



Modelling beef cattle growth: models evolution and applications

Thierry Hoch, Philippe Pradel, Jacques Agabriel

► To cite this version:

Thierry Hoch, Philippe Pradel, Jacques Agabriel. Modelling beef cattle growth: models evolution and applications. *Productions Animales*, 2004, 17 (4), pp.303-314. hal-02670571

HAL Id: hal-02670571

<https://hal.inrae.fr/hal-02670571>

Submitted on 31 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Modélisation de la croissance de bovins : évolu- tion des modèles et applications

Les outils de recommandations alimentaires et de calcul des rations permettent une conduite optimale des animaux en élevage, notamment des bovins en croissance. Ces outils reposent sur des modèles mathématiques, diversifiés notamment selon les objectifs qui leur sont assignés. Ces modèles sont en évolution constante et intègrent de plus en plus de connaissances des processus biologiques. L'intégration de tels modèles dans des outils nécessite toutefois de confronter les résultats qui en sont issus aux données observées, qui peuvent être issues d'expériences mises en place spécifiquement ou de la bibliographie.

La modélisation des phénomènes biologiques, dans le domaine de l'agriculture et de l'élevage par exemple, a connu un essor considérable ces dernières décennies, de pair avec l'avènement et les progrès des outils informatiques. D'après Pavé (1994), la modélisation mathématique consiste à proposer une représentation dans le système formel des mathématiques d'un objet ou d'un phéno-

mène (en l'occurrence biologique) du monde réel. Les objectifs assignés aux modèles sont multiples. En lien avec des expérimentations, ces modèles peuvent servir à produire de la connaissance, voire à identifier des lacunes dans la prise en compte et la formalisation des processus. Ils peuvent aussi constituer des outils de synthèse ou de prédiction des phénomènes biologiques.

Résumé

Les modèles mathématiques tiennent de nos jours une place importante dans les recherches en biologie. En productions animales, notamment dans le domaine de la croissance des bovins, de nombreux modèles ont été élaborés. Leur degré de complexité et leur niveau d'intégration des connaissances des mécanismes varient notamment en fonction des objectifs qui leur sont assignés. La prise en compte de processus biologiques à des échelles fines, d'où un niveau d'agrégation faible du modèle, peut constituer une source d'incertitude sur la valeur des paramètres employés, et donc nuire au caractère opérationnel d'un modèle.

Cet article classe et décrit dans un premier temps les différents types de modèles de croissance de bovins. Puis un modèle dynamique et mécaniste, que nous avons développé, fait l'objet d'une description détaillée. Ce modèle se veut suffisamment simple pour pouvoir être utilisé pour la prévision de la croissance des animaux en fonction de l'alimentation, tout en intégrant une formalisation mathématique des processus biologiques. Les résultats issus de ce modèle ont été confrontés avec des données expérimentales concernant des génisses Salers. Cette comparaison montre une assez bonne adéquation entre données simulées et expérimentales. Toutefois, pour certaines variables, telles que les lipides et les dépôts adipeux, des améliorations, notamment de la formalisation de nos connaissances, apparaissent nécessaires. L'intégration de tels modèles dans des outils de recommandations alimentaires est également discutée.

Le processus de croissance s'inscrit dans le cadre des régulations nutritionnelles à long terme de l'animal, qualifiées d'homéorhèse (Baumann et Curie 1980). Les régulations d'homéorhèse, modélisées pour le porc par Lovatto et Sauvant (1999), traduisent directement des actions du génome et ont comme finalité la survie de l'espèce. La croissance d'un animal correspond à l'accroissement de sa taille et de son poids, ainsi qu'aux changements de forme et de composition corporelle qui l'accompagnent. Chez les bovins, en conditions sanitaires et alimentaires non limitantes, le poids vif évolue durant la phase post-natale en fonction de l'âge des animaux suivant une courbe de forme sigmoïdale (Robelin 1986).

L'accroissement du poids vif vide (c'est-à-dire poids vif moins contenu digestif) résulte de l'accroissement pondéral des différents

éléments le constituant : tissus (adipeux, musculaire, osseux) et organes, constituants chimiques (eau, lipides, protéines, minéraux). Le développement correspond à l'évolution des tissus et constituants chimiques du corps vide au cours du temps. Il est exprimé souvent de manière relative : développement des tissus adipeux par rapport au développement de l'ensemble de la masse corporelle par exemple. On utilise alors fréquemment la notion d'allométrie, qui exprime ce développement relatif. De manière formelle, l'allométrie se ramène à l'équation générale suivante :

$$Y = aX^b \text{ ou } \ln Y = a + b \ln X \quad (1)$$

où b est appelé coefficient d'allométrie de Y par rapport à X ensemble de référence. On parle d'allométrie minorante lorsque b est inférieur à 1, majorante lorsque b est supérieur à 1, d'isométrie lorsque b est égal à 1.

Le poids de carcasse, exprimé en pourcentage du poids vif vide, s'accroît légèrement entre la naissance et l'âge adulte. A l'opposé, les organes hors carcasse, constitutifs du 5^{ème} quartier diminuent en proportion. Au sein de la carcasse, la croissance du tissu musculaire est très rapide après la naissance, puis stagne. Le squelette diminue constamment en proportion, au cours de la vie post-natale, au contraire du tissu adipeux. L'évolution des constituants chimiques suit celle de la composition tissulaire. Ainsi, la proportion de protéines dans le corps décroît lentement au cours de la vie post-natale, tandis que la proportion de lipides augmente rapidement et constamment. La croissance et le développement dépendent fortement des apports nutritionnels, que ce soit d'un point de vue quantitatif ou qualitatif. Les quantités d'énergie et de protéines fournies à l'animal vont influencer sur sa croissance et sur la composition du croît, de même que la nature de l'énergie ingérée. L'évolution de la composition chimique du gain de poids est en relation directe avec les besoins alimentaires de croissance des animaux. En lien avec les apports nutritionnels, différents itinéraires de croissance peuvent être observés. On parle de croissance continue lorsque l'animal croît de manière régulière, de croissance discontinue lorsqu'il y a alternance de phases de faible et de forte croissance. Dans les régions herbagères, il peut être intéressant que les animaux suivent une croissance discontinue : les phases de faible croissance correspondent en général à l'hiver ; celles de plus forte croissance se déroulent le plus souvent au pâturage en période estivale, pendant laquelle les animaux compensent tout ou partie du retard.

Afin de prévoir les performances de l'animal, différents gains de poids mesurés expérimentalement ont été, dans un premier temps, mis en relation avec le niveau correspondant des apports énergétiques pour construire des abaques (INRA 1971). La grande diversité des types d'animaux, suivant la race et le sexe, et des précocités (c'est-à-dire vitesses avec lesquelles la maturité est atteinte) associées, a amené à concevoir une première génération de modèles, simples, qui répartissent l'énergie ingérée suivant les besoins pour l'entretien et pour le gain de poids (INRA 1978). Ces modèles ont été inté-

grés dans des outils de recommandations permettant de définir des besoins alimentaires en fonction d'objectifs fixés, ou de déterminer les performances de croissance à partir d'une ration alimentaire donnée. L'avancement des connaissances sur les mécanismes biologiques, ainsi que la nécessité d'en réaliser la synthèse, ont abouti à l'élaboration d'une deuxième génération de modèles, dits mécanistes. Ces modèles sont plus intégratifs de nos connaissances et plus appropriés pour incorporer les avancées réalisées dans la formalisation des processus biologiques.

Cet article présente l'évolution des modèles appliqués à la croissance de bovins et propose un modèle dynamique et mécaniste de la croissance, développé récemment.

1 / Les différents types de modèle appliqués à la croissance des bovins

Nous nous intéresserons aux modèles décrivant l'évolution de la composition corporelle des bovins au cours de leur croissance. De ce fait, nous n'aborderons pas les différentes équations relatives à des courbes de croissance pondérale (logistique, Richards...), dont une comparaison a été publiée par Perotto *et al* (1992).

