



HAL
open science

Caractérisation et gestion d'une population bovine locale de la zone tropicale: le bovin Créole de Guadeloupe

Michel Naves

► To cite this version:

Michel Naves. Caractérisation et gestion d'une population bovine locale de la zone tropicale: le bovin Créole de Guadeloupe. Biologie animale. Institut National Agronomique Paris Grignon, 2003. Français. NNT: . tel-02832443

HAL Id: tel-02832443

<https://hal.inrae.fr/tel-02832443v1>

Submitted on 7 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.



INA Paris-Grignon
Département des Sciences Animales

Ecole Doctorale
ABIES

INRA
Département de Génétique Animale

THÈSE

Présentée par

Michel NAVES

pour obtenir le diplôme de
Docteur de l'Institut National Agronomique Paris-Grignon

**CARACTERISATION ET GESTION D'UNE POPULATION
BOVINE LOCALE DE LA ZONE TROPICALE :
LE BOVIN CREOLE DE GUADELOUPE**

Soutenue le 24 novembre 2003 devant le jury composé de :

Javier Cañon	Professeur, Université de Madrid	Rapporteur
Jean-François Tourrand	Vétérinaire, CIRAD, Brasilia	Rapporteur
Bernard Bibé	Directeur de Recherches, INRA	Examinateur
Max Louis	Professeur, Université Antilles-Guyane	Examinateur
François Ménissier	Directeur de Recherches, INRA	Directeur de thèse
Etienne Verrier	Professeur, INA P-G	Co-directeur de thèse

*A Jean,
Albert et Nuñez
qui nous ont quittés cette année*

*A Frank Luis et Yerandy,
pour qu'ils prennent le relais*

A Maritza, que siempre esta conmigo

A mes parents et ma famille, avec toute mon affection

Remerciements

Cette thèse est avant tout un travail collectif.

D'abord, elle n'aurait pas été possible sans la patience, les efforts soutenus et la persévérance des 1035 veaux et de leurs 248 mères, sans oublier les 50 taureaux qui auront eu à subir mes protocoles depuis juin 1985 au Domaine de Gardel. Parmi eux, notamment je garderai un souvenir ému de la 85506, qui aura parfaitement joué son rôle de bœuf de crèche ; en revanche, je ne regretterai pas la 82538 (celle-là en aura chassé plus d'un de Montplaisir à coups de cornes), ou la 358 et ses sabots pointus. Et puis il y a aussi les quelques 675 bovins des élevages extérieurs, qui se sont demandé ce qu'on pouvait bien leur vouloir pour les toiser, mesurer, jauger, et surtout les 212 qui n'étaient pas au bout de leur peine, quand on a commencé à leur prélever nos 8 tubes de prises de sang. Pendant ce temps leurs maîtres se demandaient aussi ce qu'on allait pouvoir bien faire de tant de sang (« Non, non, pa inkyete'w, sa peke tchouyei !! Pou boudin-la, nou pani asé ! »).

A ce travail, j'associe tout le personnel de Gardel, permanent ou temporaire, qui d'abord m'a accueilli à mon arrivée à Gardel, puis m'a supporté (dans tous les sens du terme) depuis, et m'a appris à apprécier le travail de terrain. Ces derniers temps, ça n'a pas été évident ; mais maintenant que me voici « libéré », je vais enfin pouvoir courir à nouveau après les troupeaux ! Surtout, je remercie les « cowboys » de Gardel, Frédéric, Michel, Bernard, Alain, Roland, et encore un Michel, François, sans oublier Sorel, Khidou, Marcel, Silou, Alagapin, ou encore Etienna, Pierre, Angebert, Nilson, Jean-Luc, Duquesne, Fred, Xavier, et toute l'équipe du Domaine animée par Jérôme, Ode et Rémy

Merci aussi à Chambert Paul Urbain Georges, qui m'a toujours secondé avec enthousiasme, efficacité et technicité.

Ont également participé les techniciens de l'UEPSA et de l'abattoir, à commencer par Pierre, Gérard, Marius, Bructer, et tous ceux qui sont passés à un moment ou à un autre pour les aider, sous la férule successivement de Jeannot, Eric et Jean Louis.

Ces résultats sont aussi ceux des stagiaires que j'ai fait trimer jour et nuit pour les pesées, observations de comportement, comptages de tiques ou dissections : Marianne, Claudine, Karine, Stéphanie, Julie, Arnaud, Philippe, Marco, Jean Luc, Franck, André, Xavier, Yann, Olivier.

Merci encore à Gérard Matheron, Alain Xandé, Gisèle Alexandre, Edouard, les deux Hughes, Marie Josée, Elin, Georges, Suzitte, qui ont su m'accueillir et me soutenir dans mes débuts à l'INRA, ainsi qu'aux agents de l'URZ qui m'ont encouragé tout au long de ces années, Marie-Line, Maguy, Caroline, Mélanie, Arlette, Chantal, Dominique, Eusebio, Olivier, David, Lucien, Michel (un autre). Mes pensées vont aussi à Maryse, pour son aide au secrétariat.

Merci à Gilles Aumont et Harry Archimède, qui ont cru à cette idée saugrenue de démarrer une thèse à 38 ans et m'ont donné les moyens de la réaliser.

Merci encore à Nathalie, Gisèle, Marie Françoise, Jean Louis, Maurice, Alberto de m'avoir aidé à construire le puzzle. Y a pas à dire, le travail en équipe, c'est très enrichissant ! et avec l'URZ, cela vient tout naturellement.

Ces différents travaux ont aussi été l'objet de nombreuses collaborations :

Avec le CIRAD-EMVT, notamment Michel Salas, Nicolas Barré, Jean Charles Maillard, Christian Sheikboudou et Rosalie Aprelon

Avec LABOGENA : Marie-Yvonne Boscher, Guy Noé, Gérard Houllier, Marie-Noelle Rossignol,

Avec le Laboratoire de Génétique Biochimique et Cytogénétique : François Grosclaude, Edmond Cribiu, Hubert Leveziel, Katayoun Moazami-Goudarzi, Cécile Grohs, Valérie Durand

Avec la Station de Génétique Quantitative et Appliquée : Gilles Renand, Denis Laloë,

Ainsi que des collaborations internationales, en particulier avec Marcos Miretti (USP – Brésil), Mario Poli (INTA - Argentine), Alberto Menendez Buxadera (CENCOP - Cuba). Merci également à Javier Cañon (Espagne), Sarah Blott (Grande Bretagne), D. Belemsaga (Burkina Faso), Paul Souvenir (Madagascar), de m'avoir permis d'accéder aux données de marqueurs génétiques sur d'autres populations.

Enfin, cette thèse a également bénéficié de la participation active des techniciens de l'UPRA Créole, de l'EDE, de l'UDGDS, de la SAFER, qui nous ont accompagnés et aidés à comprendre le fonctionnement des élevages, ainsi que des éleveurs de Guadeloupe, à qui, j'espère, ces résultats serviront pour promouvoir une nouvelle dynamique d'amélioration génétique en Guadeloupe

Enfin, je remercie très sincèrement les rapporteurs et membres du jury d'avoir accepté cette dernière étape :

Javier Cañon : d'Espagne en Guadeloupe, voilà renoué les liens avec les premières origines du bovin Créole ; merci pour son regard avisé,

Jean François Tourrand : je connais le périple depuis Brasilia, et je suis d'autant plus flatté de sa participation,

Bernard Bibé : il a suivi depuis le début les travaux menés à l'URZ ; merci de nous avoir conseillés, guidés et poussés dans ces travaux,

Max Louis : merci d'avoir accepté de représenter l'Université Antilles Guyane dans ce jury, et d'apporter un œil neuf à ces travaux menés à l'INRA,

François Ménissier : Merci d'avoir accepté de m'encadrer, malgré la distance et le temps,

Etienne Verrier : après m'avoir accueilli en Martinique en décembre 1983, nous revoici 20 ans après en Guadeloupe, pour l'aboutissement de ce travail.

Après de vous, j'ai beaucoup appris de vos conseils et de vos remarques.

Et mille mercis à mes parents et toute ma famille, qui constamment m'ont encouragé et soutenu, en particulier pour finir la rédaction de cette thèse.

Et puis merci à ceux que j'aurais pu oublier ; j'espère qu'ils se retrouveront aussi dans cette thèse et ne m'en voudront pas de ne pas les avoir cités. Mais ils ont donné aussi une part d'eux-mêmes dans ce travail.

*« Y, por supuesto, mi gratitud a la persona que ha sostenido y soportado, mas que nadie, todo este empeño : » Maritza Suarez Mendoza, mi esposa.
(segun Leonardo Padura Fuentes "Paisaje de Otoño")*

Résumé

L'objectif de cette thèse est d'aborder la description des ressources génétiques bovines locales dans la Caraïbe et l'Amérique Latine et de leurs conditions d'élevage, et les perspectives d'exploitation et de valorisation de ces populations pour la production de viande dans des systèmes d'élevage durables. Le bovin Créole de Guadeloupe est un modèle intéressant dans ce contexte, du fait de ses origines, de ses caractéristiques héritées de l'histoire, des conditions d'élevage dans lesquelles il s'est développé, et de son utilisation dans des systèmes d'élevage diversifiés.

Les travaux menés à l'INRA sur le bovin Créole ont abordé durant ces 20 dernières années différents aspects de sa caractérisation et de son exploitation. L'étude des systèmes d'élevage s'est intéressée à la description des modes de conduite de l'élevage bovin et du fonctionnement des exploitations, jusqu'à la commercialisation et au revenu de l'élevage. Un éclairage particulier a porté sur la place du bovin Créole en fonction de la diversité des systèmes rencontrés et des objectifs des éleveurs.

La population Créole a également été caractérisée par un ensemble de marqueurs de nature différente (polymorphisme biochimique, microsatellites de l'ADN, caryotypes, ADN mitochondrial). Ces informations ont pu être mises en relation avec des observations similaires dans d'autres races, qui ont pu participer au peuplement de la Caraïbe et de l'Amérique. Ces marqueurs révèlent plusieurs caractéristiques intéressantes :

- la population Créole présente une diversité génétique importante,
- elle est en équilibre génétique, et apparaît homogène sur l'ensemble de l'île,
- ses origines sont métisses, et elle combine des caractéristiques de ses races ancestrales de manière originale,
- notamment elle possède des marqueurs spécifiques de bovins ibériques, mais aussi de zébus africains.

Une base de données zootechniques conséquente (près de 1900 enregistrements de reproduction et 1400 veaux nés) a été rassemblée en station expérimentale. Elle permet d'analyser les facteurs de variation et les paramètres génétiques d'un ensemble de caractères qui déterminent la productivité en élevage bovin. La productivité du bovin Créole apparaît élevée pour la zone tropicale, grâce notamment à de bonnes aptitudes de reproduction et d'adaptation aux contraintes du milieu tropical (climat, alimentation à base de fourrages médiocres, parasitisme). Le niveau de croissance se situe dans la gamme de variation des performances enregistrées sur d'autres populations élevées et sélectionnées en zone tropicale. Les paramètres génétiques des aptitudes de croissance ont pu être estimés avec une précision correcte et sont en accord avec ceux observés dans la littérature. Un résultat original concerne la mise en évidence d'interactions génotype x milieu pour la croissance en engraissement en milieu tropical. On a également pu établir l'intérêt respectif de la race locale et des croisements avec une race spécialisée pour la production de viande en zone tropicale.

Le bovin Créole a un rôle à jouer particulièrement important dans la mise en œuvre de plans de développement de l'élevage bovin dans la région. Il s'insère dans les systèmes de production locaux et les objectifs des différentes catégories d'éleveurs, aussi bien en race pure qu'en croisements. La mise en œuvre d'un programme d'amélioration génétique fondé sur la sélection des meilleurs géniteurs de la race bovine locale est possible, à partir des informations collectées dans le cadre de ce travail.

Mots clés : ressources génétiques, diversité génétique, marqueurs génétiques, croissance, reproduction, adaptation, milieu tropical, systèmes d'élevages, productivité, sélection, paramètres génétiques.

Abstract

The purpose of this thesis is firstly to describe the local genetic resources of cattle in the Caribbean and Latin American, their management conditions and prospects for their use and improvement for beef production in sustainable production systems. The local Creole cattle of Guadeloupe is interesting as an model in this context, because of its origins, its traits inherited from the history, the breeding conditions and its use in diverse management systems.

The experimental work conducted by INRA during the last 20 years focused on different aspects of its characterization and breeding. The study of breeding systems aimed to described the breeding practices and management of the local herds, as well as commercialisation and income of farms. A particular focus was made on the importance of Créole cattle according to the diversity of management systems and farmers objectives.

The Créole cattle was characterized by a set of various genetic markers (biochemical polymorphism, DNA microsatellites, mitochondrial DNA, caryotypes). These informations have been compared to similar results in other breeds, among which some could have contributed to the settlement of cattle in the Caribbean and America. These markers revealed interesting characteristics :

- the Créole population present a reach genetic diversity
- it is in genetic equilibrium, and seems homogenous on the whole island
- its origins are mestizes, and its combine characters from its ancestors in an original way
- particularly, its possesse specific markers inherited from iberical taurine and also african humped cattle.

A database on animal production traits as been implemented in an experimental farm (1900 reproduction registers and 1400 calves born). It allowed the analyse of variation factors and genetic parameters of a set of production traits which determine the productivity level in beef cattle breeding. Productivity of Créole cattle seems high for tropical region, partly due to good reproductive abilities and adaptation to tropical constraints (climate, poor roughages, parasitism). Its growth is within the variation scale of performances recorded in other tropical breeds. Genetic parameters of different liveweights during growth haved been estimated with a good precision, and agree with published data in the region.

An original result concerns the evidence of genotype x environment interaction for growth after weaning in the tropical environment. Also were compared some production traits for beef production in the pure local breed and crosses with a specialized beef breed.

The Créole cattle of Guadeloupe seems to have a special place in management improvement programs in the region. It correspond with the local breeding systems and farmers objectives of the different breeding systems, purebred or crossbred. The implementation of a breeding program based on the selection of elite sires from the local breed seems possible, according to the datas analyzed during this work.

Key words : genetic resources, biodiversity, genetic markers, growth, reproduction, adaptation, tropical environnement, management systems, productivity, selection, genetic parameters.

