

P. SELLIER

INRA, Station de Génétique Quantitative et Appliquée,  
78352 Jouy-en-Josas cedex

e-mail : sellier@paris.inra.fr

# Etat des lieux de l'amélioration génétique des animaux domestiques

**Résumé.** La situation actuelle de la sélection animale est décrite dans ses grandes lignes, en mettant l'accent sur les évolutions notoires de la dernière décennie. A ce jour, l'activité de sélection se fonde pour l'essentiel sur les méthodes éprouvées de la génétique quantitative classique (modèle infinitésimal). Elle n'en connaît pas moins des adaptations permanentes visant à accroître l'efficacité de la sélection et l'adéquation des populations sélectionnées aux besoins évolutifs du monde de l'élevage. Les avancées de la génétique moléculaire, pour importantes qu'elles soient, n'ont pas encore imprégné en profondeur le secteur de la sélection animale : elles ne font actuellement l'objet que d'un petit nombre d'applications ciblées sur quelques gènes individuels, mais la situation est susceptible d'évoluer rapidement dans ce domaine.

Le séminaire du Département de Génétique animale de l'INRA qui s'est tenu en 1991 à Port d'Albret avait dressé un panorama complet et documenté des caractéristiques communes, mais aussi des spécificités des programmes d'amélioration génétique des principales espèces d'animaux de ferme, telles qu'elles existaient au début des années 1990 (Département de Génétique animale 1992). Près de dix ans ont passé et l'objet de cet article est de passer en revue les évolutions les plus marquantes qui sont intervenues dans ce domaine au cours de cette décennie.

## 1 / Le contexte et les acteurs de l'amélioration génétique en France

### 1.1 / Le contexte

Comme le soulignent Demange et Bonnemaire (1998) dans leur rapport sur l'état de la génétique animale en France, l'amélioration génétique demeure une composante essentielle de l'acte de production. On peut même dire qu'elle en est le précurseur, si l'on considère le laps de temps souvent important qui sépare une opération de sélection des retombées bénéfiques qu'on en attend au stade de la production.

Indissolublement lié au contexte de l'élevage, le secteur de l'amélioration génétique se doit de faire la synthèse de très nombreux paramètres ou enjeux économiques, sociétaux et techniques. Sans prétendre être exhaustif, on peut citer :

- les évolutions de la politique agricole commune (PAC) mises en œuvre par l'Union Européenne, avec la version 1992 de la PAC et bientôt sa nouvelle mouture (Agenda 2000) ;

- l'internationalisation de l'économie et des échanges commerciaux (y compris pour le matériel génétique : animaux, semences, embryons), ce qui entraîne une exigence encore accrue de compétitivité de nos filières animales ;

- l'avenir des territoires ruraux et les contraintes de préservation de l'environnement ;

- la diversification des produits animaux et des modes de production, en faisant éventuellement appel à des ressources génétiques jusque là délaissées ;

- le respect du bien-être des animaux d'élevage ;

- les demandes du consommateur quant à la qualité des produits animaux, à la sécurité alimentaire (cf. l'impact de la crise de la vache folle) et même à une certaine éthique de la production animale ;

- l'accès à des moyens algorithmiques et informatiques de plus en plus puissants et à des possibilités nouvelles en matière de circulation de l'information et d'automatisation des contrôles de performances ;

- l'intégration de nouvelles technologies de reproduction artificielle, notamment celles touchant à l'embryon ;

- et, bien sûr, l'entrée en scène de la génétique moléculaire, faisant suite aux avancées spectaculaires accomplies récemment dans la connaissance des génomes animaux.

