fichiers est très variable (de 615 individus en race Bayeux à plus d'1,8 million en race Large White). Les dates de naissance les plus anciennes remontent à 1950 pour la race Blanc de l'Ouest, deuxième race française dans les années 60, pour laquelle beaucoup d'informations ont pu être retrouvées. Pour les autres races locales, les généalogies les plus complètes remontent au début des années 70, tandis que celles des races en sélection remontent jusqu'au début des années 60.

Le nombre maximal de générations connues varie de 14 en race Bayeux à 31 en race Blanc de l'Ouest, et est assez stable pour les races en sélection (de 19 à 22 générations). Le nombre d'équivalents-génération est obtenu, pour chaque individu, 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, un grand-parent pour 0,25, etc... Le nombre d'équivalents-génération, calculé pour les truies nées en 1999 dans chacune des populations, varie de 7,9 en race gasconne à 9,6 en race limousine pour les races locales. Il vaut environ 10 pour les races Large White et Landrace, et seulement 6,9 pour le Piétrain, ce qui s'explique par la forte part des importations dans cette race (les animaux importés ayant rarement plus de deux générations connues).

### 1.2. Données démographiques

Les figures 1 et 2 présentent l'évolution des effectifs de reproducteurs par année de naissance, dans les quatre populations

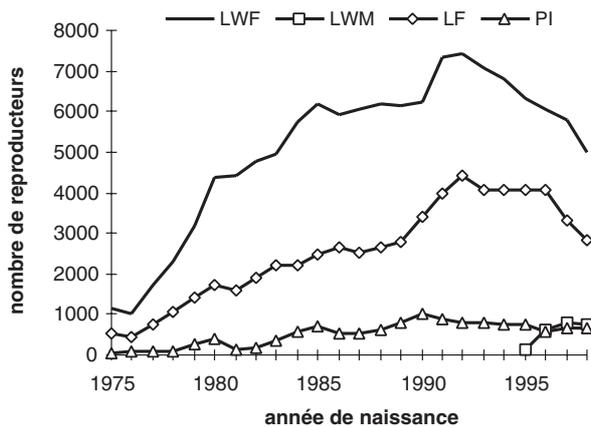
**Tableau 1** - Caractéristiques principales des fichiers généalogiques étudiés

Race	Effectif total	Année de naissance de l'ancêtre le plus ancien	Nombre maximal de générations connues	Nombre de truies nées en 1999 (population étudiée)	Nombre d'équivalents-génération connus (1)
<b>Large White</b>	1853916	1957	22	70551 (lignée femelle) 10888 (lignée mâle)	9,2 10,5
<b>Landrace Français</b>	966297	1960	21	40037	10,8
<b>Piétrain</b>	149803	1962	19	6551	6,9
<b>Gascon</b>	5187	1972	16	836	7,9
<b>Basque</b>	3119	1975	16	771	9,4
<b>Blanc de l'Ouest</b>	2325	1950	31	140	9,1
<b>Limousin</b>	2099	1970	18	264	9,6
<b>Bayeux</b>	615	1973	14	81	8,2

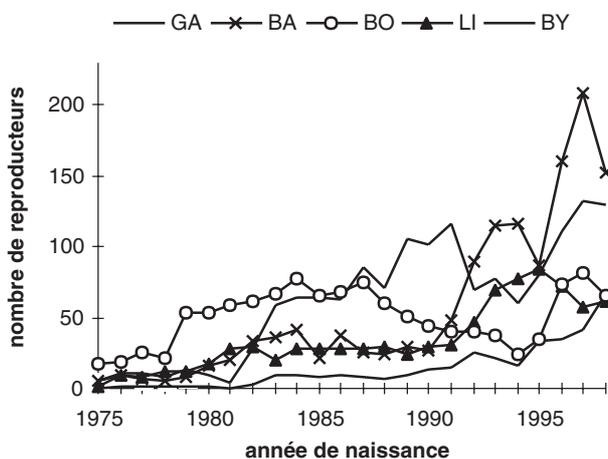
(1) La population considérée est celle des femelles nées en 1999

en sélection (figure 1) et les cinq races locales (figure 2). Ces évolutions sont très dépendantes d'une part de l'histoire de ces populations, mais aussi du moment où elles ont été gérées informatiquement. Dans le cas des races locales, la qualité de l'information qui remonte à l'ITP s'est beaucoup améliorée depuis le début des années 1990, même si le Blanc de l'Ouest, grâce à son passé de race sélectionnée, a toujours été assez bien connu. En parallèle, la création récente de filières de valorisation économique a également favorisé une hausse importante des effectifs ces dernières années.

