

La variabilité génétique des huit principales races bovines laitières françaises : quelles évolutions, quelles comparaisons internationales ?*

S. MATTALIA (1), A. BARBAT (2), C. DANCHIN-BURGE (1), M. BROCHARD (1), P. LE MEZEC (1), S. MINERY (1), G. JANSEN (3), B. VAN DOORMAAL (4), E. VERRIER (5)

(1) Institut de l'Élevage, Département Génétique - Jouy-en-Josas, Paris

(2) INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée - Jouy-en-Josas

(3) Dekoppel Consulting - Guelph - ON - Canada

(4) Canadian Dairy Network (CDN) - Guelph - ON - Canada

(5) INRA/INA P-G, UMR Génétique et Diversité Animales - Paris

RESUME - Cet article présente un bilan de la variabilité génétique dans les huit principales races bovines laitières françaises établi à partir de l'information généalogique. Les données concernent l'ensemble des généalogies connues des femelles au contrôle laitier et sont extraites du Système d'Information Génétique (SIG). Les méthodologies sont dérivées des concepts de consanguinité et de probabilité d'origine des gènes. Le taux de consanguinité moyen de toutes les races s'est élevé au rythme de 0,06 à 0,22 % par an au cours des 10 dernières années et se situe actuellement aux alentours de 3 à 4 % dans la population femelle selon les races. Les effectifs génétiques réalisés correspondants sont sans commune mesure avec les effectifs de femelles considérées (de 34 en Montbéliarde à 133 en Simmental). Le nombre efficace d'ancêtres, déduit de la probabilité d'origine des gènes, est compris entre 16 et 54 selon les races et s'est considérablement réduit en 15 ans dans les races "nationales". Ce phénomène traduit de très forts goulets d'étranglements que l'on a pu illustrer au niveau de l'éventail des taureaux utilisés dans les trois races "nationales", qui a atteint son niveau le plus bas dans les années 90. Par ailleurs l'analyse des origines génétiques des populations femelles permet de mesurer l'impact plus ou moins important des origines étrangères selon les races. En particulier, le pourcentage de gènes Holstein Rouge dans les races Montbéliarde et Abondance est actuellement extrêmement bas. Enfin, l'analyse des *pedigrees* des taureaux Holstein évalués dans différents pays montre que le fait d'utiliser un taureau étranger ne permet pas forcément d'ouvrir les schémas en terme de variabilité génétique car l'appareillement entre les taureaux français et ceux testés dans les principaux pays *leaders* est relativement élevé. Il est donc nécessaire de mettre en place une politique efficace d'utilisation des reproducteurs, permettant à la fois un progrès génétique et un maintien de la variabilité génétique.

The genetic variability within the main eight dairy cattle breeds: what evolutions over time, what international comparisons?

S. MATTALIA (1), A. BARBAT (2), C. DANCHIN-BURGE (1), M. BROCHARD (1), P. LE MEZEC (1), S. MINERY (1), G. JANSEN (3), B. VAN DOORMAAL (4), E. VERRIER (5)

(1) Institut de l'Élevage, Département de Génétique - Jouy-en-Josas, Paris

SUMMARY - This paper presents an analysis of the genetic variability of the eight major French dairy cattle breeds, based on genealogical data. Pedigrees of recorded cows were obtained from the Genetic Information System (SIG) and were used to compute inbreeding coefficients and probabilities of gene origin. The inbreeding trend is of 0.06 to 0.22% per year within the last 10 years, and the current average coefficient of inbreeding of the female population is of 3 to 4%, according to the breed. Such an evolution corresponds to an effective size between tens and a few hundreds only, which is far lower than the total number of cows in each breed. The effective number of ancestors, computed from probabilities of gene origin, ranged from 16 to 54, according to the breed. This is the consequence of severe bottlenecks, which could be illustrated by the reduction, in the 1990's, of the number of major bulls used in the 3 national breeds. Moreover the gene origins were analysed, in order to measure the impact of foreign origins within each breed. The most original result is for the Montbéliarde and Abondance breeds, for which the percentage of Red Holstein genes is very limited now. Finally, the pedigree analysis of Holstein bulls evaluated in various countries shows that the use of a foreign bull does not necessarily help a better maintaining of the genetic variability because of the relatively high level of parentage between French and foreign bulls. In conclusion, it is necessary to implement an effective policy, able to manage both genetic gain and genetic variability.

* Les auteurs dédient cette communication à leur amie Sophie Moureaux, "cheville ouvrière" de ce type d'étude par le passé et à qui ils souhaitent un prompt et complet rétablissement

INTRODUCTION

Les programmes de sélection des bovins laitiers se sont révélés très efficaces sur le plan génétique et ont apporté une contribution majeure à l'évolution des filières laitières. Organisés localement ou à une échelle nationale ou mondiale, ces programmes sont caractérisés par une concentration des efforts de sélection sur une élite réduite, sur le plan numérique, de reproducteurs. Cette situation est notamment liée au très grand pouvoir de diffusion de l'insémination animale dans l'espèce bovine. La poursuite de progrès génétiques ainsi que la possibilité de réorientation des objectifs de sélection, suite à d'éventuels changements de conjoncture, nécessitent le maintien de la variabilité génétique au sein de chaque race sélectionnée. Plusieurs types d'informations et différentes méthodes permettent d'apprécier la variabilité génétique au sein d'une population (Verrier *et al.*, 2005). Les bilans rétrospectifs de variabilité génétique sont généralement effectués à partir des informations généalogiques. Ces dernières offrent en effet l'avantage d'être facilement disponibles et raisonnablement fiables sur de longues durées et elles permettent de quantifier la variabilité génétique et son évolution dans le temps en termes de probabilités d'origine ou d'identité des gènes en un endroit quelconque du génome (en toute rigueur en un *locus* neutre ne mutant pas). C'est ainsi que les huit principales races bovines laitières françaises ont déjà fait l'objet d'analyses approfondies (Boichard *et al.*, 1996 ; Moureaux *et al.*, 2000, 2001). L'objectif de la présente étude est, d'une part d'actualiser ces bilans et, d'autre part de faire des comparaisons, dans le cas de la Holstein, avec la situation dans d'autres pays.