### 1.2 / Les acteurs

Les structures professionnelles de l'amélioration génétique n'ont pas connu de changements vraiment profonds ces dernières années. De façon schématique, on peut distinguer trois grands types de situations. Pour les ruminants, la sélection a une forte dimension collective, avec des protocoles nationaux de contrôle des performances, un dispositif unifié de circulation et de traitement des don-

nées utilisées à des fins génétiques, et des unités de sélection gérant en commun les populations en sélection. On trouve une situation du même type pour le cheval, avec certaines particularités propres à cette espèce. Pour le porc, on est en présence d'un système mixte où coexistent un mode d'organisation mutualiste pour la sélection de quelques grandes races collectives et une sélection autonome pour des lignées détenues en propre par des firmes de sélection spécialisées ; pour harmoniser cet ensemble, le concept de population animale sélectionnée (PAS), qui recouvre à la fois les races collectives et les lignées autonomes, a été mis en pratique et un répertoire officiel des PAS porcines a été créé. Dans les espèces avicoles, la quasi totalité de l'amélioration génétique est entre les mains d'un petit nombre de firmes de sélection privées, dont l'activité s'exerce, pour la plupart d'entre elles, à l'échelle internationale.

## 2 / Les bases de la génétique quantitative

Bien que la génétique quantitative soit aujourd'hui une discipline scientifique ayant atteint sa pleine maturité, elle continue à évoluer car il subsiste quelques zones d'ombre, pour reprendre à peu de choses près les termes employés par Hill (1999). Ce dernier, notons-le, place au premier rang des évolutions marquantes des années récentes l'arrivée des méthodes et des idées de la génétique moléculaire, ce qui n'est pas une surprise et justifie l'intérêt porté à cette discipline en plein essor.

La clef de voûte de la théorie de la génétique quantitative, sur laquelle reposent depuis plus d'un demi-siècle les actions d'amélioration génétique, reste jusqu'à ce jour le modèle infinitésimal, auquel on peut reprocher certaines imperfections (n'est-ce pas le sort réservé à toute tentative de modélisation ?) mais dont on ne peut nier la remarquable puissance opérationnelle. Ce modèle, dans sa forme la plus stricte, suppose que la variabilité génétique d'un caractère à variation continue est due à l'action conjointe d'un nombre infini de gènes additifs et indépendants entre eux (= non génétiquement liés), chacun de ces « polygènes » ayant un effet infiniment petit sur le caractère.

La question du nombre de gènes agissant sur un caractère quantitatif est débattue depuis fort longtemps : la première publication sur ce sujet date du début des années 1920, comme le rappelle Ollivier (1999). Où se situe la vérité entre les 10 à 20 gènes influençant le poids corporel à âge-type chez la souris, tels qu'ils ont été détectés à l'aide de marqueurs génétiques par Cheverud *et al* (1996) ou Keightley *et al* (1996), et les centaines de gènes impliqués dans le métabolisme énergétique de la levure de bière (DeRisi *et al* 1997) ? La question reste ouverte, mais encore faut-il s'entendre sur le sens de l'expression « nombre de gènes » : dans les deux exemples cités ci-dessus, le premier concerne des gènes présentant un polymorphisme alors que le second dénombre l'ensemble des gènes exprimés sous forme d'ARN messagers.

Une deuxième grande question relative au modèle infinitésimal a trait à la « taille » des effets individuels des gènes. Il est amplement démontré qu'il existe des gènes à effet important, voire très important, sur certains caractères quantitatifs, et des

avancées notables ont été réalisées dans la modélisation et le traitement des cas d'hérédité « mixte », mettant en jeu un gène majeur et des polygènes (voir, par exemple, Manfredi *et al* 1998).

D'autres développements théoriques concernent les approches spécifiques dont sont redevables les caractères s'exprimant sous forme de séries chronologiques (contrôles laitiers mensuels, pesées chez l'animal en croissance, performances de la carrière reproductive d'une mère ou de la carrière sportive d'un cheval, etc) et les caractères soumis à des effets maternels, à des phénomènes d'empreinte parentale ou à une hérédité mitochondriale, la prise en compte des effets de dominance dans le modèle génétique (ce qui ouvre la voie à l'exploitation d'une partie de la variance génétique non additive en sélection), etc : pour plus de détails, voir Hill (1999) et Ollivier (1999).

