

Analyse de la variabilité génétique des races porcines Large White, Landrace Français et Piétrain, sur la base de l'information généalogique

Laurence MAIGNEL (1, 2)*, T. TRIBOUT (1), D. BOICHARD (2), J.P. BIDANEL (2), R. GUÉBLEZ (1)

(1) I.T.P., Pôle Amélioration de l'Animal - BP3, 35651 Le Rheu Cedex

(2) I.N.R.A., Station de Génétique Quantitative et Appliquée - 78352 Jouy-en-Josas Cedex

Analyse de la variabilité génétique des races porcines Large White, Landrace Français et Piétrain, sur la base de l'information généalogique

Les données généalogiques des races françaises Large White (LW), Landrace Français (LF) et Piétrain (PI), rassemblées entre 1962 et 1996, ont été utilisées pour étudier l'évolution récente de la variabilité génétique de ces trois populations. La connaissance des généalogies est très bonne en LW et LR (plus de 50 % d'ancêtres de rang 10 connus), moins bonne en PI à cause d'importations plus importantes. L'intervalle de génération est resté stable dans les trois races sur la voie maternelle (21 à 24 mois), il a augmenté sur la voie paternelle, avec l'usage de l'IA, pour atteindre des valeurs similaires (20 à 25 mois).

L'étude des fondateurs a été faite selon différentes méthodes : toutes indiquent que le LW repose sur une base relativement large ($n = 113$ fondateurs efficaces) ; le PI est dans une situation assez proche ($n = 78$) malgré la petite taille de la population, grâce aux importations. Le LF repose sur la base la plus étroite ($n = 55$), ce qui s'explique par son passage à travers deux goulots d'étranglement, lors de l'éradication du gène Hal, puis de la création de la lignée hyperproliférique. Le programme hyperproliférique a conduit à une réduction importante du nombre de fondateurs efficaces, tant en LW qu'en LF, entre 1990 et 1995. Parmi les autres résultats, on peut noter que le niveau de consanguinité reste faible (2 à 3 % selon les races en 1996), quoiqu'en augmentation récente, surtout en LF où 33 % des individus ont un coefficient de consanguinité supérieur à $1/32$.

En conclusion, des limites à l'utilisation, en sélection, des verrats d'IA à forte valeur génétique doivent être fixées si l'on veut éviter une réduction de la variabilité génétique, qui pourrait sinon intervenir assez rapidement dans les populations porcines sélectionnées.

Using Pedigree data in order to study genetic variability in the French Large White, Landrace and Pietrain pig breeds

Pedigree data, collected in the French Large White (LW), Landrace (LR) and Pietrain (PI) breeds between 1962 and 1996, were used to study recent changes of the genetic variability in these 3 breeds. Pedigrees appeared to be well known in the LW and LR (more than 50 % of known ancestors of rank 10), at a lesser extent in the PI because of imports. The length of generation remained the same in the 3 breeds on the maternal path (21 to 24 months), whereas it increased with the use of Artificial Insemination (AI) on the paternal path, up to 20 to 25 months.

The number of founders was estimated by different methods. They all showed that the LW has a fairly large basis ($n = 113$ effective founders) ; the PI showed a similar situation ($n = 78$) in spite of the small population size, thanks to imports; the LR showed the smallest basis ($n = 55$), having passed through two successive bottlenecks in the last decade, first when the Hal gene was eradicated, then when the hyperprolific line was developed. The hyperprolific programme led to a clear decrease in the number of effective founders, in both LW and LR, between 1990 and 1995.

Among the other results, the rate of inbreeding remained at a low level (2 to 3 % in the 3 breeds in 1996), although it increased in the recent years, especially in the LF where 33 % of the animals had a rate of inbreeding higher than $1/32$.

As a conclusion, the use of AI boars with high genetic value in the selection tier should be put a limit in order to avoid a decrease of genetic variability ; otherwise, such a decrease might happen quickly in selected pig populations.

INTRODUCTION

Les programmes d'amélioration génétique, quelle que soit l'espèce domestique considérée, favorisent la recherche d'un progrès génétique élevé et rapide, souvent au détriment de la variabilité génétique. Dans l'espèce porcine, les progrès réalisés depuis les années 1970 sont évidents et ont considérablement changé l'apparence du porc charcutier moyen. Cependant les efforts de sélection d'une part, l'expansion de l'Insémination Artificielle (I.A.) permettant la diffusion des meilleurs verrats d'autre part, risquent de compromettre à long terme la variabilité génétique. Cette variabilité est pourtant précieuse : composante du progrès génétique, elle détermine également l'aptitude des populations à répondre à des changements dans les objectifs de sélection, comme l'inclusion de nouveaux caractères.

Il existe diverses méthodes d'évaluation de la variabilité génétique, faisant appel à l'analyse des performances, ou bien au calcul de fréquences alléliques grâce à la recherche de marqueurs moléculaires. D'autres méthodes sont basées sur l'analyse des relations d'apparentement existant entre les individus d'une population. Trois d'entre elles, différentes et complémentaires, seront présentées ici : l'analyse des probabilités d'origine de gènes (c'est-à-dire l'étude des fondateurs), la mesure de la consanguinité et celle de la parenté. Il s'agit de trois approches utilisées d'ordinaire pour l'étude de la structure des populations sauvages, mais qui ont servi récemment à démontrer l'étroitesse génétique de populations soumises à sélection (LACY, 1989), telles que les races bovines laitières françaises (BOICHARD et al., 1996, MAILGNEL et al., 1996).