1. LES RACES ETUDIÉES ET LES INFORMATIONS MOBILISÉES

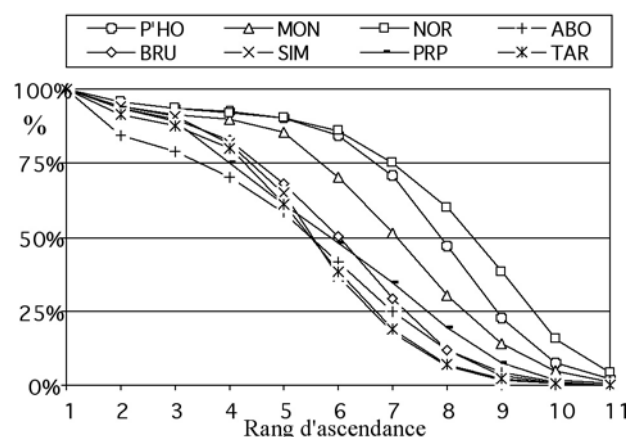
1.1. LES HUIT PRINCIPALES RACES FRANÇAISES

Parmi les diverses races laitières élevées en France, huit font l'objet d'un ou de plusieurs programmes intégrés de sélection, avec mise à l'épreuve de la descendance de jeunes taureaux issus d'accouplements raisonnés et destinés à l'insémination. Ces races se distinguent par leur extension sur le territoire, l'importance numérique de leur cheptel et leur effectif de vaches au contrôle laitier (tableau 1). Elles se distinguent également par leur degré d'ouverture sur des populations extérieures : deux sont totalement fermées (Normande, Tarentaise), deux ont eu recours à des infusions momentanées de gènes extérieurs (Montbéliarde, Abondance), les quatre autres puisent largement dans un vivier international (Prim'Holstein, Brune, Simmental Française et Pie Rouge des Plaines).

L'étude a porté sur l'ensemble des vaches au contrôle laitier nées jusqu'en 2003 ainsi que tous leurs ancêtres connus. Les analyses ont été effectuées avec le logiciel Pedig (<http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/diffusions/pedig/pedig.htm>). L'information généalogique a été extraite du Système d'Information Génétique (SIG). Elle inclut l'identification de l'individu, de son père, de sa mère, le sexe de l'individu, sa race, son année de naissance et son pays d'origine pour les animaux étrangers. L'information disponible pour les animaux français est comparable à celle qui avait servi aux études citées plus haut. En revanche, l'étude de Moureaux *et al.* (2000, 2001) avait donné lieu à un travail très important

de remontée des *pedigrees* des animaux étrangers qu'il n'a pas été possible, pour diverses raisons, de récupérer ni de rééditer. Ainsi, les résultats relatifs à l'apport des populations extérieures sont à comparer à ceux de Boichard *et al.* (1996) plutôt que de Moureaux *et al.* (2001). Cette situation touche notamment la Pie Rouge des Plaines dont les résultats de consanguinité ont été jugés, de ce fait, peu fiables et ne sont pas présentés ici. Certaines analyses ont concerné un sous-ensemble récent d'animaux, à savoir les vaches contrôlées nées de 2000 à 2003 et dont les deux parents sont connus. Le tableau 1 fournit les effectifs de cette sous-population dans chacune des races et la figure 1 en décrit la connaissance des *pedigrees*. On voit que cette connaissance est bonne sur 4 à 7 générations, selon la race, qu'elle décroît ensuite rapidement et que c'est pour les trois races à plus forts effectifs qu'elle est la meilleure.

Figure 1 : pourcentage d'ancêtres connus des vaches nées en 2000-2003, selon le rang d'ascendance (1 = parents, 2 = grands-parents, etc.)



1.2. LES POPULATIONS HOLSTEIN DE DIFFÉRENTS PAYS

Les résultats relatifs à l'évolution de la consanguinité au sein de différentes populations Holstein ont été compilés (Van Doormaal *et al.*, 2005). La connaissance des *pedigrees* est hétérogène d'un pays à l'autre, si bien que les niveaux absolus de consanguinité doivent être interprétés avec prudence. En revanche, il est légitime de comparer les rythmes d'évolution de la consanguinité, notamment sur les deux dernières décennies. Une seconde analyse a porté sur les liens de parenté entre les taureaux Holstein de huit pays (tableau 2). L'information est issue de la version de février 2006 de la base de données des *pedigrees* entretenue par l'USDA (<http://aipl.arsusda.gov/eval.htm>), qui contient à la fois l'ensemble des *pedigrees* complets des taureaux Nord-Américains et tous les *pedigrees* utilisés par Interbull pour les autres taureaux. Seuls les taureaux évalués sur descendance, avec un CD minimal de 0,50 pour la quantité de matière protéique, ont été retenus et l'on a considéré les taureaux nés en 1990, 1995 ou 2000 (voir les effectifs en 2000 dans le tableau 2, les effectifs des autres années étant du même ordre de grandeur). Comme seule l'information sur les parents et grands-parents avait été enregistrée pour les taureaux autres que ceux directement évalués aux USA, la parenté a été appréciée sur la base de critères simplifiés (voir plus loin).

Tableau 1 : caractéristiques des huit races considérées dans l'étude : abréviations employées pour les désigner, effectifs totaux (RGA 2000) et contrôlés (FCL, 2005), effectifs de la sous-population étudiée pour certaines analyses

Race	Abréviation	Nb. total de vaches en 2000	Nb. de vaches contrôlées en 2005	Nb. vaches contrôlées, avec 2 parents connus, nées en 2000-2003
Prim'Holstein	P'HO	2 845 577	1 887 167	2 534 174
Montbéliarde	MON	685 043	387 912	490 860
Normande	NOR	577 071	270 954	396 525
Abondance	ABO	54 775	20 659	23 166
Brune	BRU	23 942	16 835	20 437
Simmental Française	SIM	27 658	14 026	19 635
Pie Rouge des Plaines	PRP	18 416	10 075	12 154
Tarentaise	TAR	13 488	7 744	8 418

Tableau 2 : pays et effectifs considérés dans l'analyse des parentés entre taureaux Holstein