## 3 / Les objectifs et les critères de sélection

Dans la dernière décennie, l'orientation générale de l'amélioration génétique n'a pas été fondamentalement modifiée : la compétitivité des filières animales reste la préoccupation centrale des sélectionneurs. Les objectifs et critères de sélection ne sont pas pour autant immuables et les évolutions observées peuvent se rattacher à quatre types de démarche.

### Prise en compte de nouveaux critères de sélection

Dans les races bovines laitières par exemple, aux caractères laitiers proprement dits (index INEL) et à la morphologie fonctionnelle sont venues s'ajouter ces dernières années la longévité, la résistance aux mammites (comptages leucocytaires) et la fertilité. Chez le porc, la prolificité, caractère longtemps délaissé par les sélectionneurs, est devenu un critère de sélection prépondérant dans les races à vocation maternelle, avec la prise en compte effective de ce caractère dans l'évaluation en routine des futurs reproducteurs.

### Spécialisation de la sélection en vue du croisement

Ainsi, chez le porc, une lignée « mâle » et une lignée « femelle », sélectionnées pour des objectifs sensiblement différents, sont en train de s'individualiser au sein de la race Large White.

### Révision des pondérations des caractères dans l'objectif de sélection global

Compte tenu de la baisse du prix de l'aliment, des modifications intervenues dans la grille de paiement des carcasses et aussi de diverses considérations biologiques, les pondérations retenues dans l'objectif de sélection global du porc ont, en valeur relative, baissé pour le taux de muscle et l'indice de consommation et augmenté pour la qualité de la viande et le gain moyen quotidien. Des évolutions des pondérations accordées aux différents caractères d'intérêt sont également intervenues chez les bovins allaitants.

### Souci de diversification de la sélection

Par exemple, les parts de marché du poulet sous label sont en augmentation et des souches spéci-

fiques, à croissance plus lente que les souches couramment utilisées pour la production de poulet standard, ont fait leur apparition.

Par ailleurs, et en se limitant à ce qui s'est fait récemment à l'INRA, des travaux ont été conduits sur la détermination du meilleur objectif de sélection global dans un contexte « multicaractère » chez les ruminants allaitants (Phocas *et al* 1997), la sélection sur les classements en compétition chez le cheval de sport (Tavernier 1991), la sélection canalissante pour la recherche d'un optimum (San Cristobal-Gaudy *et al* 1998), la validation de critères de sélection nouveaux ayant trait à la résistance génétique aux maladies infectieuses ou parasitaires (Beaumont *et al* 1997, Mondonnet *et al* 1997, Vu Tien Khang *et al* 1997), à la qualité de la viande de porc (Larzul *et al* 1998), à l'aptitude sportive chez le cheval (Barrey *et al* 1997), etc.

#### 4 / L'évaluation des reproducteurs

L'estimation de la valeur génétique des reproducteurs pour les caractères à améliorer est une phase clé de tout programme de sélection. La décennie 1990 a vu se généraliser le recours au Blup/modèle animal (Blup/Ma) pour l'évaluation génétique (collaborations INRA-Instituts Techniques). Les avantages potentiels de la méthode ont été largement décrits : voir, par exemple, le document issu du séminaire « modèle animal » organisé il y a quelques années par le Département de Génétique animale de l'INRA (Foulley et Molénat 1994). Cette méthode, qui permet de tirer parti au mieux de l'ensemble des informations apportées par les dispositifs de contrôle des performances et de l'ensemble des apparentements entre les individus, est devenue aujourd'hui un passage obligé en matière d'évaluation génétique.

