

Evolution de la diversité génétique des populations françaises de bovins allaitants spécialisés de 1979 à 2008

A. BOUQUET^{1,2}, G. RENAND¹, F. PHOCAS¹

¹ INRA, UMR1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative, F-78352 Jouy-en-Josas, France

² AgroParisTech, 16 rue Claude Bernard, F-75231 Paris, France

Courriel : alban.bouquet@jouy.inra.fr

En France, la préservation de la variabilité génétique des populations d'animaux d'élevage est une des priorités de la nouvelle loi d'orientation agricole votée en décembre 2006. Cette variabilité peut être estimée à partir des généalogies enregistrées pour réaliser les évaluations génétiques des reproducteurs. Un bilan de la situation dans les trois principales races allaitantes spécialisées est dressé à partir d'analyses de pedigrees.

Depuis le début des années 80, les populations bovines allaitantes françaises ont connu de fortes évolutions, concernant tant leur démographie que l'organisation de leurs schémas de sélection, qui sont susceptibles d'avoir influencé leur niveau de diversité génétique. Initialement, les différentes structures impliquées dans le dispositif d'amélioration génétique ont été définies par la Loi sur l'Élevage votée en 1966. Cette loi avait pour but de faire progresser le niveau sanitaire et génétique des élevages français afin de rester compétitif face aux autres grands pays d'élevage. Si la collecte et le traitement des informations ont été organisés à l'échelle nationale et multiraciale, une structuration raciale forte s'est mise en place autour des herd-books et des Unions de Promotion de la Race (UPRA) (CSAGAD 2006). Les herd-books, qui rassemblaient les éleveurs sélectionneurs, avaient pour rôle la tenue des livres généalogiques. Les UPRA, qui fédéraient herd-books, unités de sélection et groupements d'éleveurs, avaient pour but de promouvoir leur race auprès des éleveurs et des consommateurs, de définir les objectifs de sélection et les critères à contrôler, de coordonner les différents acteurs pour la création et la diffusion du progrès génétique et d'apporter des conseils techniques aux éleveurs adhérents pour l'amélioration génétique de leur troupeau (Bougler 1992).

Des schémas collectifs de sélection des taureaux d'Insémination Animale (IA) ont été mis en place dans les

années 60-70 pour proposer aux éleveurs une offre de taureaux génétiquement supérieurs. La procréation et la diffusion des taureaux d'IA étaient assurées respectivement par les unités de sélection et les Centres de Production de Semence (CPS). Initialement ces taureaux étaient principalement destinés au croisement terminal sur races laitières, mixtes et rustiques. Le principal objectif de ces schémas concernait alors les Aptitudes Bouchères (AB), c'est-à-dire l'augmentation de la quantité et de la qualité de viande commercialisable de la carcasse à moindres coûts de production (Ménissier et Bouix 1992). Face à la diminution du nombre d'inséminations de croisement dans les années 70 et 80, ces programmes de sélection ont évolué vers une offre de reproducteurs destinés à une production en race pure. Dans ce contexte, les objectifs de sélection ont dû intégrer à la fois les Qualités Maternelles (QM) des vaches allaitantes, pour améliorer la production de veaux sevrés par le naisseur, et les AB pour améliorer le revenu des engraisseurs. Pour être diffusés par IA, les taureaux issus de ces schémas collectifs et testés favorablement sur les AB et les QM de leurs descendants devaient recevoir un agrément délivré par le Ministère de l'Agriculture. Cet agrément n'était attribué qu'aux taureaux présentant des niveaux minimaux d'index et de précision d'index et sous couvert de garanties sanitaires de la semence. Jusqu'en 2006, deux agréments principaux distinguaient les taureaux utilisés en race pure pour assurer le

renouvellement du troupeau (agrément QM) ou pour produire des veaux à engraisser (agrément AB). Un agrément existait également pour les taureaux à muscularité précoce, utilisés essentiellement en croisement sur vaches laitières, pour la production de veaux de boucherie (agrément VB). Afin d'assurer une pérennité aux unités de sélection et aux CPS et de proposer un service universel à tous les éleveurs français, une zone d'exclusivité territoriale pour la mise en place des semences avait été définie pour chaque CPS dans la loi de 1966.

Il faut noter qu'à côté de ces taureaux agréés à l'IA existaient des taureaux autorisés à l'IA, détenus par des propriétaires privés. Ces taureaux provenaient généralement de lignées familiales prestigieuses issues de sélectionneurs de taureaux de Monte Naturelle (MN) et reconnues pour leurs performances de croissance et de morphologie. Ces taureaux n'étaient pas testés sur descendance dans le cadre d'un schéma collectif et recevaient une autorisation pour la diffusion d'un nombre limité de doses de leur semence.

Bien que l'ancien dispositif d'amélioration génétique ait porté ses fruits en terme de progrès génétique réalisé dans les populations bovines allaitantes, notamment sur les caractères de croissance et de morphologie (Boulesteix *et al* 2008), celui-ci a été réformé par la Loi d'Orientation Agricole (LOA) votée en décembre

2006. Dans le nouveau dispositif, la plupart des structures ont été conservées pour maintenir un service d'intérêt général pour l'enregistrement des identifiants et des performances, la réalisation des évaluations génétiques et la diffusion du progrès génétique. Les organismes de sélection, agréés par le Ministère de l'Agriculture pour une durée de six ans, reprennent en charge les anciennes missions des UPRA et herd-books tout en veillant au maintien de la variabilité génétique de la population sélectionnée. Tous les acteurs de la sélection sont dorénavant représentés au sein d'une interprofession appelée «France Génétique Elevage» (FGE). Les principaux objectifs de la LOA sont d'assurer une plus grande autonomie financière et décisionnelle du dispositif d'amélioration génétique vis-à-vis de l'Etat et de se conformer à la législation européenne, notamment en libéralisant le marché des semences animales et en supprimant les zones d'exclusivité territoriale des CPS, au nom du principe de libre concurrence. Cette libéralisation du marché de la sélection animale réclamée par la législation européenne a nécessité l'abolition des agréments et des normes de diffusion des semences de taureaux d'IA. Aujourd'hui, tout taureau possédant un index de valeur génétique prédit avec «une méthode d'évaluation sans biais» peut être utilisé par IA sous couvert de certaines garanties sanitaires de la semence.

L'évaluation génétique des reproducteurs, en ferme et en station, reste un outil essentiel contribuant à l'efficacité des schémas de sélection bovins allaitants parce qu'elle permet de rationaliser le choix des meilleurs reproducteurs pour la MN ou l'IA. Exploitant les relations de parenté entre animaux et les performances enregistrées en ferme ou en stations, elle a permis de mettre en valeur certaines familles présentant des qualités pour l'amélioration des AB et des QM. Toutefois, si le choix des reproducteurs sur index s'effectue dans une base de sélection trop restreinte, il peut conduire à un appauvrissement de la variabilité génétique de l'ensemble de la population. Cet appauvrissement réduit les marges de progrès génétique dans les générations futures et implique, à l'extrême, une diminution des performances zootechniques de production et de reproduction des animaux, phénomène appelé dépression de consanguinité.

Conscients de ces enjeux, les autorités de la FAO ont lancé un programme de surveillance des différentes popula-

tions animales recensées dans le monde, dont les résultats sont disponibles en ligne dans la base de données DAD-IS (*Domestic Animal Diversity Information System*, <http://dad.fao.org/>). De la même façon, la gestion et la préservation des ressources génétiques animales en France font partie intégrante des priorités de la nouvelle LOA.

Cet article présente un état des lieux de la structure génétique des populations au contrôle de performances des trois principales populations bovines allaitantes françaises. L'objectif est d'évaluer à l'aide d'analyses de pedigrees la variabilité génétique encore disponible dans ces populations après 40 années de sélection organisée collectivement et nationalement grâce à l'ancienne loi sur l'Elevage. L'identification de pratiques de sélection affectant la variabilité génétique permettra de détecter des voies d'amélioration pour la préservation des ressources génétiques de ces populations.

1 / Démographie et sélection des trois principales races allaitantes spécialisées en France

L'étude repose sur l'analyse des généalogies des animaux des élevages inscrits au protocole VA4 du contrôle de performances. Ce protocole est le plus complet qui soit proposé par l'organisme de contrôle de performances. Il inclut la certification des généalogies des animaux et l'enregistrement en

ferme, par un technicien habilité, des performances de croissance et de morphologie des veaux entre la naissance et le sevrage. Les données sont extraites de la base de données servant aux évaluations génétiques nationales. Elles concernent les veaux de race pure nés entre les campagnes 1979 (du 1^{er} août 1978 au 31 juillet 1979) et 2008 dans un cheptel comportant au moins 5 veaux contrôlés au sevrage par campagne.

1 / Dynamique d'expansion des races allaitantes spécialisées depuis 1979

Au cours des trente dernières années, le nombre de vaches allaitantes a fortement augmenté en France. Au début des années 80, le cheptel allaitant s'élevait à près de 3 millions de vaches nourrices et les trois principales races bovines allaitantes spécialisées pour la production de viande : la Blonde d'Aquitaine, la Charolaise et la Limousine représentaient 60% de ce cheptel (Jarrige et Auriol 1992). En 2007, le nombre de vaches allaitantes a dépassé les 4 millions de têtes, dont 77% étaient de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise ou Limousine avec 499 000, 1 673 000 et 983 000 vaches, respectivement (FGE 2009). Toutefois, il faut signaler que seulement 12, 13 et 14% des vaches de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine furent contrôlées en 2007 selon le protocole VA4 du contrôle de performances (Guerrier 2007). Le nombre de vaches contrôlées et le nombre d'élevages inscrits au VA4 ont évolué de façon similaire dans les trois races étudiées (figure 1). Avant 1983, la loca-

Figure 1. Evolution du nombre de vaches contrôlées (trait continu) et du nombre de troupeaux (pointillés) réalisant un contrôle de performances au sevrage (VA4) entre 1979 et 2008 pour les races Blonde d'Aquitaine (●), Charolaise (■) et Limousine (▲).