D'après France et Thornley (1984), une typologie des modèles peut être établie en fonction des trois caractéristiques suivantes :

- empirique ou, à l'inverse, mécaniste : un modèle empirique reste descriptif et à un niveau organisationnel donné, tandis qu'un modèle mécaniste vise à comprendre le comportement d'un système à un niveau donné en s'appuyant sur des processus à des niveaux sous-jacents. Un modèle mécaniste pour un niveau peut cependant être empirique par rapport à des processus intervenant à des échelles plus fines ;

- statique ou dynamique : un modèle statique ne contient pas le temps comme variable. Le comportement au cours du temps du système n'est pas pris en compte. En revanche, un modèle dynamique contient explicitement le temps en variable, souvent sous la forme d'équations différentielles par rapport au temps ;

- déterministe ou stochastique : un modèle déterministe réalise des prédictions définies des quantités (telles que le poids vif d'animaux), sans distribution de probabilité associée. Un modèle stochastique contient des éléments aléatoire ou des distributions de probabilité, notamment pour la valeur des paramètres, qui lui permettent de prédire la valeur attendue d'une quantité, mais aussi sa variance.

Nous nous focaliserons dans le cas présent sur les deux premières caractéristiques. En effet, les modèles appliqués à la croissance n'incluent généralement pas d'équations probabilistes et sont de ce fait purement déterministes.

1.1 / Modèles statiques et empiriques pour estimer les besoins

Il s'agit principalement de modèles utilisés dans le cadre de la prévision des besoins alimentaires. A titre d'exemple, le calcul des besoins énergétiques pour la croissance des bovins est principalement fondé sur un modèle de calcul du croît journalier de lipides et de protéines développé par Robelin (1990). Les recommandations alimentaires établies par l'INRA (1988) sont basées sur ce calcul des besoins pour la croissance.

Pour chaque type d'animal, une courbe de croissance pondérale de référence a été ajustée suivant une équation de Gompertz, de la forme suivante :

$$PV = PV_0 \exp(a_1(1 - \exp(-a_2 t))) \quad (2)$$

où PV représente le poids vif des animaux, PV_0 le poids vif à la naissance et t l'âge des animaux ; a_1 et a_2 sont des paramètres ajustés pour différents races et sexes ; a_1 (sans unité) intervient dans l'estimation du poids vif à l'âge adulte ; a_2 (par jour) correspond au taux avec lequel le poids vif tend vers la valeur à l'âge adulte.

La vitesse de croissance instantanée, ou gain de poids vif (GPV, en kg), est calculée en dérivant l'équation précédente par rapport au temps :

$$GPV = dPV/dt = PV a_1 a_2 \exp(-a_2 t) \quad (3)$$

La figure 1 illustre l'évolution du poids vif avec l'équation (2), ainsi que l'estimation du gain de poids vif en un temps t donné.

Le temps apparaît explicitement dans les équations (2) et (3). Cependant, les calculs d'estimation des besoins s'effectuent à t fixé et le temps n'intervient pas dans la formalisation des processus sous-jacents. En ce sens, ce modèle est considéré comme statique.

Ce modèle repose sur le calcul de la composition du gain en lipides et en protéines, ce qui permet de déduire les apports énergétiques et protéiques. En effet, 1 g de lipides (Lip) déposé correspond à 9,37 kcal, 1 g de protéines (Prot) à 5,48 kcal (Robelin et Geay 1976). Après fixation du gain de poids vif, le gain de lipides (GLIP, en kg) est calculé par une équation d'allométrie :

$$GLIP = GLIP_0 GPV^{1,8} \quad (4)$$

Le coefficient d'allométrie par rapport au gain de poids vif est supérieur à 1 (1,8 dans le cas présent), ce qui signifie que le gain est d'autant plus riche en lipides que la croissance est forte.

Le coefficient $GLIP_0$ est variable suivant le type d'animal (race, sexe) et son poids vif. Il est calculé à partir d'équations d'allométrie ajustées à des données expérimentales qui permettent de déduire le poids vif vide des animaux (PVV) en fonction de leur poids vif (PV), puis d'estimer la composition en lipides en fonction de ce PVV :

$$\ln PVV = a_{P0} + a_{P1} \ln PV \quad (5)$$

$$\ln Lip = a_{L0} + a_{L1} \ln PVV + a_{L2} (\ln PVV)^2 \quad (6)$$

La valeur des paramètres (a_{P0} , a_{P1} , a_{L0} , a_{L1} , a_{L2}) des équations d'allométrie est estimée pour diffé-

rents types d'animaux à partir de données expérimentales. La dérivée des équations (5) et (6), ainsi que l'équation de croissance de référence (3), permettent de déduire la valeur de $GLIP_0$.

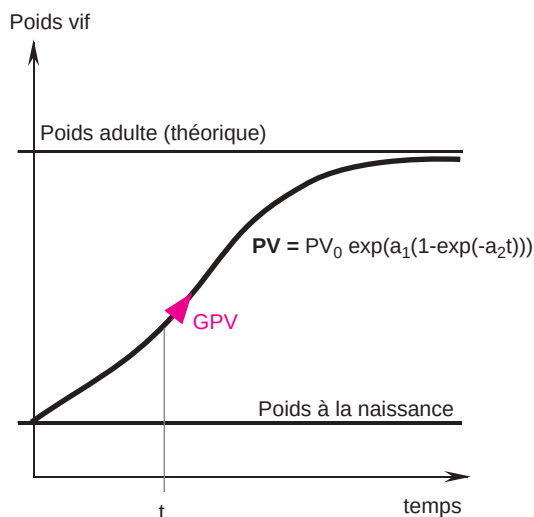
Après calcul de la composition du croît en lipides, la composition en protéines se déduit de la valeur de la masse délipidée (MD), différence entre le PVV et la quantité de lipides. D'après Geay *et al* (1987), on considère en effet, quel que soit le type d'animal :

$$Prot = 0,1436 MD^{1,0723} \quad (7)$$

Les besoins en énergie pour la croissance sont alors calculés à partir de l'énergie du gain sous forme de lipides et de protéines. L'énergie nette d'entretien, fonction du poids vif à la puissance 0,75, s'ajoute à l'énergie fixée dans les tissus pour le calcul des apports énergétiques recommandés (Vermorel *et al* 1987). Les apports azotés recommandés sont également calculés par une méthode analytique additionnant les dépenses d'entretien et celles de production (Geay *et al* 1987). Ces estimations des besoins se sont avérées relativement robustes et ont été intégrées dans des logiciels de calcul de rationnement des bovins en croissance, notamment INRation (1999). Grâce à ce même logiciel, il est possible d'estimer la croissance (le GMQ ou gain moyen quotidien) d'un animal à partir d'une ration donnée. Il est alors procédé au calcul inverse de celui précédemment décrit pour l'estimation des besoins à partir du gain. La quantité de lipides et de protéines dans le gain est mise en correspondance avec les apports, jusqu'à obtention d'une correspondance satisfaisante. Un calcul itératif est réalisé et s'arrête lorsque la différence entre les besoins de l'animal et les apports sont inférieurs à 0,005 UF (Unité Fourragère : valeur énergétique de l'aliment rapportée à celle de l'orge de référence).

Ce modèle est statique : la composition du gain est dépendante du poids et du gain à un instant t . L'évolution au cours du temps du

Figure 1. Courbes de croissance de référence, ajustée selon le modèle de Gompertz (PV : poids vif). Le modèle utilise le gain de poids vif (GPV) au temps t fixé.



gain et de sa composition selon l'énergie fournie à l'animal n'est pas l'objectif premier et ne pourrait se faire que pas à pas. Il est difficile de simuler des courbes de croissance discontinue, avec notamment des croissances négatives.

Les recommandations alimentaires élaborées dans d'autres pays reposent également sur des équations statiques (AFRC 1993 au Royaume-Uni, NRC 1996 aux Etats-Unis). Ainsi, les recommandations éditées par le National Research Council (NRC 1996) reposent aussi sur le calcul à un instant donné de l'énergie retenue dans le gain (ER, en Mcal/jour). Cette énergie s'exprime comme suit :

$$ER = 0,0635 PVV^{0,75} GPVV^{1,097} \quad (8)$$

où GPVV correspond au gain de PVV (en kg/jour).