L'espèce équine avait montré le chemin, au milieu des années 1980, pour certaines races de chevaux de sport. L'indexation des bovins laitiers a emboîté le pas quelques années plus tard (Bonaïti *et al* 1990, Ducrocq 1990). Le système d'évaluation génétique des bovins laitiers a été rapidement étendu aux ovins et caprins laitiers (Barillet *et al* 1994), en l'adaptant aux particularités de chacune de ces deux espèces. A la même époque, le Blup/Ma a été mis en œuvre chez les ovins allaitants (Poivey *et al* 1994). A partir du milieu des années 1990, une procédure Blup/Ma (« Iboval »), avec prise en compte des effets directs et maternels, a été instaurée dans les races bovines allaitantes pour les performances mesurées en ferme de la naissance au sevrage (Ménissier *et al* 1996). Chez le porc, le Blup/Ma a vu le jour, par étapes successives, entre 1994 et 1996 : dans sa forme actuelle (Tribout *et al* 1998), le Blup porc combine en une seule valeur génétique globale toutes les informations provenant du contrôle en ferme (caractères de reproduction et de production) et du contrôle en station publique (caractères de production). Des procédures Blup/Ma sont également utilisées aujourd'hui en sélection avicole et en sélection cunicole. La méthodologie de l'évaluation génétique dans les principales espèces d'élevage a fait l'objet d'un article de synthèse de Colleau (1996).

En dehors des apports théoriques et algorithmiques qui ont accompagné la mise en place du Blup/Ma, d'autres évolutions ou développements concernant les systèmes d'évaluation génétique ont

porté sur la prise en compte des hétérogénéités des variances dans l'espace et dans le temps (Foulley *et al* 1990, Robert-Granié *et al* 1999), les spécificités propres aux caractères ayant des propriétés statistiques particulières (modèles à seuil pour les variables discrètes, par exemple), le problème de la connexion (Foulley *et al* 1992, Laloë 1993), l'intérêt de la sélection assistée par marqueurs (Ruane et Colleau 1995, Ollivier 1998, Georges 1999), etc.

Sur le plan pratique, la qualité du circuit de l'information, du recueil des données sur les nombreux sites de contrôle des performances jusqu'aux bases de données détenues au Centre de Traitement de l'Information Génétique de Jouy-en-Josas, est une exigence forte de tout dispositif d'évaluation génétique. Le système d'information génétique (SIG) est actuellement en cours de rénovation. On peut également signaler l'émergence, au cours des années 1990, de l'évaluation génétique à l'échelle internationale dans certaines races bovines laitières (organisation « Interbull »).

#### 5 / La gestion des populations

##### 5.1 / Race pure ou croisement

L'exploitation en race pure reste la règle générale dans les espèces herbivores (ruminants, cheval), compte tenu notamment de leur faible productivité numérique (nombre de produits par femelle et par an). Dans l'espèce bovine, la principale forme de croisement actuellement en vigueur (taureaux de races à viande x vaches de races laitières) semble en léger déclin, du fait de la baisse des effectifs de vaches laitières (liée aux quotas laitiers). En revanche, dans les autres espèces (porc, volailles, lapin), le recours au croisement est pratiquement généralisé, et les plans de croisement peuvent atteindre une grande complexité. Ainsi, certains plans de croisement mis en œuvre par des organisations de sélection porcine associent, à l'étage terminal, un verrat parental résultant d'un croisement à trois voies et une femelle parentale résultant, elle aussi, d'un croisement à trois voies (ce dernier croisement met parfois en jeu une lignée composite à base de race chinoise prolifique).

##### 5.2 / Effectif génétique des populations

Les années 1990 ont vu la prise de conscience de l'effectif génétique finalement assez limité de nos populations animales sélectionnées, même pour celles qui sont, numériquement parlant, de grande ou très grande taille. Cette étroitesse génétique a été, par exemple, illustrée de façon frappante par les études récentes d'analyse de la variabilité, à partir des informations généalogiques et du calcul des probabilités d'origine des gènes, dans des races bovines laitières (Boichard *et al* 1996) et dans des races porcines (Maignel *et al* 1998). Des stratégies adéquates, encore très peu utilisées, sont donc à mettre en œuvre pour concilier l'obtention d'un progrès génétique substantiel (court et moyen terme) et le maintien d'une variabilité génétique suffisante (long terme) : voir, par exemple, Verrier *et al* (1993).