Table des matières

Remerciements	5
Résumé	7
Abstract	8
Table des matières	9
Liste des tableaux	11
Liste des figures	13
Liste des annexes	15
Introduction Générale	17
Première partie : Systèmes d'élevage bovin en Guadeloupe	33
<i>Introduction</i>	35
1. <i>Un élevage omniprésent au sein des exploitations agricoles et sur tout le territoire.</i>	37
2. <i>Des modes de conduite issus du creuset traditionnel, mais des pratiques diversifiées.</i>	39
3. <i>Approche économique des systèmes d'élevage bovin en Guadeloupe.</i>	44
4. <i>Les systèmes d'élevage bovin et leurs principales finalités.</i>	47
5. <i>Encadrement technique et questions de développement.</i>	51
<i>Références bibliographiques</i>	53
Deuxième Partie : Caractérisation génétique de la population bovine Créole de Guadeloupe à l'aide de marqueurs biochimiques et moléculaires	57
Chapitre 1 : Méthodologie d'étude de la population bovine Créole.	61
1.1. <i>Enquêtes de terrain – Echantillonnage de la population.</i>	61
1.2. <i>Fiche individuelle d'enquête.</i>	63
1.3. <i>Prélèvements sanguins.</i>	64
1.4. <i>Caryotypes.</i>	65
1.5. <i>Marqueurs biochimiques</i>	65
1.6. <i>Marqueurs moléculaires.</i>	67
1.7. <i>Traitements statistiques.</i>	69
Chapitre 2 : Analyse de la variabilité génétique au sein de la population bovine Créole de Guadeloupe à l'aide de marqueurs biochimiques.	71
2.1. <i>Introduction.</i>	71
2.2. <i>Matériel et méthodes</i>	71
2.3. <i>Résultats.</i>	75
2.4. <i>Discussion.</i>	79
Chapitre 3 : Etude des relations génétiques entre le bovin Créole de Guadeloupe et différentes races bovines au moyen de marqueurs biochimiques et moléculaires.	83
3.1. <i>Introduction.</i>	83
3.2. <i>Matériel et méthodes.</i>	88
3.3. <i>Résultats et discussion sur l'étude des marqueurs biochimiques.</i>	93
3.4. <i>Résultats et discussion sur l'étude des microsatellites</i>	99
3.5. <i>Conclusion et discussion générale.</i>	110
Chapitre 4 : Autres marqueurs génétiques polymorphes : Lactoprotéines, BoLA Classe 1, Caryotypes, ADN mitochondrial.	113
4.1. <i>Gènes d'intérêt liés à des caractères zootechniques.</i>	113
4.2. <i>Autres marqueurs.</i>	121
Bibliographie Générale de la 2^{ème} Partie.	130

Troisième Partie : Facteurs de variations des aptitudes zootechniques et variabilité génétique des performances des bovins Créoles de Guadeloupe.	141
Chapitre 1 : Méthodologie d'étude des aptitudes zootechniques.	145
1.1. <i>Conduite du troupeau.</i>	145
1.2. <i>Données zootechniques enregistrées.</i>	151
1.3. <i>Analyses statistiques.</i>	153
Chapitre 2 : Variabilité environnementale et génétique des performances zootechniques chez le bovin Créole de Guadeloupe.	155
2.1. <i>Description générale de la croissance.</i>	155
2.2. <i>Croissance en allaitement.</i>	160
2.3. <i>Croissance post-sevrage.</i>	168
2.4. <i>Performances de reproduction.</i>	181
Bibliographie des chapitres 1 et 2 de la 3^{ème} Partie.	192
Chapitre 3 : Adaptation du bovin Créole au pâturage en milieu tropical humide	199
3.1. <i>Introduction.</i>	199
3.2. <i>Conditions générales des essais (ou un élevage de bovins Créoles de référence)</i>	200
3.3. <i>Adaptation aux effets directs du climat tropical humide</i>	201
3.4. <i>Adaptation aux effets indirects du climat tropical humide</i>	213
3.5. <i>Conclusion –Implications en termes d'amélioration génétique</i>	220
<i>Références bibliographiques</i>	221
Chapitre 4 : Croissance et caractéristiques de carcasses de jeunes bovins Créoles et croisés Limousin - Créole en Guadeloupe.	225
Growth and carcass characteristics of Creole and Limousin - Creole crossbred beef cattle in Guadeloupe (FWI).	226
<i>Introduction</i>	226
<i>Materials and methods</i>	227
<i>Results</i>	231
<i>Discussion</i>	237
<i>Conclusions</i>	239
<i>References</i>	239
Synthèse et discussion générale	241
<i>Le bovin Créole de Guadeloupe constitue une ressource originale.</i>	243
<i>Le bovin Créole possède des aptitudes favorables pour l'élevage en zone tropicale</i>	245
<i>Le bovin Créole remplit des fonctions importantes dans les systèmes d'élevage bovins en Guadeloupe, bien qu'il soit décrié.</i>	247
<i>Quelles stratégies d'amélioration génétique promouvoir ?</i>	248

Liste des tableaux

- Tableau 1.1. Répartition des activités d'élevage bovin sur le territoire de la Guadeloupe: proportion (en % du total du département) de la surface agricole utile (SAU), du nombre d'ateliers bovin et du cheptel bovin suivant la région concernée.
- Tableau 1.2. Caractéristiques des systèmes d'élevage bovin vues au travers des études menées à différentes époques et à différentes échelles en Guadeloupe au cours des 20 dernières années.
- Tableau 1.3: Caractérisation technico-économique abrégée des principales conduites d'élevage bovin observées (Diman et al., 2002)
- Tableau 1.4. Typologie fonctionnelle des systèmes d'élevage bovin vues au travers des études menées à différentes époques et à différentes échelles en Guadeloupe au cours des 20 dernières années.
- Tableau 2.1.1 : Distribution géographique du cheptel bovin en Guadeloupe et de l'effectif enquêté dans le cadre du programme 'Prodige'
- Tableau 2.1.2 : Répartition du cheptel enquêté suivant la catégorie d'élevage
- Tableau 2.1.3: Répartition des animaux enquêtés suivant la classe d'âge et le sexe.
- Tableau 2.1.4 : Marqueurs biochimiques étudiés sur le bovin Créole de Guadeloupe
- Tableau 2.1.5 : Marqueurs moléculaires étudiés sur le bovin Créole de Guadeloupe
- Tableau 2.2.1 : Répartition des échantillons étudiés.
- Tableau 2.2.2 : Paramètres descriptifs de la variabilité génétique au sein de la population Créole
- Tableau 2.2.3 : Test de l'équilibre de Hardy Weinberg
- Tableau 2.2.4 : Indices de différenciation génétique au sein de la population Créole de Guadeloupe
- Tableau 2.2.5 : Distribution allélique de la transferrine suivant la région
- Tableau 2.2.6 : Différenciation suivant la région (microsatellites)
- Tableau 2.3.1 : Panels de comparaison
- Tableau 2.3.2 : Fréquences alléliques (%) de quelques allèles spécifiques de races ou groupes raciaux
- Tableau 2.3.3 : Paramètres de différenciation ($\theta = F_{ST}$) et estimation des flux géniques ($N_e m$) entre le bovin Créole de Guadeloupe et différentes populations
- Tableau 2.3.4 : Assignation des individus aux différentes races
- Tableau 2.4.1 : Fréquences alléliques des caséines chez le bovin Créole de Guadeloupe en comparaison à différents groupes raciaux
- Tableau 2.4.2 : Haplotypes des caséines (sur 23 échantillons de lait)
- Tableau 2.4.3 : Fréquences alléliques de la β lactoglobuline chez le bovin Créole de Guadeloupe en comparaison à différents groupes raciaux
- Tableau 2.4.4 : Fréquences géniques de quelques spécificités BoLA internationales rencontrées chez le bovin Créole, en comparaison à d'autres races
- Tableau 2.4.5 : Fréquences géniques de quelques spécificités BoLA africaines rencontrées chez le bovin Créole, en comparaison à d'autres races
- Tableau 2.4.6 : Résultats de caryotypes chez les bovins Créole de Guadeloupe
- Tableau 2.4.7 : Incidence de la translocation 1/29 dans différentes races bovines
- Tableau 2.4.8 : Fréquence de chromosome Y acrocentrique dans différentes races créoles
- Tableau 2.4.9 : Principales études de caractérisation de la séquence de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial dans les populations bovines.
- Tableau 3.1.1. Schéma simplifié de la conduite des troupeaux allaitants à Gardel
- Tableau 3.1.2. Base de données zootechniques du Domaine de Gardel (1981 - 2000)
- Tableau 3.2.1. Distribution des veaux Créoles suivant le mode de conduite.

Tableau 3.2.2. Distribution des veaux suivant le rang de mise bas de la mère.

Tableau 3.2.3. Facteurs de variation de la croissance globale chez le bovin Créole de Guadeloupe

Tableau 3.2.4. : Paramètres génétiques moyens (et erreur-standard) des poids à âge type avant sevrage, entre la naissance et 7 mois.

Tableau 3.2.5. : Corrélations génétiques entre effets génétiques directs (au dessus de la diagonale) et maternels (en dessous de la diagonale) entre le poids vif à la naissance (PN), le poids à âge type à 4 mois (PAT4) et à 7 mois (PAT7).

Tableau 3.2.6. : Paramètres génétiques pour le poids vif au sevrage dans différentes races locales exploitées en région tropicale.

Tableau 3.2.7. Paramètres génétiques pour les poids à âge type après sevrage (sans covariable)

Tableau 3.2.8. Paramètres génétiques pour différents poids à âge type (PAT_i , i en mois) après sevrage (modèle multicaractère) avec ou sans ajustement initial

Tableau 3.2.9. Covariances et corrélations génétiques entre poids à âge type (PAT_i , i en mois) après sevrage (modèle multicaractère) avec ou sans ajustement initial

Tableau 3.2.10. Corrélations génétiques entre poids vif à 15 mois d'âge, estimé dans différents systèmes d'alimentation

Tableau 3.2.11. Paramètres génétiques pour différents poids à âge type (PAT_i , i en mois) dans les systèmes d'alimentation peu intensifs (systèmes de pâturage (SP) et intermédiaire (SM)). (modèles multicaractères avec ajustement à âge et poids initial constants).

Tableau 3.2.12. Statistiques élémentaires des paramètres reproductifs des vaches Créoles du Domaine de Gardel

Tableau 3.2.13. Résultats des analyses de variance sur les variables de reproduction

Tableau 3.2.14. Composantes de la variance et paramètres génétiques (et erreur standard) de quelques paramètres de reproduction chez la vache Créole

Tableau 1 : Dispositif expérimental et effectifs d'animaux

Tableau 2 : Distribution des variables de régulation thermique

Tableau 3 : Distribution des variables de comportement alimentaire

Tableau 4 : Distribution des variables climatiques par saison et par expérimentation

Tableau 5 : Seuils de signification ⁽¹⁾ des effets tranche horaire, type génétique, conduite et période climatique sur les variables de régulation thermique

Tableau 6 : Effet du type génétique sur le comportement alimentaire des bovins, exprimé en minutes pour chaque activité, dans les 2 modes de conduite et au cours de 24 heures, au cours de la période fraîche du nyctémère et au cours de la période chaude du nyctémère.

Tableau 7 : Facteurs de variation des comptages suivant la fréquence des observations

Tableau 8 : Répétabilité (R) et héritabilité (h^2) de la variable $\ln(TMF + 1)$ (TMF : nombre total de tiques mâles et femelles)

Tableau 9 : Sensibilité des bovins des Antilles Françaises aux tiques et aux maladies associées (d'après Barré, 1997)

Tableau 10 : Effectifs du dispositif d'analyse de la résistance aux strongles gastro-intestinaux

Table 1: Growth data set design

Table 2a: Effects of Breed and Sex on Post weaning Growth performances

Table 2b: Effects of Breed and Feeding system on Post weaning Growth performances

Table 3: Empty Live Weight. Data base design and ELW range

Table 4: Variance Analysis for the estimated carcass composition:

Table 5a: Effects of Breed and Sex on Carcass characteristics

Table 5b: Effects of Breed and Feeding system on Carcass characteristics

Table 6a: Dynamics of tissue deposits (g of deposit for a 1 kg ELW gain)

Table 6b: Dynamics of tissue deposits (g of deposit for a 1 kg ELW gain)

Tableau 4.1. Systèmes d'élevage bovin et choix génétiques des éleveurs en Guadeloupe.

Liste des figures

- Figure 1.1. Représentation schématique des travaux réalisés sur les systèmes d'élevage bovin en Guadeloupe au cours des 20 dernières années.
- Figure 1.2. Répartition du cheptel bovin et des exploitations pratiquant l'élevage en Guadeloupe suivant la taille du troupeau (en nombre de têtes)
- Figure 1.3. Carte de Guadeloupe et des régions agricoles décrites
- Figure 1.4. Distribution du cheptel bovin et des exploitations d'élevage à Marie Galante suivant la taille du troupeau (en nombre de têtes)
- Figure 1.5. Distribution du cheptel bovin et des exploitations d'élevage en Sud Basse Terre suivant la taille du troupeau (en nombre de têtes)
- Figure 1.6. Quelques photographies illustrant la place du bovin Créole dans les systèmes d'élevage en Guadeloupe.
- Figure 2.1.1 : Schéma des mensurations collectées dans le cadre de l'enquête sur la population bovine Créole
- Figure 2.2.1. Carte de Guadeloupe et des régions étudiées
- Figure 2.2.2: Classification hiérarchique des 39 bovins Créoles analysés pour les marqueurs microsatellites
- Figure 2.3.1 : Localisation des races étudiées et principales régions à l'origine du peuplement bovin de l'Amérique et de la Caraïbe
- Figure 2.3.2 : Contribution des marqueurs biochimiques à la typologie (36 races ; 12 marqueurs biochimiques)
- Figure 2.3.3: Représentation des races dans le premier plan de l'Analyse Factorielle Multiple sur les fréquences alléliques à 12 systèmes biochimiques
- Figure 2.3.4: Influence des marqueurs biochimiques individuels sur la position du bovin Créole de Guadeloupe dans le premier plan de l'Analyse Factorielle Multiple
- Figure 2.3.5 : Arbre de consensus obtenu à partir du calcul de la distance de corde de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) sur des données biochimiques, et de sa représentation par la méthode Neighbor-Joining sur 500 re-échantillonnages par bootstrap
- Figure 2.3.6 : Contribution des marqueurs microsatellites à la typologie (27 races ; 8 microsatellites)
- Figure 2.3.7: Représentation des races dans le premier plan de l'Analyse Factorielle Multiple sur les fréquences alléliques à 8 microsatellites
- Figure 2.3.8: Influence des marqueurs microsatellites individuels sur la position du bovin Créole de Guadeloupe dans le premier plan de l'Analyse Factorielle Multiple
- Figure 2.3.9 : Représentation dans le premier plan de l'analyse factorielle multiple des allèles (désignés par le codage « marqueur_allèle ») apportant la plus forte contribution à la différenciation entre les races
- Figure 2.3.10 : Arbre de consensus obtenu à partir du calcul de la distance de corde de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) sur microsatellites, et de sa représentation par la méthode Neighbor-Joining sur 500 re-échantillonnages par bootstrap
- Figure 2.4.1. : Fréquences de chromosome Y de type zébu ou taurin dans différentes races Créoles sud américaines.
- Figure 2.4.2 : Séquences consensus caractéristiques de différents groupes raciaux
- Figure 2.4.3 : Schéma d'organisation des haplotypes T, T1, T2 et T3 selon Troy et al. (2001) et AA selon Miretti et al. (2002b)
- Figure 3.1.1. Localisation du Domaine de Gardel (★) en Grande Terre (Guadeloupe)
- Figure 3.1.2. Variations climatiques mensuelles au Domaine de Gardel (1981-2000)
- Figure 3.2.1. Données de croissance disponibles
- Figure 3.2.2. : Courbe de croissance moyenne chez le bovin Créole de Guadeloupe, suivant le mode de conduite en engraissement.