Pays	Code	Nb. taureaux nés en 2000 et retenus dans l'analyse
USA	USA	1155
Canada	CDN	326
Australie	AUS	262
Nouvelle Zélande	NZL	276
Italie	ITA	328
Pays-Bas	NLD	436
Allemagne	DEU	929
France	FRA	485

2. QUELQUES ELEMENTS DE DEMOGRAPHIE EN LIEN AVEC LES PRATIQUES DE SELECTION

2.1. EVOLUTION DES INTERVALLES DE GENERATION

On définit l'intervalle de génération comme l'écart d'âge moyen entre un ensemble de parents et leurs descendants devenant à leur tour reproducteurs. On calcule un intervalle sur chacune des quatre voies de transmission des gènes (père-fils, père-fille, etc.) ; l'intervalle moyen est alors la moyenne des quatre intervalles par voie. Le tableau 3 donne ainsi l'intervalle de génération moyen calculé entre les reproducteurs nés de 1995 à 1999 et leurs parents. On

constate une différence d'1,5 an entre la race où l'intervalle est le plus long (Abondance) et celles où il est le plus court (Prim'Holstein et Pie Rouge des Plaines).

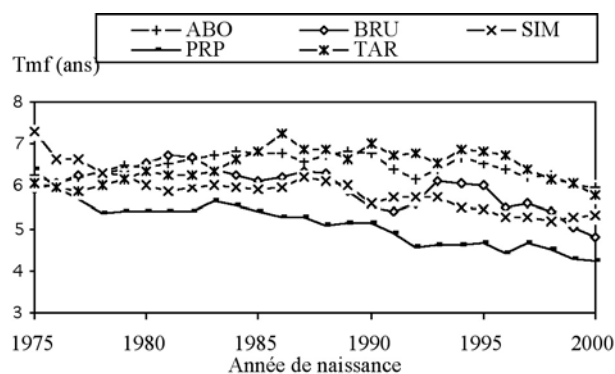
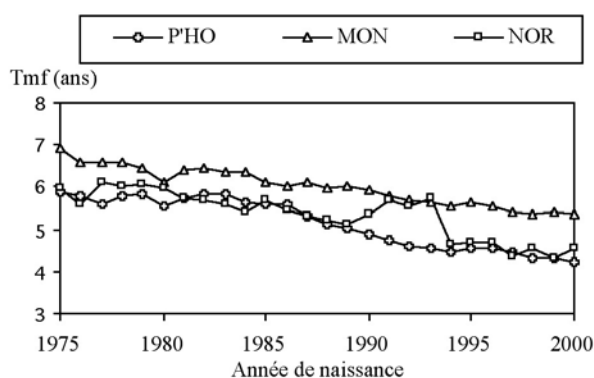
L'analyse de l'évolution de ces intervalles selon l'année de naissance des reproducteurs montre une relative stabilité sur les voies de procréation des femelles, qui demeurent de l'ordre de 4 à 5 ans sur la voie mère-fille et de 7 à 8 ans sur la voie père-fille. En revanche, dans la plupart des races, des parents de plus en plus jeunes sont recrutés pour procréer les futurs les taureaux, tendance déjà soulignée par Dunet *et al.* (1990) et Boichard *et al.* (1996).

Ce phénomène est très net pour les mères à taureaux (figure 2) : en 25 ans, l'intervalle mère-fils a diminué de près de 2 ans en Prim'Holstein et d'environ 1,5 an dans les autres races, à l'exception de l'Abondance où cette baisse n'est que de 4 mois et la Tarentaise où aucune évolution n'est visible. Sur la même période, l'intervalle père-fils a perdu entre 6 et 18 mois, pour se situer entre 7,5 ans et 9 ans selon la race.

Tableau 3 : intervalle de génération moyen (T, en années) pour les reproducteurs nés en 1995-1999 et leurs parents

Race	P'HO	MON	NOR	ABO	BRU	SIM	PRP	TAR
T	5,7	6,4	6,0	7,2	6,7	6,6	5,7	7,1

Figure 2 : évolution de l'intervalle de génération mère-fils (T_{mf}, en années) selon l'année de naissance des taureaux
Graphes de droite : compte tenu de faibles effectifs chaque année, c'est la moyenne mobile sur 3 années qui est représentée



2.2. EVOLUTION DE L'UTILISATION DES TAUREAUX

On distingue l'utilisation des taureaux en tant que pères des taureaux d'insémination (appelés "Pères à Taureaux" ou PAT) qui caractérise l'amont des programmes de sélection, de celle des taureaux de service, c'est-à-dire ceux largement diffusés dans les élevages (aval des programmes).

Pour les trois races nationales, le nombre de PAT a fortement décliné pour atteindre le niveau le plus bas dans les années 1990 (figure 3), certains PAT ayant, en plus, été utilisés sur une longue période. Pour les années les plus récentes, les PAT sont légèrement plus diversifiés mais cette tendance est encore assez fragile. Elle peut s'expliquer par une volonté d'un certain maintien de la variabilité génétique, de limiter les risques d'une utilisation trop forte d'un PAT qui se révélerait décevant par la suite et par la prise en compte, dans les objectifs de sélection, de nouveaux caractères (tels que les taux cellulaires ou la fertilité), qui élargissent le panel des PAT intéressants. Pour les 5 autres races, compte tenu de la très petite taille des séries de testage, il n'y a pas de tendance nette.

Par ailleurs les Bilans Génétiques des Inséminations Premières (Institut de l'Élevage, statistiques annuelles) permettent de retracer l'évolution de la diffusion des taureaux de service. La figure 4 indique, pour les trois races

nationales, l'évolution de la concentration des origines paternelles des vaches. Compte tenu des différences d'effectifs d'une race à l'autre, afin de faciliter les comparaisons, les résultats présentés sur cette figure ont été ramenés à une base constante de 100 000 Inséminations Artificielles Premières (IAP) annuelles par une simple règle de trois. La concentration des choix s'est accentuée jusqu'au milieu des années 90 et a été la plus forte en Montbéliarde. Plus récemment, on note un effort vers une plus grande diversité des taureaux utilisés. Cependant cette diversification n'est encore que relative car l'origine paternelle de ces taureaux de service subit, par nature, le peu de diversité des PAT constatés dans les programmes à la génération antérieure. Ainsi entre 1982 et 1985, 80 % des IAP totales mises en place sur une année étaient réalisées par des taureaux Prim'Holstein eux-mêmes issus de 51 pères différents contre 14 en 1996-2000 et 26 en 2001-2004. Les mêmes calculs aboutissent à 19, 9 et 8 PAT Montbéliards, 20, 9 et 8 PAT Normands. Pour les 5 autres races, on ne note pas une telle concentration des origines paternelles des vaches (résultats non montrés ici). Cela résulte sans doute d'une volonté de proposer un éventail "raisonnable" de taureaux alors qu'un très petit nombre aurait suffi à assurer l'activité d'IA dans chaque race.

