

ÉTUDE BIOMÉTRIQUE DE LA VALEUR BOUCHÈRE DES VEAUX CROISÉS CHAROLAIS ET LIMOUSINS

II. — VARIABILITÉ GÉNÉTIQUE DES INDEX
SUIVANT LES ÉLEVAGES D'ORIGINE ET LES LIGNÉES PATERNELLES

L. DE SANTA COLOMA et J.-C. MOCQUOT

Station de Génétique quantitative et appliquée,
Centre national de Recherches zootechniques, I.N.R.A.,
78 - Jouy-en-Josas

RÉSUMÉ

L'échantillon de taureaux *charolais* (181) et *limousins* (137) soumis depuis 10 à 12 ans au contrôle de descendance sur la valeur de leurs veaux de boucherie croisés a été classé suivant les régions, les élevages d'origine des taureaux et les lignées paternelles dont ils sont issus. On a ensuite décomposé la variabilité des index génotypiques de ces mâles en croisement suivant leur origine. (Les index concernent le poids à 2-3 mois, le pointage et le produit de ces deux critères.) Pour la race *charolaise* on enregistre d'abord une fréquence plus élevée de taureaux présentant un index supérieur à la moyenne, lorsque ces derniers sont originaires du département de Saône-et-Loire : 0,54 à 0,59 contre 0,36 à 0,48 pour les taureaux issus des autres départements ($0,08 < P < 0,27$ suivant les critères considérés). La variabilité génétique entre élevages de sélection est estimée à environ 20 à 30 p. 100 de la variance génétique totale en croisement pour la race *limousine*. Par contre, les estimées correspondantes sont très faibles dans le cas de la race *charolaise*. La part de la variance génétique qui est due au père est proche de la valeur théorique (25 %) en race *limousine* mais plus faible en race *charolaise* surtout pour le critère de conformation.

Ces résultats peuvent étonner lorsqu'on connaît l'hétérogénéité d'une race comme la *charolaise*. Ils peuvent néanmoins s'expliquer par une sélection intense des taureaux destinés au croisement d'après leur croissance et leur conformation, d'une part, par un moindre isolement génétique des élevages lié à des achats fréquents de mâles à l'extérieur, d'autre part. Dans le cas de la race *limousine*, il semble judicieux à l'avenir de considérer l'élevage d'origine dans le choix des taurillons à mettre en testage.

I. — OBJET DE L'ÉTUDE

L'extension du croisement industriel dans les régions du Centre et du Sud-Ouest de la France, pour la production de veaux et de jeunes bovins, a suscité depuis 12 ans la mise en place d'opérations de contrôle de descendance des mâles de races à viande préalablement à leur exploitation par les centres d'insémination artificielle.

Les bases de ce contrôle, réalisé en ferme, ont été précisées par VISSAC et

al. (1959). Une étude statistique générale sur le développement de ce contrôle et sur ses résultats a été présentée par ailleurs (VISSAC *et al.*, 1965), ainsi que la méthode de détermination des index génotypiques des taureaux utilisés en croisement (VISSAC, 1964).

Une étude des résultats obtenus a permis ultérieurement de préciser les paramètres de variabilité génétique des races *charolaise* et *limousine* du point de vue de leur aptitude générale au croisement (POUJARDIEU et VISSAC, 1968).

La connaissance des différences génétiques entre les élevages dont sont issus les taureaux, et entre les lignées paternelles à l'intérieur de ces élevages améliorerait probablement l'efficacité du choix des taurillons à soumettre au contrôle de descendance, choix qui est généralement réalisé de façon empirique d'après la conformation de l'animal.

La présente étude a précisément pour but d'étudier ces différences dans les races *charolaise* et *limousine*, à partir de l'échantillon exhaustif des taureaux indexés pour ces deux races et suivant la méthode proposée par MOCQUOT (1970). De plus une description préalable de l'échantillon est présentée tant du point de vue de la précision des index obtenus dans les zones de croisement que de la structure génétique de cet échantillon dans les zones de sélection.