- Figure 3.2.3. : Comparaison de la courbe de croissance de taurillons Créole de Guadeloupe (CRG) élevés au pâturage (pat) ou en engraissement intensif (int), avec différentes races bovines élevées en Amérique tropicale
- Figure 3.2.4 : Influence du sexe sur l'évolution du poids vif de veaux Créoles en allaitement
- Figure 3.2.5 : Influence du rang de mise bas de la mère sur le poids vif à la naissance (PN), et les poids à âge type à 4 mois (PAT4) et à 7 mois (PAT7)
- Figure 3.2.6. Composantes de la variance pour les poids à âge type entre la naissance et 7 mois.
- Figure 3.2.7. Evolution des niveaux phénotypique et génétique moyens pour le poids à âge type à 7 mois dans le troupeau de bovin Créole du Domaine de Gardel
- Figure 3.2.8. Distribution des valeurs génétiques des taureaux reproducteurs utilisés au Domaine de Gardel pour les effets directs (VGd) et pour les effets maternels (VGm) sur le poids à 7 mois
- Figure 3.2.9. Influence du poids (PDEB) et de l'âge (ADEB) au début des contrôles sur la croissance après sevrage
- Figure 3.2.10. Composantes de la variance pour les poids à âge type après sevrage (sans covariable)
- Figure 3.2.11. Evolution des niveaux phénotypique et génétique pour le poids à âge type à 18 mois dans le troupeau de bovin Créole du Domaine de Gardel
- Figure 3.2.12. Valeurs génétiques des taureaux reproducteurs utilisés au Domaine de Gardel (PAT7 et PAT18)
- Figure 3.2.13. Représentation schématique du déroulement du cycle de reproduction et des paramètres reproductifs étudiés sur les vaches Créoles du Domaine de Gardel.
- Figure 3.2.14. Distribution des variables continues analysées
- Figure 3.2.15. Variations annuelles de l'intervalle entre vêlage (IVV) et de l'intervalle mise en reproduction vêlage (DAYCALV) sur le troupeau de vaches Créoles au Domaine de Gardel
- Figure 3.2.16. Influence de l'intervalle entre le vêlage et le début de la reproduction (CIVM) et du rang de mise bas (RMB) sur les paramètres de reproduction
- Figure 3.2.17. Influence du poids vif au début de la reproduction sur le taux de fécondité (FEC) et l'intervalle entre vêlage (IVV)
- Figure 3.2.18. Relation entre les valeurs génétiques pour les effets génétiques directs sur le Poids à Age Type de 7 mois (VGDPAT7) et l'âge à la 1^{ère} fécondation (VG AGE1FEC) des taureaux reproducteurs du Domaine de Gardel
- Figure 1 : Effet de la température ambiante sur les échanges thermiques et la température interne d'un animal (d'après Silanikove, 2000)
- Figure 2 : Moyennes corrigées des température rectale (TR), température de la peau (TP) et rythme respiratoire (RR) en fonction de la tranche horaire, du type génétique, de la conduite et de la période climatique
- Figure 3 : Répartition moyenne sur 24 heures du comportement alimentaire des bovins conduits à l'auge ou au pâturage.
- Figure 4 : Répartition moyenne sur 24 heures du comportement alimentaire des bovins mâles et femelles, conduits à l'auge ou au pâturage.
- Figure 4.1. Evolution de la productivité des vaches Créoles du Domaine de Gardel suivant le rang de mise bas

Liste des annexes

Annexe 1. Fiche individuelle d'enquête.....	255
Annexe 2. Fréquences alléliques aux systèmes de groupe sanguins complexes B, C et S chez le bovin Créole de Guadeloupe	257
Annexe 3. Phénogroupes de groupes sanguins complexes déterminés sur le bovin Créole de Guadeloupe (Debus, 1993).....	258
Annexe 4. Liste de races présentant un intérêt pour l'étude des relations phylogénétiques avec les bovins Créoles de la Caraïbe et de l'Amérique Latine	259
Annexe 5. Liste des références utilisées dans la comparaison entre populations pour les marqueurs biochimiques	261
Annexe 6. Distances de Cavalli Sforza entre races.....	263
Annexe 7. Fréquences géniques des antigène du système BoLA class 1 chez le bovin Créole de Guadeloupe (Debus, 1993).....	266
Annexe 8. Organisation de l'ADN mitochondrial, et position relative de différents sites de restrictions	267
Annexe 9. Représentation suivant la méthode de Reduced Median Network des clusters de séquences d'ADN mitochondrial rencontrées en Europe, Afrique et Moyen Orient (Troy et al. ; 2001).....	268
Annexe 10. Protocole de synchronisation des chaleurs sur vaches allaitantes Créoles	269
Annexe 11. Structure et Dictionnaire des fichiers de données zootechniques.....	271
Annexe 12. Protocole de mesures à l'abattage et sur les carcasses de bovins Créoles.....	273
Annexe 13 : Liste de publications	282

Introduction Générale

Introduction Générale

L'élevage en zone tropicale est principalement fondé sur l'utilisation de types génétiques locaux. Selon la " Liste de surveillance " publiée par la FAO en 1997, ces populations locales représenteraient de 29 % à 43 % des cheptels de bovins, ovins et caprins dans les zones tropicales des trois continents d'Amérique, d'Afrique et d'Asie. Elles interviennent également dans des croisements variés, qui constituent la plupart du reste du cheptel. Dans la Caraïbe et l'Amérique Latine, ces populations sont de constitution et d'implantation récentes : elles sont issues d'apports variés en provenance de l'Ancien Monde, après la Découverte. Les nombreux métissages intervenus au sein de ces populations à la suite des premières introductions, la sélection naturelle à laquelle elles ont été soumises ainsi que leur exploitation à des fins multiples ont pu leur conférer des caractéristiques originales et variées, comparativement à des races standardisées plus anciennes et élevées dans d'autres milieux.

Elles ont ainsi probablement rassemblé des qualités d'adaptation aux conditions d'élevage de cette région : adaptation à l'environnement climatique, aux ressources alimentaires disponibles, au contexte pathologique (notamment parasitaire), aux modes d'exploitation,.... Cependant, en l'absence d'efforts de sélection orientés vers des objectifs spécialisés, elles présentent un potentiel de production jugé réduit. La productivité des élevages tropicaux apparaît ainsi relativement modeste, aussi bien en raison des conditions d'élevage souvent défavorables que du matériel animal exploité, pour lequel se pose alors la question du choix de politique d'amélioration génétique à mettre en place.

Différentes options peuvent être envisagées, combinant l'exploitation des populations locales et le recours à des races spécialisées, qui présentent dans des conditions moins contraignantes une productivité individuelle élevée grâce à un fort potentiel de croissance et des aptitudes bouchères reconnues, ou encore une haute production laitière,.... Ces introductions de races spécialisées, bien que séduisantes, posent des problèmes de maîtrise des conditions d'élevage et d'adaptation des animaux. Elles doivent donc être menées avec précautions, notamment l'emploi de techniques d'élevage intensives, et peuvent souvent être source d'échecs. Par ailleurs, le recours à ces races ne constitue probablement pas une solution totalement généralisable, à grande échelle et de manière uniforme.

Il peut donc paraître raisonnable de mettre en place des schémas d'amélioration génétique fondés sur l'exploitation des races locales et valorisant leurs caractéristiques d'adaptation à leur milieu de production. Dans ce cas, se pose le problème du mode de gestion de ces populations, permettant d'élever le niveau de performance individuel et la productivité des systèmes d'élevage, afin de répondre aux besoins alimentaires croissants des populations humaines concernées. Différents programmes de sélection et/ou de croisements avec des races spécialisées peuvent pour cela être élaborés, et nécessitent la mise au point de modalités pratiques : hiérarchisation des objectifs de sélection ; choix de types génétiques et de modes d'exploitation ; définition des critères et des procédures d'évaluation ; gestion collective des ressources génétiques.

L'objectif de cette thèse est donc, à partir de l'exemple du bovin Créole de Guadeloupe d'apprécier l'intérêt des ressources génétiques animales locales en zone tropicale. Nous essaierons donc de répondre aux questions suivantes :

- Quelle est la place des races locales dans les systèmes d'exploitation de la région ?
- Quelle originalité apportent-elles parmi les ressources génétiques disponibles ?
- Quels sont leurs caractéristiques zootechniques et les moyens de les améliorer ?

Enfin, celles-ci peuvent être résumées en une question centrale : quelle politique d'amélioration génétique définir pour les régions tropicales, exploitant les ressources génétiques disponibles ?

Malgré les références accumulées dans le domaine de la zootechnie des bovins en zone tropicale, peu d'études ont abordé cette question de manière globale, en particulier pour les populations animales locales de la région Caraïbe - Amérique Latine. Un article publié dans *Productions Animales* (Naves et al., 2001) situe en guise d'introduction le cadre de notre travail, en ce qui concerne ces populations animales. Le bovin Créole de Guadeloupe constitue dans ce domaine un modèle intéressant à étudier, à plus d'un titre. D'une part, la Guadeloupe rassemble le cheptel bovin le plus important des Petites Antilles ; les systèmes d'élevages y sont très diversifiés, et combinent à la fois des caractéristiques de modes "traditionnels" et des formes "modernistes" d'élevage. Par ailleurs, le bovin Créole possède des caractéristiques originales, encore peu décrites de manière synthétique, liées à ses origines, à son maintien dans un relatif isolement compte tenu de la géographie, à sa confrontation aux contraintes du milieu tropical, et à ses usages. Il offre ainsi des points de comparaison vis à vis des populations bovines de la Caraïbe et de l'Amérique Latine dont il peut être rapproché. Les travaux menés par l'Unité de Recherches Zootechniques (URZ) de l'INRA depuis quelques années, sur sa caractérisation et ses modes d'exploitation, constituent des références dans ce domaine.

Sur la base de différents travaux réalisés ces dernières années en collaboration avec l'équipe d'Economie et de Sociologie Rurale de l'INRA-CRAG, la première partie aborde la description des systèmes d'élevage bovin. Elle permet de décrire la situation actuelle de l'élevage bovin en Guadeloupe et de préciser les conditions d'exploitation de la race bovine Créole, en abordant la diversité des systèmes d'élevage sur un angle technico économique. Par ailleurs, elle permet d'introduire le dilemme auquel l'élevage doit faire face en terme de plan de développement, et qui concerne très profondément le choix de politique génétique.

La deuxième partie aborde la description de la population Créole sur la base de différentes informations collectées au sein de la population, en relation avec différents laboratoires partenaires français ou étrangers. Cette étude, fondée sur des informations biologiques très diversifiées, permet de mieux comprendre les origines de la population et ses relations avec d'autres populations qui ont pu contribuer à sa création, mais aussi de décrire ses caractéristiques originales.

La troisième partie de la thèse concerne les performances zootechniques enregistrées durant 20 ans dans un troupeau bovin Créole de référence, au domaine INRA de Gardel. L'analyse de ces données permet de décrire un ensemble de caractéristiques productives ou d'adaptation qui concourent à la productivité de l'élevage bovin en zone tropicale. Les études réalisées dans le cadre de ce travail permettent de décrire les facteurs de variations de ces performances, notamment de préciser la variabilité génétique existant dans la population Créole et exploitable dans le cadre d'un schéma de sélection. Par ailleurs, nos résultats concernent également l'exploitation du bovin Créole en croisement pour la production de viande, afin de quantifier objectivement les caractéristiques zootechniques respectives des deux types génétiques, Créole pur et croisés Limousins.

Enfin, la discussion générale cherchera à tirer les enseignements de ces différents travaux pour répondre aux questions posées, à la fois sur la contribution que le bovin Créole peut apporter pour le développement de l'élevage local, et sur la problématique de l'amélioration génétique en zone tropicale.

Les ruminants domestiques de la Caraïbe : le point sur les ressources génétiques et leur exploitation

Dans les zones tropicales, les populations locales d'animaux domestiques sont souvent les mieux adaptées aux conditions du milieu. Elles peuvent ainsi contribuer à la mise en place de systèmes d'élevage durables. Pour cela il est nécessaire de mieux les connaître, tant au plan de leurs origines génétiques que de leurs performances dans leur milieu de production.

D'après les statistiques de la FAO (2001), les îles de la Caraïbe regroupent moins de 10 % des différents cheptels de l'ensemble de l'Amérique Latine et de la Caraïbe (tableau 1). Toutefois des effectifs importants se rencontrent chez les bovins (plus de 9 millions de têtes), les porcins (près de 5 millions de têtes), les caprins (près de 3 millions de têtes) et les équins (près de 2 millions de têtes),

alors que les ovins et les volailles sont nettement moins représentés.

Les Grandes Antilles rassemblent à elles seules la majeure partie de ces différents cheptels, principalement à Cuba, en Haïti et en République Dominicaine. Cependant cinq îles des Petites Antilles (Guadeloupe, Martinique, Barbade et Trinidad et Tobago) regroupent des effectifs non négligeables de chaque espèce. C'est notamment le cas pour les bovins, les porcins et les volailles, dont près de 70 % des effectifs des Petites Antilles se retrouvent dans ces îles. En revanche l'élevage des petits ruminants (ovins et caprins) et des équidés (chevaux, ânes et mulets) est plus largement distribué dans l'ensemble des Petites Antilles. D'autres espèces sont également présentes avec des effectifs plus faibles, comme les lapins (68 000 têtes) et les buffles (5400 têtes).

Les ressources génétiques animales domestiques exploitées dans la région sont difficiles à décrire de manière synthétique du fait de la variété et de la dispersion des populations et des conditions d'élevage dans les différentes îles. Un colloque organisé en Guadeloupe en 1996 a permis de faire le point en ce qui concerne les populations bovines exploitées pour la production de viande, mais aucune action coordonnée d'inventaire, de caractérisation et de gestion globale n'a encore vu le jour pour les différentes espèces. Cet article, s'appuyant sur des références rassemblées par les chercheurs de l'Unité de Recherches Zootechniques de l'INRA aux Antilles, vise à dresser un tableau d'ensemble de l'exploitation des populations locales de ruminants dans la Caraïbe.