**Figure 1** - Races en sélection : évolution du nombre de reproducteurs par année de naissance



**Figure 2** - Races en conservation : évolution du nombre de reproducteurs par année de naissance



Les populations en sélection bénéficient d'un historique relativement bien connu, notamment grâce à la saisie en GTT depuis les années 60, et au système d'information BLUP depuis les années 90. Les effectifs, en hausse constante dans les années 1980, connaissent aujourd'hui une phase de stagnation, voire de baisse pour les lignées maternelles. La lignée mâle du Large White a été créée en 1995 à partir d'animaux extrêmes de la lignée femelle, c'est pourquoi certains critères seront calculés seulement après cette date.

### 1.3. Mesure de la consanguinité

Le coefficient de consanguinité d'un animal est égal au coefficient de parenté entre ses deux parents (MALECOT, 1948).

On le définit comme la probabilité pour qu'en un locus pris au hasard chez cet individu, les deux allèles soient identiques par descendance, c'est-à-dire qu'ils proviennent de la copie d'un même 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. Dans les populations fermées, la hausse de consanguinité est inéluctable, même en l'absence de sélection. Cette hausse s'accompagne d'une réduction de l'hétérozygotie moyenne qui conduit, à terme, à la perte aléatoire d'allèles (dérive génétique) et donc à la réduction de la variabilité génétique. La baisse de l'hétérozygotie moyenne est d'autant plus rapide que le nombre de reproducteurs est faible. Il existe diverses méthodes de calcul des coefficients de consanguinité, mais certaines sont mieux adaptées au traitement de fichiers généalogiques de grande taille (MEUWISSEN et LUO, 1992).

### 1.4. Analyse des probabilités d'origine de gènes

Un gène autosomal quelconque d'un animal 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 et de chacun des 8 arrière 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 eux-mêmes inconnus. Si l'on excepte les phénomènes de mutation, ces fondateurs sont la source de tous les gènes actuels. Chacun des fondateurs peut être caractérisé par sa contribution au génome d'un groupe d'individus, par exemple les animaux nés une année donnée ou les animaux vivants au moment de l'analyse. On peut alors synthétiser l'équilibre plus ou moins respecté des contributions des  $F$  fondateurs par le nombre de fondateurs efficaces  $F_e$ , qui représente un nombre de fondateurs qui, s'ils contribuaient tous de la même façon, donneraient la même variabilité génétique que celle de la population étudiée (LACY, 1989). Si les contributions des fondateurs sont équilibrées,  $F$  et  $F_e$  sont égaux.

Dans le cas où une population a connu de forts goulots d'étranglement, l'approche précédente surestime le nombre de fondateurs efficaces. On a alors recours à une méthode alternative qui permet de repérer les ancêtres les plus importants (qu'ils soient fondateurs ou non) à partir de leur contribution au pool de gènes de la population actuelle. On calcule alors le nombre d'ancêtres efficaces  $F_a$  (BOICHARD et al, 1996) qui est par construction toujours inférieur à  $F_e$  (d'autant plus inférieur que les goulots d'étranglement sont importants).

Enfin, une troisième approche consiste à prendre en compte, en plus du déséquilibre des contributions des fondateurs et des goulots d'étranglement, la dérive génétique. Par simulation, il est possible de reproduire la transmission des  $F$  génomes des  $F$  fondateurs (supposés tous différents) jusqu'à la population actuelle, afin de calculer le nombre  $N_g$  de génomes de fondateurs encore présents dans la population actuelle, c'est-à-dire le nombre de génomes que l'on pourrait reconstituer à partir des gènes encore présents dans la population.