II. — DESCRIPTION ET STRUCTURE DE L'ÉCHANTILLON

I. — Constitution de l'échantillon de taureaux d'après les conditions d'établissement des index en zones de croisement.

Rappelons que chaque centre d'insémination effectue périodiquement (chaque année environ) un contrôle de descendance de taureaux *charolais* ou *limousins* sur des séries de 3 à 15 taureaux. On contrôle, par taureau, entre 30 et 70 descendants, nés et commercialisés dans une période de temps limitée (1 à 2 mois). Les veaux contemporains nés dans la même exploitation au cours de la même période ne sont pas contrôlés. L'établissement de l'index consiste, pour chaque série de taureaux contemporains, à estimer l'effet « père » par la méthode des moindres carrés selon un modèle additif sans interactions, comportant également les effets du sexe du produit, du format et de la race de la mère. L'effet « père » obtenu est pondéré par le coefficient de régression de cette estimée sur la valeur phénotypique moyenne des descendants et ajouté à la moyenne générale estimée par le modèle. L'additivité des effets considérés semble être une hypothèse valide puisque POUJARDIEU (1970) sur 10 000 données ne constate pas d'interaction Père \times Race de Mère. Cet index est calculé pour les 3 critères suivants :

— un critère de croissance : le poids à un âge de référence qui est, pour une région donnée, l'âge auquel sont commercialisés les premiers veaux de boucherie (ce poids est obtenu par intrapolation linéaire entre les résultats de pesées périodiques, mensuelles ou bimensuelles);

— un critère de valeur bouchère, obtenu en faisant la somme des notes subjectives données par un expert sur le développement musculaire, la finesse de l'ossature et l'état d'engraissement du veau à 2 mois environ;

— un index de valeur synthétique qui est égal au produit des 2 valeurs précédentes.

Chaque index étant établi à partir de veaux abattus à des âges moyens identiques pour chaque série, mais compris entre 60 et 120 jours suivant les régions, il convenait d'éliminer cette source de variation. C'est pourquoi les index de chaque taureau ont été exprimés en pourcentage de la moyenne des index des autres taureaux de la série correspondante. Ainsi on a attribué à X_i , index du $i^{\text{ème}}$ taureau d'une série comprenant n géniteurs, la valeur :

$$I_i = \frac{X_i (n - 1) 100}{\sum_{i=1}^n X_i - X_i}$$

Cette transformation a été appliquée aux trois critères définis ci-dessus.

Les index établis sur moins de 30 descendants contrôlés ont par ailleurs été éliminés ainsi que les séries d'effectif inférieur à 5 taureaux.

2. — Régions et élevages d'origine.

En race *charolaise*, on connaît le type à forte ossature, autrefois destiné à la production de bœufs de trait (nivernais = Nièvre) et le type à développement musculaire plus accusé (charolais = Saône-et-Loire), plus adapté à une production de veaux et de jeunes bovins, on a donc précisé le département d'origine des taurillons, pour chaque centre de testage (tabl. 1). On remarque d'abord que le pourcentage de taureaux issus de Saône-et-Loire (57 %) est supérieur à ce que l'on pourrait attendre, compte tenu de la répartition des animaux inscrits et soumis au contrôle de croissance en race *charolaise*. Le pourcentage de veaux *charolais* contrôlés en Saône-et-Loire n'était en effet que de 36 p. 100 en 1967. Les origines des taurillons varient suivant les centres de testage (tabl. 1), les centres situés au voisinage de la zone de sélection ayant tendance d'une part à acheter une proportion plus élevée de taureaux dans la région réputée pour produire des animaux à forte ossature, d'autre part à s'approvisionner dans leur propre région.

Dans la mesure où existent des différences régionales d'aptitude des mâles au croisement, ces différences sont incluses dans l'effet de l'élevage. On remarque par exemple que 54 p. 100 des taureaux issus de Saône-et-Loire ont un critère de valeur bouchère supérieur à la moyenne contre 36 p. 100 pour les géniteurs provenant des autres départements. La répartition non aléatoire des mâles mis au testage par centre, suivant les départements d'origine, aura par contre pour conséquences, de fournir, compte tenu de la méthode d'estimation des index, une estimation des différences génétiques entre élevages inférieure à la réalité. Nous avons essayé de préciser simplement les différences de valeur d'index entre départements d'origine (tabl. 2) pour chacun des trois critères concernés en comparant par un χ^2 d'homogénéité les fréquences des taureaux ayant un index supérieur ou inférieur à la moyenne de l'échantillon. Les valeurs de χ^2 obtenues sont toutes inférieures au seuil de probabilité de 5 p. 100 (tabl. 2). Toutefois les différences paraissent plus accusées sur le pointage subjectif que sur les deux