Résumé

La Caraïbe a été peuplée par les espèces de ruminants domestiques à partir du XV^{ème} siècle. Après les premières introductions de bétail ibérique, des apports variés ont occasionné de nombreux métissages. Ils ont pu être plus ou moins importants, allant jusqu'à l'utilisation de croisements systématiques se substituant aux populations Créoles d'origine. Des populations locales variées et originales se maintiennent, malgré des apports récents liés aux échanges commerciaux et aux progrès des méthodes modernes de reproduction.

Ces populations animales contribuent fortement à l'élevage de la région, principalement dans des systèmes de production traditionnels ou familiaux où leurs qualités d'adaptation sont appréciées. Malgré leur faible spécialisation, elles révèlent également des aptitudes intéressantes de production. Elles constituent également un matériel biologique modèle pour l'étude de caractères d'adaptation, comme la résistance à certaines pathologies tropicales.

Peu d'actions ont été mises en œuvre pour la conservation ou la gestion des populations locales dans la Caraïbe. Elles concernent principalement les Grandes Antilles, où quelques troupeaux d'animaux Créoles subsistent, mais aussi des races synthétiques de constitution plus récente et fortement organisées. Dans les Petites Antilles, seuls les départements français proposent une gestion des races locales in situ, avec des programmes de sélection concertés.

Avec des effectifs réduits et dispersés, la Caraïbe rassemble de nombreuses ressources génétiques locales méconnues et peu exploitées. Des travaux récents relancent l'intérêt pour ces ressources, au sein de systèmes d'élevage durables. La mise en place d'une stratégie globale de gestion de ces populations dans la Caraïbe et l'Amérique Latine devrait renforcer les efforts des différents partenaires dans ce sens.

Tableau 1. Effectifs (milliers de têtes) des différentes espèces d'élevage en Amérique Latine et dans la Caraïbe (source : FAO 2001).

	Bovins	Caprins	Ovins	Porcins	Equins ⁽¹⁾	Volailles ⁽²⁾
Total	355745	35288	83452	74857	38230	2396
Amérique du Sud	306126	22557	76205	53279	22313	1708
Amérique Centrale	40549	9770	6479	16709	13938	578
Caraïbe	9070	2961	768	4869	1979	110
Grandes Antilles	8823	2705	576	4693	1956	90
dont Cuba	4700	140	310	2800	481	15
Rép. Dominicaine	1904	170	105	539	613	46
Haïti	1430	1942	152	1000	797	6
Jamaïque	400	440	1	180	37	11
Porto Rico	388	13	8	175	28	12
Petites Antilles	247	256	192	176	23	20
dont Guadeloupe	80	63	4	15	1	< 1
Martinique	30	22	42	33	2	< 1
Barbade	23	5	41	33	5	4
Trinidad-et-Tobago	35	59	12	41	5	10

⁽¹⁾ principalement chevaux, mais aussi ânes et mulets.

⁽²⁾ principalement poules, mais aussi canards, oies et dindons.

1 / Les ressources génétiques disponibles dans la Caraïbe

1.1 / Les premières populations Créoles sont d'origine ibérique

Les espèces animales domestiques exploitées de nos jours étaient inconnues au Nouveau Monde jusqu'à leur introduction par les colons espagnols, qui y ont régulièrement apporté du bétail dès les premiers voyages succédant à la " Découverte ". Ces cheptels provenaient principalement d'Espagne et du Portugal, mais aussi des escales dans les îles de l'Atlantique Est. Ils constituaient une source d'approvisionnement en produits animaux, lait, viande, cuir et force de travail pour les conquérants en route vers le continent américain (Deffontaines 1957, Maillard et Maillard 1998). Ces premières introductions affectèrent au XVI^e siècle plus particulièrement les Grandes Antilles : Haïti, St Domingue, Cuba, Puerto Rico et Jamaïque, qui constituaient les principales bases de peuplement de la région. Les Petites Antilles, occupées de manière plus épisodique, reçurent également quelques têtes de bétail, soit à partir des ports d'embarquement, soit depuis les Grandes Antilles (Deffontaines 1957, Rouse 1977). La Caraïbe constitue ainsi le premier point d'installation au Nouveau Monde des populations purement Créoles, au sens où Rouse (1977) l'entend, c'est-à-dire d'origine ibérique, avant qu'elles n'abordent les côtes d'Amérique Centrale et du Sud. Par la suite, ce cheptel Créole d'origine ibérique a vu ses effectifs croître naturellement malgré le peu d'attention qui lui était porté et son retour à l'état de semi-liberté (Salazar et Cardozo 1981, Wilkins 1981).

1.2 / Des croisements successifs ont façonné les ressources génétiques actuelles

Entre le XVII^e et le XIX^e siècles, les rivalités coloniales, se traduisant par des blocus sélectifs ou des échanges commerciaux privilégiés, entraînent des apports variés et ont orienté le métissage des populations Créoles, suivant les races introduites (Maillard et Maillard 1998). S'il est difficile d'avoir des références précises sur les effectifs et les origines exactes, des travaux historiques permettent de citer quelques régions de provenance et les races concernées. Chez les bovins par exemple, les Antilles françaises ont vu l'entrée d'animaux originaire d'Afrique de l'Ouest (zébus sahéliens et taurins N'Dama) et, en partie, des régions portuaires françaises (Maillard et Maillard 1998). En revanche, des zébus indiens semblent avoir été plus souvent introduits dans les régions sous influence anglaise ou espagnole (Rouse 1977). Dans le même temps, des échanges se maintenaient entre les îles de la Caraïbe et avec le continent (Colombie, Guyane, Venezuela, Argentine, Etats Unis ; Maillard et Maillard 1998).

Les races appelées de nos jours Créoles ou natives, résultent ainsi de mélanges entre populations d'origines variées, importées lors des différentes vagues de peuplement durant la colonisation et soumises à sélection naturelle dans leur milieu d'adoption.

A partir de la fin du XIX^e siècle, la multiplication des échanges s'est traduite par un recours croissant à des races importées, dans le but d'améliorer les niveaux de production individuels (Rouse 1977). Ces importations ont concerné des races spécialisées d'origine européenne, lorsque les systèmes d'élevage ont pu être intensifiés, ou des génotypes

sélectionnés d'origine tropicale. Elles se sont quelquefois traduites par l'absorption des populations natives, parfois de manière incontrôlée, comme les nombreux croisements avec des races taurines européennes dans les Petites Antilles anglophones, ou les essais d'introduction de génotypes caprins laitiers (Alpin, Saanen, Toggenburg) au Venezuela, au Mexique ou à Trinidad. Mais on a aussi assisté à la création raisonnée de races synthétiques au sein de quelques noyaux de sélection (Jamaica Hope, Taino, ...).

Ces différents apports ont influencé notablement la structure du cheptel présent de nos jours dans la région, qui se caractérise par la juxtaposition de races Créoles, d'origine principalement ibérique, et de populations d'origines diverses plus ou moins métissées.

1.3 / Les différentes populations de ruminants présentes dans la Caraïbe (tableau 2)

a / Bovins

À l'heure actuelle, les populations les plus proches des taurins ibériques d'origine incluent les bovins Criollo de Cuba et Créole de Martinique. D'autres populations taurines d'origine ibérique semblent subsister dans d'autres îles de la Caraïbe, mais dans des effectifs indéterminés et probablement

faibles. Ce serait le cas des bovins Criollo à Puerto Rico et en République Dominicaine (FAO 2000), ou dans les Petites Antilles anglophones comme à Trinidad et Tobago (Rastogi et Rastogi 1996).

On peut ajouter, parmi les races natives, des populations métisses dans lesquelles des origines taurines ibériques sont reconnues. Chez les bovins, il s'agit de la race Romana Roja - résultat de croisements avec des zébus indiens, du bovin Créole de Guadeloupe et Haïti - métis de diverses races notamment de zébus et de taurins d'origine africaine, des races Taino et Crimousin de Cuba - croisements avec des taurins Holstein et Limousin respectivement, et de la race Jamaica Red, issue de croisements avec des taurins Red Poll et South Devon.

Par extension, on peut également inclure certaines races créées récemment dans la Caraïbe à partir d'animaux exogènes, comme les races bovines synthétiques sélectionnées en Jamaïque (Jamaica Hope, croisement des races taurines Jersey et Holstein et de zébu indien Sahiwal) et diffusées assez largement dans l'ensemble de la Caraïbe anglophone, et la race Senepol des Iles Vierges (croisement des races taurines Red Poll et N'Dama). D'importants programmes de croisements ont également été entrepris à Cuba faisant appel au zébu cubain et à la race taurine laitière Holstein (Siboney, Mambi).

Il existe dans la Caraïbe plus d'une dizaine de races bovines locales, issues de divers croisements. Elles proviennent principalement de bovins ibériques, mais aussi d'autres races taurines européennes et africaines et de zébus africains ou indiens.

Tableau 2. Races locales de ruminants domestiques présentes dans la Caraïbe.

	Distribution géographique	Effectifs	Référence
Bovins			
Criollo Créole	Cuba Martinique	1 500 vaches 2 900 vaches	Menendez-Buxadera et Planas 1996 Champanhet et Tatareau 1996
Romana Roja Taino, Crimousin Créole Créole Jamaica Red	Rép. Dominicaine Cuba Guadeloupe Haïti Jamaïque et Caraïbe anglophone	(indéterminé) (indéterminé) 20 000 vaches (indéterminé) (>10 000 têtes)	Vargas-Mena 1996 Lopez 1997 Naves <i>et al</i> 1996 Delinois 1996 JLA 1979, Thomas 1996, Rastogi et Rastogi 1996
Jamaica Hope Jamaica Brahman Jamaica Black	Jamaïque et Caraïbe anglophone	(> 7 000 têtes) (> 5 000 têtes) (indéterminé)	JLA 1979, Thomas 1996, Rastogi et Rastogi 1996
Senepol Zébu Siboney, Mambi	Virgin Islands Cuba	(indéterminé)	Wildeus 1987 Lopez 1997 Lopez 1997
Ovins			
Black Belly	Barbade et Caraïbe anglophone	(>30 000 têtes)	Mason 1980
Pelibuey Virgin Island White	Cuba Virgin Islands	(250 000 têtes) (>12 000 têtes)	Mason 1980 Mason 1980
Khathadin Martinik	St Croix Martinique et Guadeloupe	(indéterminé) (>30 000 têtes)	Mason 1980 Bastien <i>et al</i> 1991, Leimbacher 1991a et 1996
Caprins			
Créole	Guadeloupe et Martinique Rép. Dominicaine, Haïti et Puerto Rico	(>30 000 têtes)	Alexandre <i>et al</i> 1997 et 1999 FAO 1995

Ces différentes races bovines sont exploitées soit pour la production laitière (Taino, Siboney, Mambi, Jamaica Hope) soit pour la production de viande (Créole de Martinique et de Guadeloupe, Romana Roja, Jamaica Red, J. Black et J. Brahman, Senepol, Crimousin et Zébu cubain), ou ont conservé une orientation mixte (Criollo de Cuba, Créole haïtien). Certaines servent également de manière encore régulière pour la traction (Romana Roja, Créole d'Haïti et de Guadeloupe, Criollo de Cuba).

Enfin, on citera la présence de races pures d'origine exogène récente, quelquefois bien implantées localement : zébus indiens ou races dérivées (Brahman, Santa Gertrudis) ; races taurines spécialisées pour la production de viande (Charolais, Limousin, Hereford, Red Poll, ...) ou la production laitière (Holstein, Jersey, ...).

b / Petits ruminants

Les barrières géographiques et le peu de commerce international concernant les petits ruminants ont limité les migrations de ces espèces et les ont maintenues dans un isolement génétique pendant des siècles. Ceci a permis la formation de populations distinctes, présentant cependant quelques similitudes phénotypiques. Dans l'ensemble, elles sont principalement exploitées pour la production de viande, mais aussi pour la fourniture de peau, de travail, de fumier ou de lait.

Chez les ovins, il existe deux types très différents en Amérique tropicale (Mason 1980). Dans les hautes terres se rencontrent les ovins Criollo à laine, descendants des Churro à laine jarreuse importés d'Espagne. Le deuxième type est à poils et présente des robes de plusieurs couleurs. Ces races ovines à poils de la Caraïbe (Black Belly, Pelibuey, White Virgin Island) ont une origine africaine très marquée, d'après leurs caractéristiques phénotypiques et leurs grandes qualités de reproduction (Mason 1980, Devendra et McLeroy 1982, Fitzhugh et Bradford 1983). Cette origine a été enregistrée à la Barbade dès 1657 et elle est sous-entendue dans les noms West African et Africana utilisés au Venezuela et en Colombie (Mason 1980). Il est à noter que dans les pays où les ovins à laine n'existent pas, comme à Cuba, ces ovins à poils sont aussi parfois appelés Criollo, ce qui mène à la confusion avec le premier type.

Les races ovines rousses africaines (ou West African) dérivent de deux rameaux ancestraux d'origine africaine, du Soudan, de couleur claire, et d'Éthiopie, de couleur rouge ou noire. Les moutons West African se caractérisent par une toison de poils couvrant tout le corps, avec quelques touffes de laine sur le dos, par un tronc cylindrique et les extrémités courtes. Les femelles sont généralement sans cornes. Ils se rencontrent au Brésil, à Trinidad, au Guyana, en République Dominicaine, à Panama, en Colombie, au Mexique et au Venezuela. Les ovins Barbados Black Belly sont, semble-t-il, de taille plus grande, plus résistants et plus prolifiques que

les West African. Cette race présente une robe de couleur rouge sombre, plus claire sur les côtés et noire sous le ventre. Elle se retrouve dans de nombreux pays de la Caraïbe et de l'Amérique Latine tropicale.

Plus récemment, une nouvelle race à poil a vu le jour dans les années 60 à St Croix, la race Khathadin, qui est le fruit des croisements des ovins White Virgin Island utilisés comme base, des Suffolk dans un première étape puis de la race Wiltshire Horn secondairement. Dans les Antilles françaises, la race ovine Martinik regroupe depuis 1992 différents phénotypes de moutons à poils de la Caraïbe.

Chez les caprins, la chèvre Créole se rencontre dans tous les pays tropicaux d'Amérique, du Mexique jusqu'au Pérou, et plus particulièrement dans la Caraïbe aux Antilles françaises, en République Dominicaine, en Haïti et à Puerto Rico. Elle est le résultat du métissage de diverses races européennes et africaines introduites dans les différents pays (Garcia 1972, Devendra et McLeroy 1982).

Des introductions récentes de races exogènes spécialisées, exploitées en race pure ou en croisement avec les races locales, ont également été enregistrées : races ovines à viande (Suffolk, Dorset, Lacaune) ; chèvres laitières européennes (Alpine, Saanen, Toggenburg) et à viande d'origine africaine (Boer, Anglo Nubien).