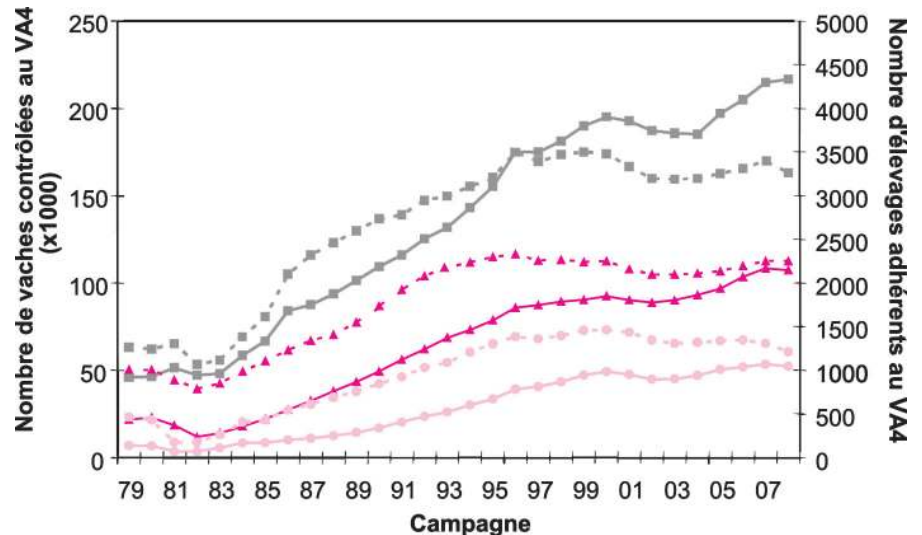
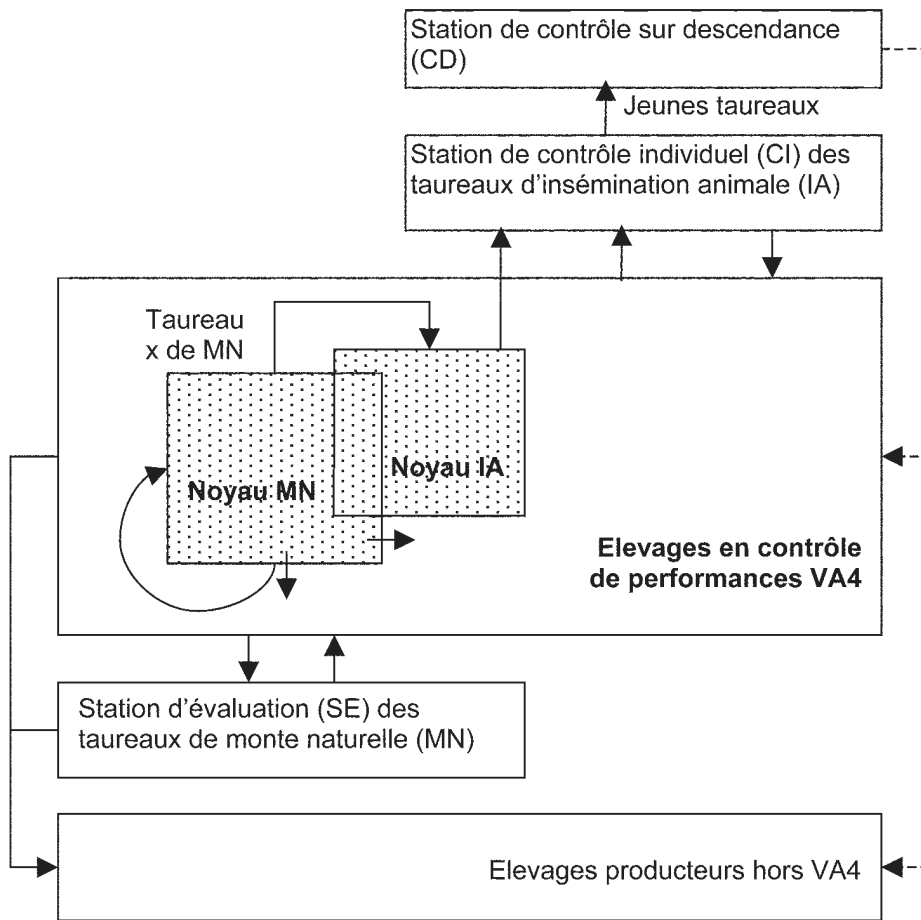


Figure 2. Organisation de la sélection en France et principaux flux de taureaux de monte naturelle (flèche continue) et d'IA (flèche pointillée) au sein d'une population bovine allaitante spécialisée.



lisation géographique de ces trois populations allaitantes était limitée à leur berceau d'origine. L'instauration des quotas laitiers en 1983 a favorisé leur développement et leur extension hors de leur berceau de race. Cette croissance soutenue a été principalement due à la reconversion de systèmes de production laitiers en systèmes allaitants dans les régions du Centre (Auvergne, Berry), du Nord-Est (Lorraine, Ardennes, Picardie) et de l'Ouest de la France (Bretagne, Normandie, Perche et Poitou). Depuis une dizaine d'années, le nombre de troupeaux allaitants adhérents au protocole VA4 est stable ou a légèrement décliné mais le nombre de vaches contrôlées s'est maintenu en raison de l'accroissement de la taille des élevages.

1.2 / Structuration des populations entre élevages de sélection et de production

L'organisation générale de la sélection est similaire dans les trois races et est illustrée par le diagramme de la figure 2. Les élevages adhérents au VA4 ont des animaux aux généalogies et performances bien connues. Ils cons-

tituent donc la base de sélection pour fournir en reproducteurs l'ensemble des élevages de la population mais aussi les schémas collectifs d'amélioration génétique. Bien que la population contrôlée ne représente en moyenne que 13% de la population totale, la diffusion des élevages de la base de sélection dans l'ensemble de la population est relativement importante par la vente de taureaux de MN ou la sélection des mâles évalués dans le cadre des programmes de sélection des taureaux d'IA. En effet, sur les campagnes 2007-2008, 55% des veaux nés dans l'ensemble des populations bovines allaitantes étaient issus d'un taureau né dans la base de sélection, 27% étaient de pères inconnus et 18% étaient de pères nés hors base de sélection (Havy *et al* 2009).

Les élevages de la base de sélection sont eux-mêmes structurés entre élevages de sélection et élevages de production. Le but premier des élevages de sélection est de fournir les reproducteurs de monte naturelle (MN) et d'IA pour assurer le renouvellement de la base de sélection, c'est-à-dire la popula-

tion de vaches au VA4. Dans les trois races, les objectifs de sélection de ces élevages sont orientés vers la croissance, la morphologie et les qualités d'élevage des animaux. Sachant que la monte naturelle reste le mode de reproduction prépondérant dans les populations bovines allaitantes (UNCEIA 2009), ces élevages de sélection sont plus ou moins spécialisés dans la vente de taureaux de MN et/ou de taureaux destinés à l'IA. Les éleveurs sélectionneurs qui se sont spécialisés dans la vente de taureaux de MN constituent le noyau de sélection pour l'approvisionnement de la base de sélection en taureaux de monte naturelle (dit «Noyau MN»). Pour classer un élevage dans le noyau MN, celui-ci doit avoir vendu aux autres élevages de la base de sélection un minimum de 18 mâles en race Blonde d'Aquitaine, 25 en race Charolaise et 20 en race Limousine. Les mâles reproducteurs issus de ces élevages sont vendus soit directement après le sevrage, soit après une étape de contrôle de leurs performances individuelles de croissance et de morphologie en Station d'Évaluation (SE). Les éleveurs du «Noyau IA» sont ceux qui alimentent le programme de sélection des taureaux d'IA pour l'obtention des agréments AB et QM. Pour chacune des trois races, ce programme comporte trois étapes successives de sélection : 1/ la sélection en ferme des veaux répondant au mieux aux objectifs de sélection des schémas selon leur ascendance et leurs index calculés sur leurs performances au sevrage, 2/ l'évaluation des performances individuelles de croissance, de morphologie et d'efficacité alimentaire de ces mâles dans les stations de Contrôle Individuel (CI), puis 3/ le testage sur descendance des meilleurs taureaux choisis sur index CI pour évaluer les aptitudes bouchères et maternelles de leurs produits dans les stations de Contrôle sur Descendance (CD). Pour être classé dans le «Noyau IA», un élevage doit avoir fourni au moins 5 mâles en station CI depuis 1980. Un tel élevage peut également fournir des taureaux de MN à la base de sélection et donc appartenir au Noyau MN. Dans les races Blonde d'Aquitaine et Charolaise, les deux noyaux sont relativement dissociés puisque respectivement 47 et 35% des élevages du noyau IA n'appartiennent pas au noyau MN. Par contre, en race Limousine, 92% des élevages du noyau IA appartiennent au noyau MN parce que les mâles recrutés pour le schéma d'IA sont tous issus d'une station (SE) mise en place pour l'évaluation des taureaux de MN. Les

Tableau 1. Effectifs d'élevages et de veaux contrôlés entre 1979 et 2008 dans les bases de sélection Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine et chacune de leurs sous-populations de producteurs et de sélectionneurs de taureaux de monte naturelle (noyau MN) et d'insémination animale (noyau IA).

	Blonde d'Aquitaine	Charolaise	Limousine
Nombre d'élevages adhérents au VA4	3 487	8 498	5 602
Nombre de veaux contrôlés au VA4	627 067	3 133 158	1 851 023
Nombre d'élevages producteurs au VA4	3 307	7 643	5 235
Nombre de veaux dans les élevages producteurs	531 035	2 241 248	1 449 364
Nombre d'élevages sélectionneurs du noyau MN	142	762	362
Nombre de veaux dans le noyau MN	81 603	822 230	397 333
Nombre d'élevages sélectionneurs du noyau IA	62	248	66
Nombre de veaux dans le noyau IA	38 164	279 627	95 433

élevages qui contribuent à alimenter le schéma d'IA fournissent donc régulièrement des mâles à la station raciale, dont la plupart sont ensuite utilisés pour la monte naturelle.

Les autres élevages de production de la base de sélection recherchent avant tout un appui technique auprès du contrôle de performances et sont peu impliqués dans la sélection de reproducteurs destinés au renouvellement de la base de sélection. Ils peuvent toutefois vendre occasionnellement des reproducteurs aux producteurs de viande non adhérents au VA4. Ces élevages fournissent d'ailleurs une grande partie des mâles entrant en stations d'évaluation (SE) des taureaux destinés à la production de viande. Les taureaux évalués dans ces stations sont ensuite utilisés dans ces élevages producteurs ou sont vendus à des élevages hors base de sélection. Leurs objectifs de sélection sont essentiellement tournés vers la croissance et la conformation bouchère des animaux pour produire des brouards ou des animaux à engraisser.