La présente étude, financée par l'ITP et réalisée grâce aux moyens informatiques de la Station de Génétique Quantitative et Appliquée (INRA de Jouy-en-Josas), vise à dresser un bilan de l'évolution de la variabilité génétique des trois races porcines les plus représentées en France : Large White, Landrace Français et Piétrain, dont la gestion génétique est désormais assurée par les Livres Généalogiques Porcins Collectifs (LGPC).

1. MATÉRIELS ET MÉTHODES

1.1. Contenu des fichiers généalogiques

L'analyse a porté sur les données généalogiques des races Large White (LW), Landrace Français (LF) et Piétrain (PI) présentes dans la Base de Données Nationale Porcine et stockées au Centre de Traitement de l'Information Génétique de l'INRA. Utilisées pour l'évaluation génétique des reproducteurs, elles concernent tous les animaux des élevages de sélection des LGPC et leurs ascendants connus. Les années de naissance sont comprises entre 1962 et 1996.

Le tableau 1 présente quelques données concernant les reproducteurs mâles et femelles utilisés pour 4 années de naissance (1980, 1985, 1990 et 1995), en précisant, à partir de 1990, les verrats d'IA utilisés. Jusqu'à 1987 environ, l'IA ne représentait que 15 à 20 % des saillies dans les élevages de sélection, ce taux est passé en 1995 à 55 % environ.

Tableau 1 - Effectif des reproducteurs mâles et femelles : statistiques sur 4 années de naissance.

Race	Année	Nombre de truies ayant eu au moins une portée dans l'année	Nombre de verrats utilisés dans l'année	
			total	dont IA
Piétrain	1980	153	60	-
	1985	644	263	-
	1990	1 270	329	68
	1995	1 046	182	109
Landrace Français	1980	1 246	488	-
	1985	1 982	650	-
	1990	3 675	592	62
	1995	5 473	515	176
Large White	1980	2 724	939	-
	1985	4 836	1432	-
	1990	8 531	1484	133
	1995	10 994	977	228

1.2. Calcul des intervalles de génération

Compte tenu de la structure des fichiers, la méthode la plus simple est de calculer les intervalles de génération, dans chaque race, par année de naissance des produits (VU TIEN KHANG, 1983) afin de mettre en évidence une éventuelle évolution : la méthode consiste à calculer l'âge moyen des parents des animaux nés une année donnée, à condition que ceux-ci soient eux-mêmes utilisés comme reproducteurs.

1.3. Probabilités d'origine des gènes

L'étude des probabilités d'origine des gènes permet d'évaluer la variabilité génétique d'une population donnée à partir d'une approche probabiliste de la transmission du matériel génétique d'une génération à l'autre. Si on considère un individu quelconque dont la généalogie est connue, on sait qu'un gène autosomal de cet individu peut provenir de chacun de ses 2 parents avec une probabilité égale à 1/2, de chacun de ses 4 grands-parents avec une probabilité de 1/4, de chacun de ses 8 arrière-grands-parents avec une probabilité de 1/8, et ainsi de suite. On peut ainsi calculer pour chacun des ascendants de cet animal la probabilité de lui avoir transmis ce gène. Au sommet des chaînes d'ascendants se trouvent les fondateurs, ancêtres sans généalogie. Ils sont la source des gènes actuels et sont supposés non apparentés. En utilisant le raisonnement précédent et en sommant les probabilités de transmission des gènes, il est possible de calculer la contribution de chaque fondateur à une population de référence (par exemple la population actuelle). La somme de ces contributions vaut 1. On peut estimer, à partir de ces valeurs, un nombre de fondateurs efficaces (f_e), qui équivaut à un nombre de fondateurs qui, s'ils contribuaient tous également, produiraient la même variabilité génétique que dans la population étudiée (LACY, 1989).

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

où f_e est l'effectif de fondateurs efficaces
 f est le nombre réel de fondateurs
 p_k est la contribution du fondateur k à la population de référence

Une variante de cette méthode consiste à réaliser le même calcul, mais en prenant en compte les contributions de tous les ancêtres, qu'ils soient fondateurs ou non (BOICHARD et al., 1997). L'application de la formule ci-dessus permet alors de calculer un *nombre d'ancêtres efficaces* (f_e). Cette méthode présente l'avantage, par rapport à la précédente, de détecter les ancêtres importants en repérant les goulets d'étranglement pouvant apparaître dans les généalogies du fait, par exemple, de l'utilisation massive d'un petit nombre de reproducteurs grâce à l'insémination artificielle.

