Premiers résultats de caractérisation de la base de sélection du bovin Brahman de Martinique et Guyane

Michel Naves, Claudine Vertueux, Olivier Letellier

▶ **To cite this version:**

Michel Naves, Claudine Vertueux, Olivier Letellier. Premiers résultats de caractérisation de la base de sélection du bovin Brahman de Martinique et Guyane. 9ème Journée Technique AMADEPA, 2012, Schoelcher (Martinique), France. pp.3. hal-02804362

HAL Id: hal-02804362
https://hal.inrae.fr/hal-02804362

Submitted on 5 Jun 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.

Premiers résultats de caractérisation de la base de sélection du bovin Brahman de Martinique et Guyane

Michel Naves[1], Claudine Vertueux[2], Olivier Letellier[3]

[1] INRA, UR143, Unité de Recherches Zootechniques, 97170 Petit-Bourg,

email : michel.naves@antilles.inra.fr

[2] EDE, Chambre d'Agriculture de la Martinique, Place d'Armes, 97286 Le Lamentin

[3] EDE, Chambre d'Agriculture de la Guyane, 8 Avenue du Général de Gaulle, 97333 Cayenne

Résumé : La race Brahman représente la base de la production de viande bovine en Martinique et en Guyane. Un programme génétique a été défini dans chaque département, dans lequel le Brahman représente la souche maternelle pour des croisements. L'INRA et les EDE apportent un appui technique et scientifique à ces programmes. Le but de cette communication est de présenter un état des lieux des données disponibles sur la base de sélection de l'UEBB en Martinique et Guyane. D'une part, nous avons réalisé des analyses de marqueurs génétiques sur des reproducteurs de la base de sélection Brahman en Martinique. Ces résultats nous informent sur la structuration génétique du Brahman dans la région. Il est très caractéristique du Brahman Américain dont il tire ses origines, et présente une diversité génétique aussi élevée que son cousin US, et des traces extrêmement réduites de métissage. Même si la base de sélection est d'effectif limité, son taux de consanguinité est assez faible, grâce à des introductions diversifiées. Par ailleurs, la base de données du contrôle de performances comporte déjà de nombreuses informations, avec près de 3000 veaux avec des performances pré sevrage, et 650 post sevrage, enregistrées en Martinique depuis 2005 et Guyane depuis 2000 environ. Ces données permettent d'avoir une première description des performances mesurées en ferme dans ces deux départements.

Introduction

La race Brahman représente la base de la production de viande bovine en Martinique et en Guyane, avec un effectif de 11000 têtes environ. Cette race, sélectionnée aux Etats Unis à partir de différentes races de zébus indiens, est bien adaptée à l'élevage en milieu tropical. De caractère vif, elle est très maternelle et montre de très bonnes performances d'allaitement dans des systèmes de « ranching », comme ceux pratiqués en Martinique et Guyane.

Un programme génétique a été défini par les organisations professionnelles de chaque département, dans lequel le Brahman représente la souche maternelle pour des croisements avec des races à viande spécialisées. L'INRA et les EDE de Martinique et Guyane apportent un appui technique et scientifique à la réalisation de ces programmes génétiques, notamment dans le cadre des contrôles de performances (Naves *et al.*, 2009). Le but de cette communication est de présenter un état des lieux et une première analyse des données disponibles sur la base de sélection de l'UEBB en Martinique et Guyane.

D'une part, nous avons réalisé des études de marqueurs génétiques sur des animaux de la base de sélection Brahman en Martinique, afin de vérifier la structuration génétique du Brahman

dans cette région. Par ailleurs, la base de données du contrôle de performances officiel enregistrée dans le Système d'Information Génétique comporte de nombreuses informations, enregistrées en Martinique depuis 2005 et Guyane depuis 2000 environ. Ces données permettent d'avoir une première description des performances mesurées en ferme.

Matériels et méthodes

Cette étude a été réalisée en collaboration avec le laboratoire LABOGENA à l'INRA Jouy en Josas, qui a réalisé les analyses de marqueurs génétiques, avec le Département de Génétique de l'Institut de l'Elevage, qui développe les outils de contrôles de performances, avec l'Union des Eleveurs de Bovin Brahman (UEBB), qui assure l'animation de la base de sélection de la race Brahman et avec les organisations professionnelles intervenant dans la production de viande bovine en Martinique et Guyane (CODEM, SCEBOG et AEBG).