Le tableau 1 présente les effectifs d'élevages de production et de sélection recensés pour chaque race entre 1979 et 2008 ainsi que les nombres d'animaux contrôlés correspondants sur cette même période. Les élevages dédiés à la production sont largement majoritaires, alors que les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA représentent selon les races respectivement de 4 à 9% et de 1 à 3% de l'ensemble des élevages de la base de sélection.

1.3 / Sélection des taureaux de MN et d'IA

L'achat des taureaux de MN génère des flux importants entre élevages de la base de sélection et entre régions. Chaque année, environ un tiers de la population de taureaux de MN est renouvelé, ce qui représente la sélection d'environ 750, 3000 et 1600 mâles de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine respectivement. Les élevages des noyaux MN assurent la production d'environ 70% des taureaux utilisés pour la monte naturelle dans les élevages producteurs des bases de sélection Charolaise et Limousine. La diffusion des élevages du noyau MN est plus faible (51%) dans la base de sélection Blonde d'Aquitaine. Dans les

élevages des noyaux MN et IA, l'approvisionnement en taureaux de MN est réalisé préférentiellement auprès d'autres sélectionneurs du noyau MN, à hauteur de 75% en race Blonde d'Aquitaine et de 85% en races Charolaise et Limousine. La gestion des ressources génétiques des élevages du noyau MN est donc importante pour le maintien de la variabilité génétique de l'ensemble de la base de sélection.

Dans les trois races, l'approvisionnement des stations de CI en taureaux destinés à l'IA est relativement ouvert sur l'ensemble des élevages de la base de sélection. En effet, sur les cinq dernières années, si 44, 55 et 55% des mâles de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine provenaient d'élevages du noyau IA, plus de 35% provenaient d'élevages adhérents au VA4 mais non sélectionneurs spécialisés.

Le tableau 2 présente le nombre de mâles entrés en station de CI en 1987, 1997 et 2007 et décrit leur origine paternelle. Le nombre de mâles recrutés pour les stations de CI dans le cadre des programmes de sélection d'IA est resté stable au cours des 10 dernières années pour les races Blonde d'Aquitaine et Limousine et a sensiblement diminué en race Charolaise. Les origines des mâles recrutés pour ces programmes sont différentes entre races et ont fortement évolué au cours des trois dernières décennies. Le recrutement des mâles de races Charolaise et Limousine, principalement réalisé parmi des lignées de MN dans les années 80, s'est élargi dans les années 90 et 2000 aux lignées paternelles agréées à l'IA ou autorisées à l'IA. Au

Tableau 2. Nombre de mâles entrés en station de Contrôle Individuel pour les séries nées en 1987, 1997 et 2007 et caractéristiques concernant leurs origines paternelles.

Race	Année	Nombre de mâles entrés en CI	Nombre de pères ayant produit x% des taureaux entrés en station CI		Proportion des différentes origines paternelles		
			x=50%	x=100%	Monte Naturelle %	IA Autorisée %	IA Agréée %
Blonde d'Aquitaine	1987	39	3	19	10	0	90
	1997	38	2	19	39	0	61
	2007	36	7	24	42	39	19
Charolaise	1987	137	22	90	51	2	47
	1997	168	3	73	21	17	62
	2007	126	10	48	7	26	67
Limousine	1987	41	17	37	73	7	20
	1997	42	10	31	48	17	35
	2007	42	6	27	26	12	62

contraire, le schéma de sélection de race Blonde d'Aquitaine, qui s'appuyait essentiellement sur des souches agrées à l'IA dans les années 80 et 90, a élargi le recrutement aux lignées de MN ou autorisées à l'IA depuis la fin des années 90. Un nombre important de pères différents est utilisé pour procréer la nouvelle génération de mâles entrés en station de CI contrairement à ce qui se fait en races bovines laitières (Moureaux *et al* 2000). Toutefois, chaque année, quelques pères agrées à l'IA sont utilisés de façon plus intensive pour procréer plus de la moitié des mâles recrutés dans une série. Cette stratégie a été utilisée dès les années 80 en race Blonde d'Aquitaine et est apparue plus tardivement en races Charolaise et Limousine. Elle correspond à une volonté de cumuler le progrès génétique réalisé dans les schémas de sélection par la procréation de mâles issus d'accouplements raisonnés entre lignées d'IA dont les qualités sont bien connues.

À l'issue de l'évaluation en station de CI, 10, 19 et 12 taureaux respectivement de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine sont testés chaque année sur descendance en stations de contrôle sur descendance. En race Charolaise, le testage sur descendance en station est progressivement remplacé par un protocole de testage en ferme qui sera totalement opérationnel à partir de 2010-2011.

1.4 / Utilisation de la monte naturelle et de l'insémination animale

L'utilisation relative de la MN et de l'IA influence fortement la structure génétique des populations car elle influence le ratio entre reproducteurs mâles et femelles. Le tableau 3 présente le taux de veaux nés d'IA en 1979, 1993 et 2008 dans l'ensemble des élevages de la base de sélection, les élevages de production et les élevages des noyaux MN et IA des trois races étudiées. Ce taux englobe les inséminations réalisées avec les taureaux agrées et les taureaux autorisés à l'IA.

Dans les bases de sélection Charolaise et Limousine, le taux de veaux nés d'IA était historiquement très faible (< 10% en 1979). En effet, dans les années 70, ces élevages étaient relativement réfractaires à l'utilisation de taureaux d'IA en raison de contraintes techniques (détection des chaleurs et contention des animaux), d'objectifs de sélection privilégiant trop les aptitudes bouchères au détriment des qualités maternelles des femelles mais également en raison de l'influence des élevages sélectionneurs de taureaux de MN sur le marché de la sélection animale (Vissac 2002). Le taux de veaux nés d'IA en base de sélection a augmenté progressivement à partir des années 80 pour atteindre respectivement 34 et 22% en 2008. À titre de comparaison, en 1981, 10 et 29% des vaches de l'ensemble des populations Charolaise et Limousine ont été inséminées en race pure (UNCEIA 1982) contre respectivement 15 et 11% en 2008 (UNCEIA 2009). Jusque dans les années 90, le taux de veaux nés d'IA dans les élevages des noyaux IA de races Charolaise et Limousine était plus élevé que celui de l'ensemble de la base de sélection. En 2008, ce taux est proche de celui de l'ensemble de la base de sélection (tableau 3).

Dans les années 70, l'utilisation de l'IA était largement répandue (> 70%) en race Blonde d'Aquitaine en raison de la taille plus réduite des élevages (Vissac 2002). Toutefois, le taux de veaux nés d'IA a fortement diminué entre 1979 et 2008 dans l'ensemble de la base de sélection comme dans les élevages des noyaux de sélection MN et IA. En 2008, ce taux est hétérogène entre producteurs (39%) et sélectionneurs des noyaux MN (26%) et IA (48%). En race Blonde d'Aquitaine, l'évolution de l'utilisation de l'IA dans la base de sélection est représentative de celle observée dans l'ensemble de la population. En effet, en 1981, 72% de l'ensemble des vaches françaises de race Blonde d'Aquitaine ont été inséminées en race pure (UNCEIA 1982) contre 17% en 2008 (UNCEIA 2009).

Le niveau d'utilisation de l'IA est également très contrasté entre élevages d'une même race. En effet, respectivement 18, 20 et 23% des élevages des bases de sélection Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine n'avaient pas de veaux nés d'IA en 2008. Cette fraction d'élevages diminue depuis 1979 mais reste non négligeable. De même, en 2008, la proportion d'élevages avec plus de 70% de veaux nés d'IA est non négligeable en races Charolaise (25%) et Blonde d'Aquitaine (30%) mais reste faible en race Limousine (10%). L'utilisation de taureaux autorisés à l'IA s'est développée principalement à la fin des années 90. Elle est faible dans les élevages producteurs et est plus courante dans les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA. En 2008, le taux de veaux de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine nés de taureaux autorisés à l'IA était respectivement de 5, 2 et 4% dans les élevages producteurs et de 10, 6 et 6% dans les élevages sélectionneurs.

1.5 / Intervalles de génération

L'intervalle de génération se définit comme l'âge moyen des parents à la naissance de leurs descendants. Il dépend de l'âge de mise à la reproduction et de la durée moyenne d'utilisation des reproducteurs. L'intervalle de génération moyen d'une population correspond à la moyenne des intervalles obtenus sur chaque voie de transmission des gènes : père-fils, mère-fils, père-fille et mère-fille. Le tableau 4 présente les intervalles de générations sur chaque voie de transmission pour les animaux reproducteurs utilisés dans les élevages de la base de sélection et nés en 1980, 1990 et 2000. Entre 1980 et 2000, l'intervalle de génération moyen a augmenté dans les populations de races Charolaise et Limousine. Cette tendance est liée principalement à l'augmentation de l'intervalle père-descendants due à l'allongement de la carrière des taureaux de MN entre les années 80 et 90 et surtout au développement de l'utilisation de l'IA depuis les

Tableau 3. Evolution du taux (%) de veaux nés d'IA dans l'ensemble de la base de sélection, dans les élevages de production et les élevages sélectionneurs des noyaux Monte Naturelle (MN) et Insémination Animale (IA).

Population	Blonde d'Aquitaine			Charolaise			Limousine		
	1979	1993	2008	1979	1993	2008	1979	1993	2008
Base de sélection	63	39	37	7	18	34	7	15	22
Elevages de production	66	42	39	7	20	38	8	14	25
Noyau MN	43	24	26	7	12	14	2	18	15
Noyau IA	87	64	48	15	32	38	6	29	20

Tableau 4. Evolution de l'intervalle de génération sur chaque voie de transmission des gènes dans l'ensemble des élevages au VA4 des trois races étudiées.