Enfin, une troisième méthode permet de tenir compte également de la dérive : on simule la transmission mendélienne des allèles au cours des générations, en supposant que les f fondateurs de la population de référence portaient $2f$ allèles non identiques en un locus quelconque (les fondateurs étant supposés non apparentés). On calcule un *nombre efficace d'allèles*, puis un *nombre de génomes de fondateurs restant dans la population*, c'est-à-dire le nombre de génomes de fondateurs (N_g) que l'on pourrait reconstituer à partir du pool de gènes toujours présents dans la population étudiée.

1.4. Consanguinité

Le coefficient de consanguinité d'un individu est égal à la probabilité pour qu'en un locus pris au hasard, les deux allèles soient identiques par descendance, c'est-à-dire proviennent de la copie d'un même allèle présent chez un ancêtre commun aux deux parents de cet individu. Le coefficient de consanguinité correspond, selon la définition de MALÉCOT (1948), au coefficient de parenté entre ses parents.

Il existe diverses méthodes de calcul de la consanguinité, telles que la *méthode des chemins*, introduite par Wright en 1921, la *méthode tabulaire*, introduite par Lush et améliorée par EMIK et TERRIL (1949), ou les *méthodes utilisant la décomposition de Cholesky de la matrice de parenté* (QUAAS, 1976 ; GOLDEN et al., 1991 ; MEUWISSEN et LUO, 1992 ; SIGURDSSON et JOMMUNDSSON, 1995). La méthode des chemins est difficilement utilisable pour l'analyse de grandes populations, cependant les deux autres méthodes s'avèrent intéressantes en terme de temps de calcul et de mémoire requise.

Les coefficients de consanguinité de tous les animaux de chaque fichier généalogique sont calculés par la méthode de MEUWISSEN & LUO (1992), qui se révèle particulièrement économique en temps de calcul et en mémoire, même pour traiter des fichiers de taille importante.

1.5. Parenté

Le coefficient de consanguinité d'un individu étant égal au

coefficient de parenté entre ses parents, le calcul de la parenté entre les reproducteurs potentiels permet de faire des prévisions sur le niveau de consanguinité à la génération suivante. Ce calcul permet en outre d'apprécier la variabilité génétique au sein de la population : plus les animaux d'une population sont apparentés entre eux, plus la variabilité est faible. Les résultats présentés ici concernent la parenté moyenne intra-race (calculée au sein de l'ensemble de la population femelle) et la parenté intra-troupeau.

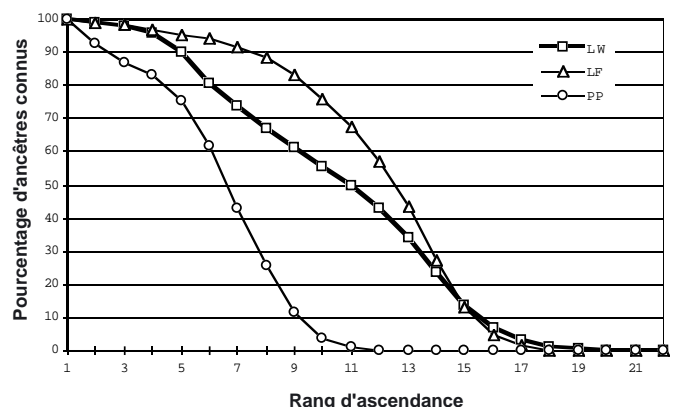
Le calcul des coefficients de parenté entre tous les animaux 2 à 2 devenant rapidement prohibitif ($n*(n-1)/2$ coefficients pour une population de n individus), les calculs sont réalisés sur des échantillons réalisés par tirage aléatoire au sein des groupes étudiés.

2. RÉSULTATS

2.1. Connaissance des généalogies

Les paramètres calculés lors d'une analyse généalogique sont très dépendants de la quantité d'information disponible, en l'occurrence du nombre de générations connues. Pour les trois races étudiées, le nombre maximal de générations remontées pour les animaux nés de parents connus en 1996 est élevé : 27 chez le Large White, 23 chez le Landrace Français et 16 chez le Piétrain. Pour mieux rendre compte de la connaissance moyenne des généalogies pour ces animaux nés en 1996, on calcule les proportions d'ancêtres connus par rang d'ascendance (figure 1). Pour les deux plus grandes races, surtout pour le Landrace Français, le nombre d'ancêtres connus est important : plus de 95 % des ascendants de rang 4 sont enregistrés dans les fichiers, ainsi que plus de 50 % des ascendants de rang 10. Dans le cas du Piétrain, les pedigres sont beaucoup moins complets, avec 83 % d'ancêtres de rang 4 mais seulement 61 % d'ancêtres de rang 6, et plus aucune information au-delà de la onzième génération. Cette relative méconnaissance dans cette race, s'explique par l'importation de reproducteurs pour lesquels l'information généalogique est souvent inconnue au-delà des parents (voir § 2.3.3., p 113).

Figure 1 - Animaux nés de parents connus en 1996.
 (Proportions d'ancêtres connus en fonction du rang d'ascendance)



La quantité d'information disponible est cependant tout à fait satisfaisante et suffisante, dans les trois races, pour permettre une étude de la variabilité génétique basée uniquement sur l'analyse généalogique.

2.2. Intervalles de génération

Le tableau 2 donne les valeurs de ces intervalles pour 4 années de naissance des produits, sur les voies père-descendant et mère-descendant.