1.4 / Autres espèces domestiques présentes dans la Caraïbe

Des porcs Créoles existeraient dans l'ensemble de la Caraïbe, notamment en Guadeloupe (Canope *et al* 1986). En Haïti, ils ont constitué, avec des porcs croisés gascon-chinois, la base du repeuplement porcin après l'épidémie et l'éradication de la peste porcine africaine, et connaissent un grand succès dans le milieu paysan (Louis 1995, Miranel 1995). Il existe également de nombreuses races locales de volailles (FAO 2000), ainsi que quelques ânes et mulets élevés traditionnellement pour le transport, et un cheptel important de buffles à Trinidad et Tobago (Rastogi et Rastogi 1996).

Mais l'essentiel de l'élevage est constitué de races exogènes, en ce qui concerne notamment les porcins (Large White, Landrace, Duroc, lignées synthétiques), les lapins (Néo-Zélandais et Californiens) et les volailles ponduses ou de chair. Des coqs de combat espagnols ont également été importés pour les besoins de ce sport répandu dans la Caraïbe.

2 / Systèmes d'élevage et caractérisation zootech-nique

2.1 / Principaux systèmes d'élevage

Une grande variété de systèmes d'élevage se rencontre dans la Caraïbe, que l'on peut différencier par la taille, le degré de spéciali-

Chez les ovins, on trouve deux types très différents : les ovins à laine, d'origine ibérique, et les ovins à poils, d'origine africaine. Chez les caprins, la race Créole, prédominante, est issue de diverses races européennes et africaines.

sation et le niveau de technicité dans la conduite d'élevage, notamment le mode de gestion des ressources alimentaires.

L'élevage de ruminants est traditionnellement pratiqué dans des exploitations familiales, de petite taille et non spécialisées. Les principales caractéristiques de ces systèmes traditionnels sont un mode de conduite des troupeaux peu technique et l'utilisation de ressources fourragères naturelles facilement disponibles, comme par exemple l'exploitation de zones de parcours ou l'utilisation de sous-produits de la ferme. Associés avec des cultures très diversifiées, ils sont orientés vers l'autosubsistance, avec la production de viande et de fumier utilisés dans les cultures. Ce mode d'exploitation traditionnel représente le cas général en Haïti pour toutes les espèces (SACAD et FAMV 1994). En Martinique (Champanhet et Tatareau 1996) et Guadeloupe (Salas 1989, Aliane 1993), le cheptel bovin est pour la plus grande part dispersé dans ce type d'élevages. Les systèmes traditionnels sont également les plus répandus pour les petits ruminants dans la Caraïbe (Archibald et al 1978, Devendra et McLeroy 1982) et notamment aux Antilles françaises (Alexandre *et al* 1991, Leimbacher 1991b). Ils sont fréquemment appelés systèmes extensifs parce qu'ils se rencontrent, par exemple, dans des zones arides ou chez des producteurs sans terre.

On rencontre également des exploitations agricoles diversifiées, où l'activité d'élevage est intégrée dans une logique de production agricole basée sur différentes spéculations. Elles présentent généralement des ateliers d'élevage de taille moyenne. Leur niveau de technicité est plus élevé, en particulier dans la gestion de la reproduction, la prophylaxie ou la conduite de l'alimentation. En particulier les pâturages sont l'objet d'une conduite agronomique plus élaborée, avec par exemple la plantation d'espèces fourragères productives et l'utilisation d'une fumure chimique (Aliane 1993).

Dans les systèmes traditionnels ou dans ces systèmes intermédiaires, le pâturage « à l'attache » (les animaux sont maintenus amarrés à un point fixe) est assez répandu, comme en élevage caprin ou bovin en Guadeloupe (Alexandre *et al* 1991, Boval *et al* 1993). Permettant un niveau de production élevé sur des surfaces réduites, cette conduite du pâturage peut être considérée comme un mode d'élevage semi intensif en raison des chargements pratiqués (3,5 bovins par hectare en moyenne en Guadeloupe).

De grands élevages spécialisés peuvent également exister. En Martinique, par exemple, 3 % des élevages rassemblent près de 40 % du cheptel bovin. Ils pratiquent un élevage de type ranching, dans lequel des troupeaux de grande taille exploitent des surfaces exclusivement pastorales, avec un chargement faible (Champanhet et Tatareau 1996). Ce système constitue aussi le principal modèle d'élevage bovin pratiqué à Cuba (Bérard 1996).

Récemment, des systèmes plus intensifs sont apparus, avec des unités de production de grande taille utilisant des ressources ali-

mentaires d'origine extérieure, à base d'aliments concentrés ou d'autres ressources. Des systèmes intégrés, associés à des complexes agro-industriels et basés sur l'exploitation de sous-produits ou de la canne à sucre, se rencontrent par exemple à Trinidad pour la production de lait ou de viande bovine (Archibald et Osuji 1978, Rastogi et Rastogi 1996).

2.2 / Caractéristiques zootechniques des populations animales locales

Quelques caractéristiques zootechniques des populations locales de ruminants de la Caraïbe sont présentées dans les tableaux 3 et 4. Il s'agit d'une compilation de références d'origines diverses et qui ne peuvent être comparées de manière absolue étant donné la diversité des conditions d'obtention, aussi bien en ce qui concerne le milieu d'élevage que le mode de collecte. Elles donnent cependant un ordre d'idée des niveaux de performances de ces populations dans leurs conditions d'exploitation.

a / Bovins (tableau 3)

Les performances de reproduction des bovins sont bonnes, avec une fertilité généralement comprise entre 80 et 90 %. Malgré des modifications saisonnières de certains paramètres physiologiques (notamment la durée de l'anoestrus, plus longue en décembre, en période de jours courts), la fertilité des vaches Créoles de Guadeloupe n'apparaît pas influencée par l'action directe du climat, à la différence des races taurines européennes et notamment la Holstein (Berbigier 1988). En revanche, les paramètres de reproduction des races bovines locales sont sensibles aux conditions d'élevage et aux variations des disponibilités alimentaires liées au passage de la saison sèche, du fait de l'influence de celles-ci sur le poids vif des adultes comme des génisses (Gauthier et Thimonier 1983). Ainsi, l'intervalle entre vêlages est élevé, voisin de 15 mois, et l'âge au premier vêlage varie de 2,5 à 3,5 ans. Ce dernier apparaît aussi plus élevé pour les races où des croisements avec des zébus sont intervenus. Le niveau de production laitière est faible, 5 kg/j environ dans les différentes races exploitées suivant un mode allaitant, et jusqu'à 12 kg/j pour la race Siboney, à orientation laitière. Mais ce niveau de production est obtenu avec une alimentation basée principalement sur des fourrages et peu d'aliment concentré.

Les performances pondérales varient nettement suivant la race : de 25 à 35 kg pour le poids à la naissance et de 400 à 900 kg pour le poids à l'âge adulte, traduisant de grandes variations de format suivant les origines des différentes races. Ces variations apparaissent également dans la croissance sous la mère (de 600 g/j à près de 1000 g/j). Mais celle-ci apparaît intéressante compte tenu des conditions d'élevage et permet d'atteindre un poids de 150 à 220 kg au sevrage.

Chez le bovin Créole de Guadeloupe, ces performances d'allaitement couplées à une

Les performances de production des bovins sont bonnes, malgré l'influence du milieu tropical, notamment de l'alimentation dans cette zone ; leur résistance au parasitisme est un atout important.

Tableau 3. Caractéristiques zootechniques des populations bovines locales.

Reproduction et production laitière					
Race	Age au 1 ^o vêlage	Intervalle entre vêlages	Fertilité (adultes)	Production laitière	Référence
Criollo de Cuba	3 ans	473 j		5 kg/j	Menendez-Buxadera et Planas 1996, Bérard 1996
Créole d'Haïti	3,5 ans	>450 j		4 kg/j	Delinois 1996
Romana Roja			85 %	6 kg/j	Vargas 1996
Crimousin	2,5 ans	410 j	90 %		Lopez 1997
Créole de Guadeloupe	3 ans	450 j	83 %		Naves et Menendez-Buxadera 1997
Jamaica Red	3 ans	466 j	86 %		JLA 1979, Thomas 1996
Senepol	2,5 ans		90 %	5,5 kg/j	Wildeus 1987
Siboney	2,5 ans	388 j		11,6 kg/j	Lopez 1997
Performances pondérales					
Race	Poids à la naissance (mâles)	Poids (âge) au sevrage (mâles)	Poids adulte M: mâle, F: femelle		Référence
Criollo de Cuba	30 kg	147 kg (6 mois)	M : 900 kg F : 600 kg		Menendez-Buxadera et Planas 1996, Bérard 1996
Créole d'Haïti	24 kg		M : 365 kg F : 300 kg		Delinois 1996
Romana Roja	32 kg	218 kg (8 mois)	M : 800 kg F : 500 kg		Vargas 1996
Crimousin	32 kg	220 kg (6 mois)			Lopez 1997
Créole de Guadeloupe	28 kg	153 kg (7 mois)	M : 590 kg F : 366 kg		Naves et Menendez-Buxadera 1997
Jamaica Red	35 kg	214 kg (8 mois)	M : 865 kg F : 455 kg		JLA 1979, Thomas 1996
Senepol	37 kg	230 kg (7 mois)	M : 760 kg F : 460 kg		Wildeus 1987

bonne longévité permettent d'obtenir une productivité globale au sevrage d'une femelle sur l'ensemble de sa carrière de 5,1 veaux et 750 kg de poids vif en moyenne. Elle peut atteindre 10,4 veaux et 1550 kg en 11,2 vêlages chez les 25 % meilleures vaches, ce qui représente de 2 à 4 fois le poids vif de la femelle adulte (Naves *et al* 2000).

Peu de références existent sur les performances d'engraissement et d'abattage en race pure. Au pâturage, Menendez-Buxadera et Planas (1996) et Naves et Menendez-Buxadera (1997) rapportent des croissances journalières de 340 g/j et 500 g/j, permettant d'atteindre un poids de 265 kg et de 315 kg respectivement pour les bovins Créoles de Cuba et de Guadeloupe. Ces races sont également exploitées en croisements avec des races à viande, pour l'amélioration des performances d'engraissement et de la conformation des carcasses (Aliane 1993, Delinois 1996, Naves *et al* 1996, Rastogi et Rastogi 1996, Vargas 1996, Wildeus 1987).

Par ailleurs, ces populations sont généralement connues pour leur adaptation aux conditions d'élevage en milieu tropical, et en particulier leur résistance au parasitisme interne (Salas 1989, Aumont *et al* 1991), aux tiques et aux maladies associées (Menendez-Buxadera et Planas 1996, Naves et Menendez-Buxadera 1997). De ce fait, la mortalité est généralement faible, par exemple inférieure à 2 % chez les bovins Créoles de Guadeloupe dans les systèmes traditionnels (Salas, 1989).

b / Petits ruminants (tableau 4)

Les races de petits ruminants de la région tropicale ne présentent pas de variations saisonnières des performances de reproduction. On observe un effet du climat sur le taux de gestation et la prolificité seulement chez les ovins Pelibuey (Peron *et al* 1991). Les races locales de moutons à poils et de chèvres montrent de bonnes performances de reproduction, avec un intervalle entre mise bas permettant un rythme de 3 mise bas en 2 ans, une

Tableau 4. Caractéristiques des races locales de petits ruminants.

Reproduction et mortalité					
Race	Intervalle entre mise bas	Fertilité	Prolificté (nb nés / mise bas)	Mortalité avant sevrage	Référence
Espèce ovine					
Black Belly	254 j	84 - 88 %	1,56 -2,03	17,8 %	Rastogi <i>et al</i> 1993
Martinik	208-294 j		1,6 - 1,8	10,4 %	Mahieu <i>et al</i> 1997
Pelibuey			1,17 -1,48	15,8 %	Perón <i>et al</i> 1997
West African			1,43-1,66		Rastogi <i>et al</i> 1993
Espèce caprine					
Créole Guadeloupe	246 j	90 %	2,23	15,7 %	Alexandre <i>et al</i> 1997 et 1999
Créole Haïti	282 j		1,49	43 %	Martinez <i>et al</i> 1992
Croissance					
Race	Poids à la naissance	Poids au sevrage	Croissance avant sevrage	Poids vif du mâle (âge)	Référence
Espèce ovine					
Black Belly	2,8 kg	11,2 kg	152 g/j	19 kg (180 j)*	Rastogi <i>et al</i> 1993
Martinik	3,5 kg	14 kg	180 g/j	28 kg (200 j)	Mahieu <i>et al</i> 1997
Pelibuey	2,1-2,8 kg	11,5 kg	160 g/j	38 kg (300 j)	Perón <i>et al</i> 1997
West African	2,8 kg			20 kg (180 j)*	Rastogi <i>et al</i> 1993
Espèce caprine					
Créole Guadeloupe	1,7 kg	7,8 kg	73,4 g/j	18 kg (330 j)	Alexandre <i>et al</i> 1997
Créole Haïti	2,1 kg	7,3 kg			

* cité par Mason (1980)

fertilité supérieure à 80 %, une prolificité élevée qui les classe parmi les races prolifiques, avec une taille moyenne de portée à la naissance de 1,4 à 2,0 chez les ovins, et de 1,5 à 2,2 chez les caprins (Chemineau *et al* 1991). La mortalité varie suivant les conditions de conduite, mais en station expérimentale, d'où viennent la plupart des résultats, elle paraît satisfaisante : entre 10,4 % et 17,8 % ; elle est en revanche plus élevée en conditions extensives, comme c'est le cas en ferme en Haïti.

Le poids à la naissance des moutons de race à poils varie entre 2 et 3,5 kg (deux sexes confondus) suivant le type génétique et est influencé par la saison et la taille de la portée. Dans des conditions d'élevage favorables, les moutons atteignent un poids au sevrage (à un âge compris entre 80 et 90 jours), voisin de 11 à 14 kg. Les mâles élevés pour la production de viande sont abattus à un poids vif variable suivant les besoins du marché. Leur croissance après sevrage varie entre 65 et 100 g/j pour les béliers. Chez les chèvres, le poids vif est de 1,5 à 2 kg à la naissance ; 7,5 kg au sevrage et 18 kg à l'âge de 11 mois.

La productivité numérique des chèvres est plus élevée que celle des brebis, mais leur productivité pondérale est inférieure. Cependant, dans des conditions d'élevage semi intensives en milieu tropical, la productivité des ovins et caprins de race locale apparaît équivalente lorsqu'elle est ramenée au poids métabolique des mères (1,6 kg de jeunes sevrés /kg PV^{0,75}/an) ou à la surface exploitée (1,4 t de jeunes sevrés /ha /an ; Alexandre *et al* 2001).

Les populations locales de ruminants de la Caraïbe présentent donc des aptitudes intéressantes, d'adaptation aux contraintes climatiques ou de résistance aux pathologies locales et de performances de reproduction et de productivité. Des différences importantes de performances pondérales existent entre les races. Cependant, les conditions d'élevage, notamment la disponibilité des ressources alimentaires, apparaissent le principal facteur limitant.