Les proportions de protéines et de gras dans le croît sont reliées à cette énergie retenue, de manière positive pour les lipides, négative pour les protéines. Il faut y ajouter l'énergie nette d'entretien pour estimer le besoin énergétique total. Ce modèle prend par ailleurs en compte un effet du niveau d'alimentation passé par une variation de l'énergie nette d'entretien (ENe) selon l'état d'engraissement de l'animal. Cette énergie est d'autant plus élevée que l'animal est gras. La note d'état (*condition score*, CS, qui varie de 1 à 9 dans le système américain) intervient dans le calcul d'un coefficient multiplicateur COMP :

$$COMP = 0,8 + 0,05 (CS - 1) \quad (9)$$

qui varie donc entre 0,8 et 1,2. ENe est le produit d'un terme dépendant du PVV à la puissance 0,75 et de COMP, qui vaut 1 pour une note d'état moyenne (CS=5).

1.2 / Modèles dynamiques et empiriques

Ces modèles sont dynamiques car ils expriment l'évolution de la composition corporelle des animaux au cours du temps, par le biais d'équations différentielles. Ils restent empiriques car ils ne détaillent pas les processus biologiques sous-jacents à l'évolution de cette composition. Keele *et al* (1992) ont développé un modèle de ce type pour des bovins en croissance. L'hypothèse initiale est, comme précédemment, que le gain contient d'autant plus de lipides que le taux de croissance des animaux est élevé. Ce modèle repose principalement sur l'évolution au cours du temps de la masse délipidée. Cette évolution dépend du gain de PVV, de la valeur de MD, ainsi que de l'écart entre cette valeur et une masse délipidée estimée à l'équilibre (MD_{eq}). Cet équilibre théorique est atteint lorsque la composition corporelle des animaux ne varie plus, à PVV constant. L'équation qui gouverne l'évolution de MD est la suivante :

$$dMD/dt = k(t) (MD/PVV) (dPVV/dt) + \alpha (MD_{eq} - MD) \quad (10)$$

dans laquelle α est une constante et $k(t)$ une fonction. Cette fonction représente le rapport du taux de croissance de la MD sur celui du PVV, si la MD atteignait MD_{eq}. Les lipides sont obtenus par différence entre le PVV et la MD.

Par ailleurs, le modèle considère qu'à la suite d'un changement d'alimentation, les

effets ne sont pas immédiats. Il est tenu compte d'un délai avant que l'influence de ce changement sur le gain et sa composition ne se manifeste totalement. Par la suite, ce modèle a été complété par un autre décrivant la composition du PVV et son évolution pour un bovin à maturité (Williams et Jenkins 1997).

Ces modèles permettent donc de simuler l'évolution de variables d'intérêt zootechnique au cours du temps, et ce pour différents types de croissance, continue ou discontinue. Cependant, leur caractère empirique, par rapport aux processus biologiques de la croissance, est un frein à leur évolution et à la prise en compte de l'avancée des connaissances sur les mécanismes.

1.3 / Modèles dynamiques et mécanistes

Ces modèles détaillent les variables et les processus de la croissance, au lieu de les considérer dans leur globalité. Schmidely (1996), puis Gerrits et Dijkstra (2000), ont publié des revues bibliographiques de ces modèles mécanistes de la croissance. D'après les derniers auteurs, on peut distinguer les modèles qui incluent une répartition a priori de l'énergie et une priorité dans son utilisation, de ceux qui considèrent un pilotage de la répartition de l'énergie par l'intermédiaire de pools de métabolites.

Dans la première catégorie, de nombreux modèles, dans la lignée de celui développé par Oltjen *et al* (1986), considèrent que l'énergie ingérée est destinée selon une priorité décroissante, aux dépenses d'entretien, à l'accrétion protéique puis à l'accrétion lipidique. Ces accrétions résultent des différences instantanées entre les processus de synthèse et de dégradation. Dans ce modèle, le maximum de la synthèse protéique est déterminé par la quantité d'ADN dans le corps. En l'absence de limitation par l'alimentation, l'évolution de la quantité d'ADN suit une équation de type monomoléculaire et augmente avec le temps. Mais cette augmentation décroît linéairement avec la quantité d'ADN présente et celle-ci est limitée par une valeur seuil. L'évolution des quantités d'ADN, ainsi que la synthèse et la dégradation protéiques dépendent des apports nutritionnels. Cette dépendance permet de prendre en compte des situations de restriction alimentaire, à la suite desquelles l'animal ré-alimenté va compenser son retard et tendre vers son potentiel maximal de croissance. La représentation des réactions métaboliques est cependant limitée.

Dans la seconde catégorie de modèles, France *et al* (1987), parmi d'autres, privilégient une approche plus métabolique et considèrent que la répartition des nutriments entre les compartiments du corps dépend essentiellement des concentrations du substrat. Les processus biologiques de synthèse sont le plus souvent représentés par le biais de cinétiques enzymatiques. Des pools de métabolites sanguins servent à représenter la répartition des nutriments vers les compartiments d'accumulation. Ainsi, ces auteurs

prennent en compte trois variables d'état pour les métabolites sanguins (C_2 ou équivalents Acétyl-CoA, C_6 ou équivalents glucose, et acides aminés) et trois variables pour la composition corporelle (protéines, lipides, cendres). Les priorités dans l'utilisation des métabolites dépendent des valeurs relatives des constantes d'affinité des compartiments d'accumulation pour les différents substrats. Ces modèles décrivent en règle générale à une échelle fine le métabolisme et les processus liés à la croissance qui pilotent la répartition des nutriments. A cette échelle fine de description des processus est souvent associée un pas de temps et une durée de simulation courts. Ainsi, chez l'agneau en croissance, Gill *et al* (1989) ont étudié le métabolisme protéique par des simulations de 24 h. Ce niveau d'agrégation faible a cependant en général comme corollaire un fort degré d'incertitude lié à la fixation des valeurs des paramètres. Ces modèles constituent de ce fait avant tout des outils de recherche et leur utilisation dans un cadre opérationnel s'avère difficile.

2 / Un nouveau modèle de croissance, dynamique et mécaniste

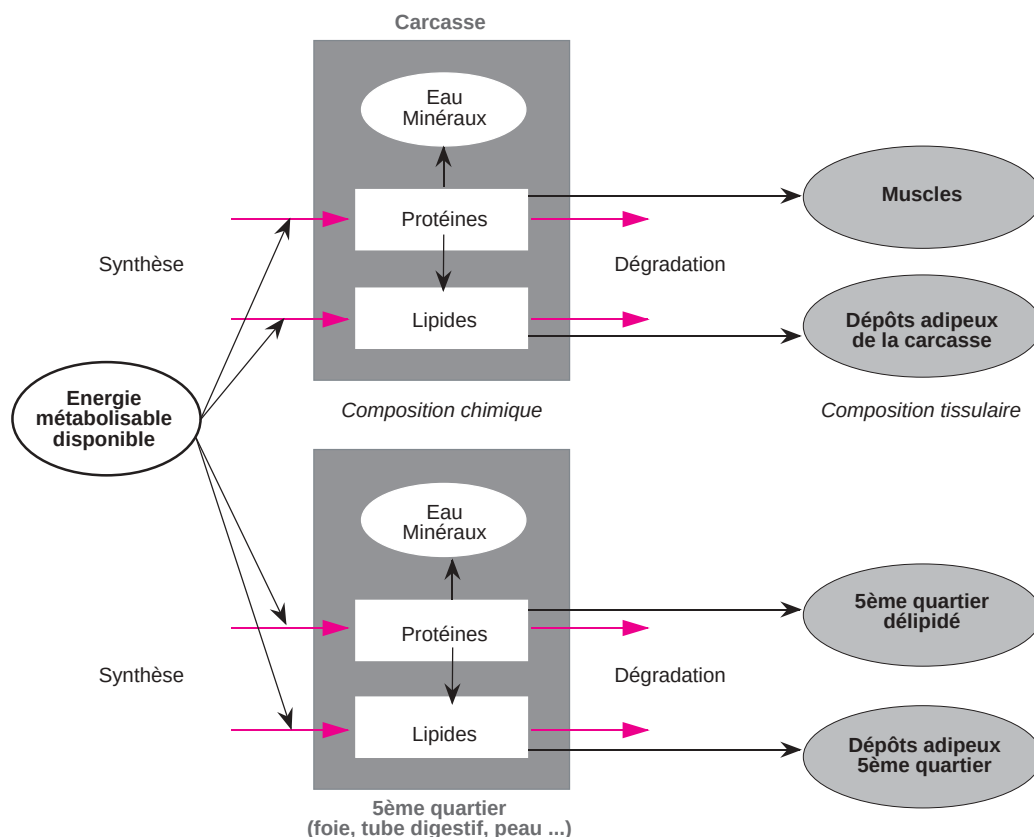
Nous avons assigné comme objectif au modèle que nous avons développé le fait de pouvoir être utilisable pour la prévision des performances de la croissance, en intégrant une formalisation (même fruste) des mécanismes biologiques.