Tableau 2 - Valeurs moyennes (en mois) de l'intervalle de génération pour 4 années de naissance des produits

Année de naissance des produits	Piétrain		Landrace Français		Large White	
	père - descendant	mère - descendant	père - descendant	mère - descendant	père - descendant	mère - descendant
1980	18	24	18	21	17	22
1985	20	17	16	21	17	20
1990	25	25	18	21	17	22
1995*	25	24	21	21	20	22

* Le calcul concerne tous les animaux nés en 1995, reproducteurs ou non.

2.3. Probabilités d'origine de gène

2.3.1. Effectifs efficaces calculés par les trois méthodes

- Population des femelles nées de parents connus en 1996

Notons que le nombre de fondateurs vrais (ancêtres sans ascendance) est particulièrement faible par rapport à l'effectif de la population de référence : il représente, pour les femelles nées en 1996, 13 % de cet effectif pour le PI et 4 % pour les deux autres races. Le calcul du nombre de fondateurs efficaces selon la méthode classique donne des chiffres encore plus faibles, correspondant à 21 % du nombre réel de fondateurs pour le PI, 16 % pour le LF et 11 % pour le LW. Cette réduction montre que les fondateurs à la base de la population de référence sont assez peu nombreux et que leurs contributions ne sont pas équilibrées. La seconde approche, qui accepte comme fondateurs des animaux ayant une généalogie, prouve que l'approche classique sur-estime le nombre efficace de fondateurs, en particulier pour

le LF. Avec cette méthode, le nombre d'ancêtres efficaces varie de 55 pour le LF à 113 pour le LW. A ce niveau, on met en évidence un phénomène singulier : la population LF, dont l'effectif de référence (pour 1996) est 6 fois plus important que celui du PI, se révèle pourtant génétiquement plus étroite que ce dernier, avec 55 fondateurs efficaces contre 78 (méthode 2). Il est vraisemblable que l'importance des importations chez le PI, ainsi que l'utilisation massive d'un petit nombre de reproducteurs chez le LF au cours de la période étudiée, soient à l'origine de cette divergence. Cependant, les apparentements entre reproducteurs importés chez le Piétrain sont sous-estimés.

Enfin, la troisième approche révèle les surestimations réalisées avec les deux méthodes précédentes, qui ne prenaient pas en compte la dérive génétique. On aboutit à des nombres de génomes équivalents de fondateurs compris entre 22 et 59 pour l'année 1996, ce qui montre l'étroitesse des populations étudiées, surtout le LF, lorsque l'on compare ces chiffres aux effectifs de référence.

Tableau 3 - Calcul de l'effectif efficace de fondateurs à partir des contributions des fondateurs vrais (1), du nombre d'ancêtres efficaces (2), et du nombre de génomes équivalents de fondateurs par simulation aléatoire (3) sur 100 répliquations.

Race	Année de naissance	Effectif de la population étudiée	Nombre d'ancêtres sans ascendance	(1) f_e	(2) f_a	(3) N_g
Piétrain	1990	2 822	635	102	59	44
	1996	5 776	735	151	78	40
Landrace Français	1990	15 017	1760	327	128	58
	1996	36 196	1389	221	55	22
Large White	1990	28 458	4 042	599	327	129
	1996	76 107	3 226	335	113	59

Calculs sur les femelles reproductrices nées en 1990 et toutes les femelles nées en 1996 de parents connus.

• *Évolution entre 1990 et 1996*

L'évolution des effectifs efficaces entre les années 1990 et 1996 permet de dégager une tendance générale quant à l'évolution de la variabilité génétique : chez le PI, par la méthode 3, le nombre équivalent de génomes de fondateurs diminue très peu, tandis que chez les 2 autres races ce nombre diminue fortement, de 54% pour le LW et 62% pour le LF. Deux comportements opposés sont révélés : le PI, grâce aux importations, semble bénéficier d'une régénération de variabilité génétique d'après les méthodes 1 et 2, tandis que les populations LW et LF subissent une réduction de plus de la moitié de leur taille effective en 6 ans, à mettre en liaison avec l'apparition de goulets d'étranglement dans les généalogies dus, sans doute, à l'expansion de l'insémination artificielle.

Tableau 4 - Contributions des ancêtres les plus influents à la population des femelles nées de parents connus en 1996.

Race	Contribution de l'ancêtre le plus important	Contribution des 5 ancêtres les plus importants	Contribution des 10 ancêtres les plus importants	Nombre d'ancêtres expliquant 50 % des gènes
Piértrain	5,6 %	17,0 %	26,3 %	31
Landrace Français	7,5 %	22,7 %	34,2 %	23
Large White	4,7 %	15,0 %	22,3 %	52

