

de ces croisements ont été saillies par leur père ( $Ab_1$  ou  $Ab_2$ ); les veaux doivent naître en 1969. Ces résultats font penser à un déterminisme monofactoriel autosomal récessif, ce que le résultat des back-cross actuellement en route devrait confirmer. Un examen aussi complet que possible du pedigree de tous les animaux atteints a permis de remonter à un ancêtre issu de l'île de Jersey. Aux États-Unis où pareille anomalie en race *Jersiaise* avait été décrite par MEAD et al. (*J. Hered.*, 1949, **40**, 229-232) on a pu récemment établir que, dans un troupeau où ce défaut se manifeste encore, un des ancêtres était étroitement apparenté à l'ancêtre commun de tous les anormaux observés en Afrique du Sud.

EFFET MATERNEL SUR LA CROISSANCE ASSOCIÉ AU GÈNE LIÉ  
AU SEXE D'EMPLUMEMENT CHEZ LA POULE : DONNÉES COMPLÉMENTAIRES

P. MÉRAT. — *Station centrale de Génétique animale, C.N.R.Z., 78-Jouy-en-Josas*

Nous avons noté précédemment (MÉRAT, 1967, *Ann. Biol. anim. Bioch. Biophys.*, **7**, 183-203), dans trois populations distinctes, un « effet maternel » associé au locus lié au sexe  $K$  (emplumement lent) /  $k$  (emplumement rapide) sur la croissance des enfants, particulièrement des filles, dont les allèles  $K$  et  $k$  sont distribués indépendamment du génotype de la mère. Une différence de poids à 8 semaines, de 30 à 50 grammes suivant la souche, apparaissait, à l'avantage des filles dont la mère avait un emplumement précoce. Un écart du même ordre existait chez les fils, non attribuable au génotype du zygote lui-même.

Sur quatre autres souches, élevées au domaine du Magneraud, nous avons refait la comparaison du poids à 8 semaines des filles de mère  $K^-$  ou  $k^-$ , sur une à trois générations suivant le cas, par une analyse de variance limitée aux familles de même père comportant des mères de l'un et l'autre génotype. Les différences sont de même sens que précédemment. L'avantage pondéral des filles de mères à emplumement précoce est toutefois plus faible, dans l'ensemble, que dans notre première série de données (+ 3 g à + 45 g en moyenne suivant la population). Peut-être ceci est-il en liaison avec le fait qu'il s'agit, pour certaines, de souches sélectionnées plus intensément sur la vitesse de croissance que les premières populations analysées, et dans lesquelles des gènes atténuateurs de l'effet défavorable lié à  $K$  auraient pu être favorisés.

II. — GÉNÉTIQUE MATHÉMATIQUE

CALCUL AUTOMATIQUE DES COEFFICIENTS D'IDENTITÉ,  
DE PARENTÉ ET DE CONSANGUINITÉ

C. CHEVALET. — *Station centrale de Génétique animale, C.N.R.Z., 78-Jouy-en-Josas.*

L'exploitation de l'information considérable réunie dans les dossiers de populations à pedigree, exige le calcul des liens de parenté que l'on peut mesurer à l'aide des coefficients d'identité de GILLOIS (1964, La relation d'identité en génétique, *Thèse Fac. Sci. Paris*) qui généralisent les coefficients de consanguinité et de parenté définis par MALÉCOT (1948, *Les mathématiques de l'hérédité*, Masson, Paris). Le calcul présenté évite la recherche des généalogies et permet de

suivre l'évolution de la population; il repose sur deux méthodes. 1° Une nomenclature générale des situations d'identité : chaque classe de gènes identiques porte un nom; pour un ensemble de gènes on définit les « états d'identité » où chaque gène est décrit par le nom de la classe à laquelle il appartient; une situation d'identité groupe des états d'identité qui ne diffèrent que par les classes de gènes identiques qui interviennent. Dans les calculs une situation d'identité est désignée par un état d'identité qui la représente. 2° L'analyse séquentielle du pedigree : à partir des données, pour chaque individu, de son nom, du nom de son père et du nom de sa mère, le programme construit une suite de pseudo-génération. Chacune est telle que si l'on connaît les coefficients d'identité relatifs à elle, on peut calculer les coefficients d'identité relatifs à tout ensemble de zygotes qui descendent de zygotes de cette pseudo-génération. Une pseudo-génération (G') se déduit de la précédente (G) par introduction d'un fils ou d'une fille de (G) et par exclusion de 0,1 ou 2 parents sans autre enfant. A chaque pas, on construit les situations d'identité qui résultent pour (G') de celles de (G); on calcule leurs probabilités. De celles-ci on peut déduire les coefficients d'identité, de parenté, de consanguinité pour tout ensemble de gènes désigné à l'avance.

Le programme, écrit en langage FORTRAN IV, est d'ores et déjà fonctionnel : un pedigree de taille importante peut être traité par tranches de mille individus. L'exploitation de cette méthode de calcul sur des populations réelles permettra d'entreprendre la mesure de « distances génétiques » entre groupes d'individus apparentés, le calcul des covariances génotypiques dans les cas généraux, en outre, on pourra utiliser l'index de sélection établi par ROUVIER (1969, *Contribution à l'étude des index de sélection sur plusieurs caractères*. Thèse 3<sup>e</sup> cycle, Fac. Sci. Paris).

#### VÉRIFICATION DE LA LOGIQUE INTERNE DE LA THÉORIE DE LA CONTRAINTE PAR DES EXPÉRIENCES ANALOGIQUES

J. CROIZÉ-POURCELET. — *Station centrale de Génétique animale, C.N.R.Z., 78-Jouy-en-Josas.*

Après la Relation d'Identité (GILLOIS M., 1964. *La Relation d'Identité en Génétique*, Thèse Fac. Sci. Paris), GILLOIS introduisit en 1965 la notion de Contrainte (GILLOIS M., 1965. *La Relation de Dépendance en Génétique. Journ. Féd. europ. Zootech. La Haye*). Ce concept, plus subtil que les précédents, permet de traiter de nombreuses questions de génétique des populations, particulièrement celles où intervient l'action des gènes. Il importe cependant, avant d'utiliser largement cette théorie nouvelle, d'en vérifier : 1° la cohérence interne, c'est-à-dire la rigueur logique de sa conduite, et 2° la cohérence externe, qui est la précision avec laquelle elle recouvre la phénoménologie étudiée. Mais, dans l'état actuel de son développement, cette théorie n'est rigoureuse que si des hypothèses, dont la plus restrictive est l'absence de sélection, sont strictement observées. Comme il n'existe pas de population qui les vérifie constamment de façon certaine, il est impossible de tester sa cohérence interne au moyen d'expériences biologiques classiques. Si, en effet, les résultats de telles expériences différaient des prévisions théoriques, on ne pourrait savoir si ces différences sont dues à une erreur logique dans la théorie ou à l'inobservation des hypothèses restrictives par les populations réelles. Pour vérifier la cohérence interne de la théorie, il faut donc réaliser des expériences parfaites à l'aide de populations de zygotes théoriques qui observent rigoureusement les hypothèses fondamentales, et dont les événements aléatoires soient tous déterminés par un processus certainement aléatoire. Si les résultats de telles expériences analogiques ne coïncident pas avec les prévisions théoriques, la preuve d'une erreur logique dans la théorie sera faite; s'ils coïncident au contraire, on pourra admettre que la théorie est juste.

Des expériences analogiques simples avec des pseudo-populations pratiquant l'homogamie génotypique partielle ont montré que la définition même de celle-ci portait une contradiction et