2.1 / Représentation du système (figure 2)

La composition chimique de l'animal est représentée par le biais d'un système à compartiments. Les compartiments considérés sont les protéines et les lipides au sein de la carcasse et du 5^{ème} quartier. Cette distinction provient d'une activité métabolique plus élevée dans le 5^{ème} quartier, notamment dans les viscères, que dans la carcasse (Ortigues et Doreau 1995). Distinguer carcasse et cinquième quartier s'avère également pertinent du point de vue des variables d'intérêt zootechnique que le modèle pourra simuler. L'évolution de chacun de ces quatre compartiments est régie par des flux d'entrée et de sortie correspondant respectivement à des processus de synthèse, sous l'influence de l'énergie métabolisable ingérée, et de dégradation. Ce modèle considère les apports énergétiques sous forme métabolisable tandis que les besoins estimés pour le calcul des recommandations alimentaires de l'INRA (1988) étaient sous forme d'énergie nette. L'objectif d'un modèle mécaniste de croissance est en effet de formaliser les processus de synthèse et de dégradation qui régissent la transformation de l'énergie métabolisable en énergie nette.

Il est important de noter qu'il n'y a pas, dans le modèle, de répartition a priori de l'énergie. L'évolution des différents compartiments dépend de l'affinité différente de ces derniers pour l'énergie métabolisable ingérée.

Figure 2. Représentation schématique du modèle, d'après Forrester (1968) : les rectangles correspondent aux variables d'état. Les ovales sont utilisés pour les variables forçantes et auxiliaires. Les flèches rouges représentent les flux de matière, les flèches noires les flux d'information.



L'énergie métabolisable ingérée pilote l'évolution des différentes variables et constitue la force motrice du modèle.

2.2 / Equations du modèle mathématique

L'évolution des différentes variables d'état, qui représentent les poids associés à chaque compartiment, s'effectue donc suivant les processus de synthèse et de dégradation, d'où l'équation différentielle par rapport au temps : $dX/dt = \text{Synthèse} - \text{Dégradation}$ (11). La formalisation mathématique de ces processus est globalement identique pour les protéines et les lipides. Pour ces deux composants, les équations sont similaires dans la carcasse et le 5^{ème} quartier. Seule la valeur des paramètres différencie les équations relatives aux différentes variables d'état et représente des métabolismes distincts.

Pour les protéines, un métabolisme basal a été formalisé par une fonction dépendant linéairement de la quantité de protéines, appliquée de manière identique à la synthèse et la dégradation, et donc sans effet sur l'évolution des teneurs en protéines : SynMetBase_i ou $\text{DegMetBase}_i = \lambda_i \text{Prot}_i$ (12) où Prot_i : quantité de protéines (kg) ; SynMetBase_i ou DegMetBase_i : synthèse ou dégradation liée au métabolisme basal (kg par jour) ; λ_i : taux de métabolisme protéique basal (par jour). L'indice i correspond, pour l'ensemble des équations, soit à la carcasse ($i=\text{Carc}$), soit au 5^{ème} quartier ($i=5Q$).

A cette fonction a été ajouté pour la synthèse un terme dépendant de l'énergie ingérée par le biais d'une fonction de Michaelis-Menten : $\text{Synthèse}_i = \text{SynMax}_i (\text{EMI} / (\text{C}_{PM} + \text{EMI})) + \text{SynMetBase}_i$ (13) avec EMI : énergie métabolisable ingérée (MJ/jour) ; SynMax_i : taux de synthèse maximal (par jour), indépendamment du métabolisme basal ; C_{PM} : coefficient de demi-saturation de l'équation de Michaelis-Menten (MJ/jour). C_{PM} est relié linéairement au poids métabolique : $\text{C}_{PM} = k \text{PV}^{0,75}$ (14)

Le taux de synthèse maximal de l'équation (13) est considéré comme variant suivant une fonction de Gompertz, donc dépendant de l'âge physiologique des animaux. Cet âge s'exprime comme le rapport entre la quantité de protéines présentes et la quantité maximale estimée à l'âge adulte. Soit : $\text{SynMax}_i = \alpha_i \text{Prot}_i \ln(\text{Prot}_{i\text{Max}} / \text{Prot}_i)$ (15) avec α_i : taux de synthèse protéique (par jour) ; $\text{Prot}_{i\text{Max}}$: quantité de protéines à maturité (kg).

La formulation de la dégradation protéique, contrairement à la synthèse, ne dépend pas des apports énergétiques. La quantité de protéines dégradée par jour dépend du métabolisme basal, linéairement relié à la quantité de protéines (équation 12), et additionnée à une quantité qui décroît avec l'âge physiologique des individus, suivant une fonction de Gompertz (équation 15).

Pour les lipides, la formalisation mathématique correspond dans ses grandes lignes à celle décrite pour les protéines. Cependant, aucun terme de métabolisme basal n'a été inclus dans le modèle. Par ailleurs, la quantité maximale de lipides, contrairement à la quantité de protéines à maturité, n'a pas été considérée comme un coefficient fixe. Le pourcentage maximal de lipides ($\%Lip_{\text{Max}}$) dans la carcasse ou le cinquième quartier augmente en effet de manière linéaire avec l'âge physiologique des animaux : $\%Lip_{i\text{Max}} = \%Lip_0 + \%Lip_{ic} (\text{Prot} / \text{Prot}_{\text{Max}})$ (16) $\%Lip_0$ et $\%Lip_{ic}$ sont des coefficients définissant la concentration lipidique maximale en fonction de l'âge physiologique.

Le PVV est calculé en ajoutant les quantités de lipides (carcasse et 5^{ème} quartier) à la masse délipidée (MD). Cette dernière se déduit de la quantité de protéines par une relation d'allométrie :

$$\text{MD} = b_0 \text{Prot}^{b_1} \quad (17)$$

MD et quantité de lipides peuvent être calculées distinctement pour la carcasse et le 5^{ème} quartier, ce qui permet d'estimer le poids de carcasse chaude. PV et PVV sont liés par une relation du même type (Robelin et Daenicke 1980) :

$$\text{PV} = c_0 \text{PVV}^{c_1} \quad (18)$$

Cette équation relie de manière empirique le contenu digestif au développement de l'animal et de son appareil digestif.

Afin de simuler la composition tissulaire, nous avons choisi d'estimer le poids de muscle à partir des quantités de protéines dans la carcasse, par une relation d'allométrie de la forme :

$$\text{PMu} = a_{\text{Mu}} (\text{Prot}_{\text{Carc}})^{b_{\text{Mu}}} \quad (19)$$

Robelin et Geay (1978) ont publié une équation reliant la quantité de lipides du corps au poids des dépôts adipeux totaux (DAT). En inversant cette relation, on peut déduire les DAT de la façon suivante :

$$\text{DAT} = a_{\text{DAT}} (\text{Lip})^{b_{\text{DAT}}} \quad (20)$$

Dans le cas où une période de ré-alimentation succède à une phase de restriction, une compensation s'effectue. Parmi les phénomènes invoqués pour expliquer cette croissance compensatrice figurent l'augmentation de l'ingestion, un gain plus riche en protéines et de plus faibles dépenses d'entretien à la fin de la période de restriction. Pour tenir compte de ce dernier processus, le coefficient C_{PM} est inférieur en début de ré-alimentation à ce qu'il serait sans prise en compte du phénomène de compensation. En effet, plus C_{PM} est faible, plus le rendement de l'énergie métabolisable pour la synthèse est fort. Au fur et à mesure que l'on s'éloigne du début de la ré-alimentation, l'effet de la compensation sur C_{PM} et donc sur l'utilisation de l'énergie s'estompe.

De même, il est fréquent d'observer une diminution du PV en début de ré-alimentation, liée à une meilleure digestibilité des aliments. Une diminution du contenu digestif, particulièrement importante en début de ré-alimentation, a par conséquent été incluse dans le modèle pour exprimer l'adaptation à ce nouveau régime.