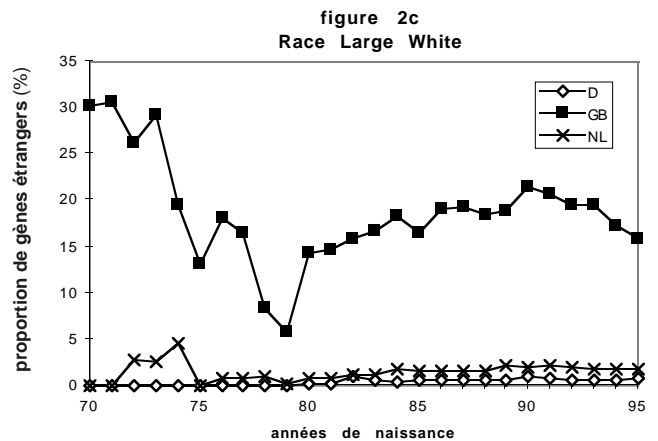
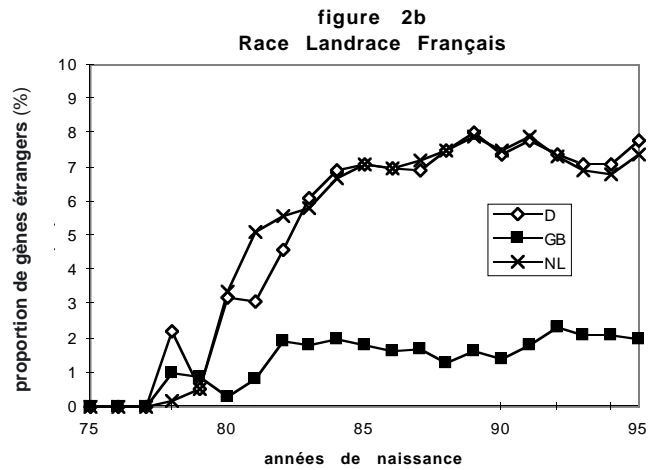
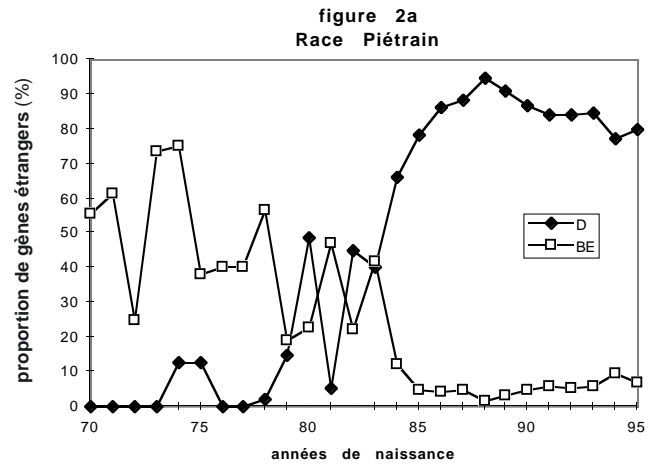
2.3.2. *Contributions des principaux ancêtres*

Le tableau 4 présente les contributions cumulées des ancêtres les plus influents (ayant une généalogie connue ou non) à la population des femelles nées de parents connus en 1996, pour les 3 races étudiées. C'est chez le LF que l'on trouve l'ancêtre le plus influent, avec 7,5 % de gènes de la population étudiée provenant, en probabilité, de ce verrat. Les 10 ancêtres les plus influents ont également un poids plus fort que dans les deux autres races, et 23 ancêtres suffisent pour expliquer 50 % des gènes de la population étudiée. Dans la race LW, les premiers ancêtres sont très influents mais les contributions des ancêtres suivants semblent plus équilibrées que pour le PI et le LF.

2.3.3. *Origines étrangères*

Le calcul des probabilités d'origine de gènes permet également de suivre, au cours du temps, l'évolution de la proportion de gènes étrangers dans une population. Pour chaque année de naissance, on peut ainsi, à partir du nombre d'animaux demi-sang, quart de sang, huitième de sang, etc..., déterminer la proportion de gènes de chaque origine dans la population. Les figures 2a, 2b et 2c représentent l'évolution de ces proportions par année de naissance.

Figure 2 - Évolution de la proportion de gènes étrangers dans une population



Chez le PI, supposé en moyenne demi-sang belge en 1969, les gènes belges sont progressivement remplacés par des gènes allemands à partir de la fin des années 1970. De plus, la décennie 80 a vu la création d'une demi-douzaine d'élevages de sélection Piértrain, peuplés à partir de l'Allemagne, et qui représentent près des 2/3 de la population actuelle : on aboutit ainsi à une part de gènes allemands de l'ordre de 80 % dans la population née en 1995, contre moins de 10 % de sang belge.

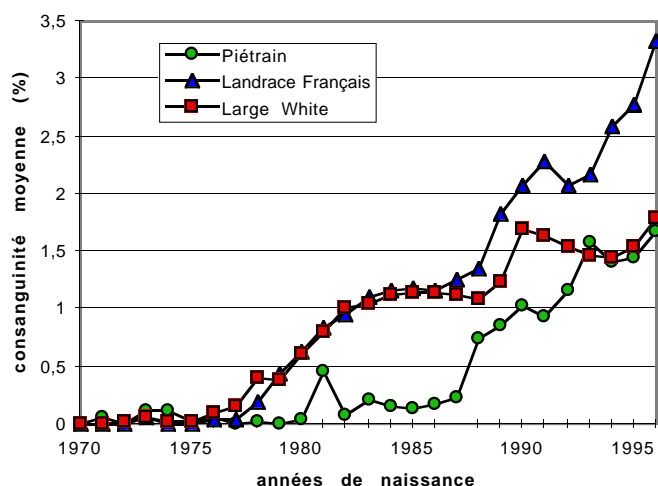
Les proportions de gènes étrangers chez le LF et le LW n'excèdent pas 20 % en 1995. Il s'agit essentiellement de gènes allemands, anglais et néerlandais.