##### 5.3 / Ressources génétiques

Un effort particulièrement important a été fait, ces dernières années, dans le domaine de la mesure,



de la caractérisation et de la préservation de la diversité génétique (Ollivier 1997). Des programmes d'évaluation et de conservation des ressources génétiques sont en cours dans plusieurs espèces (voir par exemple la cryobanque nationale de semences et d'embryons d'animaux domestiques en cours de constitution en France).

#### 5.4 / Intégration des biotechnologies de la reproduction

Parmi les biotechnologies de la reproduction, l'insémination artificielle (IA) fait depuis longtemps partie du paysage (Mallard et Mocquot 1998), mais à des degrés très variables selon l'espèce. Mentionnons seulement ici le fait sans doute le plus marquant des dix dernières années, à savoir la véritable explosion de l'IA dans l'espèce porcine (taux de pénétration multiplié par vingt). L'intérêt potentiel, pour l'amélioration génétique, des techniques nouvelles mises au point par les physiologistes de la reproduction (superovulation et transfert embryonnaire, sexage des embryons, collecte d'ovocytes *in vivo* et fécondation *in vitro*, clonage embryonnaire ou somatique) a été soigneusement évalué : voir la synthèse de Colleau *et al* (1998). Les plus anciennes des biotechnologies de l'embryon font déjà l'objet d'applications à grande échelle chez les bovins (dans les races laitières principalement).

### 6 / Les marqueurs génétiques

Les marqueurs génétiques sont le sujet central de cet ouvrage, et nous nous contenterons ici de quelques rappels. Il y a dix ans, les cartes génétiques des espèces d'élevage étaient à peine ébauchées, mais on connaissait déjà, sinon au niveau intime de l'ADN, mais au moins par leur effet majeur sur certains caractères, une petite dizaine de gènes pouvant intéresser l'élevage (Grosclaude *et al* 1996). On retrouve là une liste, souvent citée, de gènes connus : le gène d'hypertrophie musculaire (locus *mh*) chez les bovins, le gène de nanisme lié au sexe (locus *dw*) chez la poule, les gènes des protéines du lait (caséines notamment) dans les espèces bovine et caprine, les gènes de qualité de la viande « halothane » (locus *HAL*) et « viande acide » (locus *RN*) chez le porc, le gène de prolificité « Booroola » (locus *FecB*) chez le mouton.

Des applications touchant à plusieurs de ces gènes ont été mises en œuvre en France par des sélectionneurs. Mentionnons ici quelques exemples :

- l'utilisation en croisement d'une lignée femelle naine (gène *dw*) pour la production de poulets de chair et la création d'une lignée mâle bovine « cularde » (gène *mh*) de croisement terminal, dénommée « INRA95 » (Legault *et al* 1996) ;
- l'éradication de l'allèle *HAL<sup>n</sup>* de la sensibilité à

l'halothane dans des lignées maternelles de porc : l'opération initiale, conduite avant la découverte de la mutation causale dans le gène *Ryr1* du récepteur de la ryanodine (Fuji *et al* 1991), reposait sur l'utilisation des marqueurs sanguins *Gpi* et *Pgd*, génétiquement liés à *HAL*, et a constitué sans doute, à une échelle modeste, le premier exemple d'application concrète d'une sélection assistée par marqueurs chez les animaux de ferme (Saugère *et al* 1989) ;

- l'éradication de l'allèle défavorable *RN<sup>-</sup>* dans certaines lignées porcines : le phénotype de l'animal pour le potentiel glycolytique du muscle, caractère primaire affecté par le gène *RN* et mesurable *in vivo*, permet de détecter, pratiquement sans risque d'erreur, les porteurs de *RN<sup>-</sup>* (Larzul *et al* 1998) ;

- la prise en compte du génotype pour la caséine alpha-s1 (prédicteur précoce de la qualité fromagère du lait) chez les caprins (Piacère *et al* 1997).