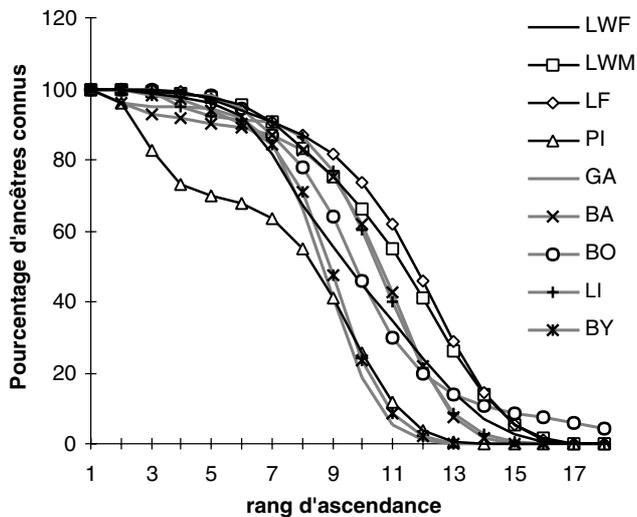
## 2. RÉSULTATS

### 2.1. Connaissance des généalogies

Avant toute expertise généalogique, il est nécessaire de s'assurer que l'information disponible est suffisamment complète. En effet, par définition les différents critères calculés dépendent étroitement de la qualité de l'information, et si celle-ci est médiocre, ces critères ne donneront qu'une vision approchée de la variabilité génétique. D'autre part, si la connaissance des généalogies est variable d'une race à l'autre, les comparaisons entre les différentes populations ne sont pas possibles.

tages d'ancêtres connus sont supérieurs à 85 % au moins jusqu'au septième rang d'ascendance. Au-delà, les taux décroissent plus ou moins rapidement selon les races, pour atteindre une valeur nulle entre la génération 13 (pour BY) et la génération 25 (pour BO). Ces profils complètent l'information fournie par les nombres d'équivalents-génération (cf tableau 1, p 112) et montrent que la connaissance des généalogies est globalement bonne et assez homogène entre les populations, à l'exception du PI, qui est la seule race à subir des importations importantes, en particulier en provenance d'Allemagne. Pour cette race, le pourcentage d'ancêtres connus chute à 70% dès la quatrième génération, et conserve un « retard » de trois générations avec les autres populations.

**Figure 3** - Connaissance des généalogies



La figure 3 représente l'évolution du pourcentage d'ancêtres connus par rang d'ascendance pour les animaux nés en 1999, dans chacune des 9 populations étudiées. Notons que pour toutes les populations excepté le Piétrain, les pourcen-

Globalement, les données disponibles se prêtent bien à une analyse probabiliste des généalogies, et les comparaisons entre populations seront possibles. Certains critères seront cependant à analyser avec précaution pour la race PI.

### 2.2. Consanguinité

La figure 4 présente l'évolution de la consanguinité moyenne par année de naissance dans les neuf populations étudiées, de 1980 à 1999. La tendance générale est à la hausse pour toutes les populations, mais ce phénomène est lié en grande partie à l'accumulation d'informations au fil du temps. Cependant, en supposant la quantité d'information comparable entre les races et au cours du temps sur les dernières années, on peut distinguer différents types d'évolution de la consanguinité moyenne. Le niveau absolu de consanguinité moyenne est difficilement exploitable puisqu'il est fortement dépendant du niveau de connaissance des généalogies. Cependant, l'évolution relative du coefficient moyen peut donner lieu à une comparaison intra-race et entre races.