TABLEAU I
Répartition des taureaux charolais soumis au contrôle de descendance
par centre de testage et région d'origine

Centre de Testage	Région d'origine	
	Saône-et-Loire	Autres départements
Tarn	10	5
Puy-de-Dôme	33	37
Corrèze	4	1
Rhône	9	5
Haute-Loire	18	3
Gers	1	4
Loire	9	15
Tarn-et-Garonne	4	3
Saône-et-Loire	9	4
Indre	6	1
Total	103	78

autres critères; leur signification statistique augmente en outre lorsqu'on se limite à une comparaison entre la Saône-et-Loire d'une part et les autres départements d'autre part. Ce résultat confirme l'hétérogénéité ancienne des types morphologiques du *charolais* que nous avons rappelée ci-dessus (tabl. 3).

On a effectué une répartition des élevages de sélection (*charolais* et *limousins*) ainsi que des taureaux testés dans chacune de ces deux races, suivant le nombre de lignées paternelles et de taureaux indexés par lignée; 4 classes d'élevage ont été considérées (X, Y, Z, W), elles sont représentées sur la figure 1. Les élevages ne fournissant qu'un seul taureau ont été éliminés dans cette étude. Les effectifs d'élevages et de taureaux concernés par classe d'élevage sont dénombrés dans les tableaux 4 (race charolaise) et 5 (race limousine). Une comparaison globale des deux races est réalisée dans le tableau 6: on observe la prédominance, dans les deux races d'élevages dont les taureaux mis au testage sont tous issus de pères différents. En race *charolaise* on remarque cependant la fréquence relative plus élevée d'élevages représentés par des demi-frères appartenant à la même lignée (classe Z). Ce résultat est confirmé par l'examen de la distribution du nombre de taureaux indexés par père quels que soient les élevages. Remarquons d'abord que nous n'avons observé qu'un seul père dont les fils soumis au contrôle de descendance étaient issus de plusieurs élevages de sélection: ceci découle du fait que la monte naturelle est en pratique le seul mode d'accouplement utilisé dans les élevages dont étaient issus les taureaux soumis au testage pendant la

TABLEAU 2

Fréquence des index supérieurs à la moyenne de l'échantillon selon la région d'origine des taureaux
(Race charolaise)

Département	Allier	Nièvre	Cher	Puy-de-Dôme	Loire	Saône-et-Loire	χ^2 homogénéité (5 degrés de liberté)
Poids à âge type (croissance)							
N total (*)	49	13	4	3	9	103	2,0672 P = 0,85
n ($I_i > 100,798$)	19	6	2	2	5	57	
%	38,77	46,15	50,00	66,66	55,55	55,33	
Pointage (conformation)							
N total	47	13	4	3	7	101	4,1506 P = 0,52
n ($I_i > 100,798$)	15	5	2	2	3	55	
%	31,91	38,46	50,00	66,66	42,85	54,45	
Poids âge type X pointage (critère synthétique)							
N total	47	13	4	3	7	101	4,5175 P = 0,49
n ($I_i > 100,78$)	17	7	2	3	3	59	
%	36,17	53,84	50,00	100,00	42,85	58,41	

(*)N total : nombre total de taureaux.

n ($I_i > \bar{I}$) : nombre des taureaux dont l'index est supérieur à la moyenne de l'échantillon.

TABLEAU 3

Fréquence des index supérieurs à la moyenne de l'échantillon
selon la région d'origine des taureaux en race charolaise

Département	Autres groupes	Saône-et-Loire	χ^2 homogénéité (1 degré de liberté)
Croissance			
N total	78	103	1,221 P = 0,27
n ($I_i > 100,738$)	34	57	
%	43,58	55,33	
Pointage			
N total	74	101	2,9437 P = 0,089
n ($I_i > 100,798$)	27	55	
%	36,48	54,45	
Critère synthétique			
N total	74	101	1,8907 P = 0,16
n ($I_i > 100,78$)	32	59	
%	43,24	58,41	

période considérée. Cette conclusion permet de considérer les lignées paternelles dans l'analyse de variance comme une classification interne aux élevages. Enfin l'examen des tableaux 7 et 8 permet de remarquer que l'échantillon de taureaux *limousins* présente une homogénéité inférieure à celle de l'échantillon de taureaux *charolais* du fait de la présence dans ce dernier, d'un nombre moyen de taureaux par lignée paternelle plus important.