Le système est donc simulé par un ensemble de quatre équations différentielles

par rapport au temps du type de l'équation (11). Des techniques d'intégration numérique permettent de calculer l'évolution des variables de composition chimique, ainsi que celles de composition tissulaire. Une description plus détaillée du modèle peut être trouvée dans Hoch et Agabriel (2004a). La période de simulation se situe entre le sevrage et l'âge adulte. Le pas de temps utilisé est la journée.

3 / Application du modèle à la croissance de génisses Salers

3.1 / Détermination de la valeur des paramètres

L'application de ce modèle nécessite de fixer la valeur des paramètres. La détermination de la valeur des paramètres afin que le modèle reproduise au mieux les données mesurées, ne s'est pas effectué sur l'ensemble des paramètres du modèle. En se focalisant sur les variables d'état (protéines et lipides), douze paramètres sont nécessaires à la simulation des évolutions, donc trop nombreux pour pouvoir estimer leurs valeurs avec suffisamment de précision. Nous avons donc dans un premier temps décidé de limiter le nombre de paramètres à estimer (Hoch et Agabriel 2004a) et distingué :

- les paramètres dont la valeur peut être déduite de la bibliographie ou d'après expertise : paramètres déterminant les quantités de protéines et de lipides à maturité ;
- ceux dont la valeur est considérée constante suivant le type d'animal, voire également dans la carcasse ou le 5^{ème} quartier. Le taux de dégradation protéique et le coefficient de demi-saturation pour l'utilisation de l'énergie métabolisable ne varie pas suivant la race et le sexe. Les taux de synthèse et de dégradation des lipides sont identiques dans la carcasse et le 5^{ème} quartier quel que soit le type d'animal ;
- ceux dont la valeur doit être estimée pour chaque type d'animal : les taux de synthèse protéique dans la carcasse et le 5^{ème} quartier, qui figurent par ailleurs parmi ceux auxquels le modèle est le plus sensible (Hoch et Agabriel 2004b).

La valeur des deux premiers types de paramètre a été préalablement déterminée et publiée (Hoch et Agabriel 2004a). Le processus d'ajustement concerne donc dans le cas présent les deux paramètres. L'accrétion protéique ou lipidique, mesurable, dépend de la différence entre taux de synthèse et de dégradation et n'est qu'indirectement reliée à la valeur des deux taux maximaux. Cependant, l'utilisation pour l'ajustement de données obtenues en croissance discontinue, ainsi que la comparaison avec des données de synthèse et de dégradation de la littérature, permet de diminuer l'incertitude sur la valeur estimée des taux de synthèse et de dégradation.

Les paramètres des équations d'allométrie permettant de déduire la composition tissulaire de la composition chimique ont été soit déduits de la littérature (Robelin et Geay 1978) pour les dépôts adipeux totaux, soit

estimés pour ce qui concerne le poids des muscles. Nous disposons en effet d'un jeu de données regroupant 124 mâles entiers abattus et dont la composition chimique avait été estimée après abattage.

Le tableau 1 présente l'ensemble des paramètres utilisés dans le modèle et les valeurs associées.

3.2 / Données utilisées

Afin d'ajuster les paramètres du modèle, puis de valider ce dernier, une expérimentation a été mise en place sur le domaine Inra de Marcenat (Cantal). L'objectif premier de cette expérimentation était de pouvoir comparer les compositions, chimique et tissulaire, de génisses Salers alimentées de façon à obtenir une croissance continue ou discontinue. Pendant une période de croissance de deux ans, un lot de génisses (14 animaux, lot D = discontinu) a reçu du foin de qualité moyenne pendant l'hiver et du bon foin (ventilé) en période estivale. Aux génisses de l'autre lot (9 animaux, lot C = continu) était distribuée une ration de bonne qualité tout au long de la période. Les deux lots recevaient notamment le même foin en été, à l'auge. Cette alimentation estivale à l'auge a permis de contrôler en permanence les quantités ingérées et d'en déduire donc l'énergie ingérée par chaque génisse pour chacune des périodes d'alimentation. L'évolution de l'énergie métabolisable ingérée par les animaux des deux lots et les différences ainsi créées sont décrites par la figure 3. Des abattages en série ont permis, en fin de période hivernale (lot D) ou estivale (lots C et D), d'estimer l'évolution des compositions tissulaire et chimique des génisses. Le protocole, les mesures ainsi que les principaux résultats ont été détaillés par Hoch *et al* (2002).

3.3 / Résultats

La détermination de la valeur des paramètres, issue pour l'ajustement d'un calcul numérique, a été effectuée grâce aux données

Figure 3. Evolution de l'énergie métabolisable ingérée par les animaux en croissance continue ou discontinue.

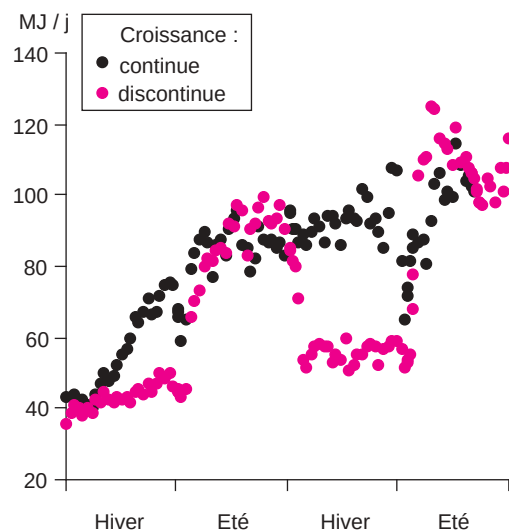


Tableau 1. Symboles, définitions, unités et valeurs des paramètres du modèle développé.

Symbole	Définition	Unité	Valeur
λ_c	Taux de métabolisme protéique basal dans la carcasse	j ⁻¹	0,015
λ_{NC}	Taux de métabolisme protéique basal dans le 5 ^{ème} quartier	j ⁻¹	0,055
$Prot_{cMax}$	Quantité de protéines dans la carcasse de l'animal adulte	kg	80
$Prot_{NCMax}$	Quantité de protéines dans le 5 ^{ème} quartier de l'animal adulte	kg	35
α_c	Taux de synthèse protéique maximal dans la carcasse (sauf métabolisme basal)	j ⁻¹	0,015
α_{NC}	Taux de synthèse protéique maximal dans le 5 ^{ème} quartier (sauf métabolisme basal)	j ⁻¹	0,0335
γ_c	Taux de dégradation protéique maximal dans la carcasse (sauf métabolisme basal)	j ⁻¹	2,5.10 ⁻³
γ_{NC}	Taux de dégradation protéique maximal dans le 5 ^{ème} quartier (sauf métabolisme basal)	j ⁻¹	9.10 ⁻³
$\%_{LIP0}$	Concentration lipidique maximale à l'âge physiologique théorique	%	5
$\%_{LIP0}$	Coefficient d'augmentation de la concentration lipidique maximale avec l'âge physiologique dans la carcasse	%	30
$\%_{LIPCC}$	Coefficient d'augmentation de la concentration lipidique maximale avec l'âge physiologique dans le 5 ^{ème} quartier	%	35
β	Taux de synthèse lipidique	j ⁻¹	0,1
δ	Taux de dégradation lipidique	j ⁻¹	0,025
k	Paramètre reliant le coefficient de demi-saturation de l'équation de Michaelis-Menten au poids métabolique	MJ.kg ^{0,75}	1,5
b_0	Coefficient de l'équation d'allométrie reliant masse délipidée et protéines totales	Sans	6,383
b_1	Exposant de l'équation d'allométrie reliant masse délipidée et protéines totales	Sans	0,923
b_{0C}	Coefficient de l'équation d'allométrie reliant masse délipidée et protéines de la carcasse	Sans	5,653
b_{1C}	Exposant de l'équation d'allométrie reliant masse délipidée et protéines de la carcasse	Sans	0,949
b_{0NC}	Coefficient de l'équation d'allométrie reliant masse délipidée et protéines du 5ème quartier	Sans	6,908
b_{1NC}	Exposant de l'équation d'allométrie reliant masse délipidée et protéines du 5ème quartier	Sans	0,864
a_{Mu}	Coefficient de l'équation d'allométrie reliant poids des muscles et des protéines de la carcasse	Sans	3,532
b_{Mu}	Exposant de l'équation d'allométrie reliant poids des muscles et des protéines de la carcasse	Sans	1,014
a_{DAT}	Coefficient de l'équation d'allométrie reliant dépôts adipeux totaux et lipides totaux	Sans	0,88
b_{DAT}	Exposant de l'équation d'allométrie reliant dépôts adipeux totaux et lipides totaux	Sans	1,008
c_0	Coefficient de l'équation d'allométrie reliant poids vif et poids vif vide	Sans	1,528
c_1	Exposant de l'équation d'allométrie reliant poids vif et poids vif vide	Sans	0,960