Pour l'étude de marqueurs génétiques, des prises de sang ont été réalisées par l'UEBB dans les élevages de la base de sélection en Martinique, sur des reproducteurs représentatifs de la base de sélection (31 individus). Ces prises de sang ont été stockées au Centre de Ressources Biologiques « Production et Santé Animales » à l'INRA –Antilles Guyane, avant leur analyse au laboratoire LABOGENA. Les typages génétiques ont porté sur 16 marqueurs microsatellites utilisés dans le cadre de l'identification génétique et des contrôles de filiation en France (San Cristobal-Gaudy *et al.*, 2000 ; Naves, 2003). Les résultats de ces typages ont été comparés à des données obtenues antérieurement sur des races bovines des DOM (Créole de Guadeloupe ; Moka de La Réunion), races françaises (Charolais, Blond d'Aquitaine et Limousin) et américaine (Romosinuano). Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel GENETIX, afin de décrire la diversité génétique au sein de la population Brahman : nombre moyens d'allèle par locus, hétérozygotie observée et théorique, indice de fixation de Wright (Fis). Une analyse factorielle des correspondances (AFC) a également été réalisée de manière à situer le Brahman par rapport aux autres populations.

En ce qui concerne les performances en ferme, les données proviennent du Système d'Information Génétique, géré au CTIG à Jouy-en-Josas. Une « Base de Données Indexation Recherche » (BDIR) regroupant les animaux de type « bovin viande » des DOM (BDIR-DOM) a été constituée afin de préparer l'évaluation génétique dans les races allaitantes qui y sont élevées. Cette BDIR-DOM est opérationnelle depuis octobre 2011. Il s'agit d'une BDIR multi raciale, hors races bovines laitières, mais incluant les animaux issus de croisements. Des mises à jour périodiques sont réalisées, permettant d'avoir des données actualisées sur bovins allaitants suivis en contrôle de croissance par les EDE des DOM. Ce bilan a été réalisé en février 2012, sur la dernière extraction disponible, en date du 30/12/2011.

La BDIR-DOM rassemble au total 53990 bovins de Martinique et Guyane, principalement nés depuis 2000 en Guyane et depuis 2005 en Martinique. Au total, 14324 animaux de race Brahman sont répertoriés dans le SIG pour les 2 départements, et 35649 bovins croisés (quelque soit le type de croisement). La Guyane comporte également un cheptel important de

buffles (2085 animaux répertoriés dans le SIG). Les autres races (Blond, Limousin, Charolais en Martinique ; Aubrac et Gascon en Guyane) représentent moins de 5 % des effectifs totaux enregistrés. Parmi cet effectif total, on dispose de performances sur 16823 bovins (31 % de l'effectif total), dont 5499 Brahman (33 %) et 8964 croisés (53 %).

Pour les besoins des analyses statistiques, ont été pris en compte les animaux Brahman ou croisés, nés depuis l'année 2005 incluse, soit 11345 individus avec performances, dont 7019 Brahman (62 %). Ces informations concernent principalement le poids de naissance (PNAI) (92% des veaux), et dans une moindre mesure (20 % des veaux) les poids à 120j (PAT120) et à 210j (PAT210) et les notes de pointage au sevrage (développement musculaire et squelettique – DEVMUS et DEVSQU - et aptitudes fonctionnelles - AFTFPN). Des données de poids à 1 an (P12m) sont également disponibles sur 443 individus. Les analyses statistiques ont été réalisées avec le logiciel SAS, à l'aide de la procédure GLM, où chaque variable étudiée (P) est analysée avec le modèle suivant :

$$P = \mu + AGVEL + TG + SEXE + DEPT + PER + CAT + CHEPT + TG*DEPT*PER + \varepsilon$$

Où : AGVEL représente l'âge de la mère à la mise bas (15 niveaux : 2 ans à 16 ans et +)
(uniquement pour les variables avant sevrage ; pas pour P12m)
TG représente l'effet du type génétique (2 niveaux : Brahman ; croisé)
SEXE représente le sexe du veau (2 modalités : mâle ; femelle)
DEPT représente le département de naissance (2 modalités : Martinique et Guyane)
PER représente la période de naissance dans l'année
(pour la variable PNAI : le mois ; pour les autres variables : le trimestre)
CAT représente la catégorie d'élevage (2 modalités : adhérents ou non à l'UEBB)
CHEPT représente le cheptel de naissance (intra département et catégorie d'élevage)

L'interaction TG*DEPT*PER a été introduite pour tenir compte de différences d'effets saisonniers suivant le département et le type génétique des animaux.