Race	Année de naissance	Père-Fils	Mère-Fils	Père-Fille	Mère-Fille	Intervalle moyen
Blonde d'Aquitaine	1980	6,4	6,1	6,9	6,0	6,4
	1990	6,1	6,6	6,1	6,3	6,3
	2000	6,1	6,3	6,5	5,9	6,2
Charolaise	1980	4,7	5,9	4,5	5,7	5,2
	1990	5,2	6,1	5,2	5,7	5,6
	2000	5,5	5,9	5,9	5,6	5,7
Limousine	1980	4,3	6,6	4,3	6,7	5,5
	1990	5,0	6,8	4,9	6,4	5,8
	2000	6,2	6,3	6,2	6,0	6,2

années 80. En effet, l'âge moyen des taureaux d'IA à la naissance de leurs descendants est plus élevé que celui des taureaux de MN en raison de leur période de testage comprise entre 4 et 5 ans. Au contraire, l'intervalle de génération moyen a légèrement diminué en race Blonde d'Aquitaine en raison de la diminution du taux d'IA dans la population.

Contrairement aux populations laitières dans lesquelles l'intervalle de génération mère-fils s'est considérablement réduit (Moureaux *et al* 2000), l'âge moyen des mères des taureaux est élevé dans ces trois populations. En effet, les vaches les plus souvent plébiscitées pour la production de taureaux sont celles ayant reçu une qualification raciale. Les qualifications les plus élevées sont

décernées aux vaches adultes ayant un certain niveau d'index et au moins trois veaux contrôlés au sevrage. L'intervalle de génération mère-fille a diminué dans les trois races entre 1990 et 2000. Cette tendance résulte à la fois d'un léger avancement de l'âge au premier vêlage depuis les années 90 et du raccourcissement de la carrière des vaches en partie lié à l'apparition de débouchés commerciaux de type «label» pour la production de viande de jeunes vaches.

1.6 / Nombre de descendants

Le tableau 5 présente le nombre de descendants contrôlés au sevrage pour les divers types de taureaux de MN et d'IA nés sur les périodes 81-85 et 91-95. Le nombre moyen de descendants a augmenté entre les cohortes de taureaux d'IA nés entre 1981 et 1985 et entre 1991 et 1995. En effet, le nombre de reproducteurs agréés est resté globalement constant alors que le nombre d'inséminations a fortement augmenté. La diffusion des taureaux agréés à l'IA dans la base de sélection dépend fortement de l'agrément reçu après testage sur descendance. Les taureaux avec

Tableau 5. Evolution du nombre de descendants contrôlés au sevrage et de campagnes d'utilisation en base de sélection des taureaux de monte naturelle (MN) et d'insémination animale (IA) (selon leur agrément AB¹, QM² ou VB³) nés sur les périodes 1981-1985 et 1991-1995 dans les trois races allaitantes spécialisées.

Race		Période de naissance des taureaux									
		1981-1985					1991-1995				
		Type de taureaux	Nombre de taureaux	Nombre de descendants			Nombre de campagnes d'utilisation	Nombre de taureaux	Nombre de descendants		
Moyenne	Médiane			Maximum	Moyenne	Médiane			Maximum		
Blonde d'Aquitaine	MN	1 395	26	16	249	2,6	3 315	42	25	385	3,0
	AB ¹	16	371	102	1 431	12,1	22	282	68	1 693	7,3
	QM ²	12	3 236	2 265	8 313	17,9	15	4 186	2 365	14 355	11,7
	VB ³	7	452	365	1 114	9,6	8	131	50	394	9,6
	IA autorisée	-	-	-	-	-	4	209	188	336	10,0
Charolais	MN	10 171	38	22	376	2,8	13 932	41	25	493	2,9
	AB ¹	54	148	31	1 734	7,1	31	219	50	1 625	5,7
	QM ²	18	5 143	3 514	17 044	17,9	31	5 124	3 343	20 275	10,5
	VB ³	45	15	5	137	4,6	36	44	29	244	6,3
	IA autorisée	7	773	754	2 018	17,7	36	447	258	1 734	10,3
Limousin	MN	4 323	47	30	483	3,8	7 752	53	34	496	3,9
	AB ¹	23	305	63	2 176	9,7	22	109	24	674	6,1
	QM ²	10	3907	761	12 820	6,7	14	5 178	917	32 556	10,9
	VB ³	33	40	1	762	16,0	26	132	3	1 522	6,9
	IA autorisée	11	516	293	1 294	14,7	24	803	491	2 071	11,4

¹ AB : Aptitudes Bouchères² QM : Qualités Maternelles³ VB : Veaux de boucherie

l'agrément Qualités Maternelles (QM) ont les descendances les plus nombreuses et sont utilisés sur un nombre moyen de campagnes plus élevé. Le renouvellement des gammas de taureaux d'IA avec l'agrément «Aptitudes Bouchères» (AB) et «Veaux de Boucherie» (VB) est donc plus rapide que celui des taureaux agréés «Qualités Maternelles» (QM). Enfin, le nombre moyen de descendants et la durée d'utilisation des taureaux autorisés à l'IA sont comparables à ceux des taureaux agréés à l'IA.

2 / La consanguinité et son évolution récente

2.1 / Mesure de la consanguinité

Le coefficient de consanguinité (F) et surtout le taux d'accroissement de consanguinité (ΔF) sont classiquement analysés pour caractériser la structure génétique des populations. En effet, l'augmentation du niveau de consanguinité dans une population se traduit par une diminution du taux moyen d'hétérozygotes en un locus donné. Le taux d'accroissement de la consanguinité permet donc de quantifier l'importance des pertes d'allèles qui surviennent au fil des générations par le biais de la sélection et de la dérive génétique. Les principaux concepts concernant la définition de la consanguinité et le calcul des coefficients de consanguinité ont été extensivement exposés dans la littérature (Boichard *et al* 1996, 1997, Falconer et Mackay 1996). Les coefficients de consanguinité ont été calculés à l'aide de l'algorithme développé par Meuwissen et Luo (1992). Cet algorithme a été utilisé car c'est le plus efficace

pour analyser de grandes populations aux généalogies très longues. Toutefois, il suppose que les animaux fondateurs d'une population ne sont pas apparentés.

Le niveau de consanguinité d'une population doit être interprété avec précaution car il dépend étroitement du nombre de générations de généalogies prises en compte. Dans une population de taille constante et caractérisée par un régime de reproduction stable, F augmente inéluctablement au cours du temps alors que ΔF atteint une valeur d'équilibre asymptotique au bout de quelques générations. Dans une population à l'équilibre, ΔF est donc théoriquement un meilleur indicateur de la diversité génétique d'une population que F parce qu'il est moins affecté par le degré de connaissance des généalogies (Falconer et Mackay 1996).

L'effectif génétique N_e est un indicateur fréquemment utilisé pour caractériser la structure génétique d'une population car il permet d'apprécier de manière plus concrète les effets des pertes d'allèles au cours des générations. Il correspond à la taille d'une population idéale qui présenterait le même taux d'accroissement de consanguinité (ΔF) par génération que celui observé dans la population réelle. L'effectif génétique N_e d'une population se calcule directement à partir du taux asymptotique d'accroissement de consanguinité par génération selon la formule : $N_e = 1/2\Delta F$ (Falconer et Mackay 1996). En notant F_i le coefficient de consanguinité d'un individu i , la régression de $\log(1-F_i)$ sur l'année de naissance des veaux

a permis de calculer un taux annuel d'accroissement de consanguinité ΔF_a . En effet, la pente de cette droite de régression est égale à $\log(1 - \Delta F_a) \approx -\Delta F_a$ (Perez-Enciso 1995). Le taux d'accroissement de la consanguinité par génération a été obtenu par multiplication de ΔF_a avec l'intervalle de génération. Pour chaque race, la régression a été effectuée en considérant tous les veaux de la population nés entre 1999 et 2008. Toutes les analyses de pedigrees ont été réalisées à l'aide du logiciel Pedig (Boichard 2002) et ne concernent que les animaux dont les deux parents sont connus.

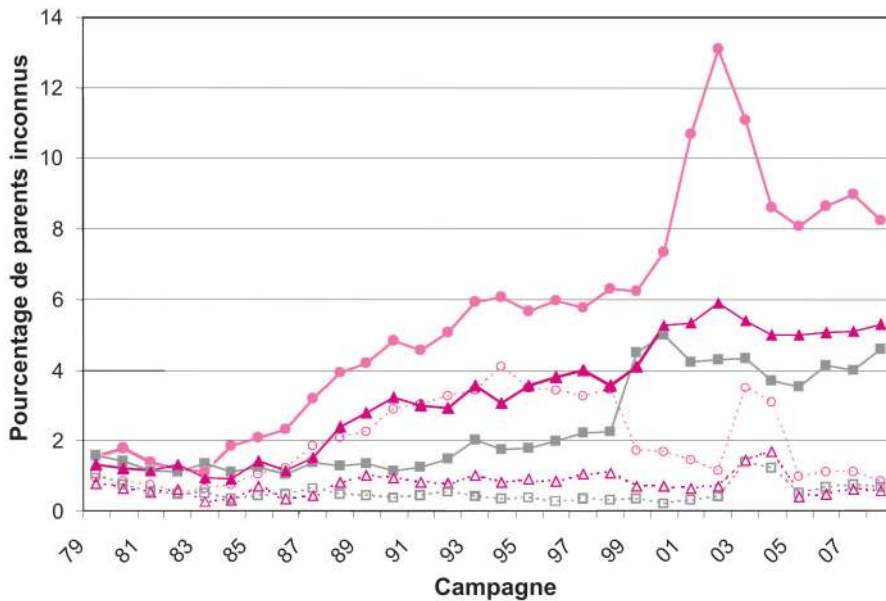
2.2 / Connaissance des généalogies

La connaissance des généalogies est bonne dans les trois races. Les différences de connaissance des généalogies entre races sont quantifiables par le nombre d'Equivalents Générations (EG) connues dans le pedigree des veaux. Cet équivalent est une mesure synthétique de la quantité d'information connue dans un pedigree (Boichard *et al* 1996). L'équivalent de 8,7 générations complètes est connu dans la population des veaux de race Charolaise nés entre 2004 et 2008 dans la base de sélection, soit 2,7 et 1,5 générations de plus que pour les veaux de races Blonde d'Aquitaine et Limousine (tableau 6). Au sein de chaque population, la connaissance des généalogies est hétérogène entre éleveurs producteurs et sélectionneurs. Sur la période 2004-2008, indépendamment de la race, les généalogies des veaux des élevages des noyaux MN et IA sont connues au moins sur une géné-

Tableau 6. Nombre d'équivalent génération (EG) et consanguinité (F) des veaux nés entre 2004 et 2008 dans l'ensemble de la base de sélection, dans les élevages du noyau Monte Naturelle (MN) et les élevages du noyau Insémination Animale (IA) de chaque race.