3 / Gestion des ressources génétiques animales domestiques dans la Caraïbe

3.1 / Actions d'inventaire et de description des ressources

Il est probable que d'autres populations Créoles non citées dans cet article subsistent en faibles effectifs et l'initiative d'inventaire de la diversité génétique animale mise en place par la FAO constitue une opportunité pour recenser les populations présentes. Cependant les races locales de la Caraïbe y sont pour l'instant assez peu renseignées (FAO 2000), notamment du fait de la dispersion des instances régionales susceptibles de contribuer à cette initiative. En ce qui concerne les départements français d'Amérique, le rattachement au " point focal " français (Bureau des Ressources Génétiques - BRG) permet de combler en partie cette lacune. Les

Chez les petits ruminants, les performances de reproduction et les qualités maternelles sont bonnes et la productivité pondérale satisfaisante lorsque les conditions d'élevage sont bien maîtrisées.

racas locales des Antilles françaises figurent ainsi dans la base de données nationale des ressources génétiques animales gérée par cet organisme (BRG 2001).

Les populations animales locales citées précédemment sont représentées par quelques milliers d'individus, qui les placent pour l'instant à l'abri du statut de races en péril (FAO 2000). Certaines de ces populations bénéficient par ailleurs d'actions d'identification et d'inventaire s'appuyant sur des organisations raciales plus ou moins structurées. Cependant il apparaît important de veiller à consolider l'inventaire et le suivi de leurs effectifs, du fait de circonstances préoccupantes pour leur avenir (Naves *et al* 1996) :

- leur représentation presque uniquement locale exclut toute possibilité de renouvellement par importation et accentue le risque de disparition totale de ces populations et de caractères intéressants pour l'instant peu valorisés ;

- les moyens techniques et financiers restreints des différents pays et leur dispersion permet difficilement la mise en place de programmes de conservation *ex situ*, bien que les techniques de congélation d'embryons ou de semence soient maîtrisées dans certains d'entre eux (Cuba, Guadeloupe). La préservation de ces populations repose donc sur le maintien *in situ* d'effectifs suffisants de reproducteurs en activité et leur utilisation en race pure dans les élevages locaux ;

- l'utilisation des croisements connaît un succès croissant, aussi bien pour la production de viande que pour la production laitière, qui peuvent ainsi contribuer à épuiser les stocks disponibles. Les populations locales contribuent probablement à ce succès par le phénomène d'hétérosis et en apportant leurs qualités d'adaptation, mais leur apport dans de tels systèmes de croisements est souvent méconnu (Salazar et Cardozo 1981) ;

- les animaux de races locales sont souvent principalement répartis dans de petits élevages familiaux dispersés. Il est donc difficile de les recenser en détail et encore plus de mettre en œuvre des programmes d'encadrement technique. En Martinique, Champanhet et Tatareau (1996) estiment ainsi que 86 % du cheptel bovin Créole est détenu dans des élevages de moins de 10 têtes et ne peuvent être intégrés dans des actions de développement.

En matière d'inventaire des ressources génétiques, il est important de citer l'apport que représente l'étude de marqueurs génétiques dans la description de la diversité des populations rencontrées. Une étude réalisée sur des marqueurs classiques, groupes sanguins érythrocytaires, protéines sériques, marqueurs du Complexe Majeur d'Histocompatibilité (CMH), a montré l'originalité du bovin Créole de Guadeloupe, en particulier très nettement son caractère métis entre les races taurines, en particulier ibériques, et les zébus africains (Naves *et al* 1994). Un rapprochement a également pu être établi avec la race N'Dama d'Afrique de l'Ouest (Maillard *et al* 1993). Chez les caprins, une étude basée sur des marqueurs microsatellites a démontré la relation entre les chèvres Créoles de Guadeloupe

et les races caprines d'Afrique de l'Ouest (Pépin 1994). Ces études viennent ainsi corroborer les informations historiques sur les origines des races locales et permettent de mieux apprécier la diversité des ressources locales. Cependant ce type d'étude pose différents problèmes méthodologiques :

- choix et échantillonnage des populations à comparer, compte tenu de l'hétérogénéité des informations disponibles sur les différentes races et les différents marqueurs analysés ;

- choix des marqueurs utilisés, compte tenu de l'évolution des techniques de biologie moléculaire ;

- difficultés d'interprétation des distances génétiques calculées avec des races métissées pour lesquelles ces paramètres ne peuvent inférer d'origines phylogénétiques évolutives, mais sont le reflet de migrations et d'introductions complexes.

3.2 / Caractérisation zootechnique

Les références utilisées pour la réalisation de cet article témoignent des nombreux résultats expérimentaux obtenus par des institutions de recherches implantées régionalement (University of West Indies, INRA, Centro de Investigacion en Mejoramiento Animal, ...), en collaboration avec les organisations professionnelles locales. Ces travaux ont permis de caractériser de manière relativement précise les niveaux des performances et les aptitudes des populations locales dans chaque situation insulaire. Certaines de ces études se prolongent par l'évaluation de la variabilité génétique disponible intra race pour les aptitudes de production comme la taille de la portée et la croissance des chevreaux sous la mère (Menendez-Buxadera et Planas 1996, Mandonnet *et al* 1998), afin de contribuer à la mise au point de schémas de sélection adaptés à ces populations et à leurs conditions d'élevage.

Wellington (1980) relevait également l'intérêt de prendre en compte des caractères liés à l'adaptation (résistance aux maladies, longévité, facilité de mise bas) et de productivité globale, et non pas seulement des performances individuelles maximales. Des recommandations similaires sont faites par Mason (1980) et Figueiredo et Fernandes (1990) pour les ovins en zone latino-américaine, sans pour autant indiquer les variables d'adaptation impliquées. Les références obtenues aux Antilles françaises suggèrent également que la productivité au sevrage (Naves *et al* 2000, Alexandre *et al* 2001) ou la résistance génétique des petits ruminants au parasitisme gastro-intestinal (Mandonnet *et al* 1997, Aumont *et al* 1998), constituent des atouts importants pour les populations locales et qui devraient être pris en compte dans les programmes d'amélioration génétique dans la région.

Mais un défi important consiste à établir un référentiel zootechnique commun aux différentes populations locales dispersées. Les résultats zootechniques présentés ont tous été collectés dans des situations particulières d'élevage. Il est important de pouvoir harmoniser l'expression des références par une

meilleure documentation des conditions d'élevage et des procédures de mesure et d'évaluation des performances (Naves et Aumont 1996). La mise en place de protocoles de comparaison entre races pourrait être aussi envisagée à partir d'échanges de semence et d'embryons et la mise en place de connexions entre troupeaux nationaux. Ces échanges permettraient par ailleurs de consolider les actions nationales dispersées et isolées en matière de conservation ou d'amélioration des races locales, en s'appuyant sur des effectifs suffisants (Salazar et Cardozo 1981).

3.3 / Gestion des ressources

La gestion des ressources animales locales doit faire face à un compromis entre différentes voies, dont aucune ne peut raisonnablement être exclue : programmes de conservation *stricto sensu*, maintien de troupeaux pépinières actifs, programmes de sélection en ferme, exploitation raisonnée en croisements pour les bovins (Naves *et al* 1996), les ovins (Figueiredo et Fernandes 1990) et les caprins (Alexandre *et al* 1997b, Pariacote 1997).

Cependant on peut relever, en accord avec Wellington (1980), certaines contraintes à la mise en place d'actions d'amélioration génétique basées sur l'utilisation des populations animales locales dans la Caraïbe :

- maintenir des effectifs suffisants afin de garantir la stabilité de la population, le maintien d'une variabilité génétique exploitable et l'efficacité de la sélection ;
- limiter la consanguinité dans des populations à effectifs restreints, par la gestion des accouplements ;
- disposer de systèmes de contrôles de performance applicables dans des exploitations familiales traditionnelles, peu intensives et de petite taille ;
- pérenniser les actions pour toutes ces opérations.

Certaines populations étudiées dans cet article bénéficient d'un inventaire, d'un standard phénotypique et d'un suivi, sous la responsabilité d'organisations professionnelles chargées de leur gestion, de leur amélioration et de leur promotion. Cependant, ces structures sont relativement isolées et elles ne s'appuient parfois que sur des effectifs limités.

Ainsi, chez les ovins, la race ovine Barbados Black Belly a bénéficié d'une organisation de promotion dès le début du XX^{ème} siècle et son exportation a été réalisée vers les autres îles de la Caraïbe anglaise et française, mais aussi vers le Mexique, le Venezuela et aux États-Unis. A la Barbade, où elle a été sélectionnée, les critères de sélection sont le gain de poids, la prolificité, la taille et les couleurs caractéristiques de la robe. Plus récemment cette race a fait l'objet d'un programme expérimental de croisement industriel avec les races britanniques Suffolk et Dorset (Mason 1980). Chez les bovins, seules les races Créoles de Martinique et de Haïti ne bénéficient d'aucune organisation, alors que la plupart des autres races locales on vu se créer, au cours du XX^{ème} siècle, des associations de sélection.

Dans les Antilles françaises, le premier programme concerté d'amélioration génétique d'une race locale a été mis en place en 1993 pour la race ovine Martinik (Leimbacher 1996). Suivant le principe des programmes français, il est articulé autour des éleveurs constituant la base de sélection, et de leurs organisations, notamment une Unité de sélection et Promotion Raciale (UPRA), et des institutions de Recherche et Développement qui les accompagnent (Naves *et al* 1999). Un schéma de sélection est également en cours sur le Bovin Créole de Guadeloupe (Naves et Shitalou 1996). L'intérêt de ces programmes est d'assurer le devenir des populations locales en les maintenant dans un contexte de production, exploitant leurs aptitudes de production en milieu tropical.

Si les ressources génétiques locales de la Caraïbe sont relativement bien connues, ces références restent cependant dispersées et hétérogènes. Un travail important reste à faire dans le domaine de l'inventaire, de la description et de la caractérisation des ressources génétiques de la région, notamment pour compléter et harmoniser les informations disponibles. Les résultats obtenus montrent cependant que les populations locales de la Caraïbe présentent des aptitudes intéressantes pour l'élevage en région tropicale humide. Malgré certaines contraintes propres à la dispersion et à l'isolement des populations locales dans la Caraïbe, des exemples de programme d'amélioration génétique existent, qui permettent de pérenniser ces populations et d'exploiter ces aptitudes.

Conclusion

L'intérêt croissant pour des systèmes d'élevage durables et non plus pour l'obtention d'une production maximale dans des systèmes intensifs, redonne leur place aux populations locales grâce à leurs qualités d'adaptation et à leur niveau de productivité dans leur milieu d'élevage (Alexandre *et al* 1997a, Mariante et Fernandez-Baca 1998). Cependant ces notions sont encore trop souvent insuffisamment prises en compte par les instances nationales et par les organisations professionnelles agricoles, et une attention particulière devrait être apportée à leur diffusion et à l'éducation des professionnels et du public sur les enjeux que représentent ces ressources (Tewolde 1996).

L'impulsion de la FAO pour définir une stratégie mondiale de gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques contribue à une meilleure connaissance des différentes populations animales (Hammond 1998). En Amérique Latine et dans la Caraïbe, elle s'appuie sur la coopération entre les organisations régionales et nationales présentes, dont l'expérience en ce domaine est récente. Elle ne demande qu'à être renforcée par l'harmonisation des informations disponibles et une meilleure coordination des actions d'inventaire, de caractérisation et de gestion des ressources génétiques disponibles.

Il semble indispensable de préserver et de mieux exploiter les ressources génétiques animales de la Caraïbe et leurs capacités de production dans leurs conditions d'élevage.