Pour les races locales, les valeurs sont comprises entre 8 % pour BO et 18 % pour BY en 1999, et il existe trois cas de

**Figure 4** - Évolution de la consanguinité moyenne par année de naissance

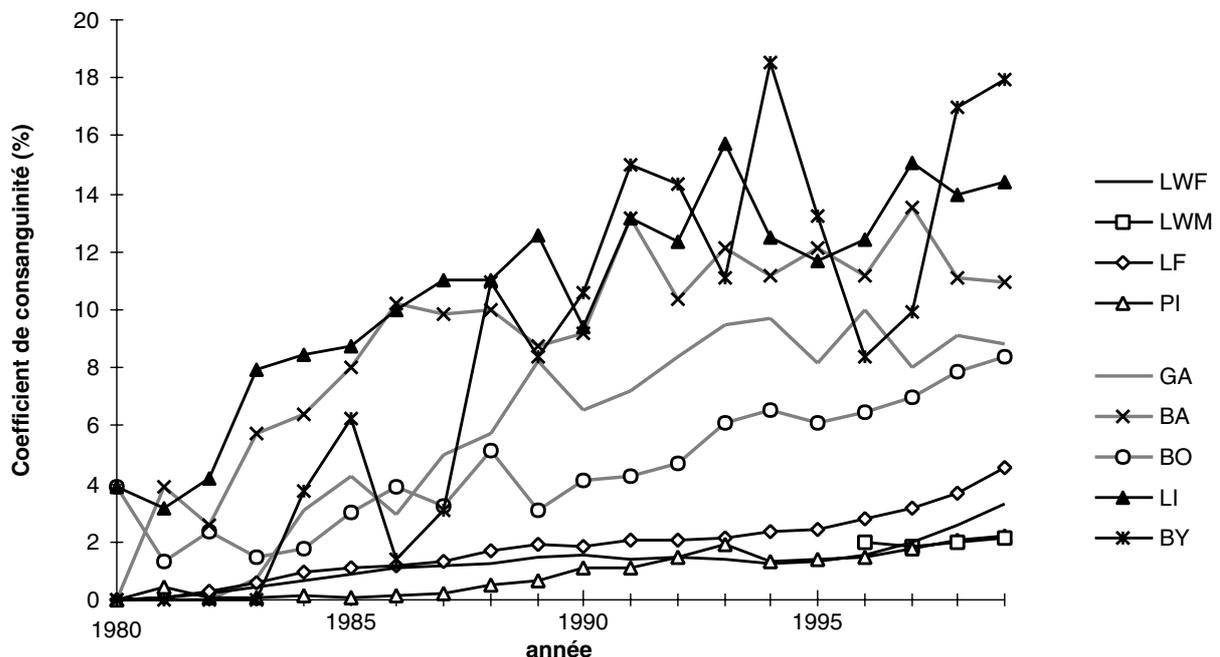


figure. Pour BA et GA, le taux d'accroissement ralentit fortement à partir de 1990, malgré un faible nombre de fondateurs à l'origine de ces races. Cela démontre une gestion génétique efficace des accouplements. Pour BO, dont le nombre de fondateurs était beaucoup plus important, le taux d'accroissement est faible mais constant. Chez BY et LI, le taux d'accroissement est important, ce qui traduit une gestion des accouplements un peu moins bien maîtrisée.

Dans le cas des races en sélection, le niveau absolu de consanguinité en 1999 vaut 2,2% pour les races PI et LWM, et respectivement 3,3% et 4,6% pour LWF et LF. Chez PI, qui est pourtant la population en sélection la plus petite, le niveau de consanguinité est le plus faible, ce qui s'explique vraisemblablement par le moindre niveau de connaissance des généalogies. Le niveau de consanguinité moyen est en hausse constante ces dernières années (de 0,2 à 0,8 point de pourcentage par génération selon les races) et n'est pas négligeable si l'on se réfère à la taille des populations, de 10 à 80 fois plus grandes que les races locales. Les hausses observées s'expliquent par l'histoire des races. La race LF, qui présente la hausse la plus forte, a connu dans les années 1980 un fort goulot d'étranglement avec la campagne d'éradication du gène de la sensibilité à l'halothane, qui a conduit à l'utilisation massive d'un petit nombre de repro-

ducteurs non porteurs de l'allèle indésirable. Il a également connu, de la même façon que LWF, des goulots plus récents avec l'utilisation grandissante de l'insémination artificielle et la diffusion de verrats hyperprolifériques. On peut remarquer les taux d'accroissement relativement similaires pour les deux lignées maternelles d'une part (LF et LWF) et les deux lignées paternelles d'autre part (PI et LWM).