Figure 3 : nombre total de Pères à Taureaux (trait continu) et de pères ayant procréé 80 % de la série de testage (pointillés) par année de naissance. L'échelle des ordonnées est différente d'un graphe à l'autre

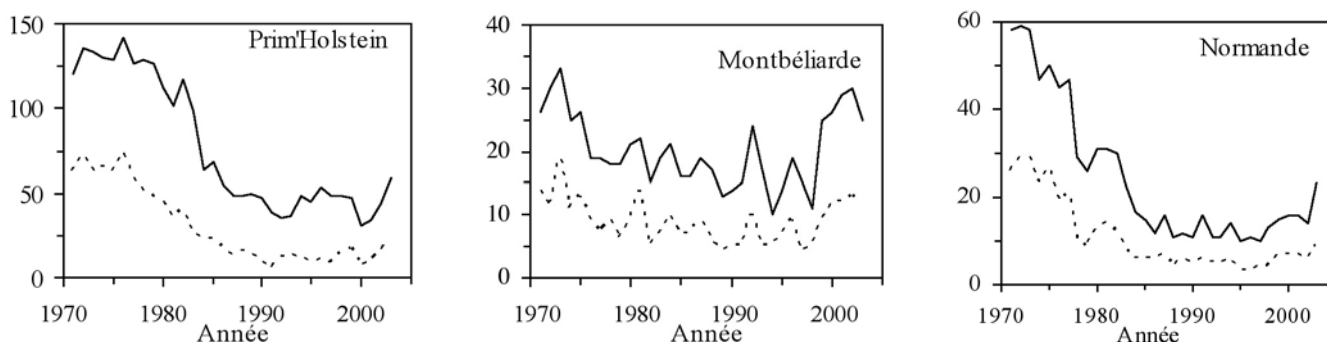
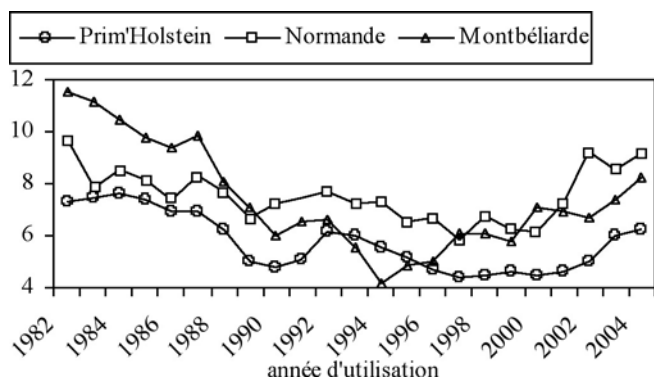


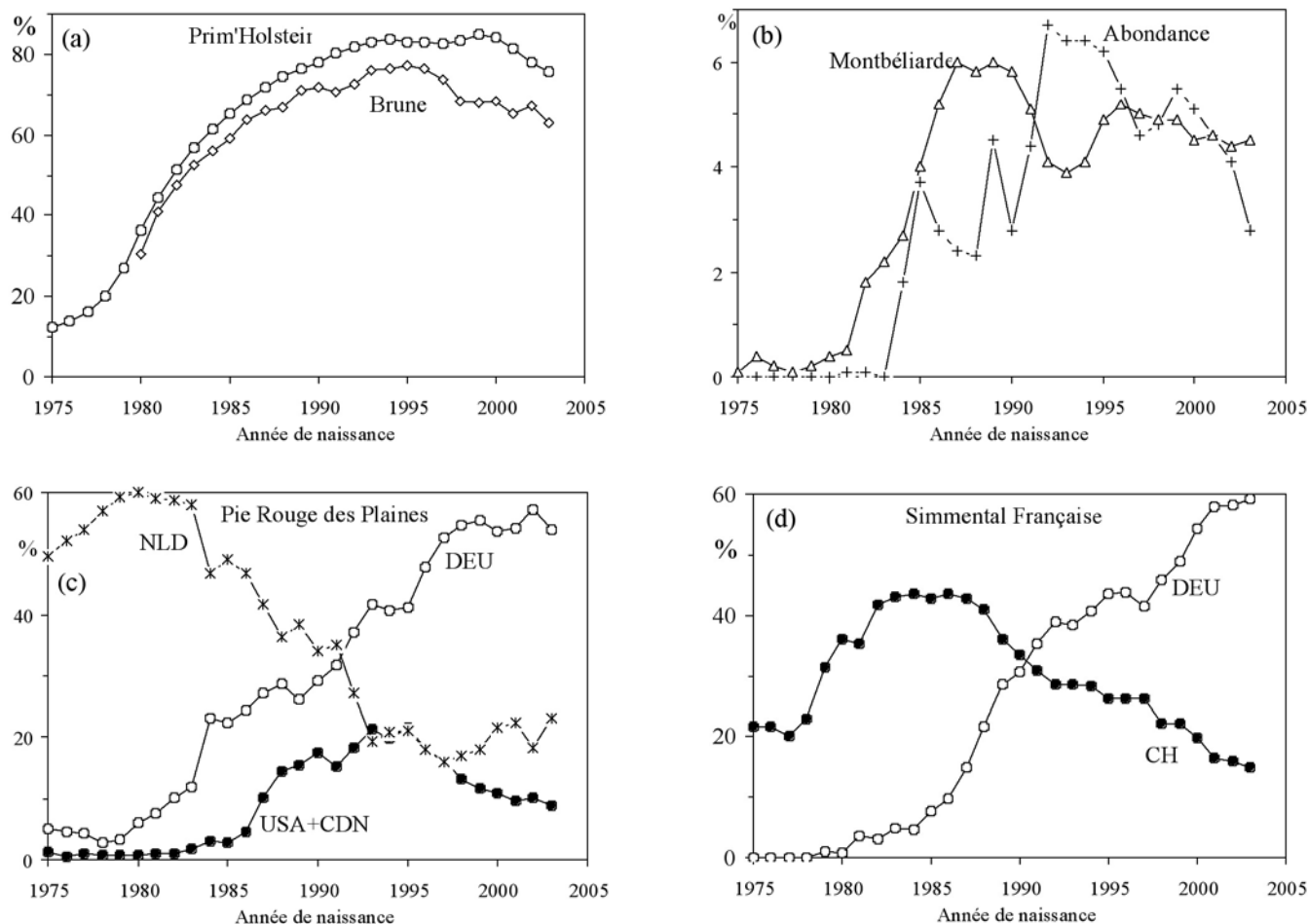
Figure 4 : nombre de taureaux couvrant 80 % des Inséminations Artificielles Premières, pour une base constante de 100 000 IAP annuelles intra race