Références

- Alexandre G., Borel H., Matheron G., Remy C., 1991. Elevages caprins en Guadeloupe. Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop., numéro spécial, 27-40.
- Alexandre G., Aumont G., Fleury J., Mainaud J.C., Kandassamy T., 1997a. Performances zootechniques de la chèvre Créole allaitante de Guadeloupe. INRA Prod. Anim., 10, 7-20.
- Alexandre G., Aumont G., Mandonnet N., Menendez-Buxadera A., Naves M., 1997b. The interest of hardy goat breeds in harsh environments. Arch. Latinoam. Prod. Anim., 5, suppl. 1, 15 p.
- Alexandre G., Aumont G., Mandonnet N., Fleury J., Naves M., 1999. La chèvre Créole de Guadeloupe (F.W.I.) : une ressource génétique importante pour les Tropiques humides. Bulletin d'Information sur les Ressources Génétiques Animales, 26, 45-55.
- Alexandre G., Mahieu M., Aumont G., 2001. Productivité des ovins et des caprins de race locale élevés dans des conditions semi-intensives aux Antilles françaises. Bulletin d'Information sur les Ressources Génétiques Animales, 29, 49-59.
- Aliane P., 1993. Etude prospective de la politique d'amélioration génétique à mettre en oeuvre dans les systèmes d'élevage bovin guadeloupéens. Magistère Développement Agricole Caraïbe, Université Antilles-Guyane, Pointe à Pitre, 92 p.
- Archibald K.A.E., Osuji P.O., 1978. Production systems for small ruminants in the Commonwealth Caribbean (CARICOM region). 2nd Regional Livestock Meeting, Barbados, 27-28 Sept. 1978, 2-13.
- Aumont G., Gauthier D., Coulaud G., Gruner L., 1991. Gastro intestinal parasitism of cattle in native pasture grazing system in Guadeloupe (French West Indies). Vet. Parasitol., 40, 29-46.
- Aumont G., Mandonnet N., Bouix J., Vu Tien Khang J., Gruner L., Menendez-Buxadera A., Varo H., Arquet R., 1998. Genetic resistance to gastro-intestinal parasites in Creole goats bred under a humid tropical climate. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, NSW, Australia, 11-16 Jan. 1998, 25, 265-268.
- Bastien O., Matheron G., Leimbacher F., 1991. Le mouton en Martinique. 1. Description des principaux phénotypes identifiés et étude de quelques caractères morphologiques. Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop., numéro spécial, 75-82.
- Bérard C., 1996. Comparaison des caractéristiques zootechniques des bovins Créoles de Cuba et de Guadeloupe. DESS Productions animales en régions chaudes, CIRAD-EMVT, Montpellier, 86 p.
- Berbigier P., 1998. Bioclimatologie des ruminants domestiques en zone tropicale. INRA Ed., Paris, France, 237 p.
- Boval M., Borel H., Alexandre G., Xandé A., 1993. Study of traditional cattle breeding practices in Guadeloupe. XVII th International Grassland Congress, New Zealand-Australia, february 8-21, 1993.
- BRG, 2001. Base de données nationale France - Situation des Ressources Génétiques Bovins - Ovins - Caprins - Porcins. Bureau des Ressources Génétiques Ed., Paris, France, 229 p.
- Canope I., Raynaud Y., Despois E., Hedreville F., 1986. Le porc Créole de Guadeloupe : étude monographique. B.T.I., 408, 209-226.
- Champanhet F., Tatareau J.C., 1996. Le cheptel bovin à la Martinique : choix génétiques et systèmes d'élevage. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Chemineau P., Mahieu M., Varo H., Shitalou E., Jego Y., Grude A., Thimonier J., 1991. Reproduction des caprins et des ovins Créole de Guadeloupe et de Martinique. Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop., numéro spécial, 45-50.
- Deffontaines P., 1957. Introduction du bétail en Amérique Latine. Cahiers d'Outre-Mer, 37, 5-22.
- Delinois F.J., 1996. Quelques caractéristiques du bovin Créole d'Haïti sur la base des observations et données existantes. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Devendra C., McLeroy 1982. Goat production in the tropics. C.A.B. Ed., London, UK, 183 p.
- FAO, 2000. World Watch List for Domestic Animal Diversity, 3rd edition. Ed. B. Scherf, FAO, Rome, Italy, 726 p.
- FAO, 2001. FAOSTAT Statistics Database on-Line - Agriculture. FAO/WAICENT. <http://apps.fao.org> (May 2001).
- Figueiredo E.A.P., Fernandes A.A.O., 1990. Improvement programs. In : M. Shelton, E.A.P. Figueiredo (eds), Hair sheep production in tropical and sub-tropical regions, 25-36.
- Hammond K., 1998. Development of the global strategy for the management of farm animal genetic resources. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, FAO Symposium, Armidale, NSW, Australia, 11-16 Jan. 1998, 28, 43-50.
- JLA, 1979. Jamaica breeds fine livestock. The Jamaica Livestock Association, 36 p.
- Leimbacher F., 1991a. Martinique Hair Sheep, phenotypes and performances. Hair Sheep Research Symposium, University of the Virgin Islands, St.Croix, USVI, 41-46.
- Leimbacher F., 1991b. Optimisation des systèmes de production traditionnels dans les grands et moyens troupeaux de moutons et de chèvres de Martinique et de Guadeloupe. Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop., numéro spécial, 11-16.
- Leimbacher F., 1996. La sélection du mouton Martinik. Ed. INRA-URZ, Nicole Housset Design, Martinique, 22 p.
- Lopez D., 1997. Los cruzamientos bovinos en Cuba.. XV Reunion Latinoamericana de Produccion Animal, Maracaibo, Venezuela, 24-28 nov. 1997, Symposium Utilizacion de razas y tipos bovinos creados y desarrollados en Latinoamerica y el Caribe, 24-30.
- Louis M.A., 1995. Performances des porcs introduits en Haïti dans le cadre du projet d'appui à la filière porcine. 2nd Comité Inter-Caraïbe d'appui à la filière porcine, Sto Domingo, République Dominicaine, 29-31 mars 1995, 119-124.
- Maillard N., Maillard J.C., 1998. Historique du peuplement bovin et de l'introduction de la tique *Amblyomma variegatum* dans les îles françaises des Antilles (synthèse bibliographique). Ethnozootechnie, 60.
- Maillard J.C., Kemp S., Naves M., Palin C., Demangel C., Accipe A., Maillard N., Bensaid A., 1993. An attempt to correlate cattle breed origins and diseases associated with or transmitted by the tick *Amblyomma variegatum* in the French West Indies. Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop., 46, 283-290.
- Mandonnet N., Aumont G., Fleury J., Gruner L., Bouix J., Vu Tien Khang J., 1997. Résistance aux strongles gastro-intestinaux des caprins. INRA Prod. Anim., 10, 91-98.
- Mandonnet N., Alexandre G., Naves M., Fleury J., Aumont G., Menendez-Buxadera A., 1998. Genetic parameters of litter size and preweaning growth rate of Creole goats of Guadeloupe (FWI). 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock, Armidale, NSW, Australia, 11-16 jan. 1998, 24, 165-168.

- Mariante A., Fernandez-Baca S., 1998. Animal genetic resources and sustainable development in the Americas. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, FAO Symposium, Armidale, NSW, Australia, 11-16 jan. 1998, 28, 27-34.
- Martinez A., Getz W., Geers E., Arnoux S., Ziehe G., 1992. Productivity of haïtian and exotic crossbred does. 5th International Conference on Goats, 2-8 march 1992, New Delhi, India, 1, 63.
- Mason I.L., 1980. Les ovins tropicaux prolifiques. Etude FAO: Production et santé animales. 119 p.
- Menendez-Buxadera A., Planas T., 1996. Comportamiento del ganado criollo en Cuba. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Miranel P., 1995. Situation de l'élevage porcin en Haïti. La génétique porcine. 2nd Comité Inter-Caraïbe d'appui à la filière porcine, Sto Domingo, République Dominicaine, 29-31 mars 1995, 125-133.
- Naves M., Aumont G., 1996. Synthèse et conclusion. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Naves M., Menendez-Buxadera A., 1997. Comportamiento productivo del ganado Créole en Guadalupe. Analisis de 15 años de trabajo. Arch. Latinoam. Prod. Anim. 5, suppl. 1, 530-532.
- Naves M., Shitalou E., 1996. Programme d'amélioration génétique du bovin Créole de Guadeloupe. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Naves M., Maillard J.C., Debus A., Houlier G., Levéziel H., Mahé M.F. 1994. An attempt of phylogenetic analysis of the local cattle of Guadeloupe. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Ontario, Canada, 7-12 aug. 1994, 21, 417-420.
- Naves M., Ménissier F., Menendez-Buxadera A., Renand G., 1996. Perspectives de valorisation des populations bovines locales dans la zone Caraïbe-Amérique Latine. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Naves M., Leimbacher F., Alexandre G., Mondonnet N., 2000. Development of animal breeding strategies for the local breeds of ruminants in the French West Indies. In : S. Galal, J Boyazoglu, K. Hammond (eds), Workshop on Developing Breeding Strategies for Lower Input Animal Production Environments, Bella, Italy, September 22-25, 1999, ICAR Technical Series n°3, 379-385.
- Naves M., Menendez-Buxadera A., Shitalou E., 2000. Caracterización y mejora genética del bovino creole de Guadeloupe. V Congreso Iberoamericano de Razas Autoctonas y Criollas. 28 noviembre- 1 diciembre 2000, Ciudad Habana (Cuba).
- Pariacote F.A., 1997. Programa para el mejoramiento genético de poblaciones nativas: perfil. UNEFM, Departamento de Producción Animal, 10 p.
- Pépin L., 1994. Recherche de polymorphisme génétique chez les caprins. Application à l'étude de la diversité des populations, au contrôle de filiation et à la résistance génétique à la cowdriose. Thèse Univ. Paris-Sud, Orsay, 139 p.
- Perón N., Limas T., Fuentes J.L., 1991. El ovino Pelibuey de Cuba. Revisión bibliográfica de algunas características productivas. Rev. Mundial Zootecnia, 66, 32-39.
- Poivey J.P., 1987. Development of breeding methods in the tropics with limited availability of in-the-field recording systems. World Rev. Anim. Prod., 23, 83-92.
- Rastogi R.K., Keens-Dumas M.J., Lauckner F.B., 1992. Comparative performance of several breeds of Caribbean hair sheep in purebreeding and crossbreeding. Small Ruminant Research, 9, 353-366.
- Rouse J.E., 1977. The Criollo, Spanish Cattle in the Americas. Univ. of Oklahoma Press, Norman, 305 p.
- SACAD, FAMV, 1994. Paysans, systèmes et crise. Travaux sur l'agriculture haïtien - Tome 3 : Dynamique de l'exploitation paysanne. Pointe à Pitre (Guadeloupe), Port au Prince (Haïti), 476 p.
- Salas M. 1989. Systèmes d'élevage bovin allaitant en Guadeloupe, diagnostic et voies de développement. Thèse Univ. Paris XII, 348 p.
- Salazar J.J., Cardozo A., 1981. Desarrollo del ganado criollo en América Latina : resumen historico y distribución actual. Estudio FAO, producción y sanidad animal, 22, 8-12.
- Tewolde A., 1996. The challenge of the animal genetic resources in Central America and the Caribbean. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Thomas R.A., 1996. Beef cattle breeds of Jamaica. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Vargas-Mena D.A., 1996. The Romana Red cattle. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique et Développement Rural. Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe, Gosier (Guadeloupe, F.W.I.), 2-6 décembre 1996.
- Wellington K.E., 1980. Animal genetic resources in caribbean farming systems. In : J. Servant, A. Pinchinat (eds), Caribbean seminar on farming systems research methodology, Guadeloupe, 4-5 May 1980, 617-625.
- Wildeus 1987. Senepol cattle. Proc. International Senepol Research Symposium, Univ. Virgin Islands, St Croix, USVI, 138 p.
- Wilkins J.V., 1981. Criollo cattle of the Americas. Anim. Genetics Resources Inform., 1, 84p.

Abstract

Focus on genetic resources and their management in ruminant species in the Caribbean.

The present domestic ruminant species were shipped to the Caribbean after the 15th century. After the introduction of the first iberical stocks, the stocks proceeded from different origins, according to the colonisation process. Therefore, historical events are responsible for the livestock presently reared on the islands. Various degrees of crossbreedings have occurred, in some cases substituting the local populations. A variety of original local breeds still remains, in spite of recent breed introductions related to commercial exchanges and technical advances in animal reproduction.

These local breeds give a fair contribution to animal production in the region, mainly in traditional or family-size breeding systems, in which their adaptation qualities are appreciated. In spite of their lack of specialisation, they also exhibit interesting production potential. Finally, they are also choice biological models for studies of interesting adaptation traits, such as the resistance to certain tropical diseases.

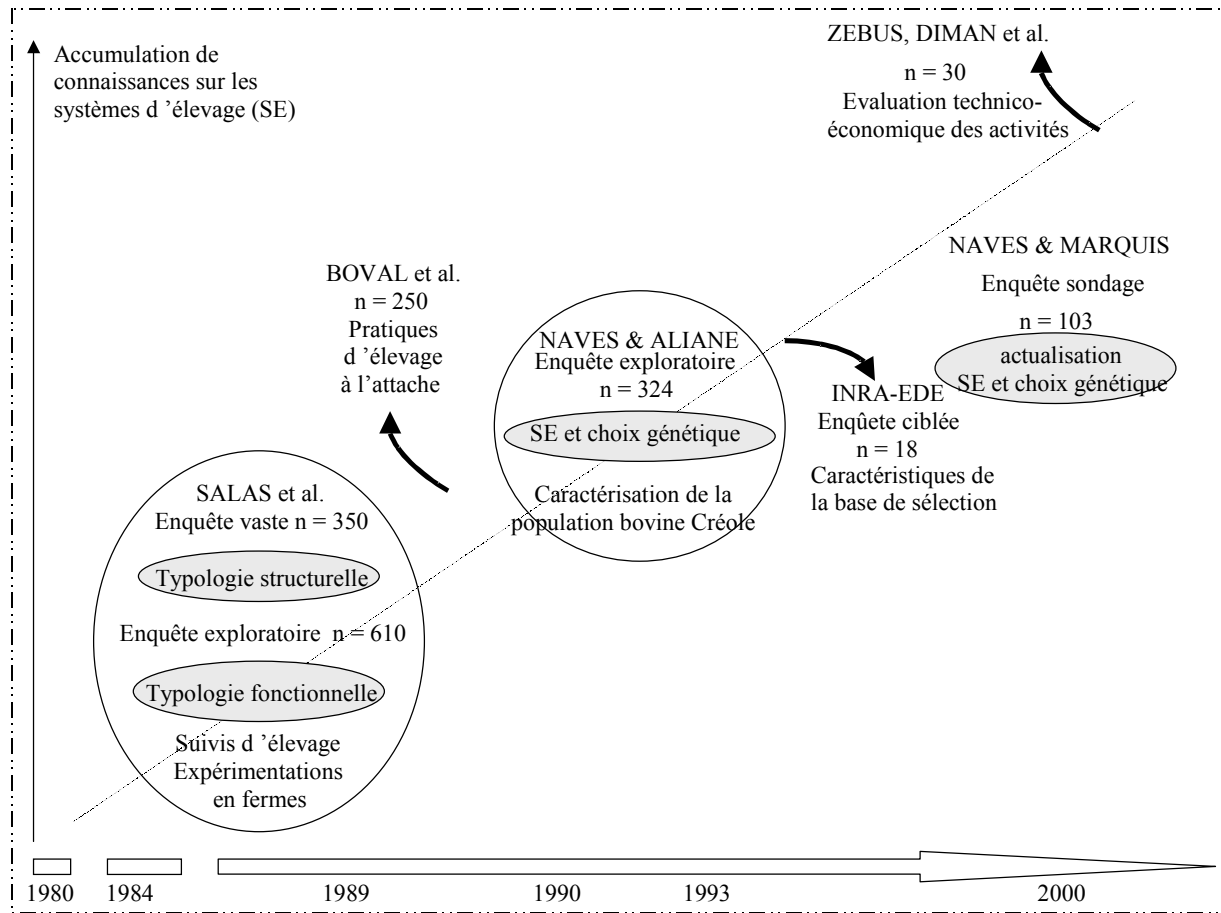
Few programs have been initiated for the preservation or the management of local animal genetic resources in the Caribbean. Some are conducted in the Upper Antilles, where some creole stocks remain, as well as some well established, recently created synthetic breeds. In the Lesser Antilles, the French overseas departments promote in situ management actions, with concerted breeding programs.

In spite of their reduced and scattered flock size, the Caribbean own a layer of local genetic resources, which are poorly documented and exploited. Recent works have raised the interest for these resources and for the development of sustainable breeding systems. A global strategy for the management of the local populations in the Caribbean and Latin America could enhance the efforts of the different partners.

NAVES M., ALEXANDRE G., LEIMBACHER F., MANDONNET N., MENENDEZ-BUXADERA A., 2001. Les ruminants domestiques de la Caraïbe : le point sur les ressources génétiques et leur exploitation. INRA Prod. Anim., 14, 181-192.

Première partie :
Systemes d'élevage bovin en Guadeloupe

Figure 1.1. Représentation schématique des travaux réalisés sur les systèmes d'élevage bovin en Guadeloupe au cours des 20 dernières années.



Systèmes d'élevage bovin en Guadeloupe.

Introduction

En Guadeloupe, une grave crise structurelle et organisationnelle a traversé la filière des productions animales durant plus de 5 ans (Delcombel 2001). La filière bovine n'échappe pas à cette règle générale. Malgré les différents plans de relance qui se sont succédés, l'élevage guadeloupéen ne parvient toujours pas à satisfaire la demande locale. Si aujourd'hui quelques éleveurs spécialisés s'efforcent de restructurer la profession au sein de petits groupements de producteurs, ils sont loin d'être les seuls à élever des bovins et à approvisionner le marché. Ainsi, ces groupements rassembleraient moins de 200 adhérents, pour près de 3000 vaches et 6000 bovins au total (Chambre d'Agriculture de la Guadeloupe, 2001).