du lot en croissance discontinue (lot D). La validation externe du modèle, c'est-à-dire la comparaison avec un jeu de données différent de celui utilisé pour l'ajustement, a été réalisée de manière visuelle à partir d'animaux similaires mais conduits de manière différente, en croissance continue (lot C). En effet, les mesures en croissance discontinue sont plus informatives que les données recueillies en croissance continue, du fait notamment d'un comportement différent des compartiments protéiques et lipidiques de la carcasse et du 5^{ème} quartier en cas de restriction alimentaire et de ré-alimentation. Il nous est apparu plus logique d'utiliser pour l'ajustement les données révélant le plus d'informations afin d'obtenir une estimation de la valeur des paramètres la plus précise possible. Nous présenterons les résultats de cette confrontation entre le modèle et les mesures en commençant par la composition chimique, qui dépend directement des processus biologiques pris en compte dans le modèle. La simulation de la composition tissulaire sera abordée dans un deuxième temps.

Figure 4. Evolution des quantités ajustées et mesurées de protéines et de lipides pour des animaux en croissance continue ou discontinue.

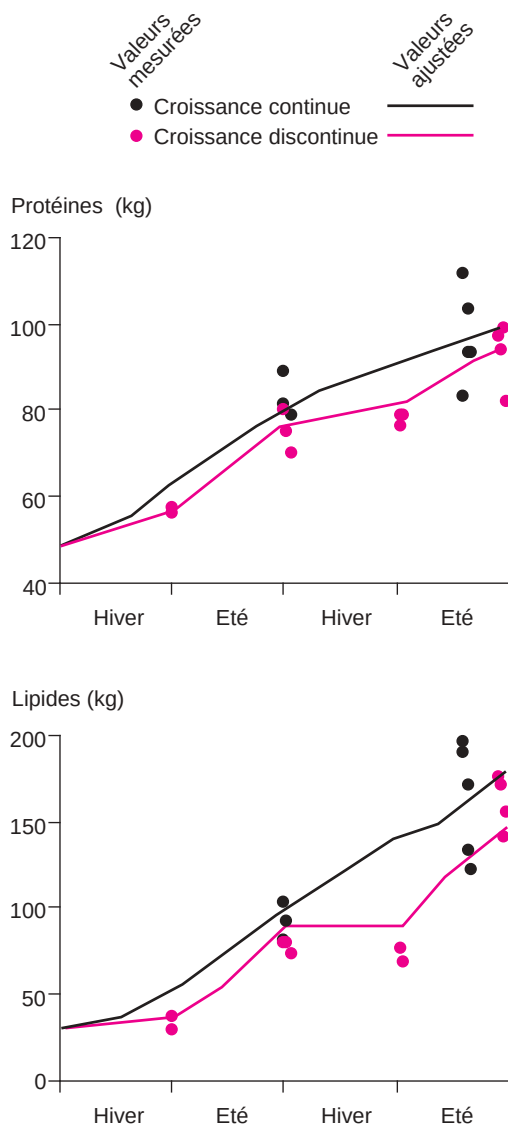
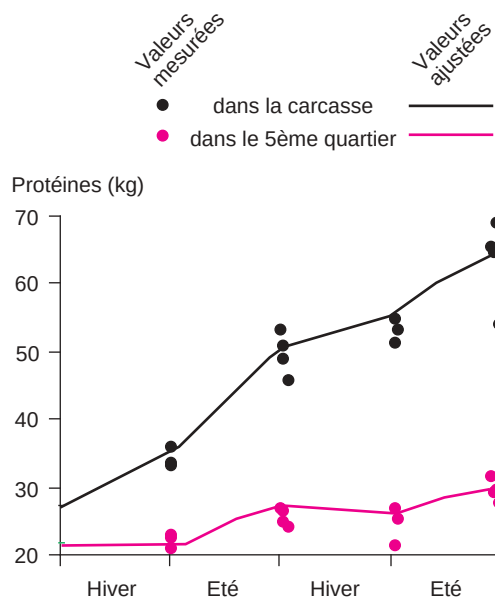


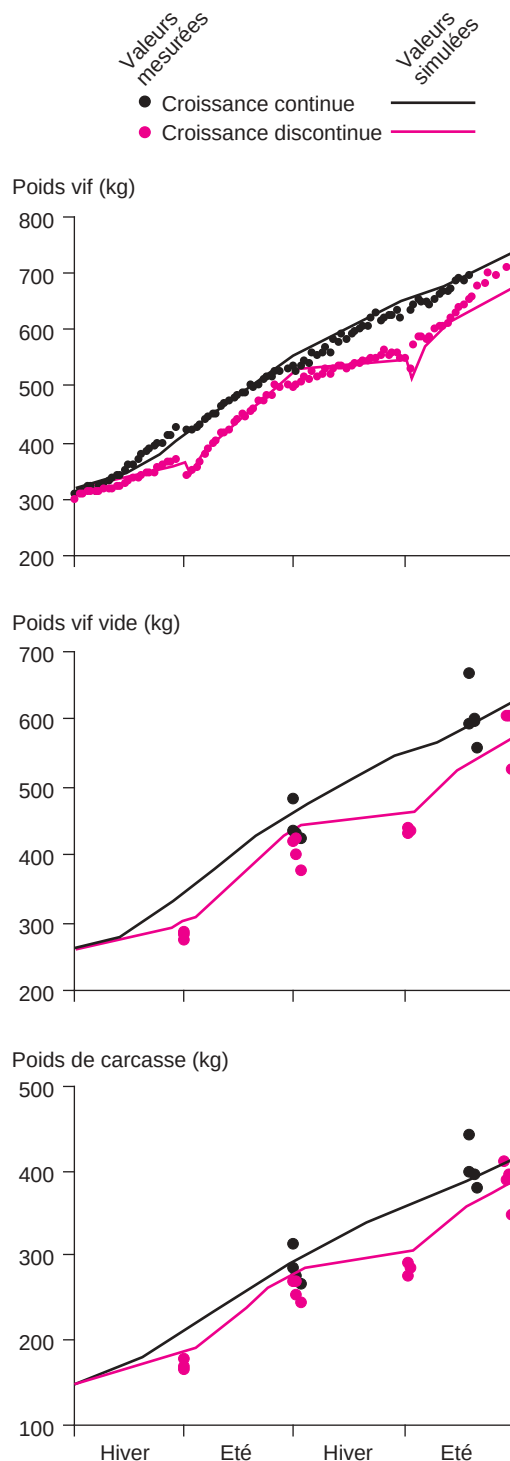
Figure 5. Evolution des quantités ajustées et mesurées des protéines de la carcasse et du 5^{ème} quartier pour des animaux en croissance discontinue.



La figure 4 présente le résultat de ces procédures d'ajustement et de validation pour les variables protéines et lipides. Le résultat global des ajustements et de l'étape de validation est satisfaisant, à savoir que le modèle reproduit les évolutions des variables en fonction des variations des apports alimentaires. Les différences entre modèle et mesures apparaissent toutefois plus importantes pour la simulation des quantités de lipides. Le modèle surestime ces quantités en fin du deuxième hiver, les sous-estime en fin d'expérience pour le lot D. La faible croissance engendrée par la distribution de foin de mauvaise qualité en hiver a des effets plus importants sur les quantités de lipides que sur celles de protéines. Il est à noter que l'évolution des quantités de protéines diffère suivant le compartiment concerné (figure 5). En effet, pour les génisses du lot D, la quantité de protéines dans la carcasse, mesurée ou simulée, augmente légèrement pendant les phases d'alimentation de faible qualité alors qu'elle diminue dans le 5^{ème} quartier.