Race	Population	EG	% d'animaux consanguins	Niveau moyen de F (%)	Consanguinité moyenne des animaux consanguins (%)	% d'animaux avec F > 6,25%	F maximale (%)
Blonde d'Aquitaine	Base sélection	6,0	83	1,34	1,62	3,0	38,0
	Noyau MN	6,9	98	1,64	1,67	3,2	27,2
	Noyau IA	6,6	98	1,74	1,78	2,6	19,0
Charolais	Base sélection	8,7	85	0,56	0,66	1,3	37,7
	Noyau MN	10,2	99	0,65	0,65	0,9	28,7
	Noyau IA	9,8	99	0,73	0,74	0,1	28,2
Limousin	Base sélection	7,2	83	0,72	0,83	2,4	38,1
	Noyau MN	8,3	98	0,89	0,89	2,1	31,5
	Noyau IA	8,3	98	0,87	0,87	2,0	28,0

Figure 3. Taux de pères (trait continu) et de mères (pointillés) inconnus dans les populations au contrôle de performances VA4 Blonde d'Aquitaine (●), Charolaise (■) et Limousine (▲).



ration de plus que celles des veaux des élevages producteurs (résultats non présentés).

Les différences de connaissance des généalogies dépendent de trois causes majeures. La première concerne l'absence de déclaration des parents ou l'invalidation des filiations (figure 3). Le taux de mères non déclarées ou invalidées est faible et homogène entre élevages producteurs et sélectionneurs dans les races Charolaise et Limousine (< 2%). Il est légèrement plus élevé en race Blonde d'Aquitaine ($\leq 4\%$). L'absence de déclaration ou l'invalidation est plus fréquente pour les pères que pour les mères (figure 3). Le taux de pères invalidés était très faible jusqu'en 1983 et a cru lentement pendant la période d'expansion de la race pour atteindre environ 6, 2 et 4% en 1997 respectivement dans les populations Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine au VA4. Entre 1998 et 2000, la mise en place du système d'Identification Pérenne Généralisée (IPG) et de nouvelles procédures de validation des généalogies a provoqué une hausse du taux de pères invalidés, principalement dans les élevages producteurs. En effet, ces nouvelles règles utilisent les informations concernant les événements de reproduction (date de saillie ou d'insémination des vaches) pour valider le père déclaré à la naissance d'un veau. L'absence d'enregistrements concernant ces événements est à l'origine d'environ 70% des cas d'invalidation des pères (Journaux *et al* 2006). La hausse du taux de pères

inconnus est plus importante en race Blonde d'Aquitaine dans laquelle ce taux a dépassé 10% entre 2001 et 2003. Entre 2004 et 2008, le taux de pères invalidés semble s'être stabilisé aux alentours de 5% en races Charolaise et Limousine et de 8-9% en race Blonde d'Aquitaine. Le taux de pères invalidés est hétérogène entre sélectionneurs et producteurs. En effet, les sélectionneurs veillent à ce que les généalogies de leurs animaux soient certifiées pour pouvoir les inscrire au herd-book et vendre des reproducteurs.

La deuxième cause d'absence de généalogies touche essentiellement les élevages producteurs nouvellement entrés au contrôle de performances, dans lesquels les généalogies des animaux nés avant l'adhésion sont inconnues. La connaissance des généalogies des vaches généralement nées et utilisées dans ces élevages est donc très partielle. En 2008, le taux de grands-pères maternels inconnus dans l'ensemble des élevages de production de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine inscrits au VA4 était respectivement de 20, 18 et 17% alors qu'il était inférieur à 2% chez les sélectionneurs de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine (résultats non présentés).

La figure 4 présente le pourcentage d'ancêtres connus selon le rang d'ascendance des veaux de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine nés entre 2004 et 2008. Le pourcentage d'ancêtres connus est identique sur les six premières générations en races Limousine et Charolaise. En race Blonde d'Aquitaine, le pourcentage d'ancêtres connus est plus faible sur ces six premières générations en raison du taux de parents inconnus plus élevé observé dans cette race. Au-delà de la sixième génération, le pourcentage d'ancêtres connus diminue brutalement en races Limousine et Blonde d'Aquitaine. La troisième cause d'hétérogénéité de connaissance des généalogies, cette fois-ci entre races, concerne la reprise très partielle dans la base de données nationale des archives de

Figure 4. Pourcentage d'ancêtres connus par génération pour les veaux de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine nés sur la période 2004-2008 ayant pères et mères connus en première génération.

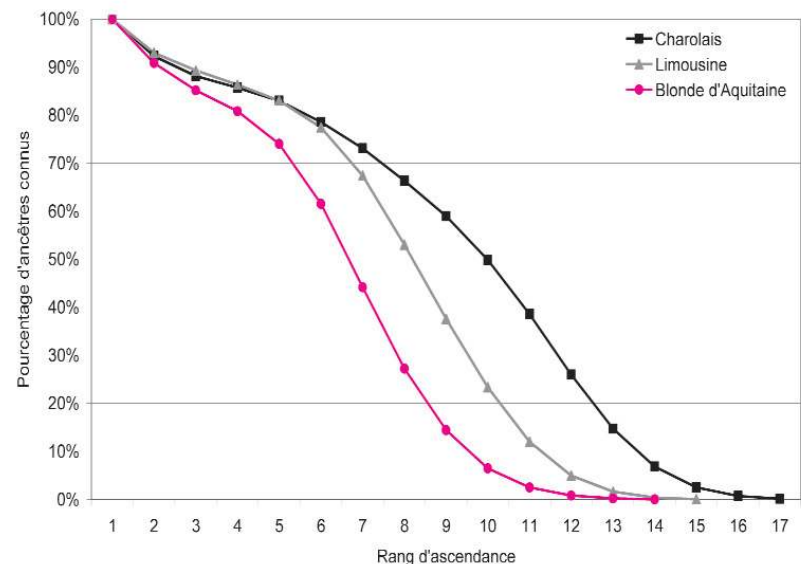


Tableau 7. Nombre d'équivalents génération (EG) et consanguinité (F) de l'ensemble des veaux mâles, des taureaux de monte naturelle (MN) utilisés dans les élevages au VA4, des taureaux contrôlés en station sur performances individuelles (CI) et sur descendance (CD) nés entre 1999 et 2003 pour chaque race.

Race	Population	EG	% de mâles consanguins	Niveau moyen de F (%)	Consanguinité moyenne des mâles consanguins (%)	% de mâles avec F > 6,25%	F maximale (%)
Blonde d'Aquitaine	Veaux Base	5,1	76	1,15	1,52	2,8	38,8
	Taureaux MN	5,7	95	1,32	1,43	2,4	25,8
	Taureaux CI	5,7	99	1,55	1,56	1,5	6,6
	Taureaux CD	6,1	100	1,59	1,59	0	6,6
Charolaise	Veaux Base	7,9	82	0,48	0,59	1,2	37,6
	Taureaux MN	8,8	97	0,49	0,50	0,6	31,3
	Taureaux CI	8,4	99	0,44	0,44	0,8	7,9
	Taureaux CD	8,6	100	0,69	0,69	3,3	8,2
Limousine	Veaux Base	6,5	82	0,70	0,85	2,4	38,4
	Taureaux MN	7,1	95	0,69	0,72	1,6	25,9
	Taureaux CI	7,2	97	0,50	0,52	1,4	12,7
	Taureaux CD	7,4	99	0,81	0,81	3,3	12,7

généalogies antérieures à la Loi sur l'Élevage. Ainsi, la généalogie des veaux de race Charolaise nés en 1972 était connue sur l'équivalent de 4,7 générations contre 1,8 pour les veaux de races Blonde d'Aquitaine et Limousine.

2.3 / Niveau de consanguinité et son évolution dans les trois populations

En raison des différences de connaissance des généalogies observées, les résultats de consanguinité ne sont pas comparables entre races et entre élevages d'une même race. Le tableau 6 présente les statistiques concernant le niveau de consanguinité dans les populations de veaux nés entre 2004 et 2008 dans l'ensemble des élevages de la base de sélection et les élevages des noyaux MN et IA de chaque race. Le niveau de consanguinité dans les bases de sélection Charolaise (0,56%) et Limousine (0,72%) est faible. Celui de la population Blonde d'Aquitaine est plus élevé (1,34%). Dans les trois populations, la proportion d'animaux avec un coefficient de consanguinité non nul est élevée en raison du bon niveau de connaissance des généalogies. Cependant, ces niveaux de consanguinité sont sans doute sous-estimés en raison de la connaissance hétérogène des généalogies au sein des populations. En effet, les animaux des élevages sélection-

neurs, dont les généalogies sont connues sur de nombreuses générations, côtoient des animaux dont les grands-parents maternels sont inconnus (environ 20% de la population des producteurs). La très bonne connaissance des généalogies des veaux des élevages sélectionneurs permet d'expliquer la forte proportion d'animaux consanguins et leur niveau moyen de consanguinité plus élevé que dans l'ensemble de la population (tableau 6). Dans les élevages des noyaux IA des races Blonde d'Aquitaine et Charolaise, le coefficient moyen de consanguinité des veaux consanguins nés entre 2004 et 2008 est plus élevé que celui des élevages des noyaux MN pour un niveau comparable de connaissance des généalogies. Dans ces élevages qui utilisent plus l'IA, l'accumulation de la consanguinité est donc plus importante.

Les animaux aux coefficients de consanguinité supérieurs à 6,25%, coefficient équivalent à un accouplement entre cousins germains, sont rares dans la population Charolaise au VA4 alors qu'ils représentent de 2,4 à 3% des animaux consanguins dans les bases de sélection de races Blonde d'Aquitaine et Limousine (tableau 6). Même si elle ne correspond pas à une politique délibérée d'accouplements consanguins, la proportion d'individus fortement consanguins dans les élevages de races Blonde d'Aquitaine et

Limousine souligne une pratique d'accouplement entre individus proches. En effet, les éleveurs de races Blonde d'Aquitaine et Limousine des noyaux MN utilisent régulièrement des taureaux nés dans leurs élevages pour assurer une partie de la reproduction de leur troupeau. Entre 1999 et 2008, 14% des veaux de race Limousine et 15% des veaux de race Blonde d'Aquitaine de ces élevages sont nés de taureaux eux-mêmes nés sur l'élevage. Les produits de ces accouplements ont en moyenne un niveau de consanguinité supérieur à 2,5%. Cette pratique est beaucoup moins répandue en race Charolaise où seulement 8% des veaux nés depuis 1999 sont issus de taureaux nés et utilisés dans le même élevage.