L'état du veau au moment du pointage (non sevré, juste sevré ou sevré) a également pris en compte pour les notes de conformation (DEVMUS, DEVSQU, AFTFPN).

Résultats

Structuration génétique de la population Brahman de Martinique.

Le tableau 1 présente la synthèse des résultats des analyses de marqueurs génétiques. Comparativement aux autres races, le Brahman présente une plus faible diversité génétique (mesurée par le nombre moyen d'allèles, 4,69 et le taux d'hétérozygotie, 0,60). Cependant, l'indice de fixation de signe négatif (Fis = - 0,012) traduit une variabilité importante, et l'absence de consanguinité. A titre de comparaison, la variabilité est aussi importante que chez la race Créole (Fis = - 0,017), qui se caractérise par la diversité la plus élevée parmi les races étudiées (7.7 allèles, He = 0,76). Les races Moka, zébu local de la Réunion, et Romosinuano, race taurine de Colombie, présentent quant à elles une consanguinité plus élevée (Fis= 5,7 % et 3 %), alors que leur diversité génétique apparait plus importante.

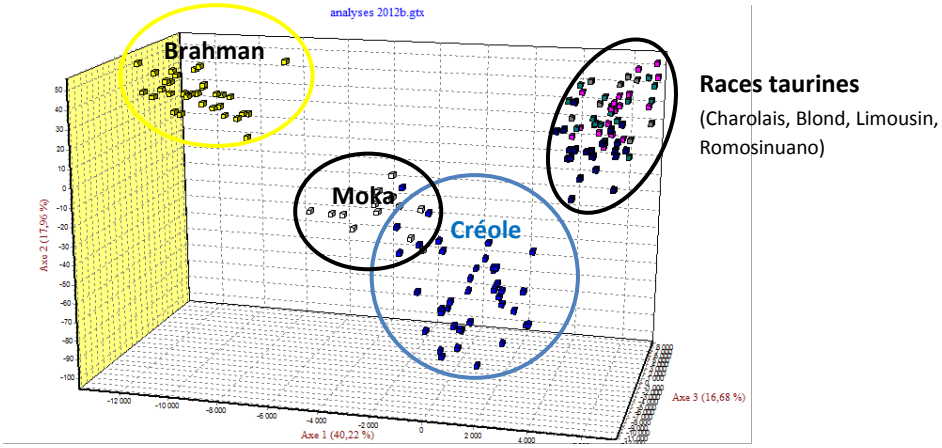
Tableau 1 : Résultats des analyses de typages moléculaires

Race	N	Nb allèles	He (ET)	Fis (ET)
Brahman	**31**	**4,69**	**0,60 (0,21)**	**-0,012 (0,024)**
Créole	39	7,69	0,76 (0,07)	-0,017 (0,031)
Moka	12	5,13	0,73 (0,09)	0,057 (0,064)
Charolais	15	5,38	0,69 (0,14)	0,002 (0,028)
Blonde d'Aquitaine	18	5,63	0,69 (0,10)	0,024 (0,036)
Limousin	9	5,31	0,76 (0,11)	-0,015 (0,042)
Romosinuano	22	5,56	0,70 (0,07)	0,030 (0,030)

(n=nombre d'échantillons ; He=hétérozygotie non biaisée ; Fis=indice de fixation de Wright ; ET= écart-type)

La figure 1 représente la structuration des races étudiées ; la race Brahman se différencie nettement des races taurines européennes (Charolais, Blond, Limousin) ou américaine (Romosinuano), mais aussi des races zébus Créole de Guadeloupe et Moka de la Réunion.