TABLEAU 4

Dénombrement des élevages d'après leur structure, en race charolaise

I. — Classe d'élevage (structure)

II. — Nombre de lignées paternelles par élevage	I	X	Y	Z	W	Total
	1					
2				11	17	28
3			6	3	5	14
4			4	1	1	6
5			3			3
6	1		1			2
7	1		1			2
8			1			1
9						0
10			1			1
Total . . .		2	17	15	23	57

Nombre de taureaux par classe d'élevage

Total . . .	13	80	35	53	181
-------------	----	----	----	----	-----

Nombre moyen de taureaux par élevage : 3,18.

Nombre moyen de lignées paternelles par élevage : 2,17.

TABLEAU 5

Dénombrement des élevages d'après leur structure, en race limousine
I. — Classe d'élevage (structure)

II. — Nombre de lignées paternelles par élevage	I					Total
	X	Y	Z	W		
1						
2			4		14	18
3		6			2	8
4		3			2	5
5		3			1	4
6		1				1
7		1				1
8-23						
24	1					1
Total . . .	1	14	4	19		38

Nombre de taureaux par classe d'élevage

Total . . .	24	58	8	47	137
-------------	----	----	---	----	-----

Nombre moyen de taureaux par élevage : 3,61.

Nombre moyen de lignées paternelles par élevage : 2,84.

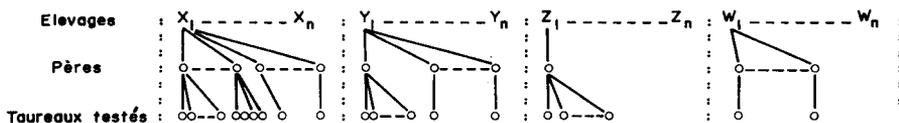


FIG. I. — Représentation des classes d'élevage de sélection

X Plusieurs lignées paternelles ayant un et plusieurs taureaux testés.

Y Une lignée paternelle ayant plusieurs taureaux, plusieurs lignées paternelles avec un seul taureau.

Z Une seule lignée paternelle avec plusieurs taureaux testés.

W Plusieurs lignées paternelles avec un seul taureau par lignée.

TABLEAU 6

*Distribution des élevages et des taureaux
d'après la structure des élevages en % du total*

Structure	Race	<i>Limousine</i>	<i>Charolaise</i>	Différence <i>Charolaise- Limousine</i>
	X		2,63 17,5	3,51 7,2
Y		36,83 42,3	29,83 44,2	- 7 + 1,9
Z		10,52 5,8	26,32 19,3	+ 15,80 + 13,5
W		49,99 34,3	40,35 29,3	- 9,64 - 5

Dans chaque case le chiffre supérieur concerne le nombre d'élevages en %, le chiffre inférieur le nombre de taureaux en %.

TABLEAU 7

Répartition des lignées paternelles suivant le nombre de demi-frères

I. — Nombre de demi-frères

Race	I	1	2	3	4	5	6	7	Total
	<i>Charolaise</i>	87	25	8	2	1			1
<i>Limousine</i>	86	16	5	1					108

TABLEAU 8

*Comparaison des races charolaise et limousine
suivant le nombre de lignées paternelles et de taureaux mis au testage*

Critère	Race	
	Charolaise	Limousine
Nombre de taureaux	181	137
Nombre de demi-frères par père ayant plusieurs fils	2,54	2,32
% de taureaux ayant au moins un demi-frère . .	52	37

III. — ANALYSE DE LA VARIABILITÉ GÉNÉTIQUE DES INDEX SUIVANT LES ÉLEVAGES D'ORIGINE ET LES LIGNÉES PATERNELLES

La méthode proposée par MOCQUOT (1970) et dont nous ne reprendrons pas une présentation analytique, permet d'estimer d'abord les influences de l'étable d'origine et de la lignée paternelle sur les index génotypiques des taureaux, ensuite la part respective de chacune d'elles dans la variance génétique totale. Dans la première phase on réalise une analyse de variance des index suivant un modèle additif hiérarchique à deux facteurs : élevage de sélection et lignée paternelle intra-élevage. Dans la seconde phase de la méthode, on estime les variances liées à l'élevage d'origine (f^2), à la lignée paternelle à l'intérieur de l'élevage (p^2), à l'effet du taureau intra-père (g^2) et aux influences résiduelles intra-taureau (r^2).