Le tableau 7 présente les statistiques concernant le niveau de consanguinité des veaux mâles nés entre 1999 et 2003 et des différents types de taureaux nés sur cette même période et utilisés pour la reproduction dans les élevages de la base de sélection. En races Charolaise et Limousine, les taureaux de MN et les mâles entrés dans les stations de CI ont un coefficient moyen de consanguinité inférieur ou égal à celui des veaux mâles consanguins de la population au VA4 alors que la connaissance de leur généalogie est meilleure. Dans ces deux races, les taureaux conservés pour la reproduction sont donc choisis parmi les meilleurs mâles de la population en

évitant ceux trop consanguins. Par contre, les taureaux retenus pour l'étape de testage sur descendance sont généralement plus consanguins que les mâles entrant en CI dont ils sont issus (tableau 7). En race Blonde d'Aquitaine, si les taureaux de MN ont un coefficient de consanguinité inférieur à celui des animaux consanguins de la base de sélection, les taureaux évalués dans le cadre du programme de sélection des taureaux d'IA sont en moyenne plus consanguins que les animaux des élevages de la base de sélection et ont un niveau de consanguinité équivalent à celui des élevages du noyau IA.

Le tableau 8 présente les taux d'accroissement de consanguinité par génération et les effectifs génétiques correspondants calculés pour les veaux nés entre 1999 et 2008. Les taux d'accroissement de la consanguinité sont généralement plus élevés dans les populations de sélectionneurs que dans le reste de la population, particulièrement pour les élevages sélectionneurs du noyau IA Charolais. Les taux d'accroissement de consanguinité estimés pour les bases de sélection Charolaise et Blonde d'Aquitaine sont faibles. Les effectifs génétiques estimés pour ces deux populations sont donc élevés par rapport à ceux des races bovines laitières pour lesquelles N_e est généralement inférieur à 100 (Mattalia *et al* 2006). A connaissance des pedigrees comparable (environ 7 équivalents générations), Sorensen *et al* (2005) ont estimé des taux d'accroissement de la consanguinité d'environ 1% par génération pour les populations danoises Holstein et Jersey, ce qui correspond à des effectifs génétiques d'environ 50 reproducteurs. Les taux d'accroissement de consanguinité estimés dans l'ensemble de la base de sélection Limousine et chacune de ses sous-populations sont quasi nuls. Les effectifs génétiques calculés dans cette population sont donc très élevés. Ces résultats sont cohérents avec les estimations de Boichard *et al* (1997) et de McParland *et al* (2007) pour la race Limousine respectivement en France et en Irlande. Dans la pratique, le calcul du taux d'accroissement de consanguinité dépend fortement du degré de connaissance des généalogies (Boichard *et al* 1997, Cervantes *et al* 2008) et peut conduire à l'estimation de taux d'accroissement très faibles voire nuls dans des populations très ouvertes. Boichard *et al* (1997) ont montré par simulation qu'un taux de pères et de mères inconnus de 10% par génération, maintenu sur 6 générations, implique

une sous-estimation de ΔF et une surestimation de N_e d'environ 100%. Or, les taux de parents inconnus dans les bases de sélection allaitantes sont compris entre 5 et 13%. Le risque de surestimation de N_e n'est pas plus important en race Limousine que dans les deux autres populations étudiées. Par ailleurs, les N_e estimés dans les noyaux MN et IA sont également très élevés en race Limousine alors que la connaissance des généalogies est homogène et presque exhaustive sur plusieurs générations.

3 / Mise en évidence de la structure génétique des populations par les probabilités d'origine des gènes

3.1/ Mesure des contributions génétiques et structure génétique d'une population

Une autre approche, moins sensible au degré de connaissance des généalogies, permet de caractériser la structure génétique des populations à partir d'analyses de pedigrees. La remontée des généalogies d'une population permet de recenser tous les ancêtres jusqu'aux fondateurs, ancêtres dont les deux parents sont inconnus. Les fondateurs constituent un pool originel de gènes qui se transmet de générations en générations. Sous l'effet de la dérive génétique et de la sélection, une proportion des différents variants alléliques est perdue à chaque génération. A partir des généalogies, on peut cal-

culer les contributions génétiques (également appelées probabilités d'origine des gènes) de chaque ancêtre ou fondateur au génome des individus de la population étudiée. A partir des probabilités d'origine des gènes, trois critères décrits par Boichard *et al* (1996, 1997) permettent de quantifier l'ampleur de ces pertes d'allèles : le nombre de fondateurs efficaces (F_e), le nombre d'ancêtres efficaces (F_a) et le nombre de génomes efficaces (N_g).

Le nombre de fondateurs efficaces F_e correspond au nombre de fondateurs nécessaires pour expliquer l'origine des gènes présents dans la population si tous avaient des contributions génétiques égales (Boichard *et al* 1997). Plus les contributions des fondateurs sont déséquilibrées et plus le nombre de fondateurs efficaces est faible par rapport au nombre réel de fondateurs. Toutefois, le nombre de fondateurs efficaces tend à surestimer la variabilité génétique d'une population lorsque des goulets d'étranglement sont apparus récemment dans la population (Sorensen *et al* 2005).

Le nombre d'ancêtres efficaces F_a correspond au nombre d'ancêtres nécessaires pour expliquer la variabilité génétique de la population étudiée si tous les ancêtres avaient des contributions génétiques égales. A la différence de F_e , F_a prend en compte les contributions génétiques marginales de tous les ancêtres de la population et pas seulement celles des fondateurs. La contribution génétique marginale d'un ancêtre correspond à sa contribution génétique corrigée pour éliminer les redondances qui existent entre la

Tableau 8. Taux d'accroissement de la consanguinité par génération (ΔF) estimé pour les veaux nés entre 1999 et 2008 et effectif génétique (N_e) des bases de sélection de chaque race et de leurs sous-populations d'élevages sélectionneurs des noyaux Monte Naturelle (MN) et Insémination Animale (IA).

Race	Population	ΔF (%/génération)	N_e
Blonde D'Aquitaine	Base Sélection	0,203	247
	Noyau MN	0,248	203
	Noyau IA	0,232	216
Charolaise	Base Sélection	0,083	601
	Noyau MN	0,092	541
	Noyau IA	0,135	370
Limousine	Base Sélection	0,001	8718
	Noyau MN	0,016	3193
	Noyau IA	0,043	1166

Tableau 9. Nombre de fondateurs, de fondateurs efficaces (F_e), d'ancêtres efficaces (F_a), de génomes efficaces (N_g) et contributions génétiques marginales des principaux ancêtres des populations de veaux de la base de sélection nés sur les périodes 1994-1998, 1999-2003 et 2004-2008 pour les trois races allaitantes spécialisées.

Race	Période	Population	Population de référence	Nombre de fondateurs	F_e	F_a	N_g	C_{\max}^2	C_{10}^3	$N_{50\%}^4$
Blonde d'Aquitaine	1994-1998	Base de sélection	66 002	22 870	203	80	53	6,7	27,4	50
	1999-2003	Base de sélection	82 092	27 118	187	72	45	7,0	29,0	43
	2004-2008	Base de sélection	88 964	28 118	171	64	39	7,5	30,6	36
	2004-2008	Noyau MN	13 603	3 068	144	57	35	7,9	32,6	29
	2004-2008	Noyau IA	5 262	2 381	121	44	26	8,8	37,7	20
Charolaise	1994-1998	Base de sélection	297 501	67 006	619	387	196	1,7	9,8	214
	1999-2003	Base de sélection	484 192	106 821	536	286	143	2,4	13,4	151
	2004-2008	Base de sélection	518 476	109 229	460	220	108	2,7	14,4	109
	2004-2008	Noyau MN	88 453	13 678	325	205	96	3,1	16,2	95
	2004-2008	Noyau IA	30 459	10 958	320	157	75	3,1	18,4	66
Limousine	1994-1998	Base de sélection	201 547	45 968	696	269	157	2,7	12,3	195
	1999-2003	Base de sélection	224 350	46 695	604	195	114	3,1	17,7	117
	2004-2008	Base de sélection	252 466	51 478	558	157	89	3,4	19,8	82
	2004-2008	Noyau MN	45 049	7 035	415	149	74	3,8	18,9	65
	2004-2008	Noyau IA	10 682	4 055	406	131	63	4,0	20,5	55

¹ N_g a été calculé à partir de 5000 réplifications. L'écart-type d'erreur pour les N_g est respectivement de 6, 12 et 11 pour les bases de sélection Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine sur les trois périodes étudiées, et de 4, 8 et 7 pour les élevages sélectionneurs des noyaux MN et IA en races Blonde d'Aquitaine Charolaise et Limousine sur la période 2004-2008.

² Contribution génétique marginale de l'ancêtre principal.

³ Contributions génétiques marginales cumulées des 10 principaux ancêtres.

⁴ Nombre d'ancêtres expliquant 50% de l'origine des gènes.

contribution d'un ancêtre et celle de ses ascendants. Dans une situation sans goulet d'étranglement, F_e et F_a sont égaux.

Le nombre d'ancêtres efficaces F_a ne prend pas en compte les effets de la dérive génétique. Ces effets, importants dans des populations de petite taille, sont difficiles à modéliser à l'aide d'expressions analytiques pour des populations animales à structure complexe. Par contre, l'utilisation d'une simulation stochastique permet de mimer les effets de la dérive génétique. Comme suggéré par Boichard *et al* (1996), la probabilité qu'un allèle présent chez les fondateurs soit toujours présent dans la population actuelle peut être estimée par ce type de simulation en utilisant la structure des généalogies. De cette probabilité est dérivé le nombre de génomes fondateurs N_g . Il correspond au nombre de fondateurs nécessaires pour expliquer la variabilité génétique observée dans la population en supposant que tous les fondateurs ont des contributions égales et en intégrant l'effet des pertes d'allèles liées aux goulets d'étranglement et à la dérive génétique.