De l'évolution simulée de la composition chimique, on peut déduire, par les équations d'allométrie précédemment décrites, une estimation du poids vif, mesuré à fréquence hebdomadaire, du poids vif vide et du poids de carcasse chaude (figure 6). Les évolutions de ces poids montrent une alternance de phases de faible croissance et de compensation pour le lot D, quelle que soit la variable considérée. Cette croissance discontinue est correctement reproduite par le modèle, à l'exception de l'évolution du poids vif dans la dernière phase de croissance. Un changement d'alimentation a eu lieu pour les animaux du lot D pendant cette phase, qui a peut-être été mal pris en compte par le modèle. La comparaison avec les données des animaux du lot C s'avère en revanche satisfaisante pour les trois variables.

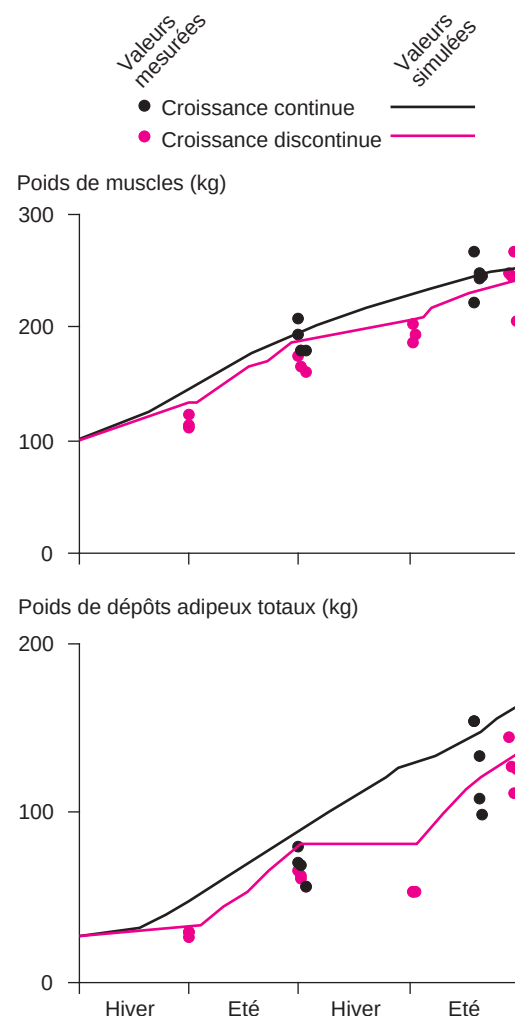
Figure 6. Comparaison des poids vif, poids vif vide et poids de carcasse simulés et mesurés pour des animaux en croissance continue ou discontinue.



Après abattage, une dissection a permis de mesurer le poids des muscles et des dépôts adipeux totaux des génisses Salers. La confrontation et la comparaison visuelle avec la simulation par le modèle (figure 7) montre des résultats assez satisfaisants pour les muscles. Les évolutions pour les deux lots sont logiquement assez semblables à celles du poids de carcasse chaude. En revanche, les DAT apparaissent surestimés par le modèle quel que soit le lot, et quasiment quelle que soit la date de mesures.

INRA Productions Animales, Octobre 2004

Figure 7. Comparaison des poids de muscle et de dépôts adipeux totaux de la carcasse simulés et mesurés pour des animaux en croissance continue ou discontinue.



Discussion

La comparaison générale de ce modèle avec les mesures, à travers les phases d'ajustement puis de validation visuelle du modèle, montrent une bonne adéquation globale entre les données simulées et observées. L'utilisation d'observations en croissance discontinue permet de réduire l'incertitude sur les estimations des paramètres. Les variables d'intérêt zootechnique telles que le poids vif ou le poids de carcasse chaude sont simulées de manière correcte par le modèle. Cependant, il s'avère plus difficile de modéliser et de simuler les variables liées à l'état d'engraissement des animaux. Les quantités de lipides sont plus variables d'un individu à l'autre que celles de protéines et sont moins bien reproduites par le modèle. De plus, ajouter un niveau supplémentaire dans la modélisation, par le biais de l'équation d'allométrie liant les dépôts adipeux totaux aux lipides, accroît les différences entre simulation et observation. Aucune corrélation significative n'a été mise en évidence entre les valeurs individuelles de dépôts adipeux et de lipides totaux et l'énergie ingérée par chaque animal pendant l'ensemble de l'expérimentation. Prendre en compte les variations individuelles d'inges-

tion ne permettra donc pas dans notre cas de réduire les différences entre données simulées et expérimentales. Ces différences, même si elles ne remettent pas en cause le réalisme des résultats simulés, devront sans doute à l'avenir faire l'objet d'une nouvelle formalisation mathématique. Ces différences sont en partie dues à l'utilisation d'équations d'allométrie issues de la littérature, de portée a priori plus générales. L'ajustement et l'utilisation d'équations spécifiques à l'expérimentation mise en place aurait sans doute permis de gommer ces différences. On pourrait cependant s'interroger sur la portée et le caractère global du modèle obtenu. Un tel modèle doit en effet pouvoir s'appliquer à des types d'animaux et des situations variables, en changeant le moins possible la valeur des paramètres.

Ce modèle, bien que s'appuyant sur des mécanismes de la croissance, reste relativement simple. D'une part, même si nous avons distingué carcasse et 5^{ème} quartier, nous ne sommes pas allés plus loin dans la prise en compte des différents organes, tels que le foie et ceux du tractus digestif. D'autre part, le processus de synthèse est sous l'influence des apports en énergie métabolisable ingérée, sans que les principaux métabolites composant cette énergie ne soient considérés dans ce modèle. Cette simplicité découle de notre volonté d'inscrire un tel modèle dans un outil opérationnel de recommandations. Un nombre minimal de variables est nécessaire afin de décrire les processus de manière réaliste, mais les phénomènes ne doivent pas être décrits à une échelle trop fine, pour ne pas augmenter l'incertitude liée à l'estimation des paramètres, voire à la mesure des différentes variables. Toutefois, la nature de la ration, ou tout au moins les apports protéiques, devront être pris en compte à l'avenir dans le modèle. La formalisation mathématique de l'influence de ces apports pourra s'inspirer de Geay (1984), qui a publié une synthèse des données relatives aux relations entre l'azote ingéré et le dépôt protéique.

Nous avons confronté la croissance estimée par le nouveau modèle (dénommé MECSIC, pour modèle MECaniste pour la Simulation de la Croissance) à celle estimée par un logiciel de rationnement de type INRation (INRation 1999). La comparaison s'est faite à énergie ingérée déterminée et constante. Pour des génisses Salers de 350 kg, âgées environ de 12 mois, trois types de croissances ont été comparés : faible, moyenne et forte. La croissance résultante est soit celle lue dans l'écran de solution détaillée d'INRation, soit la croissance moyenne calculée par MECSIC pour la période considérée, 100 jours dans le cas présent. Les deux modèles fournissent des estimations comparables pour des croissances moyennes (tableau 2). Les estimations de crois-

sance par MECSIC sont toujours inférieures à celles d'INRation. Ceci est notable pour les faibles croissances, pour lesquelles MECSIC paraît mieux adapté, et les forts niveaux d'apports énergétiques. La comparaison du nouveau modèle avec un modèle existant ne constitue pas *stricto sensu* une validation et celle-ci doit être poursuivie, notamment pour adapter MECSIC à différents types d'animaux. Par la suite, l'intégration d'un tel modèle dans un logiciel de rationnement de type INRation permettra d'y introduire des concepts dynamiques. En effet, les moteurs de calcul de ces logiciels, c'est-à-dire les modèles sous-tendant les recommandations alimentaires, sont statiques et ne fonctionnent qu'au temps t (jour j). Pouvoir déduire la valeur des variables au jour $j+1$ à partir de celle au jour j nécessiterait d'effectuer des calculs pas à pas, ce qui apparaît peu pratique à mettre en œuvre. De plus, la formalisation mathématique des processus n'a pas été conçue de manière dynamique. Toutefois, les moteurs de calcul existant permettent une estimation robuste des besoins des animaux pour différents types de production, afin de permettre à ces animaux d'exprimer leur potentiel de production. Le modèle présenté ici n'a pas pour vocation première de calculer les besoins des animaux, mais répond plus au concept de loi de réponse multiple tel que décrit par Sauvant (1999). Le modèle vise en effet à l'estimation de la loi de réponse de la composition corporelle aux variations du régime.