3. EVOLUTION DES APPORTS DES POPULATIONS EXTERIEURES

Pour les races dont la création ou l'amélioration se sont faites en partie par croisement, il est utile de faire le bilan des apports respectifs des différentes populations constitutives, ce que permet une analyse simple des *pedigrees*. En effet, un gène choisi au hasard en un *locus* chez un individu a une probabilité $1/2$ de provenir de l'un ou l'autre de ses 2 parents, de même une probabilité $1/4$ de provenir de chacun de ses 4 grands-parents, etc. En définitive, on calcule les probabilités d'origine des gènes d'une population donnée en référence à des animaux sans parents connus, qualifiés de fondateurs. Connaissant le pays d'origine de ces fondateurs, il est possible de calculer les contributions respectives de différents pays ou de différents "rameaux" à une race et à une époque données. Les résultats présentés ici confirment, pour les années antérieures à 1992, ceux de Boichard *et al.* (1996) et les prolongent ou les complètent pour les années ultérieures.

Figure 5 : évolution des contributions (en %) de fondateurs originaires de différents pays, selon l'année de naissance des vaches (a), (b) : % de gènes Nord Américains (USA+CDN) (a) en Prim'Holstein et en Brune et (b) en Montbéliarde et en Abondance (c), (d) : % de gènes de diverses origines (c) en Pie Rouge des Plaines et (d) en Simmental Française Codes pays : voir tableau 2 et CH = Suisse. L'échelle des ordonnées peut être différente d'un graphe à l'autre



En Prim'Holstein et en Brune (figure 5.a), après une phase de forte croissance dans les années 80, la part de gènes issus de fondateurs nord-américains stagne aux alentours de 80 % ou décroît légèrement. En Pie Rouge des Plaines (figure 5.c), la part des gènes néerlandais (race MRY) a fortement décliné dès le début des années 80 au profit des gènes allemands (race Rotbund) et, dans une moindre mesure, nord-américains (Holstein rouge). Ces résultats ne doivent cependant pas faire illusion. Dans les trois cas, comme l'a montré l'étude de Moureaux *et al.* (2001), notre connaissance imparfaite des *pedigrees* des reproducteurs étrangers nous fait déclarer "européens" certains ascendants ayant des généalogies inconnues dans le SIG alors qu'ils sont eux-mêmes majoritairement issus de croisements avec des reproducteurs américains. Les conclusions relevées par Moureaux *et al.* (2001) à l'issue d'un important travail sur les *pedigrees* étrangers ne sont donc pas remises en cause : la "brownswissation" de la Brune est achevée ; la "holsteinisation" est achevée en Prim'Holstein et elle est sans doute en voie de l'être en Pie Rouge des Plaines. La présente étude montre cependant que visiblement, sur les dernières années, la recherche de gènes d'origine directe nord américaine a été moins forte en Brune et en Prim'Holstein, avec un recours plus important que dans le passé à l'importation d'animaux européens qui redeviennent compétitifs par rapport aux concurrents nord-américains d'un point de vue du niveau génétique.

Les races Montbéliarde et Abondance ont procédé à des infusions de gènes Holstein rouge (USA et Canada), dans les années 70-80 et 80-90, respectivement. Ces apports extérieurs (figure 5b) ont eu un impact modéré et actuellement, ils sont stabilisés en Montbéliarde, avec une part de gènes Holstein rouge maintenue à 4,5 % et vraisemblablement contresélectionnés en Abondance. Enfin, la race Simmental Française, historiquement très ouverte sur la Suisse, a modifié sa stratégie au profit de l'importation de reproducteurs allemands (race Fleckvieh) qui représentent aujourd'hui plus de la moitié des origines des gènes. Ceci est lié, d'une part, à la volonté partagée des éleveurs français et allemands de ne pas procéder à l'infusion de gènes Holstein au sein de leur race, ce à quoi les éleveurs suisses de Simmental ont eu massivement recours et, d'autre part, à la nette supériorité actuelle du niveau génétique des taureaux allemands en comparaison des autres populations Simmental.

4. EVOLUTION DES CONTRIBUTIONS GENETIQUES DES ANCETRES MAJEURS

L'approche précédente ne permet pas de prendre en compte l'effet des goulets d'étranglement que la population a pu connaître depuis l'époque des fondateurs. Pour y remédier, on utilise une méthode itérative de détection des ancêtres majeurs (fondateurs ou non) et on calcule leur contribution indépendante de celle des animaux qui leur sont apparentés

(Boichard *et al.*, 1997). Le classement des ancêtres majeurs par contribution décroissante permet de rendre compte de l'hétérogénéité des contributions. On définit le nombre efficace d'ancêtres comme l'inverse de la probabilité pour que deux gènes tirés au hasard proviennent du même ancêtre majeur. Soit q_i la probabilité associée à l'ancêtre i , le nombre efficace d'ancêtres (fa) se calcule ainsi :

$$fa = 1 / \sum_i q_i^2$$

Le nombre efficace est généralement inférieur au nombre total d'ancêtres, d'autant plus que le déséquilibre des contributions d'un ancêtre à l'autre est important.