On peut ajouter à cette liste d'actions spécifiques sur un gène individuel les tests de diagnostic concernant le gène bovin *Blad* et le gène ovine *PrP* (Amigues *et al* 2000, cet ouvrage). Indiquons aussi que les marqueurs génétiques sont d'ores et déjà très largement utilisés pour la détection des gènes influençant les caractères d'intérêt zootechnique (Elsen *et al* 1999, Le Roy et Elsen 2000, cet ouvrage) et dans les études sur la diversité génétique des populations animales (Ollivier *et al* 2000, cet ouvrage).

### Conclusion

Même si le cadre général et les modalités de la sélection animale n'ont pas connu de profonds bouleversements au cours de la dernière décennie, des évolutions sensibles des méthodologies, dont la plus marquante est le recours quasi systématique au Blup/modèle animal, ont été mises en œuvre pour accroître l'efficacité des programmes d'amélioration génétique.

Si l'on met à part l'exception notable des contrôles de filiation qui reposent depuis longtemps sur des marqueurs génétiques (gènes de groupes sanguins, variants électrophorétiques de protéines et, aujourd'hui, microsatellites), les marqueurs et plus généralement les gènes individuels ne font pas encore vraiment partie de la pratique quotidienne de la sélection des animaux domestiques. La « boîte à outils » du sélectionneur animal reste très étroitement liée à la « boîte noire » du modèle génétique infinitésimal. Cette situation est susceptible d'évoluer rapidement : les voies d'entrée dans la boîte noire du génome ne cessent de se diversifier (génomique structurale, génomique fonctionnelle) et ce progrès considérable de nos connaissances sur les génomes des animaux domestiques devrait engendrer de multiples potentialités nouvelles dans le domaine de l'amélioration génétique.

### Références

Amigues Y., Mériaux J.C., Boscher M.Y., 2000. Utilisation de marqueurs génétiques en sélection : les activités de LABOGENA. INRA Productions Animales, numéro hors série « Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales », 203-210.

Barillet F., Astruc J.M., Manfredi E., Barbat A., Boichard D., 1994. Utilisation du modèle animal en ovins et caprins laitiers. In : J.L. Foulley, M. Molénat (Eds), Séminaire « modèle animal », Département de Génétique animale, 83-90.

INRA Productions Animales, 2000, hors série Génétique moléculaire

Barrey E., Valette J.P., Jouglin M., Blouin C., Langlois B., 1997. Qualités des fibres musculaires et performances sportives chez le cheval anglo-arabe. EquAthlon, 7, 56-59.

Beaumont C., Berthelot F., Colin P., Duchet-Suchaux M., Elsen J.M., Girard-Santosusso O., Guillot J.F., Lantier F., Protais J., Pardon P., 1997. Résistance génétique à l'infection par les salmonelles. Journées de la Recherche Avicole, 2, 21-23.