Loi de réponse aux régimes et estimation des besoins des animaux s'avèrent complémentaires pour le rationnement des animaux. Modèles statique et dynamique ne doivent donc pas être opposés, mais associés afin d'obtenir des estimations les plus fiables possible dans le cadre du rationnement. Il devrait néanmoins être possible d'estimer, à partir du modèle dynamique présenté, la densité énergétique correspondant à une croissance attendue, en fonction de la capacité d'ingestion d'un animal alimenté à volonté. Ceci nécessite toutefois d'intégrer dans l'outil futur une estimation robuste de la capacité d'ingestion des animaux en croissance, en fonction de leur format et de leur état d'engraissement. Un tel modèle met en évidence certaines lacunes dans la modélisation et ouvre donc des perspectives de recherche intéressantes.

Tableau 2. Comparaison des gains moyens quotidiens (GMQ, en g/j) estimés par les deux modèles pour des génisses Salers de 350 kg.

	Niveau d'énergie de la ration quotidienne (en MJ)		
	36,73	56,51	68,50
GMQ par INRation	0	558	977
GMQ par MECSIC	-100	521	760

Références

AFRC (Agricultural and Food Research Council), 1993. Energy and protein requirements of ruminants. CAB International, Wallingford, UK, 159 p.

Baumann D.E., Currie W.B., 1980. Partitioning of nutrients during pregnancy and lactation: a review of mechanisms involving homeostasis and homeorhesis. *J. Dairy Sci.*, 63, 1514-1529.

Forrester J.W., 1968. Principles of systems. Wright-Allen Press, Cambridge, MA, USA.

France J., Thornley J.H.M., 1984. Mathematical models in agriculture. Butterworth & Co, London, UK, 335 p.

France J., Gill M., Thornley J.H.M., England P., 1987. A model of nutrient utilization and body composition in beef cattle. *Anim. Prod.*, 44, 371-385.

Geay Y., 1984. Energy and protein utilization in growing cattle. *J. Anim. Sci.*, 58, 766-778.

- Geay Y., Micol D., Robelin J., Berge P., Malterre C., 1987. Recommandations alimentaires pour les bovins en croissance et à l'engrais. Bull. Tech. CRZV Theix, INRA, 70, 173-183.
- Gerrits W.J.J., Dijkstra J., 2000. Modelling growth and wool production in ruminants. In: M.K. Theodorou and J. France (eds), Feeding systems and feed evaluation models, 343-361. CAB International, Wallingford, UK.
- Gill M., France J., Summers M., McBride B.W., Milligan L.P., 1989. Mathematical integration of protein metabolism in growing lambs. J. Nutr., 119, 1269-1286.
- Hoch T., Agabriel J., 2004a. A mechanistic dynamic model to estimate beef cattle growth and body composition: 1. Model description. Agricultural Systems, 81, 1-15.
- Hoch T., Agabriel J., 2004b. A mechanistic dynamic model to estimate beef cattle growth and body composition: 2. Model evaluation. Agricultural Systems, 81, 17-35.
- Hoch T., Pradel P., Begon C., Jailler R., Jurie C., Picard B., Listrat A., Cluzel S., Agabriel J., 2002. Influence de la croissance compensatrice sur la composition corporelle et les caractéristiques musculaires de génisses Salers. Renc. Rech. Ruminants, 9, 259-262.
- INRA (Institut National de la Recherche Agronomique), 1971. La production de viande par les jeunes bovins. In : Journées d'étude sur la production de viande par les jeunes bovins. CRZV Theix, Saint-Genès-Champanelle, 28-30 avril 1970. Editions INRA (SEI), Paris, Etude n°46, 498 p.
- INRA (Institut National de la Recherche Agronomique), 1978. Alimentation des ruminants. Editions INRA, Paris, 621 p.
- INRA (Institut National de la Recherche Agronomique), 1988. Alimentation des bovins, ovins et caprins (R. Jarrige ed.). INRA, Paris, 476 p.
- INRAtion, 1999. INRAtion version 2.7 : Logiciel d'aide au rationnement des ruminants. CNERTA Educagri Editions, Dijon, France, 205 p.
- Keele J.W., Williams C.B., Bennett G.L., 1992. A computer model to predict the effects of level of nutrition on composition of empty body gain in beef cattle: I Theory and development. J. Anim. Sci., 70, 841-857.
- Lovatto P.A., Sauvant D., 1999. Modélisation des régulations du métabolisme des acides aminés chez le porc. Journées Rech. Porcine, 31, 255-259.
- NRC (National Research Council), 1996. Nutrient requirements of beef cattle, 7th revised edition. National Academy Press, Washington, D.C., USA, 242 p.
- Oltjen J.W., Bywater A.C., Baldwin R.L., Garrett W.N., 1986. Development of a dynamic model of beef cattle growth and composition. J. Anim. Sci., 62, 86-97.
- Ortigue I., Doreau M., 1995. Responses of the splanchnic tissues of ruminants to changes in intake: absorption of digestion end products, tissue mass, metabolic activity and implications to whole animal energy metabolism. Ann. Zootech., 44, 321-346.
- Pavé A., 1994. Modélisation en biologie et en écologie. Aléas Editeur, Lyon, France, 559 p.
- Perotto D., Cue R.I., Lee A.J., 1992. Comparison of nonlinear functions for describing the growth curve of three genotypes of dairy cattle. Can. J. Anim. Sci., 72, 773-782.
- Robelin J., 1986. Bases physiologiques de la production de viande : croissance et développement des bovins. In : D. Micol (ed), Production de Viande Bovine, 35-60. Editions INRA, Paris.
- Robelin J., 1990. Modèle de calcul du croît journalier de lipides et de protéines chez les bovins. Reprod. Nutr. Develop., 30, 245.
- Robelin J., Daenicke R., 1980. Variations of net requirements for cattle growth with liveweight, liveweight gain, breed and sex. Ann. Zootech., 29, 99-118.
- Robelin J., Geay Y., 1976. Estimation de la composition des carcasses de jeunes bovins à partir de la composition d'un morceau monocostal prélevé au niveau de la 11ème côte. II Composition chimique de la carcasse. Ann. Zootech., 25, 259-272.
- Robelin J., Geay Y., 1978. Estimation de la composition chimique du corps entier des bovins à partir du poids des dépôts adipeux totaux. Ann. Zootech., 27, 159-167.
- Sauvant D., 1999. Le concept de loi de réponse multiple aux régimes, trait d'union entre les domaines techniques et économiques de l'élevage. Renc. Rech. Ruminants, 6, 11-17.
- Schmidely Ph., 1996. Growth in ruminants: a comparison of some mechanistic models. Ann. Zootech., 45 (Suppl.), 193-214.
- Vermorel M., Coulon J.B., Journet M., 1987. Révision du système des unités fourragères. Bull. Tech. CRZV Theix, INRA, 70, 9-18.
- Williams C.B., Jenkins T.G., 1997. Predicting empty body composition and composition of empty body weight changes in mature cattle. Agricultural Systems, 53, 1-25.

Abstract

Modelling beef cattle growth: models evolution and applications.

Mathematical models play nowadays an important role in research in biology. In the field of animal production, for instance beef cattle growth, many models have been elaborated. Their degree of complexity and their level of integration of knowledge on mechanisms vary according to the objectives they are assigned. Considering biological processes on a fine scale, leading to a low aggregation level of the model, which may generate uncertainty in the value of the parameters, hamper the future applications of a model.

This paper first deals with a classification and a description of the different types of beef cattle growth models. A dynamic and mechanistic model we have

developed is then described. This model attempts to be simple enough in order to be used for the prediction of animal growth as a response to feeding, yet integrating a mathematical formalization of biological processes. Results from this model have been tested against experimental data on Salers heifers. This comparison shows globally a good agreement between simulated and observed data. However, for some variables, like lipids and adipose tissues, the model needs to be improved, for instance in the formalization of our knowledge. The integration of such models in feed allowances tools is also discussed.

HOCH T., PRADEL P., AGABRIEL J., 2004. Modélisation de la croissance de bovins : évolution des modèles et applications. INRA Prod. Anim., 17, 303-314.