

pour 29,4-96,8-18,8-106,8-47,0-85,2 calculées; (2) 304-73-7 pour 302,1-77,0-4,9; (3) 231-133-20 pour 230,6-133,9-19,5; (4) 233-135-16 pour 235,4-130,5-18,1. On voit que dans tous les cas, la concordance est très remarquable. La race des *trolleurs français* est donc assimilable à une population panmictique pour tous les facteurs pris en considération dans cette étude.

#### UN EFFET APPARENT DU RANG DE NAISSANCE SUR L'INCIDENCE D'UN CARACTÈRE QUALITATIF DANS L'ANALYSE DE DONNÉES FAMILIALES

J.-M. GOUX. — *Laboratoire de Génétique, École nationale supérieure agronomique, 35-Rennes.*

Dans les études familiales de caractères qualitatifs, les données sont souvent obtenues par recensement des individus manifestant le caractère. On dispose donc d'une statistique des familles dont au moins un enfant est du type recherché. Par ce mode d'échantillonnage, il n'est pas possible de détecter toutes les familles dont les parents, sans manifester le caractère, sont capables de le transmettre. On n'atteindra pas celles dont aucun enfant ne présente le caractère sous le simple effet du hasard. Pour une dimension  $n$  déterminée des familles, et si la probabilité  $p$  d'apparition du caractère chez un enfant est la même dans toutes les familles étudiées, le nombre d'enfants qui le manifestent est distribué en loi binômiale tronquée. L'importance relative de la classe non-détectée varie en fonction inverse de la dimension de la famille. La probabilité de cette classe est  $P_0 = (1 - p)^n$  et si  $n$  augmente,  $P_0$  diminue. En étudiant l'incidence du caractère en fonction du rang de naissance sur de telles données familiales, on constate que le biais ci-dessus, s'il n'est pas pris en considération, entraîne un effet apparent du rang de naissance sur l'incidence du caractère. En effet, la contribution de chaque dimension de famille n'est pas la même aux divers rangs, ce qui entraîne une diminution de l'incidence du caractère lorsque le rang de naissance augmente. Cette diminution est évidemment dépourvue de signification biologique.

Nous avons observé un tel biais dans une statistique familiale relative à la luxation congénitale de la hanche dans une population humaine. Pour cette affection, la situation est encore compliquée du fait que la probabilité d'atteinte n'est pas la même dans les deux sexes, par suite d'une différence de pénétrance. Il faut alors faire appel à un modèle multinomial tronqué. La prise en compte du biais d'échantillonnage fait disparaître l'effet apparent du rang.

#### NON LINÉARITÉ DE LA RELATION ENTRE MORTALITÉ PÉRINATALE ET CONSANGUINITÉ DANS LA POPULATION FRANÇAISE

F. REYNES. — *Laboratoire de Génétique, E.N.S.A., 35-Rennes.*

L'objectif initial de la recherche était de répondre à la question : « les équilibres génétiques des populations humaines résultent-ils principalement des mécanismes mutationnel ou ségrégationnel? ». A travers des raisonnements très dispersés, on constate le recours à un même procédé de mesure basé sur l'effet de la consanguinité. Jusqu'à présent, les essais de mesure de l'effet de la consanguinité sur le « fardeau génétique » d'une population ont consisté à comparer un groupe de couples consanguins à l'ensemble de la population dont ils faisaient partie, en admettant en particulier l'hypothèse d'additivité des effets des divers loci portant des gènes défavorables. Par des techniques démographiques spécifiques, nous avons pu montrer que la mortalité périnatale — somme de la mortinatalité et de la mortalité infantile endogène — n'est pas une fonction linéaire de la consanguinité : les hypothèses de base ne sont par conséquent pas valables, notamment celle concernant l'action indépendante des divers loci porteurs de gènes défavorables. Il n'est donc pas possible, sous ces hypothèses simplificatives, d'avoir une indication sur l'importance relative des