Ces statistiques dérivées des probabilités d'origine des gènes ne peuvent pas

être comparées entre populations car elles dépendent du niveau de connaissance des généalogies. Par contre, les ratios entre ces trois statistiques et leur évolution relative permettent d'apprécier les effets des goulets d'étranglement et de la dérive génétique au sein de la population étudiée.

3.2 / Analyse des contributions des fondateurs et ancêtres

Le tableau 9 présente les nombres de fondateurs efficaces, d'ancêtres efficaces, et de génomes efficaces ainsi que les contributions des ancêtres principaux des veaux de la base de sélection nés sur les périodes 1994-1998, 1999-2003 et 2004-2008. Le nombre total de fondateurs est toujours très élevé du fait de la connaissance incomplète des généalogies. Cependant, ce nombre ne représente pas la variabilité génétique totale des populations parce que tous les fondateurs ne sont pas indépendants et parce que leurs contributions génétiques sont déséquilibrées. Le nombre de fondateurs efficaces F_e est ainsi plus de 100 fois plus faible que le nombre total de fondateurs dans les trois populations étudiées.

A partir des effectifs F_a et N_g rapportés dans le tableau 9, les effets de la

dérive génétique peuvent être appréciés par l'évolution du rapport N_g/F_a au cours du temps. Pour chacune des trois races allaitantes spécialisées, ce rapport est resté constant depuis les années 80, ce qui signifie que les effets de la dérive génétique sont négligeables dans ces grandes populations.

A partir des effectifs F_a et F_e (tableau 9), les rapports F_a/F_e peuvent être calculés pour mesurer l'existence de goulets d'étranglement dans chacune des races. Le faible rapport F_a/F_e , compris entre 28% pour les veaux de race Limousine nés entre 2004 et 2008 et 48% pour leurs contemporains de race Charolaise, montre que des goulets d'étranglement existent dans les trois races. Toutefois, les structures génétiques des populations Charolaise et Limousine, d'une part, et Blonde d'Aquitaine, d'autre part, ont évolué différemment. Dans les races Charolaise et Limousine, F_a a diminué successivement d'environ 20 à 25% entre les périodes 1994-1998, 1999-2003 et 2004-2008 alors que F_e a diminué d'environ 8 à 14%. Les goulets d'étranglements semblent donc s'accroître depuis le début des années 90 et impliquent une réduction importante de la variabilité génétique. Sur la période

1994-1998, le ratio F_d/F_e est bien plus important (63%) en race Charolaise qu'en races Blonde d'Aquitaine et Limousine (39%), montrant que les goulets d'étranglement sont beaucoup plus récents en race Charolaise. Dans la population Blonde d'Aquitaine, le rapport F_d/F_e est faible dès la période 1979-1983 (résultat non présenté) et le taux de diminution de F_a entre chaque période étudiée (de 10 à 12%) est proche de celui observé pour F_e (de 8 à 9%). Des goulets d'étranglement sont donc apparus dès les années 70 en raison de la forte utilisation de l'IA mais leurs effets ne se sont pas accentués au cours du temps. La réduction de variabilité causée par les goulets d'étranglement créés dans les années 70-80 est irréversible malgré une ouverture de la population pendant la période d'expansion nationale et la diminution du taux d'utilisation de l'IA dans cette population.

Les conséquences des goulets d'étranglement qui affectent les trois populations sont également illustrées dans le tableau 9. Elles se traduisent par une augmentation des contributions génétiques marginales des principaux ancêtres ayant diffusé dans la population. Dans les populations Charolaise et Limousine, la contribution génétique marginale cumulée des 10 premiers ancêtres augmente progressivement au cours du temps pour atteindre respectivement 19,8 et 14,4%. Parallèlement, le nombre d'ancêtres expliquant 50% des gènes de la population a constamment diminué. Les ancêtres principaux sont principalement des taureaux d'IA fortement utilisés (Blason, Till, Concile et Jumper en race Charolaise ou Highlander, Dauphin et Ulysse en race Limousine) ou de vieux taureaux nés dans les années 60. En race Blonde d'Aquitaine, quatre taureaux d'IA (Furet, Baricaut, Nestor et Hutin) expliquent plus de 20% de l'origine des gènes de la population depuis le début des années 80.

Le tableau 9 présente également les statistiques dérivées des probabilités d'origine des gènes calculées pour les populations de veaux nés entre 2004 et 2008 dans les élevages des noyaux MN et IA de races Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine. Dans les noyaux de sélection, les mêmes évolutions relatives de F_e , F_a et N_g sont observées que dans l'ensemble des bases de sélection. Toutefois, le rapport F_d/F_e plus élevé suggère que les goulets d'étranglement sont moins marqués dans ces populations de sélectionneurs.

Les ancêtres principaux des populations de producteurs et de sélectionneurs ne sont pas strictement identiques. Les ancêtres principaux des veaux des noyaux MN Charolais et Limousins sont principalement de très vieux taureaux de MN ou des taureaux autorisés à l'IA alors que ceux des veaux nés dans les élevages de production sont des taureaux agréés à l'IA diffusés parfois très récemment. Ainsi, seulement 4 ancêtres figurent à la fois parmi les 10 ancêtres ayant les contributions génétiques les plus élevées dans les populations de veaux de race Charolaise nés dans les élevages de production et les élevages du noyau MN entre 2004 et 2008. Ce résultat montre que les élevages sélectionneurs de race Charolaise du noyau MN constituent un réservoir génétique intéressant pour alimenter en reproducteurs les élevages de production de la base de sélection. Ce phénomène est moins marqué dans les populations Limousine et Blonde d'Aquitaine dans lesquelles 6 ancêtres sont communs parmi les 10 ancêtres principaux des populations de veaux des élevages de production et du noyau de sélection MN.

4 / Discussion et conclusion

L'ensemble de ces résultats permet de caractériser la structure et la diversité génétique des trois principales races allaitantes françaises en lien avec l'organisation de leur schéma de sélection. L'approche fondée sur l'analyse des pedigrees est à la fois simple et peu coûteuse car elle valorise des généalogies enregistrées en routine. Elle permet de caractériser le niveau de variabilité génétique des races sur l'ensemble de leur génome à condition d'avoir des informations complètes et fiables. Cette étude pourrait être complétée par une analyse des variations de fréquences alléliques pour différents marqueurs moléculaires. Les marqueurs nucléotidiques (ou SNP pour *Single Nucleotide Polymorphism*), présents en quantité importante sur tout le génome, sont des sources d'information précieuses pour caractériser la structure génétique des populations. Avec la publication de la séquence complète du génome bovin en avril 2009 (Gibbs *et al* 2009) et la disponibilité de puces à ADN haute densité (puce Illumina à 54 000 SNP répartis sur tout le génome), des premières analyses de diversité basées sur l'information moléculaire des génomes ont caractérisé finement la structure génétique des

populations et leur évolution, des populations ancestrales jusqu'aux populations actuelles très sélectionnées (Zenger *et al* 2006, Elsik *et al* 2009, Gibbs *et al* 2009).

Le dispositif d'enregistrement des généalogies et des performances, développé grâce à la loi sur l'Élevage de 1966, a permis de collecter une quantité importante d'informations. L'ensemble des outils utilisés pour la sélection des reproducteurs a permis de réaliser un progrès génétique certain dans les trois populations sur les caractères de croissance, de morphologie et de qualités d'élevage (Boulesteix *et al* 2008) sans trop affecter leur variabilité génétique. Cette variabilité génétique est avant tout nécessaire pour poursuivre l'amélioration génétique des performances des animaux. Par exemple, Goddard et Smith (1990) ont estimé qu'un effectif génétique de 40 reproducteurs était nécessaire pour préserver l'efficacité de la sélection dans des populations de bovins laitiers. D'autre part, selon les recommandations de la FAO (1998), le taux d'accroissement de la consanguinité doit être inférieur à 1% par génération pour éviter tout phénomène de dépression de consanguinité, ce qui correspond à un effectif génétique de 50 reproducteurs pour une population dont l'intervalle de génération est de 5 ans. Ainsi, l'effectif génétique nécessaire pour éviter la dépression de consanguinité est plus important que celui requis pour ne pas détériorer l'efficacité de la sélection (Meuwissen et Woolliams 1994). Dans les trois populations étudiées, les effectifs génétiques estimés sont élevés et bien supérieurs à ces recommandations. Cela suggère que le niveau de variabilité génétique disponible dans les populations Blonde d'Aquitaine, Charolaise et Limousine est encore largement suffisant pour éviter le phénomène de dépression de consanguinité et préserver des marges de progrès génétique dans les générations futures.

Toutefois, les résultats concernant les probabilités d'origine des gènes mettent en évidence des changements rapides dans la structure génétique des populations Charolaise et Limousine. Les effets des goulets d'étranglement se sont accentués depuis le début des années 1990 et sont liés à l'augmentation de l'utilisation de l'IA ciblée sur un nombre réduit de reproducteurs. En race Blonde d'Aquitaine, les goulets d'étranglement existent depuis une quarantaine d'années ; leurs effets ne s'amplifient pas mais ils ont tout de

même entraîné une réduction notable et irréversible de la variabilité génétique de toute la base de sélection.

Les effectifs génétiques estimés pour les populations des élevages des noyaux MN et IA sont plus faibles que ceux estimés pour l'ensemble de la base de sélection, plus particulièrement pour le noyau IA Charolais. Bien que le niveau de diversité génétique estimé dans les noyaux de sélection soit toujours relativement élevé, ces résultats indiquent qu'il convient de gérer cette variabilité génétique dès à présent afin de la maintenir à son niveau actuel.