2.4. Mesure de la consanguinité

2.4.1. Évolution de la consanguinité moyenne de 1970 à 1996

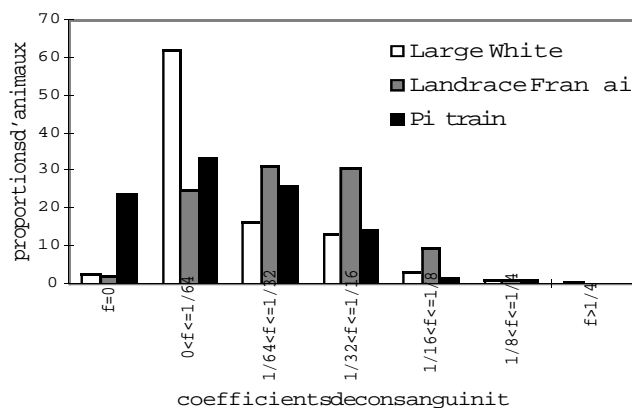
L'évolution de la consanguinité moyenne (F) entre 1970 et 1996 apparaît sur la figure 3. Le niveau moyen est assez faible sur toute la période, puisqu'il ne dépasse pas 2 % pour le PI et le LW et 3,5 % pour le LF. En outre, ce niveau est difficilement exploitable puisqu'il est tributaire du niveau de connaissance des généalogies (ce qui explique vraisemblablement le niveau de consanguinité beaucoup plus faible pour le PI). Cependant l'évolution relative du coefficient moyen de consanguinité peut donner lieu à une comparaison intra-race et entre races. La hausse de la consanguinité moyenne a débuté en 1978 pour les races LW et LF, et un peu plus tardivement pour le PI (1985 environ). Depuis, l'évolution est particulièrement régulière, notamment pour le LF, qui accuse la pente la plus forte sur les années récentes. Sur la période 1985-1995, la hausse moyenne annuelle de consanguinité vaut 0,15 points de pourcentage pour le PI, 0,16 pour le LF et 0,04 pour le LW.

Figure 3 - Évolution de la consanguinité moyenne par année de naissance



2.4.2. Répartition des coefficients de consanguinité dans la population des animaux nés en 1996.

Figure 4 - Répartition des coefficients de consanguinité pour les animaux nés en 1996



Sur la figure 4 est représentée la répartition des coefficients de consanguinité pour l'ensemble des animaux nés en 1996, pour chacune des races. Rappelons quelques valeurs classiques de coefficients de consanguinité :

- $F=1/4$: animal issu de l'accouplement de 2 pleins frères-sœurs
- $F=1/8$: animal issu de l'accouplement de 2 demi-frères-sœurs
- $F=1/16$: animal issu de l'accouplement de 2 cousins germains

On peut noter la proportion importante de coefficients faibles chez le LW (64 % des coefficients compris entre 0 et 1,6 %), qui rappelle la faible valeur de la consanguinité moyenne des consanguins déjà remarquée chez cette population. De plus, le décalage de la distribution des valeurs du LF par rapport aux 2 autres races est net : près de 33 % des coefficients de consanguinité sont supérieurs à 1/32 (soit 3,125 %), contre moins de 16 % pour les deux autres races.

2.4.3. Consanguinité proche et consanguinité éloignée

Tableau 5 - Consanguinité proche et consanguinité éloignée : statistiques sur les animaux

Race	F_2 / F_T (%)	F_3 / F_T (%)	F_4 / F_T (%)	F_5 / F_T (%)
Piétrain	7	20	41	63
Landrace Français	6	18	41	57
Large White	10	31	51	63

F_2, F_3, F_4, F_5, F_T : consanguinité moyenne mesurée sur 2, 3, 4, 5 ou toutes les générations

La consanguinité calculée précédemment peut être décomposée en consanguinité proche et en consanguinité éloignée. La consanguinité proche, due à des accouplements entre parents proches, est toujours forte, et souvent dangereuse car elle peut faire apparaître des tares récessives. La consanguinité éloignée peut également être forte, s'il existe plusieurs ancêtres communs; elle s'accumule avec les générations. Pour différencier consanguinité proche et consanguinité éloignée, il est nécessaire de calculer les coefficients de consanguinité en tronquant les pedigres : en effet, en calculant F en remontant uniquement 2 ou 3 générations, on décèle uniquement la consanguinité proche, due à des accouplements entre proches apparentés (par exemple entre père et fille ou entre frère et sœur). Le tableau 5 donne les proportions de la consanguinité globale représentées par la consanguinité mesurée sur 2, 3, 4 ou 5 générations. Les valeurs obtenues sont relativement proches pour le PI et le LF, avec une consanguinité très proche (sur 2 ou 3 générations) représentant au plus 20 % de la consanguinité globale. Au-delà de la 5ème génération, il reste encore près de 40 % de