deux catégories d'équilibre. La comparaison des coefficients de régression des divers départements et des taux de consanguinité de ces départements montre que ces deux caractéristiques sont étroitement liées, avec un coefficient de corrélation de rang très significatif et négatif, égal à  $-0,76$ . Tout semblerait se passer comme si aux effets élémentaires des divers gènes venait s'ajouter un effet d'inter-action de sens opposé; autrement dit, l'effet défavorable global de plusieurs gènes serait inférieur à la somme des effets défavorables de chacun d'eux. On peut penser qu'une part de la très forte corrélation négative correspond à un autre phénomène biologique : plus une population est endogame, plus les gènes défavorables récessifs peuvent s'exprimer et être soumis à une élimination par sélection. A la longue, les populations les plus endogames sont donc celles qui ont le plus « épuré » leur patrimoine génétique et sont devenues les moins sensibles aux effets de la consanguinité.

### CALCUL DES PARAMÈTRES GÉNÉTIQUES ET ÉTABLISSEMENT D'INDEX DE SÉLECTION SUR PLUSIEURS CARACTÈRES

B. POUJARDIEU, R. ROUVIER, Michelle BRIEND, J.-M. LECLAIRE. — *Station de Génétique quantitative et appliquée, C.N.R.Z., 78-Jouy-en-Josas*

La sélection des animaux domestiques s'opère souvent sur des échantillons composés de familles et de sous-familles, suivant une classification hiérarchisée. L'objet de la sélection est d'abord d'estimer la valeur génétique additive des animaux susceptibles d'être gardés comme reproducteurs. Cette estimation s'effectue classiquement par une fonction linéaire des valeurs phénotypiques individuelles, moyennes de sous-famille et de famille, pour les caractères concernés. Les conditions posées pour cette estimation peuvent avoir trait à la variabilité ou à l'intérêt économique des caractères. Il convient de calculer en premier lieu la matrice des variances et covariances génotypiques et phénotypiques des caractères. Nous avons écrit en Fortran IV, en vue d'une utilisation sur ordinateur IBM 360-50, une séquence de programmes permettant de résoudre ces diverses opérations dans les cas suivants de calcul des matrices des composantes des variances et covariances, des corrélations entre classes, des pourcentages de variance dus à chaque facteur, pour 6 facteurs hiérarchisés et 30 variables au maximum, et des nombres inégaux de données par cellule. Ce programme utilise 50 000 positions de mémoire en unité centrale. Les résultats peuvent être directement repris par un programme de calcul d'index de sélection sur plusieurs caractères. L'index de sélection est un estimateur d'un génotype global défini comme une combinaison linéaire des valeurs génétiques additives des caractères considérés de coefficients donnés. Les situations suivantes sont considérées dans le programme de calcul d'index : sélection massale; sélection combinée sur la valeur individuelle et les moyennes des familles de demi-frères ou de pleins frères, ou bien de demi-frères et de pleins frères (les valeurs individuelles des animaux pour lesquels on calcule l'index sont incluses dans ces moyennes de familles); sélection sur descendance ou sur collatéraux pour des familles de demi-frères ou de pleins frères, sélection sur collatéraux répartis en familles de demi-frères et de pleins frères. Les formules d'index utilisées supposent que les pères, les mères et les enfants ne sont pas consanguins. Les effectifs de familles et sous-familles sont supposés constants et peuvent être fixés par carte contrôle. Ce programme, qui utilise 57 000 positions de mémoire en unité centrale, calcule dans tous les cas les coefficients de l'équation d'index, la variance de l'index, les espérances des progrès génétiques de chacun des caractères et du génotype global. Il peut en outre calculer les valeurs individuelles des index. Pour améliorer la précision des valeurs calculées, nous nous sommes ramenés, par partition, à des inversions de matrices dont l'ordre est au plus égal au nombre de variables considérées dans l'index. La méthode biométrique utilisée pour la décomposition des variances et covariances est décrite par KEMPTHORNE (1957). Les modèles d'estimation de la valeur génétique additive ont été étudiés par ROUVIER (1969).