Figure 1 : Représentation des races suivant les 3 premiers axes d'une AFC sur les allèles



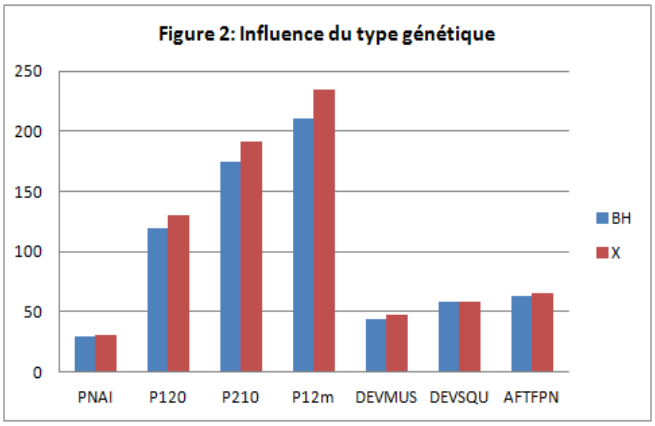
Analyse des performances de croissance :

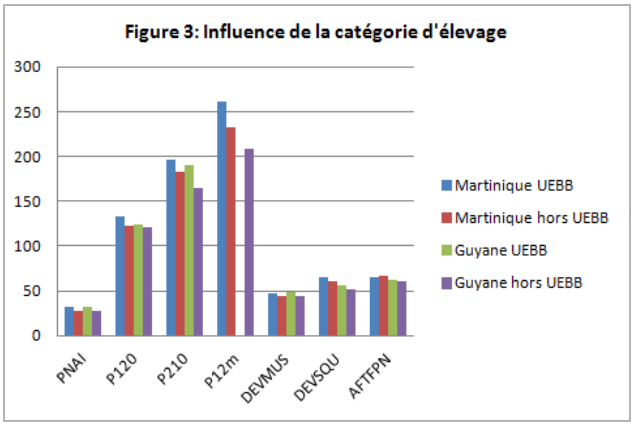
Le tableau 1 donne un résumé des variables analysées.

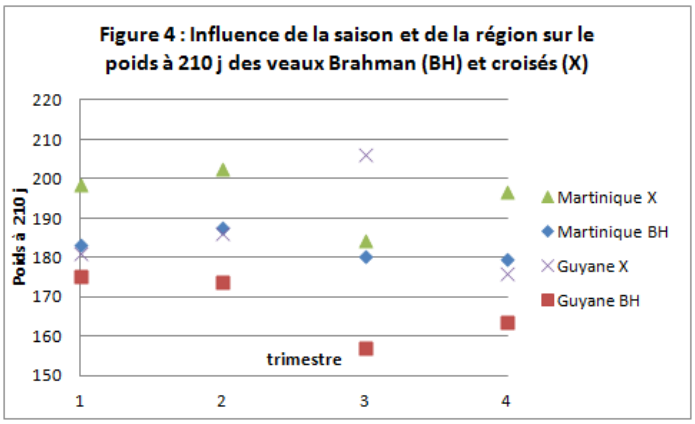
Tableau 1 : Description des variables de contrôles de performances analysées

Variable	Intitulé	Effectif total (dont % Brahman)	Moyenne	Ecart-type
PNAI	Poids Naissance (kg)	10414 (60%)	31.3	4.6
PAT120	Poids à 120j (kg)	2249 (83 %)	129.9	24.5
PAT210	Poids à 210j (kg)	1991 (82 %)	193.4	37.9
DEVMUS	Développement musculaire	2625 (86 %)	47.3	12.7
DEVSQU	Développement squelettique	2625 (86 %)	61.7	11.5
AFTFPN	Aptitudes Fonctionnelles	2625 (86 %)	63.4	7.8
P12m	Poids à 12 mois (kg)	443 (85 %)	241.7	51.9

La figure 2 traduit l'influence du type génétique sur les différentes performances. Les animaux croisés présentent des performances significativement supérieures aux Brahmans, d'environ 10 % sur les poids à 120j (130 kg *vs* 120 kg), 210j (192 *vs* 175) ou 1 an (235 kg *vs* 211 kg) et la note de développement musculaire (48 *vs* 44). La différence est plus faible pour le poids naissance (31 *vs* 30 kg) et les notes de développement squelettique (59 *vs* 58) et d'aptitudes fonctionnelles (65 *vs* 63).