On obtient ainsi un système de 3 équations à 4 inconnues : f^2 , p^2 , g^2 , r^2 , système qui peut être résolu en supposant connue l'héritabilité (h^2) du critère concerné, héritabilité qui a été calculée par ailleurs (POUJARDIEU et VISSAC, 1968) grâce à une décomposition de la variance du critère entre taureaux et intra-taureau. On a en effet :

$$h^2 = \frac{f^2 + p^2 + g^2}{f^2 + p^2 + g^2 + r^2}$$

Les variances obtenues peuvent être utilisées pour exprimer la variabilité entre élevages de sélection et entre lignées paternelles intra-élevage par rapport à la variabilité génétique totale en croisement. On a dans ce but calculé les 2 critères :

$$F = \frac{f^2 \cdot 100}{f^2 + p^2 + g^2}$$

(part de la variance génétique due à l'étable d'origine),

$$P = \frac{p^2 \cdot 100}{f^2 + p^2 + g^2}$$

(part de la variance génétique due à des différences entre pères d'une même étable).

Résultats

On a d'abord étudié la distribution des index rapportés à la moyenne des contemporains de la même série pour chacune des deux races (I_i). Les écarts à la normalité mesurés à l'aide du coefficient de GEARY ne sont pas significatifs au seuil de 5 p. 100 sauf en ce qui concerne le poids à âge type des taureaux *charolais* : il s'agit dans ce cas d'une distribution leptokurtique.

TABLEAU 9

Résultats de l'analyse de variance des index

Race	Paramètre Critère	Carrés moyens	Degrés de liberté	Signification
		T (*) P (*) F (*)		
<i>Charolaise</i>	Croissance	35,3	58	
		41,4	66	NS
		43,4	56	NS
	Pointage	65,2	55	
		72,6	64	NS
		61,6	55	NS
	Critère synthétique . . .	127,5	55	
		122,7	64	NS
		125,0	55	NS
<i>Limousine</i>	Croissance	16,4	29	
		21,1	70	NS
		55,8	37	(*)
	Pointage	13,6	26	
		13,7	63	NS
		25,7	32	(*)
	Critère synthétique . . .	39,9	26	
		41,7	63	NS
		83,3	32	(**)

(*) T, P, F : Carrés moyens résiduels entre lignées paternelles intra-élevages et entre élevage de sélection.

(*) : Significatif au seuil de 5 %.

(**) : Significatif au seuil de 1 %.

NS : Non significatif.

Les résultats de l'analyse de variance hiérarchique des index figurent sur le tableau 9. La signification statistique des effets étudiés ainsi que leurs variances génétiques relatives (F et P) sont indiquées sur le tableau 10.

TABLEAU 10

Signification statistique et importance relative des composantes élevages et lignées paternelles dans la variance génétique totale

Race	Paramètre Critère	Probab. ($F \geq$)		Variance génétique	
		Effet père	Effet élevage	P	F
<i>Charolaise</i>	Croissance	0,38 0,31		15,9 0,8	
	Pointage	0,36 0,65		9,5 — 7,1	
	Critère synthétique	0,55 0,48		— 3,7 1,4	
<i>Limousine</i>	Croissance	0,36 0,02		10,4 19,3	
	Pointage	0,51 0,02		0,5 21,5	
	Critère synthétique	0,48 0,009		2,0 24,4	

En race *charolaise* aucun effet n'apparaît significatif; en race *limousine*, par contre, l'effet de l'élevage sur la variabilité génétique est significatif au seuil de 5 p. 100 pour les trois critères concernés. Ce résultat est remarquable étant donné le nombre réduit de degrés de liberté correspondant aux effets étudiés dans cette dernière race.

La part de variance génétique correspondant à l'élevage d'origine est de l'ordre de 20-25 p. 100 dans le cas de l'échantillon de taureaux *limousins*. Elle est pratiquement nulle en race *charolaise*. Quant à la part de variance liée à la lignée paternelle intra-élevage, les valeurs obtenues sont faibles et variables, en général plus élevées pour les critères de croissance que pour les deux autres critères.