Le tableau 4 présente les principaux résultats de cette analyse. Les valeurs pour la Pie Rouge des Plaines sont sans doute biaisées par la mauvaise connaissance des *pedigrees* étrangers. Dans les autres races, l'ancêtre le plus important explique plus de 9 à 16 % des gènes et la moitié des gènes provient de moins de 12 ancêtres ! Les nombres efficaces sont faibles : tout se passe comme si le patrimoine génétique d'une race donnée provenait des contributions parfaitement équilibrées d'une quinzaine à quelques dizaines d'ancêtres seulement.

La figure 6 montre l'évolution dans le temps de deux indicateurs de variabilité génétique issus de l'analyse des contributions des ancêtres majeurs, hors Pie Rouge des Plaines du fait des biais évoqués plus haut pour cette race. Trois cohortes de vaches contrôlées avec deux parents connus, d'effectifs similaires pour une même race, sont considérées : nées en 1988-1991 (Boichard *et al.*, 1996), en 1993-1996 (Moureaux *et al.*, 2000) et en 2000-2003 (présente étude). Les deux paramètres étudiés ($N50$ et fa) ne sont pas exactement de même nature et la comparaison doit s'effectuer intra-paramètre. Par exemple, $N50$ est plus sensible à l'effectif de la population analysée, ce qui explique que pour la cohorte 1988-91 ce paramètre soit plus élevé en Prim'Holstein qu'en Montbéliarde alors que c'est l'inverse pour fa . Sur l'ensemble de la période considérée, le nombre des ancêtres les plus importants expliquant à eux seuls la moitié des gènes ($N50$) a été divisé par environ 2 en Normande, 2,5 en Montbéliarde et 3,5 en Prim'Holstein. Le nombre efficace d'ancêtres (fa) est stable en Brune et en Tarentaise et en légère augmentation en Simmental Française. Dans les autres races, le nombre efficace d'ancêtres a été réduit, approximativement, du quart en Abondance, du tiers en Normande, de moitié en Prim'Holstein et des deux tiers en Montbéliarde.

L'analyse détaillée (non montrée ici) révèle qu'en Normande et en Abondance, ces diminutions résultent essentiellement de la perte d'influence de certaines lignées fondatrices alors qu'en Prim'Holstein et en Montbéliarde, ce phénomène se combine avec l'accroissement des goulets d'étranglement depuis l'époque des fondateurs.

Tableau 4 : analyse des contributions des ancêtres majeurs au patrimoine génétique des vaches nées en 2000-2003

Race	Contribution (%) de l'ancêtre le plus important	Nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes	Nombre efficace d'ancêtres
P'HO	13 %	8	22
MON	14 %	8	21
NOR	10 %	9	25
ABO	16 %	7	19
BRU	11 %	11	28
SIM	9 %	15	38
PRP	7 %	20	54
TAR	15 %	6	16

5. EVOLUTION DE LA CONSANGUINITE

Rappelons qu'un animal est consanguin si ses deux parents sont apparentés, c'est-à-dire s'ils possèdent au moins un ancêtre commun. La consanguinité ayant pour conséquence une homogénéisation du patrimoine génétique, son évolution dans le temps, montrée figure 7, constitue un indicateur du rythme d'érosion de la variabilité génétique à l'intérieur d'une population. L'évolution est moins régulière pour les races d'extension régionale, du fait d'effectifs plus faibles. Parmi les 3 principales races, c'est en Normande que la consanguinité augmente le plus tôt et le plus régulièrement, du fait de l'absence d'apports extérieurs et d'une meilleure connaissance des *pedigrees* (figure 1). En Prim'Holstein, la consanguinité ne s'accroît qu'à partir du milieu des années 80, c'est-à-dire après la première génération de croisement avec la Holstein nord-américaine. L'élévation de la consanguinité en Montbéliarde, quant à elle, présente une nette accélération à partir du milieu des années 90. En définitive, le coefficient de consanguinité des vaches nées au début des années 2000 est du même ordre de grandeur dans ces 3 races "nationales", de 3 à 3,5 %.

Figure 6 : évolution par race d'indicateurs de variabilité génétique sur 3 cohortes successives de vaches contrôlées
Gauche : nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes ($N50$) ; Droite : Nombre efficace d'ancêtres (fa)
L'échelle des ordonnées est différente d'un graphe à l'autre.

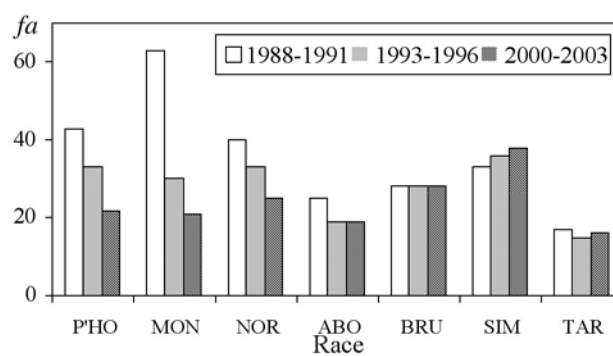
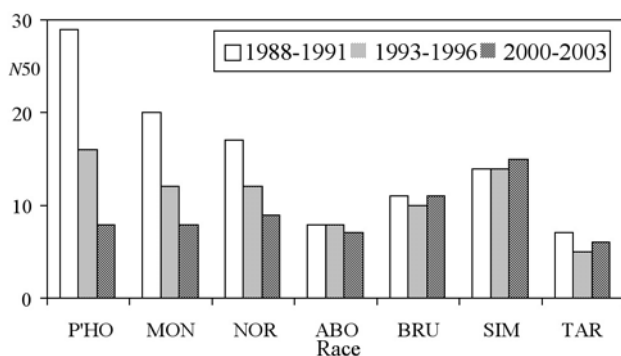
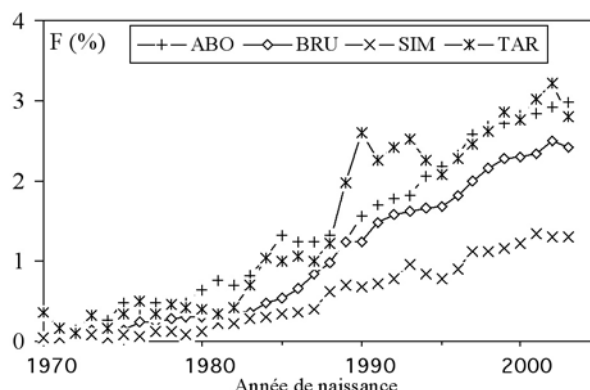
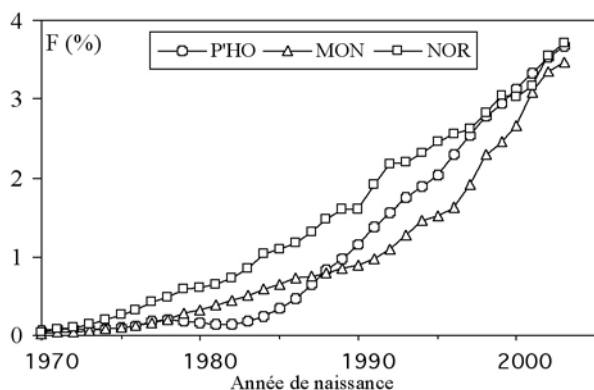