Des différences existent également entre catégorie d'élevages (figure 3) : les éleveurs de la base de sélection UEBB obtiennent de meilleurs résultats que les éleveurs hors base de sélection, avec par exemple pour le poids à 210 j un écart entre catégories d'élevage de 14 kg en Martinique et de 25 kg en Guyane. Les résultats sont également plus favorables en Martinique qu'en Guyane, du fait probablement du climat équatorial.

Les différences entre type génétique varient également suivant la saison de naissance des veaux et le département (figure 4). Ainsi pour le poids à 210j, on ne note pas de différence entre type génétique pour les veaux nés au 3° trimestre en Martinique, c'est-à-dire dont l'allaitement se termine pendant le carême. En revanche, l'écart est plus marqué pour les veaux nés en Guyane à cette même période, qui semble plus favorable pour les croisés.

Discussion et Conclusions

Le cheptel Brahman de Martinique se caractérise par une forte homogénéité génétique. Ces résultats sont corroborés par une étude récente de marqueurs SNP sur un panel plus large de populations (Gautier et Naves, 2011), qui montre que le Brahman de Martinique est très

proche du Brahman Américain dont il tire ses origines ; il présente une diversité génétique aussi élevée que son cousin US et des traces extrêmement réduites de métissage. Même si la base de sélection est d'effectif limité, son taux de consanguinité (estimé par l'indice de fixation Fis) est pour le moment assez faible et peut être maintenu à un niveau acceptable grâce à des introductions diversifiées.

Une base de données importante a pu être constituée sur les performances des bovins Brahman et croisés en Martinique et Guyane. Cette base est régulièrement mise à jour, et les données déjà enregistrées ont permis d'analyser les principaux facteurs de variation des performances. Cependant les résultats obtenus ne constituent que des résultats préliminaires, et les analyses demandent à être menées plus avant, afin de préciser l'influence des différents facteurs identifiés. Notamment, une forte variabilité existe au sein des animaux de type « croisé » et il n'a pas été possible de préciser l'influence des différents types de croisements rencontrés. De même, si de fortes variations saisonnières ont été notées, elles devront être précisées dans les analyses ultérieures.

Par ailleurs, ces données sont encore partielles, et de nombreuses vérifications restent à effectuer. Notamment, des incertitudes subsistent concernant le type racial, du fait de la connaissance encore incomplète des généalogies : la mère est connue seulement pour 24 % des animaux présents dans le SIG, et le père pour seulement 10 %. Cependant ces informations sont de mieux en mieux enregistrées, dans le cadre de la Certification de Parenté des bovins. De plus, les inscriptions dans le Livre Généalogique de la race Brahman permettent de confirmer le type racial des animaux « à dire d'expert ». Ainsi l'origine des animaux est de mieux en mieux connue.

L'incrémentation de la base de données avec des informations de plus en plus fiables devrait permettre une analyse plus approfondie des facteurs de variations des performances, permettant à moyen terme de déboucher sur l'évaluation génétique des animaux de la race Brahman en Martinique et en Guyane.

Références

Gautier M., Naves M., 2011. Footprints of selection in the ancestral admixture of a New World Creole cattle breed. Molecular Ecology, **20**:3128-3143

Naves, 2003 : Caractérisation et gestion d'une population bovine locale de la zone tropicale: Le bovin créole de Guadeloupe. Thèse de l'INA Paris Grignon, 283 pp

Naves M., Leimbacher F., Alexandre G., Jaquot M., Fontaine O., Mandonnet N., 2009. Etat des lieux et perspectives des programmes d'amélioration génétique des ruminants dans les départements d'Outre Mer. 16èmes Rencontres Recherches Ruminants, Paris, France, 2-3 décembre 2009, 283-286, INRA, Institut de l'Elevage, Paris.

San Cristobal-Gaudy M., Renand G., Amigues Y., Boscher M.Y., Levéziel H., Bibé B., 2000. Traçabilité individuelle des viandes bovines à l'aide de marqueurs génétiques. Productions Animales, **13** : 269-276.