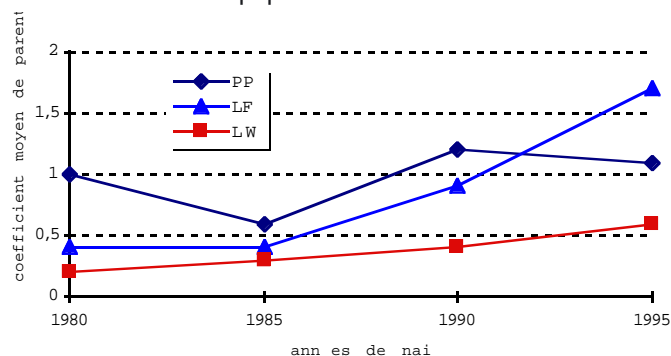
la consanguinité à expliquer, ce qui démontre que la consanguinité éloignée a une importance non négligeable. Pour le LW, la consanguinité éloignée est tout aussi importante, mais la consanguinité proche est plus élevée que dans les deux autres races (sur 4 générations on met en évidence 51 % de la consanguinité globale), ce qui constitue sans doute un témoin de l'utilisation récente et massive de verrats d'IA qui, en plus d'être peu nombreux, sont souvent apparentés. Cependant, au-delà de 5 générations, la situation des 3 races s'avère relativement similaire.

2.5. Mesure de la parenté

2.5.1. Parenté moyenne intra-race

Les calculs de la parenté après échantillonnage dans toute la population femelle permettent d'avoir une vision globale de la variabilité génétique de chacune des races. La figure 5 montre l'évolution de la parenté moyenne calculée sur l'ensemble de la population femelle, entre 1980 et 1995, sur 100 échantillons aléatoires de 100 femelles. Le coefficient moyen est inférieur à 1% pour toutes les races jusqu'en 1985, mais subit une hausse nette par la suite, particulièrement brutale pour le LF pour lequel le coefficient moyen est multiplié par 4 en 10 ans. Le LW, quant à lui, reste à un niveau peu élevé de parenté moyenne : même si la tendance est à la hausse, le coefficient moyen de parenté n'excède pas 0,6 % entre les femelles nées en 1995. La situation du PI est un peu particulière, car il s'agit d'une population plus petite; la parenté moyenne est supérieure à celle des 2 autres races jusqu'en 1990, mais elle s'avère beaucoup plus stable au cours du temps.

Figure 5 - Évolution de la parenté moyenne intra-race population femelle

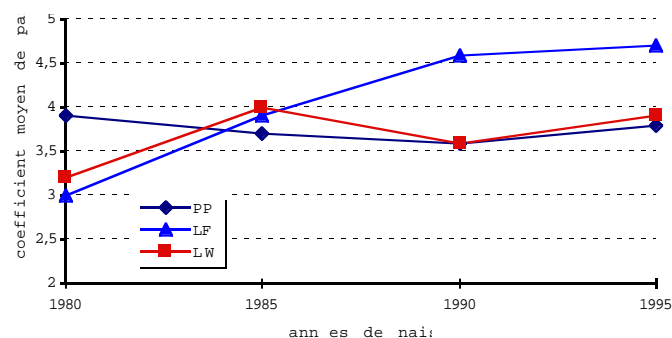


2.5.2. Parenté moyenne intra-troupeau

Pour avoir une vision non plus nationale, mais limitée aux sous-populations que sont les élevages, les coefficients moyens de parenté ont été calculés au sein de la population femelle de chaque troupeau. Pour cela, tous les élevages sont considérés, et l'échantillonnage aléatoire est réalisé à l'intérieur de chacun d'eux. La figure 6 donne les résultats obtenus par race et par année de naissance, la taille des échantillons variant selon la taille moyenne des élevages (donc selon la race considérée). Les valeurs moyennes obtenues sont supérieures aux moyennes intra-race, ce qui est logique, compte tenu que deux animaux issus d'un même

élevage ont plus de chances d'être apparentés que deux animaux provenant d'élevages différents. En outre, la parenté moyenne intra-troupeau se révèle beaucoup plus stable au cours du temps, excepté pour le LF qui accuse une fois encore la plus forte hausse, particulièrement entre 1980 et 1990. Il semble, pour les 3 races, qu'un plateau soit atteint depuis 1990, avec moins de 4 % de parenté moyenne intra-troupeau pour le PI et le LW, et 4,7 % pour le LF.