Figure 7 : évolution du coefficient de consanguinité moyen des vaches par année de naissance



Chez les mâles d'insémination, (résultats non montrés), les coefficients moyens sont plus élevés, entre 4 et 5 %, ce qui traduit le fait que leurs *pedigrees* sont en général mieux connus et qu'ils dérivent d'un noyau plus étroit et plus sélectionné.

Le tableau 5 montre le rythme annuel d'élévation de la consanguinité sur les 10 dernières années où l'on dispose d'enregistrements complets ainsi que l'effectif génétique réalisé sur la dernière génération, déduit du rythme observé et des valeurs calculées des intervalles de génération (*cf.* plus haut). L'effectif génétique est d'autant plus faible que la consanguinité s'accroît rapidement. Ce paramètre résume à lui seul les conséquences des effectifs de reproducteurs mâles et femelles et du plus ou moins grand équilibre des tailles de leur descendance.

Parmi les races françaises, l'élévation la plus modérée de la consanguinité et l'effectif génétique réalisé le plus élevé sont observés en Simmental Française, sans doute du fait de son ouverture sur plusieurs populations extérieures et d'une

pressions de sélection réalisées dans ces races et au fait que de grandes distorsions dans les tailles de descendance des taureaux ne peuvent apparaître que dans des races à très grands effectifs. Quand on compare les valeurs d'effectif génétique avec celles calculées sur des périodes antérieures par Boichard *et al.* (1996) et Moureaux *et al.* (2000), on constate une stabilité en Prim'Holstein, une augmentation en Normande et Brune (+ 30 %) et en Tarentaise (+ 200 %) mais des baisses sensibles en Abondance (- 48 %) et en Montbéliarde (- 72 %).

On voit par ailleurs que le rythme annuel d'élévation de la consanguinité au sein des populations Holstein est proche d'un pays à l'autre, entre + 0,15 et + 0,20 point de pourcentage par an, à l'exception notable de la Nouvelle Zélande qui affiche un rythme nettement plus modéré.

Tableau 5 : rythme annuel d'élévation de la consanguinité (ΔF) des vaches sur la période 1992-2002 (1990-1999 pour les Holstein étrangères) et effectif génétique réalisé sur la dernière génération

Pays	Race	ΔF (point de pourcentage par an)	Effectif génétique réalisé
FRA	Tarentaise	+ 0,09	80
	Simmental Fr.	+ 0,06	133
	Brune	+ 0,10	74
	Abondance	+ 0,12	55
	Normande	+ 0,13	61
	Montbéliarde	+ 0,22	34
	Prim'Holstein	+ 0,20	42
USA	Holstein	+ 0,20	-
CDN	Holstein	+ 0,25	-
NZL	Holstein	+ 0,08	-
ITA	Holstein	+ 0,18	-
NLD	Holstein	+ 0,21	-
DK	Holstein	+ 0,17	-
GBR	Holstein	+ 0,14	-

Sources - Races françaises : présente étude ;

Populations Holstein étrangères : Van Doormaal *et al.*, 2005.

connaissance imparfaite des *pedigrees* des reproducteurs étrangers. Ce sont en définitive dans les races aux plus larges effectifs de femelles contrôlées que les effectifs génétiques réalisés sont les plus faibles : ceci est lié aux très fortes

6. LES LIENS ENTRE LES TAUREAUX HOLSTEIN DE DIFFERENTS PAYS

Pour établir la figure 8, dans un premier temps, on a détecté les 20 pères et grands-pères contribuant le plus aux taureaux nés et évalués une année donnée dans l'ensemble des 8 pays considérés. Ensuite, on a calculé les probabilités d'origine des gènes de chaque cohorte de taureaux (pays x année) en référence aux 20 pères et grands-pères détectés pour l'année en question. La France, les USA, l'Italie et, dans une moindre mesure, le Canada, semblent être les pays dont le recrutement se rapproche le plus du recrutement "mondial", ce qui s'explique en partie par la simple importance numérique de leur cheptel de taureaux. Les Pays-Bas et l'Allemagne semblent avoir des recrutements plus originaux. La Nouvelle Zélande est le pays où le recrutement s'éloigne le plus des autres pays, l'Australie ayant rejoint cette position au cours des années.

Les coefficients de parenté simplifiés du tableau 6 ont été calculés sur la base de la seule connaissance des parents et des grands-parents des taureaux : il ne s'agit donc que de la parenté proche (liens entre demi- ou pleins frères), qui sous-estime la parenté réelle. Ce sont les taureaux français qui sont les plus apparentés entre eux, alors que les taureaux allemands semblent avoir entre eux peu de liens de parenté proche. Les taureaux de la plupart des pays, hormis la Nouvelle Zélande et l'Australie, ont une parenté proche relativement élevée avec les USA. Les taureaux les plus apparentés aux mâles français sont les italiens (coefficient le plus élevé du tableau) et les américains.