## 2.3. Probabilités d'origine de gènes

### 2.3.1. Effectifs de fondateurs et d'ancêtres efficaces

Le tableau 2 présente, pour chacune des neuf populations, les effectifs de fondateurs efficaces ( $F_e$ ), d'ancêtres efficaces ( $F_a$ ) et le nombre de génomes équivalents ( $N_g$ ) en considérant comme population de référence toutes les femelles nées en 1995, 1997 ou 1999.

Il est à noter le faible nombre de fondateurs à l'origine des races locales, qui ne dépasse pas quelques dizaines d'animaux, excepté pour BO qui était largement représenté dans les années 1960, et dont la population actuelle dérive de 150 fondateurs. Dans le cas des populations GA, BA et BY qui sont toujours en phase de constitution, le nombre de fondateurs augmente au fil du temps, car de nouvelles familles

**Tableau 2** - Probabilités d'origine de gènes

Race	Année de naissance	Taille de la population de référence	Nombre de fondateurs	$F_e$ (1)	$F_a$ (2)	$N_g$ (3)
Large White lignée femelle	1995	79630	3994	409	156	84
	1997	75186	3378	228	59	33
	1999	70551	2720	141	31	17
Large White lignée mâle	1997	9907	1671	382	101	29
	1999	10888	1710	344	75	16
Landrace	1995	45531	2024	255	94	44
	1997	46305	1733	181	53	24
	1999	40037	1432	149	32	13
Piétrain	1995	7914	881	199	108	62
	1997	5742	804	149	81	38
	1999	6551	720	134	64	28
Gascon	1995	57	30	17	12	5,3
	1997	193	35	19	13	5,6
	1999	836	46	19	13	5,8
Basque	1995	185	31	10	9	3,7
	1997	170	37	10	9	4,1
	1999	771	50	11	10	4,3
Blanc de l'Ouest	1995	23	149	24	13	4,6
	1997	102	151	23	18	5,9
	1999	140	151	24	13	4,8
Limousin	1995	64	32	15	9	3,7
	1997	137	34	15	9	3,5
	1999	264	33	15	9	3,4
Bayeux	1995	23	14	9	7	2,5
	1997	35	24	17	15	6,1
	1999	81	21	9	7	2,4

(1)  $F_e$  : nombre de fondateurs efficaces

(2)  $F_a$  : nombre d'ancêtres efficaces

(3)  $N_g$  : nombre de génomes équivalents

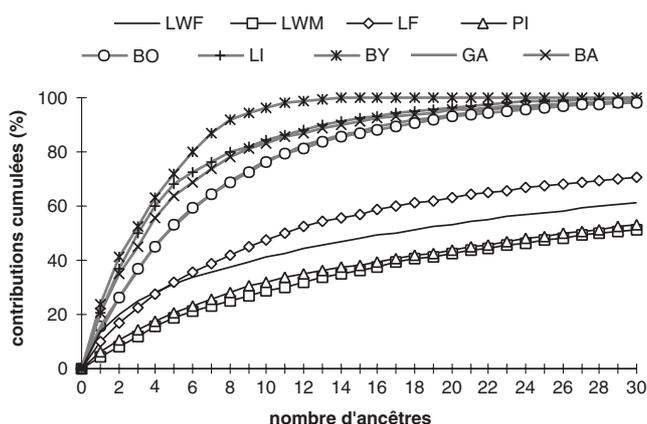
sont régulièrement affiliées à la race. Dans toutes les populations, surtout dans les races en sélection, on peut noter que  $F_e$  est toujours très inférieur au nombre de fondateurs vrais, ce qui montre que les contributions de ces fondateurs sont très déséquilibrées, d'autant plus qu'il s'agit souvent de fondateurs « informatiques », dont la plupart contribuent en fait très peu à la population.