IV. — DISCUSSION

Afin de discuter ces résultats portant sur un échantillon réduit de taureaux, il convient d'abord d'examiner les répercussions qu'ont pu avoir sur eux la méthode d'échantillonnage des reproducteurs ainsi que les approximations réalisées dans l'établissement de l'index. Dans le premier cas, on doit signaler que le choix des taurillons à mettre en testage est réalisé en général à deux stades : un technicien effectue un premier tri des taurillons et le choix définitif est fait par les responsables des coopératives. A chaque stade, on prend surtout en considération la croissance et le développement musculaire des animaux (la tendance des utilisateurs du *charolais* à rechercher en Saône-et-Loire leurs taurillons destinés au croisement industriel rejoint ce souci). Du point de vue qui nous préoccupe, cette façon de faire a naturellement contribué à réduire la variabilité génétique totale et les composantes de cette variabilité que nous analysons ici dans une proportion qu'il n'est pas possible d'apprécier. Dans le second cas, la correction des index par rapport à la moyenne des taureaux contemporains a eu par ailleurs une incidence non négligeable sur leur précision dans le cas de séries qui ne comportaient en général que 5 à 10 géniteurs.

Ces considérations doivent être invoquées afin d'expliquer les faibles estimations obtenues pour les valeurs de P, valeurs qui sont en théorie égales à 25 p. 100 de la variance génétique totale. Les pourcentages correspondent à la moitié de ce chiffre environ dans le cas du critère de croissance et restent négligeables dans le cas du critère de conformation pour lequel on peut penser que les effets de la sélection ont été plus marqués.

En ce qui concerne les différences entre élevages, il est en fait difficile de comparer les résultats de cette étude, qui apprécie les différences entre étables des zones de sélection d'après les index obtenus dans les zones de croisement, à ceux des travaux de différents auteurs estimant directement la variance génétique dans les élevages de sélection eux-mêmes, dans le cas de la production laitière : d'après ROBERTSON et RENDEL (1954), PIRCHNER et LUSH (1959), BERESKIN et HAZEL (1962), VAN VLECK (1963) et POUTOUS (1964), la variance génétique entre étables représente de 10 à 20 p. 100 de la variance totale entre étables. Néanmoins, si l'on se base sur un coefficient d'héritabilité de 0,3 et sur une importance relative de l'étable (dans la variation de production laitière) correspondant à 30 p. 100 de la variance phénotypique totale, on obtient un ordre de grandeur de 10 à 20 p. 100 pour le critère F. On notera à ce propos que ces derniers travaux portent sur des troupeaux laitiers pratiquant l'insémination artificielle depuis plusieurs générations, ce qui a pu contribuer à réduire sensiblement la variabilité génétique de la production laitière entre troupeaux. Dans le cadre de notre étude, nous avons vu que les élevages de sélection n'utilisent que la monte naturelle, pratique qui a pour conséquence d'accroître les écarts génétiques entre troupeaux. Ainsi les estimations du critère F correspondant à l'échantillon *limousin* (20-25 %) peuvent relever d'un tel phénomène, mais elles sont plus élevées que celles relatives à l'échantillon *charolais*, estimations qui sont négligeables.

On peut s'étonner en fait de ce résultat, car les différences génétiques entre élevages *charolais* englobent les différences, signalées ci-dessus, entre départements; on connaît par ailleurs l'hétérogénéité du bétail *charolais* du point de vue du développement musculaire et de la taille des animaux. Les faibles valeurs obtenues pour les critères de conformation, principalement dans cette dernière race, peuvent témoigner, selon nous, d'une sélection plus intense réalisée, sur ces critères, par le technicien responsable de la constitution de l'échantillon de taureaux de testage. On peut aussi invoquer le fait que l'héritabilité réelle, en race *charolaise* est plus faible (POUJARDIEU et VISSAC, 1968) que celle utilisée pour le calcul des index. Il semble cependant plus raisonnable de se demander à ce sujet si les différences entre les races *charolaise* et *limousine* ne proviennent pas d'une tendance plus accentuée chez les éleveurs de la première race à s'approvisionner en mâles par des achats extérieurs, les seconds pratiquant une homogamie, voire une consanguinité plus poussée. Cette question mériterait une étude complémentaire à partir des archives des livres généalogiques de ces deux races.

V. — CONCLUSION

Cette étude fait apparaître en définitive l'incidence de l'échantillonnage et de la sélection des reproducteurs dans les programmes pratiques d'amélioration génétique.

En race *limousine* l'élevage d'origine semble être un critère à ne pas négliger dans le choix des taurillons destinés au croisement. D'autres considérations non envisagées dans cette étude doivent évidemment intervenir en priorité dans ce choix; ce sont notamment :

— la sélection des mères dont la taille et le développement musculaire sont les plus élevés et produisant des veaux possédant ces caractéristiques;

— l'accouplement de ces femelles avec les géniteurs mâles ayant obtenu l'index le plus élevé dans les zones de croisement.