Boichard D., Maignel L., Verrier E., 1996. Analyse généalogique

- des races bovines laitières françaises. *INRA Productions Animales*, 9, 323-335.
- Bonaïti B., Boichard D., Verrier E., Ducrocq V., Barbat A., Briend M., 1990. La méthode française d'évaluation génétique des reproducteurs laitiers. *INRA Productions Animales*, 3, 83-92.
- Cheverud J.M., Routman E.J., Duarte F.A.M., van Swinderen B., Cothran K., Perel C., 1996. Quantitative trait loci for murine growth. *Genetics*, 142, 1305-1319.
- Colleau J.J., 1996. Evaluation génétique des animaux d'élevage. *INRA Productions animales*, numéro hors série « 50 ans de recherches en productions animales », 27-40.
- Colleau J.J., Heyman Y., Renard J.P., 1998. Les biotechnologies de la reproduction chez les bovins et leurs applications réelles ou potentielles en sélection. *INRA Productions Animales*, 11, 41-56.
- Demange H., Bonnemaire J., 1998. Mission d'évaluation de la génétique animale. Propositions pour l'avenir. Ministère de l'Agriculture et de la Pêche, juillet 1998, 57 pages.
- Département de Génétique animale, 1992. Eléments de génétique quantitative et application aux populations animales. *INRA Productions animales*, numéro hors série, 302 pages.
- DeRisi J.L., Iyer V.R., Brown P.O., 1997. Exploring the metabolic and genetic control of gene expression on a genomic scale. *Science*, 278, 680-686.
- Ducrocq V., 1990. Les techniques d'évaluation génétique des bovins laitiers. *INRA Productions Animales*, 3, 3-16.
- Elsen J.M., Mangin B., Goffinet B., Boichard D., Le Roy P., 1999. Alternative models for QTL detection in livestock. I. General introduction. *Genetics Selection Evolution*, 31, 213-224.
- Foulley J.L., Molénat M., 1994. Séminaire « modèle animal », Département de Génétique animale, 157 pages.
- Foulley J.L., Gianola D., San Cristobal M., Im S., 1990. A method for assessing extent and sources of heterogeneity of residual variances in mixed linear models. *Journal of Dairy Science*, 73, 1612-1624.
- Foulley J.L., Hanocq E., Boichard D., 1992. A criterion for measuring the degree of connectedness in linear models of genetic evaluation. *Genetics Selection Evolution*, 24, 315-330.
- Fujii J., Otsu K., Zorzato F., De Leon S., Khanna V.K., Weiler J.E., O'Brien P.J., MacLennan D.H., 1991. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science*, 253, 448-451.
- Georges M., 1999. Towards marker assisted selection in livestock. *Reproduction Nutrition Development*, 39, 555-561.
- Grosclaude F., Mercier J.C., Vaiman M., Levéziel H., Gellin J., 1996. La génétique moléculaire des espèces d'élevage : des groupes sanguins à la cartographie du génome. *INRA Productions animales*, numéro hors série «50 ans de recherches en productions animales», 57-69.
- Hill W. G., 1999. Advances in quantitative genetics theory. In : J.C.M. Dekkers, S.J. Lamont, M.F. Rothschild (Eds), From Jay L. Lush to genomics: visions for animal breeding and genetics, 35-46, Iowa University Press, Ames, Iowa, USA.
- Keightley P.D., Hardge T., May L., Bulfield G., 1996. A genetic map of quantitative trait loci for body weight in the mouse. *Genetics*, 142, 227-235.
- Laloë D., 1993. Precision and information in linear models of genetic evaluation. *Genetics Selection Evolution*, 25, 557-576.
- Larzul C., Le Roy P., Monin G., Sellier P., 1998. Variabilité génétique du potentiel glycolytique du muscle chez le porc. *INRA Productions Animales*, 11, 183-197.
- Legault C., Ménéssier F., Mérat P., Ricordeau G., Rouvier R., 1996. Les lignées originales de l'INRA : historique, développement et impact sur les productions animales. *INRA Productions animales*, numéro hors série «50 ans de recherches en productions animales», 41-56.
- Le Roy P., Elsen J.M., 2000. Principes de l'utilisation des marqueurs génétiques pour la détection des gènes influençant les caractères quantitatifs. *INRA Productions Animales*, numéro hors série « Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales », 211-215.
- Maignel L., Tribout T., Boichard D., Bidanel J.P., Guéblez R., 1998. Analyse de la variabilité génétique des races porcines Large White, Landrace Français et Piétrain, sur la base de l'information généalogique. *Journées de la Recherche Porcine en France*, 30, 109-116.