Le nombre d'ancêtres efficaces  $F_a$ , qui tient compte des goulots d'étranglement dans la population, est très variable par rapport à  $F_e$  selon les populations. Ainsi,  $F_e$  et  $F_a$  sont très proches pour BA et BY, tandis que  $F_a$  peut être de 2 à 5 fois inférieur à  $F_e$  dans les races en sélection. Si  $F_a$  est relativement stable chez les races locales (de 7 à 18), il se révèle en baisse constante chez les populations en sélection, la baisse observée allant de 25 à 65 % en l'espace de deux ans. Les baisses les plus spectaculaires reviennent au LF et au LWF, pour lesquels  $F_a$  est divisé respectivement par 3 et 5 entre 1995 et 1999. Dans ces deux populations, on a également observé précédemment les plus forts taux d'accroissement de la consanguinité moyenne.

Le critère  $N_g$  (nombre de génomes équivalents), qui tient également compte des phénomènes de dérive génétique, est là encore particulièrement stable au cours du temps dans les races en conservation (de 2,4 pour BY à 5,8 pour GA), tandis qu'il chute fortement en l'espace de deux générations pour les quatre races en sélection, pour atteindre des valeurs très basses en 1999, de 13 à 28 génomes selon les races.

### 2.3.2. Contributions des principaux ancêtres

**Figure 5** - Contributions cumulées des 30 principaux ancêtres



La figure 5 présente les contributions cumulées des 30 premiers ancêtres aux gènes des femelles nées en 1999 dans les neuf populations étudiées. Chez les races locales, très peu d'ancêtres expliquent la plus grande partie des gènes de la population étudiée. La situation la plus extrême est celle du BY, où 8 ancêtres expliquent plus de 90% des gènes, contre 18 pour BO, les trois autres races étant dans une situation intermédiaire. Chez les races en sélection, les contributions des principaux ancêtres sont mieux réparties, puisque 90% des gènes sont expliqués par respectivement 208, 167, 116 et 150 ancêtres pour les races LWF, LWM,

LF et PI (valeurs non représentées). Cependant, il est à noter que dans les deux plus grandes populations, l'ancêtre le plus important a une forte contribution au pool de gènes actuels : 13,9% pour le LWF et 9,7% pour le LF.

### 3. DISCUSSION ET CONCLUSION

Cette étude souligne la bonne connaissance des généalogies dans toutes les populations étudiées. Comparé à celui d'autres espèces, l'intervalle de génération court chez les porcins permet de disposer rapidement d'une grande quantité d'information généalogique. Les deux approches présentées ici pour décrire la variabilité génétique et son évolution (consanguinité et probabilités d'origine de gènes) sont complémentaires et très concordantes quant à leurs résultats : elles permettent de bien distinguer les comportements de grandes populations en sélection et de petites races en conservation.

Chez les races locales, les probabilités d'origine de gènes font apparaître des déséquilibres de contributions des fondateurs ou des goulots d'étranglement, en fonction de l'histoire de chaque race. Néanmoins, il est très positif de constater que les effectifs de fondateurs et d'ancêtres efficaces n'ont que peu diminué entre 1995 et 1999, ce qui traduit l'efficacité du programme de conservation. L'exemple des races basque et gasconne, où les accouplements sont programmés en fonction de l'apparentement entre les reproducteurs, démontre qu'il est possible de maîtriser le rythme d'augmentation de la consanguinité moyenne. Enfin, dans ces populations, l'assurance du maintien de la variabilité génétique passe bien évidemment par le maintien des effectifs à un niveau raisonnable. Si certaines races comme le Basque et le Gascon connaissent actuellement une hausse de leurs effectifs grâce à la mise en place de filières spécifiques, il est important de s'assurer que les trois autres races pourront également être préservées.