Cela conduirait à l'établissement d'un schéma de sélection récurrente des mâles de races à viande d'après leur valeur en croisement.

On peut enfin se demander devant la faible importance des effets non additifs et de l'interaction « génotype \times milieu » (mode d'allaitement) qui se traduit par un classement statistique comparable des taureaux suivant les races des mères (POUJARDIEU, 1970), si une sélection massale intense des taurillons, d'après leur propre performance dans les zones de sélection, ne serait pas un moyen de sélection plus efficace que le contrôle de descendance en croisement. L'incidence que semble avoir la sélection massale empirique faite par les acheteurs confirmerait en tous cas cette conclusion.

Reçu pour publication en décembre 1970.

SUMMARY

BIOMETRICAL STUDY OF GROWTH AND MEAT VALUE OF CHAROLAIS AND LIMOUSIN CROSSED CALVES. II. — GENETIC VARIABILITY OF THE INDEXES BETWEEN THE SELECTION HERDS AND PATERNAL FAMILIES.

A sample of 181 *Charolais* and 137 *Limousin* bulls, progeny-tested for 10-12 years on the meat performance of their crossed calves, have been classed according to the region, selection herd, and paternal family from which they came. Variance in the cross-breeding values of these males was then analyzed according to origin. (The breeding value was based on weight at 2-3 months, conformation score, and the product of these two characters.) Those *Charolais* bulls coming from the "Saône and Loire" district showed a higher percentage having a breeding value greater than the average: 0.54-0.59 as against 0.36-0.48 for bulls from other districts ($0.08 < P < 0.27$ depending on the character under consideration). Genetic variability between selection herds is estimated at about 20-30 per cent of the total genetic variance in crossing for the *Limousin* breed. On the other hand, corresponding estimates for the *Charolais* breed are very low. The fraction of genetic variance due to sire approaches theoretical value (25 %) in the *Limousin* breed but is lower in the *Charolais* breed, particularly as concerns the conformation character.

These results may seem surprising in view of the heterogeneity of such a breed as the *Charolais*. However, they may be explained by the fact that the progeny-tested bulls were selected on growth and conformation, and that the practise of buying bulls on the outside reduces genetic drift in each herd. As regards the *Limousin* breed, it would seem wise in the future to consider the selection herd in choosing young bulls for progeny testing.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BERESKIN B., HAZEL L.N., 1962. Role of herd averages in dairy sire evaluation. *J. Anim. Sci.*, **21**, 969.
- MOCQUOT J.-C., 1970. Expression de la variabilité génétique entre étables de sélection et entre lignées paternelles dans l'aptitude générale au croisement des mâles de race à viande. *Annls Génét. Sel. Anim.*, **2**, 449-456.
- PIRCHNER F., LUSH J.L., 1959. Genetic and environmental portions of variation among herds in butterfat production. *Dairy Sci.*, **42**, 115-122.
- POUJARDIEU B., 1970. Données non publiées.
- POUJARDIEU B., VISSAC B., 1968. Étude biométrique de la valeur bouchère des veaux croisés *charolais* et *limousins*. I. Paramètres génétiques et phénotypiques. *Annls. Zootech.*, **17**, 143-157.
- POUTOUS M., 1964. (Données non publiées.)
- ROBERTSON A., RENDEL J.M., 1954. The performance of heifers got by artificial insemination. *Agric. Sci.*, **44**, 184-192.
- VAN VLECK L.D., 1963. Regression of records on herd-mates averages. *Dairy Sci.*, **46**, 846-849.
- VISSAC B., POLY J., CHARLET P., 1959. Les épreuves de descendance des taureaux d'insemination sur la valeur de leurs veaux de boucherie. *Bull. tech. Inf. Ingrs. Servs. agric.*, **145**, 759-787.
- VISSAC B., 1964. Méthode de détermination de l'index génotypique des taureaux d'insemination sur la valeur bouchère de leurs veaux. *Annls. Zootech.*, **13**, 267-275.
- VISSAC B., FREBLING J., FAUCON A., 1965. Statistiques générales sur la production de veaux de boucherie en croisement industriel dans le Centre et le Sud-Ouest de la France. *Bull. tech. Inf. Ingrs - Servs agric.*, **204**, 53.