Figure 8 : analyse de l'origine des gènes chez les taureaux Holstein, selon leur année et leur pays de naissance : pourcentage de gènes provenant des 20 pères et grands-pères contribuant le plus sur l'ensemble des 8 pays

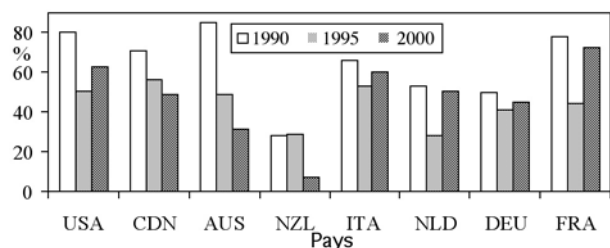


Tableau 6 : moyenne des coefficients de parenté simplifiés, entre pays (police normale) et intra-pays (gras), des taureaux Holstein nés en 2000

Le tableau est symétrique

	USA	CDN	AUS	NZL	ITA	NLD	DEU	FRA
USA	3,7							
CDN	2,8	3,4						
AUS	0,7	0,5	4,5					
NZL	0,1	0,1	0,9	3,4				
ITA	3,2	2,3	0,6	0,1	3,8			
NLD	2,1	1,2	0,8	0,2	2,1	2,6		
DEU	2,1	1,7	0,6	0,1	2,2	1,4	1,9	
FRA	3,4	2,2	1,0	0,2	3,8	2,7	2,4	5,4

DISCUSSION ET CONCLUSIONS

Les résultats de cette étude confirment les travaux menés précédemment (Boichard *et al.*, 1996, Moureaux *et al.*, 2001), notamment sur le fait que les “grandes races” en termes d’effectifs de vaches apparaissent comme de “petites populations” lorsque l’on procède à une analyse de la diversité de leur patrimoine génétique.

L’augmentation annuelle de la consanguinité se poursuit, surtout pour les races “nationales”. La race Montbéliarde a rattrapé la Normande et la Prim’Holstein sur le plan de la consanguinité, suite à la très forte concentration de l’utilisation des taureaux sur les deux voies (pères à taureaux et pères de service). En race Prim’Holstein, les recrutements à l’étranger ne suffiront pas au renouvellement du patrimoine génétique étant donné l’apparentement des taureaux français avec leurs homologues des principaux pays concurrents (valeurs probablement nettement supérieures à celles présentées ici si toutes les généalogies avaient pu être prises en compte). Seuls des recrutements dans des pays très éloignés de la population nord-américaine, comme la Nouvelle Zélande ou l’Australie, permettraient réellement d’élargir la gamme génétique mais encore faudrait-il que les aptitudes de ces taureaux correspondent aux mêmes objectifs de sélection. Le croisement de la Holstein avec d’autres races (Hansen, 2006) pourrait résoudre les effets de la consanguinité dans la “population terminale”, mais nécessiterait une organisation très lourde, avec une rotation sur plusieurs races et l’entretien de noyaux de race pure.

Parmi les trois races nationales, c’est finalement la Normande qui a eu, sur les années récentes, l’évolution la plus modérée du taux de consanguinité mais l’augmentation plus précoce de la consanguinité moyenne dans la

population ne lui permet pas, à l’heure actuelle, d’être dans une situation plus favorable que les autres en terme de niveau moyen.

Dans les races à plus faibles effectifs (Simmental, Brune, Tarentaise), la gestion de la variabilité semble à première vue plus maîtrisée, mais les résultats doivent être nuancés par le fait que les généalogies sont un peu plus courtes (figure 1) et que les goulets d’étranglement étrangers (Simmental, Brune) ont probablement un poids sous estimé. Par ailleurs le recours à des gènes extérieurs n’a qu’un très faible impact actuellement sur les origines des vaches en race Montbéliarde et Abondance. En race Montbéliarde, moins d’un arrière-arrière-grand-parent sur 16 est d’origine Holstein Rouge et la situation semble stabilisée. En race Abondance, ce taux est encore plus faible dans la population femelle mais continue de décroître, suite à la volonté de suppression totale du Holstein Rouge au niveau de la race. Ce virage, qui réduit actuellement de façon sensible les origines des taureaux proposés au service, devra être bien géré car il peut être lourd de conséquences sur la variabilité génétique des populations à venir, alors que le rythme d’accroissement de la consanguinité était, jusqu’à présent, intermédiaire par rapport aux autres races françaises.

Il est donc nécessaire pour toutes les races laitières françaises de rechercher rapidement des moyens de maîtriser la variabilité génétique, facteur essentiel pour la viabilité des programmes de sélection à moyen terme. La diversification en terme d’utilisation de taureaux, qui semble s’amorcer dans les races Prim’Holstein, Normande et Montbéliarde, traduit certainement une prise en compte de ce souci mais elle est cependant freinée par le manque de variabilité des origines à la génération précédente (pères des taureaux de service notamment). Une large gamme de méthodes est disponible pour gérer la variabilité, allant d’aménagements démographiques simples à mettre en œuvre jusqu’à des méthodes élaborées d’optimisation (Verrier *et al.*, 2005). A ce titre, le projet VARGEN (soutenu par le Ministère de l’Agriculture) propose le développement d’outils nouveaux d’aide à la décision alliant progrès génétique et maintien de la variabilité (Colleau et Moureaux, 2006, Colleau *et al.*, 2006).

Boichard D., Maignel L., Verrier E., 1996. INRA Prod. Anim. 9, 323-335

Boichard D., Maignel L., Verrier E., 1997. Genet. Sel. Evol. 29, 5-23

Colleau J.J. et Moureaux S., 2006. INRA Prod. Anim., 19, 3-14

Colleau J.J., Moureaux S., Briend M., Bechu J., 2004. Genet. Sel. Evol. 36, 373-394

Colleau JJ, Moureaux S., Regaldo D., Mattalia S., Fritz S. et De Preaumont H, 2006. Renc. Rech. Rum. 13, 235-238

Dunet D., Boulanger P., Gastinel P.L., Verrier E., 1990. Elev. Insem. 237, 19-31

Hansen L.B., 2006. 8th WCGALP, 01-01

Moureaux S., Boichard D., Verrier E., 2000. Renc. Rech. Rum. 7, 149-152

Moureaux S., Boichard D., Verrier E., 2001. Elev. Insem., 301, 10-21

Van Doormaal B., Miglior F., Kistemaker G. et Brand P., 2005. Interbull Bulletin 33, 93-97

Verrier E., Rognon X., Laloë D., Rochambeau H. de, 2005. Ethnozootecnie 76, 67-82