Chez les races en sélection, les résultats obtenus, notamment lors de l'analyse des probabilités d'origine de gènes, font apparaître une forte réduction de la variabilité génétique en l'espace de deux générations. Ce phénomène, déjà mis en évidence dans des bilans précédents (MAGNEL et al, 1998) et particulièrement accentué dans les lignées maternelles, se traduit par des nombres de génomes équivalents très faibles (inférieurs à 20) en dépit de tailles réelles de populations importantes (plusieurs dizaines de milliers d'individus). Cette réduction est vraisemblablement la conséquence directe des goulots d'étranglement générés par l'utilisation massive de quelques verrats très améliorateurs pour la taille de portée. Pour exemple, l'ancêtre le plus important de la population Large White lignée femelle est un verrot hyperproliférique qui contribue actuellement pour 13,9% aux gènes des animaux nés en 1999. Sa contribution ne cesse d'augmenter bien qu'il soit réformé depuis 1998, du fait qu'un grand nombre de ses fils et petits-fils soient eux-mêmes devenus verrats d'IA. C'est pourquoi il est nécessaire de s'interroger sur la nécessité de mettre en place des règles simples visant à limiter le nombre de fils d'un même verrot entrant en CIA, ou à limiter la durée d'utilisation des verrats sur les élevages de sélection. Une telle politique permettrait d'une part de pré-

server la variabilité génétique à moyen et long terme, mais aussi de sécuriser le schéma de sélection, en empêchant que d'éventuelles anomalies génétiques soient trop largement diffusées. A l'heure actuelle, la sélection sur un index BLUP-modèle animal maximise le progrès génétique à court terme. Cet index inclut une information familiale, et favorise la sélection d'individus apparentés entre eux, donc de certaines familles aux dépens d'autres. Il est possible, si l'on souhaite éviter ces effets indésirables, de diminuer l'importance de l'information familiale dans les index BLUP (VERRIER et al, 1993), ou bien d'intégrer dans les critères de sélection un facteur dépendant de la parenté moyenne de l'individu évalué avec le reste de la population, de façon à pénaliser la hausse de consanguinité qu'il induirait chez ses descendants (BRISBANE et GIBSON, 1995).

Cette étude souligne la nécessité de réaliser régulièrement ce type de bilan, afin de contrôler à la fois l'élévation du taux de consanguinité et l'utilisation équilibrée des différentes origines. Dans tous les cas, l'analyse des probabilités d'origine de gènes semble mieux refléter la variabilité génétique, car

elle est moins dépendante de l'information généalogique, et permet de mettre en évidence les goulots d'étranglement et les phénomènes de dérive. En outre, dans un futur proche, l'information issue de la biologie moléculaire permettra de confirmer l'approche probabiliste en étudiant les fréquences alléliques réelles dans les populations considérées.

La présente étude avait pour objectif de décrire aussi précisément que possible la situation des races porcines en terme de variabilité génétique. Chez les races en sélection, cette variabilité conditionne la marge de progrès génétique sur les caractères sélectionnés actuellement, mais aussi la facilité de réorientation des races en cas de changement des objectifs de sélection. Chez les races locales, la variabilité génétique est tout simplement une condition à leur survie.

## REMERCIEMENTS

Les auteurs remercient Didier BOICHARD (INRA/SGQA, Jouy-en-Josas) pour la mise à disposition des programmes d'analyse des pédigrees.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BOICHARD D., Maignel L., VERRIER E., 1996. INRA Prod.Anim., 9,323-335.
- BRISBANE J.R., GIBSON J.P., 1995. Theor. Appl. Genet., 91, 421-431.
- LACY R.C., 1989. Zool. Biol., 8, 111-123.
- Maignel L., TRIBOUT T., BOICHARD D., et al., 1998. Journées Rech. Porcine en France, 30, 109-116.
- MALECOT G., 1948. Les Mathématiques de l'hérédité. Masson éd., Paris.
- MARSAC H., LUQUET M., LABROUE F., 1999. Techni-Porc, 22 (1), 31-39.
- MEUWISSEN T.H.E., LUO Z., 1992. Génét. Sel. Evol., 24, 305-313.
- VERRIER E., COLLEAU J.J., FOULLEY J.L., 1993. Theor. Appl. Genet., 87, 446-454.