- Mallard J., Mocquot J.C., 1998. Insémination artificielle et production laitière bovine : répercussions d'une biotechnologie sur une filière de production. *INRA Productions animales*, 11, 33-39.
- Mandonnet N., Aumont G., Fleury J., Gruner L., Bouix J., Vu Tien Khang J., Varo H., 1997. Résistance aux strongles gastro-intestinaux des caprins. Influence de différents environnements tropicaux sur l'expression du potentiel génétique de résistance. *INRA Productions Animales*, 10, 55-65.
- Manfredi E., Barbieri M., Fournet F., Elsen J.M., 1998. A dynamic deterministic model to evaluate breeding strategies under mixed inheritance. *Genetics Selection Evolution*, 30, 127-148.
- Ménéssier F., Journaux L., Laloë D., Rehben E., Lecomte C., Boulesteix I., Sapa J., 1996. « IBOVAL » : une révolution tranquille dans l'évaluation génétique des bovins allaitants en France. *Rencontres Recherches Ruminants*, 3, 321-324.
- Ollivier L., 1997. Génétique et conservation animales. In : D. Matassino, J. Boyazoglu, A. Cappucio (Eds), EAAP Publication n° 85, 211-219, Wageningen Pers.
- Ollivier L., 1998. The accuracy of marker-assisted selection for quantitative traits within populations in linkage equilibrium. *Genetics*, 148, 1367-1372.
- Ollivier L., 1999. Scientific challenges to animal breeding and genetics. In : J.C.M. Dekkers, S.J. Lamont, M.F. Rothschild (Eds), From Jay L. Lush to genomics: visions for animal breeding and genetics, 24-34, Iowa University Press, Ames, Iowa, USA.
- Ollivier L., Chevalet C., Foulley J.L., 2000. Utilisation des marqueurs pour la caractérisation des ressources génétiques. *INRA Productions Animales*, numéro hors série « Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales », 247-252.
- Phocas F., Hanocq E., Bouix J., Renand G., Poivey J.P., Elsen J.M., Bibé B., Ménéssier F., 1997. Détermination des objectifs de sélection chez les ruminants allaitants: situation actuelle et perspectives d'évolution. *Rencontres Recherches Ruminants*, 4, 171-178.
- Piacère A., Bouloc-Duval N., Sigwald J.P., Larzul C., Manfredi E., 1997. Utilisation de l'index combiné caprin et du polymorphisme de la caséine alpha s1 dans le schéma de sélection caprin. *Rencontres Recherches Ruminants*, 4, 187-190.
- Poivey J.P., Jullien E., Bibé B., 1994. Utilisation du modèle animal chez les ovins allaitants. In : J.L. Foulley, M. Molénat (Eds), Séminaire « modèle animal », Département de Génétique animale, 99-114.
- Robert-Granié C., Bonaïti B., Boichard D., Barbat A., 1999. Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Production Science*, 60, 343-357.
- Ruane J., Colleau J.J., 1995. Marker assisted selection for genetic improvement of animal populations when a single QTL is marked. *Genetical Research*, 66, 71-83.
- San Cristobal-Gaudy M., Elsen J.M., Bodin L., Chevalet C., 1998. Prediction of the response to a selection for canalisation of a continuous trait in animal breeding. *Genetics Selection Evolution*, 30, 423-451.
- Tavernier A., 1991. Genetic evaluation of horses based on ranks in competitions. *Genetics Selection Evolution*, 23, 159-173.
- Saugère D., Runavot J.P., Sellier P., 1989. Un premier bilan du programme de sélection contre le gène de sensibilité à l'halothane chez le porc Landrace Français. *Journées de la Recherche Porcine en France*, 21, 335-344.
- Tribout T., Bidanel J.P., Garreau H., Fleho J.Y., Guéblez R., Le Tiran M.H., Ligonésche B., Lorent P., Ducos A., 1998. Présentation du dispositif collectif français d'évaluation génétique porcine pour les caractères de production et de reproduction. *Journées de la Recherche Porcine en France*, 30, 95-100.
- Verrier E., Colleau J.J., Foulley J.L., 1993. Long term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. *Theoretical and Applied Genetics*, 87, 446-454.
- Vu Tien Khang J., Lantier F., Gruner L., Bouix J., Elsen J.M., 1997. La résistance des ovins aux maladies infectieuses et parasitaires : un nouvel objectif d'amélioration génétique ? *Rencontres Recherches Ruminants*, 4, 207-210.