En races allaitantes spécialisées, les programmes de sélection des taureaux d'IA sont de taille modérée en comparaison des schémas laitiers. Le recrutement des taureaux s'est concentré sur des mâles issus de pères agréés à l'IA. Cette pratique peut être néfaste en terme de maintien de la variabilité génétique car elle réduit le nombre

d'origines familiales des mâles, qui seront plus largement diffusés par la suite, vers des lignées déjà fortement utilisées dans la population. Elle favorise également la propagation d'éventuelles anomalies génétiques dans la population. Ainsi, dans la population Holstein, la prévalence de certaines maladies ou anomalies génétiques récessives, telles que le BLAD, le syndrome Bull-dog ou encore le CVM, a fortement augmenté suite à l'utilisation importante de taureaux porteurs de la maladie (Moureaux *et al* 2000). Une recommandation pour éviter un renforcement des goulets d'étranglement serait de maintenir un nombre minimal de pères à taureaux pour procréer la nouvelle génération des taureaux d'IA en veillant à ce que chaque père à taureaux ait un nombre équilibré de mâles entrant en stations de CI. Des méthodes d'optimisation des taux d'utilisation des reproducteurs et des accouplements entre pères et mères à taureaux pourraient également être mises en œuvre

pour concilier réalisation de progrès génétique et préservation de la variabilité génétique sur un plus long terme (Sonesson et Meuwissen 2000). De telles méthodes ont été appliquées avec succès pour la gestion des accouplements des programmes de sélection des bovins laitiers et des porcs (Colleau *et al* 2006, Colleau et Tribout 2006).

Les nouvelles évolutions du dispositif d'amélioration génétique vont certainement influencer la structure génétique des populations allaitantes. L'ouverture du marché des semences animales à de nouveaux opérateurs, autorisée depuis 2006 par la loi d'orientation agricole, va probablement augmenter le nombre de taureaux diffusant dans les populations allaitantes françaises. Cette ouverture devrait être bénéfique pour la préservation de la diversité génétique des populations de bovins allaitants spécialisés.

Références

- Boichard D., 2002. Pedig: a Fortran package for pedigree analysis suited to large populations. 7th World Congr. Genet. Applied Liv. Prod., 19-23 août 2002, Montpellier, France, paper 28-13.
- Boichard D., Maignel L., Verrier V., 1996. Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. INRA Prod. Anim., 9, 323-335.
- Boichard D., Maignel L., Verrier V., 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genet. Sel. Evol., 29, 5-23.
- Bouglér J., 1992. La gestion des populations. Loi sur l'Élevage et organisation générale de la sélection en France. In : *Éléments de génétique quantitative et application aux populations animales*. INRA Prod. Anim. Hors-Série, 219-222.
- Boulesteix P., Fouilloux M.-N., Guerrier J., Laloë D., 2008. Répertoire des résultats de l'évaluation IBOVAL 2008 pour les races bovines à viande. Département Génétique, Institut de l'Élevage. Compte-rendu n° 010871063, 70p.
- Cervantes I., Goyache F., Molina A., Valera M., Guttierrez J.P., 2008. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. J. Anim. Breed. Genet., 125, 301-310.
- Colleau J.J., Tribout T., 2006. Gestion optimisée de variabilité génétique dans les populations porcines sélectionnées. INRA Prod. Anim., 19, 339-346.
- Colleau J.J., Régaldo D., Moureaux S., Barbat A., Fritz S., de Préaumont H., Tual K., Mattalia S., 2006. Mise en place de la gestion optimisée de la variabilité génétique dans les populations sélectionnées de bovins laitiers. Renc. Rech. Rum., 13, 235-238.
- CSAGAD, 2006. Etude d'impact sur une ordonnance et ses textes réglementaires d'application relatifs à l'élevage et à l'amélioration génétique du cheptel. Intervention CSAGAD-Agroparistech, 18 Octobre 2006. www.agroparistech.fr/svs/genere/ger_genetique/csagad/loa/oa_accueil.htm
- Elsik C.G., Tellam R.L., Worley K.C., 2009. The Genome sequence of Taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution. Science, 324, 522-527.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C., 1996. Introduction to quantitative genetics. 4^{ème} édition Longman, Harlow (Ed), Essex, Royaume-Uni, 464p.
- FAO (Food and Agriculture Organization), 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. FAO, Rome, Italy, 219p.
- FGE, 2009. Dispositif Génétique français : chiffres clés 2008 en ruminants. www.france-genetique-elevage.fr/spip.php?rubrique177.
- Gibbs R.A., Taylor J.F., van Tassel C.P., 2009. Genome-wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. Science, 324, 528-531.
- Goddard M.G., Smith C., 1990. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. J. Dairy Sci., 73, 1113-1122.
- Guerrier J., 2007. Résultats du contrôle de performance des bovins allaitants. Département Génétique, Institut de l'Élevage. Compte-rendu n° 010677003, 94p.
- Havy A., Guerrier J., Aignel M., 2009. Indicateurs qualitatifs et quantitatifs sur les flux de reproducteurs bovins allaitants Année 2008/2009. Département Génétique, Institut de l'Élevage, Compte-rendu n° 00 09 71 145, 8p.
- Jarrige R., Auriol P., 1992. An outline of world beef production. In: Beef cattle production.
- Jarrige R., Béranger C. (Eds), Elsevier Science Publisher, Amsterdam, The Netherlands, 3-27.
- Journaux L., Berrechet P., Ledos H., 2006. Etude d'un dispositif déclaratif des filiations en bovins et de ses conséquences sur la fiabilité des parentés et l'organisation collective. Département Génétique, Institut de l'Élevage. Compte-rendu n° 010678012, 56p.
- Mattalia S., Barbat A., Danchin-Burge C., Brochard M., Le Mezec P., Minery S., Jansen G., Van Doormaal B., Verrier E., 2006. La variabilité génétique des huit principales races bovines laitières françaises : quelles évolutions, quelles comparaisons internationales ? Renc. Rech. Rum., 13, 239-246.
- McParland S., Kearney J.F., Rath M., Berry D.P., 2007. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. J. Anim. Sci., 85, 322-331.
- Ménissier F., Bouix J., 1992. L'amélioration génétique en France : le contexte et les acteurs. Les bovins et ovins producteurs de viande. In : *Éléments de génétique quantitative et application aux populations animales*. INRA Prod. Anim. Hors-Série, 11-23.
- Meuwissen T.H.E., Luo, Z., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. Genet. Sel. Evol., 24, 305-313.
- Meuwissen T.H.E., Woolliams J.A., 1994. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. Theor. Appl. Genet., 89, 1019-1026.
- Moureaux S., Boichard D., Verrier E., 2000. Bilan démographique et analyse de la variabilité génétique des principales races bovines laitières françaises. Renc. Rech. Rum., 149.
- Perez-Enciso M., 1995. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. J. Anim. Breed. Genet., 112, 327-332.

Sonesson A. K., Meuwissen T.H.E., 2000. Mating schemes for optimum contribution selection with constrained rates of inbreeding. *Genet. Sel. Evol.*, 32, 231-248.

Sorensen, A.C., Sorensen, M.K., Berg, P., 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breed. *J. Dairy Sci.*, 88, 1865-1875.

UNCEIA, 1982. Elevage Insémination, UNCEIA, Paris France, 36p.

UNCEIA, 2009. Insémination animale en France. Statistiques 2008. Revue MédIA, UNCEIA, Paris, France, 84p., Accessible sur internet : www.unceia.fr

Vissac B., 2002. Les vaches de la République. Saisons et raisons d'un chercheur citoyen. INRA Editions, Paris, France, 505p.

Zenger K.R., Khatkar M.S., Cavanagh J.A.L., Hawken R.J., Raadsma H.W., 2006. Genome-

wide genetic diversity of Holstein Friesian cattle reveals new insights into Australian and global population variability, including impact of selection. *Anim. Genet.*, 38, 7-14.

Résumé

Cet article présente un bilan de la variabilité génétique des trois principales populations bovines allaitantes françaises en contrôle de performances (CP). Des noyaux de sélection diffusent largement des taureaux de monte naturelle (MN) ou d'insémination animale (IA) utilisés dans le reste des élevages de production au CP. La connaissance des généalogies est bonne dans les trois races mais est hétérogène entre élevages de sélection et de production. Les taux d'accroissement de consanguinité estimés sont faibles à modérés dans les populations Limousine, Charolaise et Blonde d'Aquitaine (environ 0,01%, 0,1% et 0,2% par génération, respectivement) et correspondent à des effectifs génétiques relativement élevés (> 1000, 601 et 247). Les effectifs génétiques estimés sont plus faibles dans les noyaux de sélection des reproducteurs de MN et d'IA que dans l'ensemble des élevages en CP mais ils restent importants. L'évolution des statistiques dérivées des probabilités d'origine des gènes montre l'existence de goulets d'étranglement anciens dans la population Blonde d'Aquitaine et plus récents dans les populations Charolaise et Limousine. Ces goulets résultent de l'utilisation de l'IA historiquement forte dans la population Blonde d'Aquitaine et plus modérée mais en constante augmentation dans les populations Charolaise et Limousine. Pour préserver la variabilité génétique toujours disponible dans ces populations, il conviendrait de recruter dans les programmes de sélection des taureaux d'IA une proportion suffisante de mâles issus de taureaux de MN et de veiller à équilibrer les contributions des pères à taureaux aux différentes séries de testage.

Abstract

Evolution of the genetic diversity of French beef cattle populations from 1979 to 2008

This paper presents an analysis of the genetic variability of the three main beef cattle breeds in France using pedigree analyses. In the three breeds, two breeder nuclei are influent on other herds of the population with on-farm performance recording because they provide numerous natural service bulls or young males for artificial insemination (AI) in breeding programs. The degree of pedigree knowledge is good but heterogeneous between breeders and producers. Estimated levels and rates of inbreeding are low to moderate (0.01%, 0.1% and 0.20% per generation for the Limousin, Charolais and Blonde d'Aquitaine populations, respectively). They correspond to large genetic effective sizes (>1000, 601 and 247 in the Limousin, Charolais and Blonde d'Aquitaine breeds, respectively) and therefore to important genetic variability. Effective sizes estimated for breeder nuclei are lower than those estimated for other production herds with performance recording but are nevertheless large. The evolution of the statistics derived from probabilities of gene origin shows occurrence of old bottlenecks in the Blonde d'Aquitaine population resulting from a large AI use in the past. In the Charolais and Limousin breeds, bottlenecks are more recent and result from a low but increasing AI use. To preserve genetic variability, it would be advisable to balance contributions of each bull to the cohort of males recruited for the breeding program for insemination bulls and to maintain a minimal proportion of natural service sires of son.

BOUQUET A., RENAND G., PHOCAS F., 2009. Evolution de la diversité génétique des populations françaises de bovins allaitants spécialisés de 1979 à 2008. *Inra Prod. Anim.*, 22, 317-330.