Figure 6 - Évolution de la parenté moyenne intra-troupeau population femelle



3. DISCUSSION ET CONCLUSION

Les diverses approches utilisées dans cette étude ont fourni des résultats qui se recoupent en plusieurs points. Ainsi, la réduction de variabilité génétique la plus forte apparaît chez le Landrace Français, qui semble être génétiquement plus étroite que la population Piétrain. Cependant, il faut relativiser ce résultat en rappelant que les généalogies sont en moyenne deux fois moins complètes chez le Piétrain que chez le Landrace, notamment à cause du manque d'informations sur les reproducteurs en provenance d'Allemagne, qui contribuent de façon prépondérante à la population actuelle. À quantité d'information équivalente, Large White et Landrace Français montrent une évolution de variabilité génétique différente, liée sans aucun doute à l'histoire récente de ces races : en effet, le Landrace Français a connu dans les années 1980 un premier goulot d'étranglement, avec l'éradication du gène de sensibilité à l'halothane qui a conduit à l'utilisation massive d'un petit nombre de reproducteurs supposés non porteurs du gène. D'autre part, Large White et Landrace Français subissent depuis le début des années 1990 de nouveaux goulots d'étranglement avec l'utilisation grandissante de l'insémination artificielle, en particulier pour la diffusion à grande échelle des verrats hyperprolifériques. Cette notion de goulot peut être illustrée en race Large White par la carrière du verrat IGNACE, né en 1993, et actuellement toujours actif. En raison de son index reproduction très élevé, ce verrat reste fortement utilisé, même après trois ans de carrière, et en mars 1997, le nombre de ses fils et petits-fils en activité en CIA s'élevait à 49, soit 22 % du parc des verrats d'IA Large White. Ignace est à l'origine de 4,7 % des gènes de l'ensemble des truies nées en 1996, et de 8 % des gènes des verrats d'IA actifs en mars 1997, ce qui en fait l'ancêtre le plus influent de la race.

Cette utilisation intensive de quelques verrats et de leurs descendants conduit à s'interroger sur l'intérêt de la mise en

place de règles visant à limiter le nombre de fils d'un même père entrant en CIA, ou à limiter la durée de la carrière d'un verrat d'IA dans les élevages de sélection. De telles mesures, déjà en place dans certains pays ou en sélection avicole, permettraient de préserver la variabilité génétique des populations sélectionnées, condition essentielle du progrès génétique à long terme.

La réduction de variabilité génétique observée dans les populations porcines étudiées ici est nette, mais doit être relativisée. Elle paraît en effet minime si on la compare à celle observée chez les bovins laitiers : par exemple, en race Prim'Holstein, on compte seulement 43 ancêtres efficaces pour une population de référence de plus de 2,3 millions de vaches nées entre 1988 et 1991. L'expansion plus ancienne de l'insémination artificielle et le potentiel de diffusion colossal des reproducteurs mâles sont à l'origine, chez les bovins laitiers, de goulots d'étranglement beaucoup plus importants que dans l'espèce porcine.

Cependant, il est nécessaire de souligner certains phénomènes récents, tels que l'augmentation de la parenté moyenne intra-race ou intra-troupeau, qui pourraient contribuer à une accélération de la diminution de variabilité génétique,

Plus généralement, l'étude des contributions des principaux ancêtres dans les populations des verrats d'IA LW et LF montre une réduction de la variabilité génétique au cours du temps. Ainsi, la contribution des 10 ancêtres les plus importants passe de 16 à 29% des gènes des verrats d'IA LW actifs au 01.01.92 et au 01.03.97 (de 32 à 42 % en LF). Cependant, on n'observe pas d'augmentation de la consanguinité dans les populations de verrats d'IA au cours du temps, ce qui tend à montrer l'attention des éleveurs sélectionneurs à éviter les accouplements entre individus apparentés.

En réalité, quand les fils de certains verrats considérés comme particulièrement améliorateurs (par exemple IGNACE) sont eux-mêmes placés en CIA, cela conduit à l'utilisation simultanée de plusieurs pleins frères ou demi-frères. A court terme, cette stratégie favorise sans doute un progrès important, mais elle engendre aussi un apparentement important entre les animaux de la génération suivante, d'où un risque de consanguinité accrue après seulement deux générations. L'intervalle de génération court de l'espèce porcine, qui permet de réaliser des progrès génétiques rapides, peut causer également la perte rapide de variabilité génétique dans certaines conditions de sélection.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BOICHARD D., MAIGNEL L., VERRIER E., 1997. *Genet. Sel. Evol.*, **29**, 5-23.
- BOICHARD D., MAIGNEL L., VERRIER E., 1996. *INRA Prod. Anim.*, **9**, 323-335
- EMIK L.O., TERRILL C.E., 1949. *J. Heredity*, **40**, 51-55.
- GOLDEN B.L., BRINKS J.S., BOURDON R.M., 1991. *J. Anim. Sci.*, **69**, 3564-3573.
- LACY R.C., 1989. *Zoo. Biol.*, **8**, 111-123.
- MAIGNEL L., BOICHARD D., VERRIER E., 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. Interbull meeting, June 23-24 1996, Veldhoven, NL, 5p.
- MALÉCOT G., 1948. *Les Mathématiques de l'hérédité*. Masson éd., Paris
- MEUWISSEN T.H.E., LUO Z., 1992. *Génét. Sél. Evol.*, **24**, 305-313.
- QUAAS R.L., 1976. *Biometrics*, **32**, 949-953
- SIGURDSSON A., JOMMUNDSSON J.V., 1995. *Acta Agric. Scand. Section A, Animal Science*, **45**, 11-16.
- VU TIEN KHANG J., 1983. *Génét. Sél. Evol.*, **15** (2), 263-298.