Pour mieux évaluer les marges de manœuvre possible en matière de développement de l'élevage, il semble important de faire le bilan des connaissances sur les conditions d'élevage et les modes de conduite du troupeau bovin dans son ensemble, et sur sa diversité tant du point de vue des structures et des exploitations en place que des logiques de production poursuivies. Cela vaut en particulier pour l'intégration des populations animales locales dans un processus de développement régional, comme le soulignent Casabianca et Vallerand (1994). En effet le choix et la promotion d'une politique d'amélioration génétique, qui, suivant le schéma français, est une action collective et concertée, doit prendre en compte les pratiques habituelles de gestion des populations par les éleveurs, en relation avec leur système de production.

Au cours des 20 dernières années, des travaux de différente nature ont été engagés sur les systèmes d'élevage auprès des professionnels (figure 1.1). A la suite des premiers travaux de Lincertin (1982) qui aborda la notion de systèmes traditionnels; un programme de recherche-développement a été mené conjointement par le CIRAD-EMVT et l'INRA de 1984 à 1989, basé sur un ensemble d'études de terrain. Enquête « vaste » (n = 350), enquête « exploratoire » (n = 610), suivis d'élevage (n = 19) et expérimentations en fermes ont fourni de riches enseignements sur la diversité des systèmes d'élevage bovin et les fonctions de l'atelier bovin au sein du système exploitation - famille (Salas, 1989).

Sur la base de ces connaissances, une série de travaux en fermes ont été poursuivis par l'INRA, qui ont porté sur des composantes particulières des modes de conduite. Ont ainsi été étudiées plus précisément les différentes pratiques d'élevage à l'attache (Boval, 1994, enquêtes chez 250 éleveurs) ou encore les stratégies de renouvellement et les choix génétiques des éleveurs en fonction de leurs systèmes de production (Aliane 1993, Naves et al, 1998, enquêtes chez 324 éleveurs). Ces informations ont été complétées en 1998 sur un échantillon d'éleveurs à la base de la naissance de l'UPRA Créole (Naves et al; 2000; 18 éleveurs)

Zootechniciens et économistes se rejoignent dans l'intérêt pour les systèmes d'élevages, et les informations collectées ont été revues et actualisées en 2000, sur la base d'un sondage auprès des éleveurs de l'UDGDSB (Union Départementale des Groupements de Défense Sanitaire du Bétail) (Marquis, 2001; 103 éleveurs) et d'enquêtes auprès des éleveurs de la SAFER (29 éleveurs), en collaboration avec des chercheurs économistes en charge de modéliser l'agriculture guadeloupéenne (Diman et al., 2001). Ainsi une première évaluation économique des activités élémentaires d'élevage bovin a récemment pu être établie (Diman et al., 2002, 2003).

Figure 1.2. Répartition du cheptel bovin et des exploitations pratiquant l'élevage en Guadeloupe suivant la taille du troupeau (en nombre de têtes)

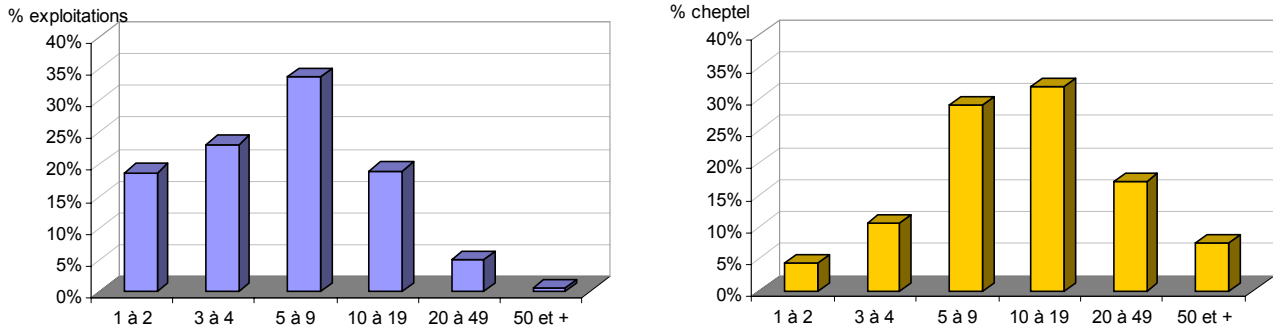
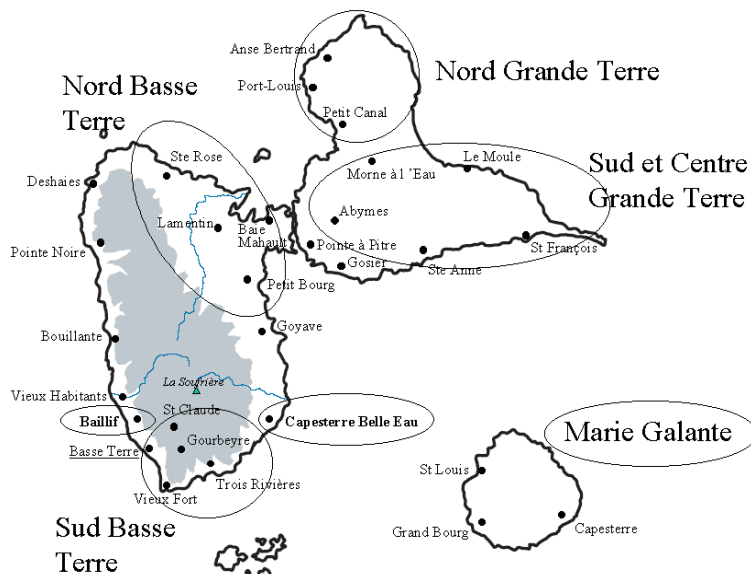


Tableau 1.1. Répartition des activités d'élevage bovin sur le territoire de la Guadeloupe: proportion (en % du total du département) de la surface agricole utile (SAU), du nombre d'ateliers bovin et du cheptel bovin suivant la région concernée.

Production agricole	Région	Nombre de communes	SAU	Ateliers bovin	Cheptel bovin
Zone de production cannière	Sud et Centre Grande -Terre	5	30	40	41
	Nord Grande Terre	3	19	15	16
	Marie-Galante	3	11	19	17
	Nord Basse-Terre	4	17	15	16
Zone de production bananière	Sud Basse-Terre	4	7	2	3
	Capesterre Belle-Eau	1	8	1.5	1
	Baillif	1	1.6	1	1

(Source : Toumson, 2003 ; d'après SCEES, 2001)

Figure 1.3. Carte de Guadeloupe et des régions agricoles décrites



D'une façon générale, les enquêtes répondaient à des objectifs de recherche différents mais ont néanmoins permis d'accumuler un certain nombre d'informations factuelles sur les caractéristiques des exploitants ayant des bovins, les structures des exploitations, les animaux et les ressources mobilisées, les modes de conduite et de commercialisation. Cette partie présente une synthèse des principales caractéristiques des systèmes d'élevage, issues des différents travaux entrepris. Auparavant la situation actuelle et l'importance de cette activité sont décrites en termes de statistiques agricoles. Ces connaissances apportent un éclairage sur les orientations et le fonctionnement des élevages bovins en Guadeloupe, qu'il sera important de prendre en compte par la suite pour la caractérisation de la population bovine Créole et la définition des orientations possibles concernant son exploitation.

1. Un élevage omniprésent au sein des exploitations agricoles et sur tout le territoire.

En 2000, on recensait en Guadeloupe (SCEES, 2001), un peu plus de 41 000 ha de SAU occupés par quelques 12 000 exploitations agricoles (EA) soit en moyenne moins de 3,5 ha par exploitation. Certes, cette moyenne cache certaines disparités mais il n'en reste pas moins que les EA sont de relative petite taille. Parmi celles-ci, près de 8 500 se partageaient les 65 000 têtes de bétail recensées pour le cheptel bovin, soit moins de 8 têtes en moyenne par élevage pour une espèce présente dans près de 70% des EA. A la figure 1.2. on peut constater que 60% du cheptel guadeloupéen se retrouve dans des élevages de 5 à 19 têtes, un bovin sur quatre seulement se retrouve dans des élevages plus importants (20 têtes et plus), un sur six dans des élevages de taille inférieure (moins de 5 têtes). En ce qui concerne les exploitants, la plupart d'entre eux possèdent moins de 10 têtes (75%), plus du tiers (42%) possèdent même moins de 5 têtes.

Une étude portant sur 21 des 34 communes de l'archipel (Toumson, 2003) qui regroupent 92% de la SAU et des exploitations agricoles de l'archipel, 95% des bovins recensés et des exploitations correspondantes, montre que plusieurs zones se distinguent par la dynamique d'élevage qui les animent (Tableau 1.1 et Figure 1.3.).

Une région d'élevage par excellence comportant 30% de la SAU, 40% des ateliers bovin et 41% du cheptel regroupe 5 communes du Sud et du Centre de la Grande-Terre. Insérées en zone cannière, les communes de cette zone ont 2 à 4 fois plus d'exploitations avec élevage bovin que d'exploitations cultivant de la canne à sucre. Une région orientée à la fois vers l'élevage bovin et la canne à sucre (4 exploitations avec élevage bovin pour 3 avec canne à sucre) est le Nord Grande-Terre (3 communes) qui avoisine 19% de la SAU de l'archipel et abrite 15% des exploitations accueillant des bovins pour 16% du cheptel départemental. Le Nord Basse-Terre constitué de 4 communes (17% de la SAU totale) est similaire au Nord Grande Terre mais situé en zone humide. Il abrite 16% du cheptel de l'archipel dans 15% des exploitations comportant un élevage bovin. Dans ces trois régions, on observe une distribution selon les tailles d'élevage similaire à la moyenne de l'archipel pour les exploitations comme pour les animaux. A Marie-Galante la situation est similaire à celle décrite pour le Nord Grande Terre mais elle se différencie surtout par une concentration supérieure sur un territoire plus exigu. Ce sont particulièrement les petits élevages qui sont plus fréquents dans cette zone (figure 1.4).

Le Sud Basse-Terre (7% de la SAU totale) est la principale région bananière et ne représente que 2% des éleveurs de Guadeloupe pour 3% du cheptel. Dans cette région, les gros élevages sont bien mieux représentés que dans le reste de l'archipel (figure 1.5). Capesterre Belle Eau (8% de la SAU totale) constitue un îlot au sein de la zone bananière pour l'importance qu'y connaît la culture de la banane et la marginalisation relative de l'élevage bovin (1,5% des

Figure 1.4. Distribution du cheptel bovin et des exploitations d'élevage à Marie Galante suivant la taille du troupeau (en nombre de têtes)

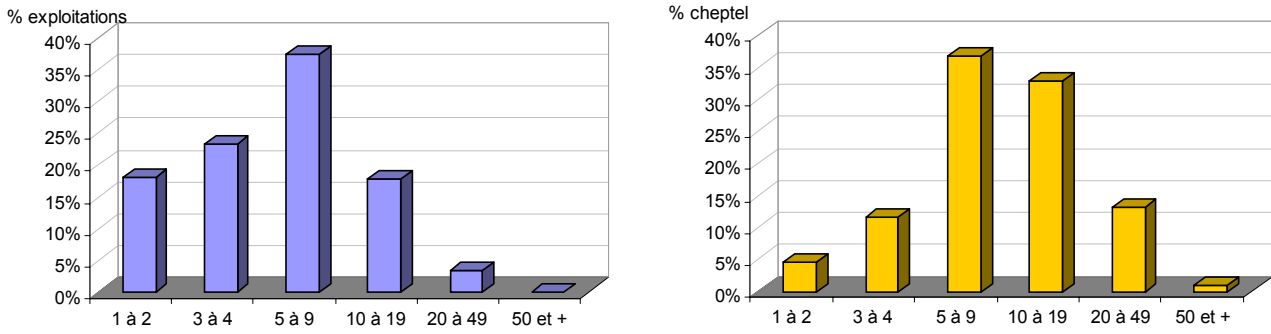
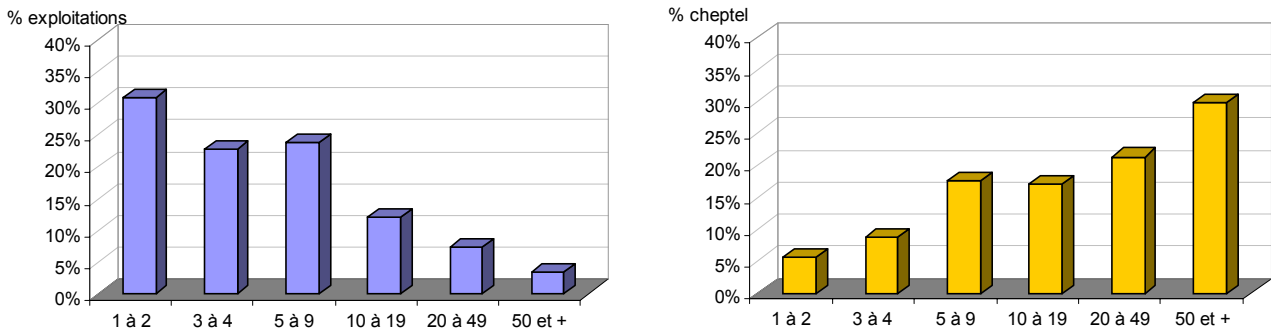


Figure 1.5. Distribution du cheptel bovin et des exploitations d'élevage en Sud Basse Terre suivant la taille du troupeau (en nombre de têtes)



élevages et 1% du cheptel). A l'inverse, la commune du Baillif est particulière au sein de la zone bananière (1,6% de la SAU totale); en effet, 40% des exploitations y comportent des bovins (avec une prépondérance des gros élevages).

Ce zonage montre s'il en était besoin le fort lien géographique entre canne à sucre et élevage bovin : 90% des agriculteurs élevant des bovins exercent en zone cannière où l'on retrouve 90% du cheptel recensé en 2000. Il y a des raisons historiques à cela, l'élevage bovin s'étant développé traditionnellement sur les habitations sucrières pour les travaux des champs, à la marge des plantations de canne à sucre (Venkatapen, 1991). Au delà des considérations historiques, la canne à sucre et l'élevage bovin sont également très proches dans les stratégies productives des exploitants agricoles. Les deux spéculations sont fortement consommatrices d'espace (la canne et les superficies prairiales occupent 74 % de la SAU de l'archipel) et valorisent relativement peu le foncier au regard d'autres activités agricoles. Ce sont également les spéculations qui dans les pratiques les plus couramment observées requièrent peu ou pas de trésorerie pour leur mise en œuvre et comportent également peu de risques sauf accident climatique majeur, comme nous le verrons plus loin.

2. Des modes de conduite issus du creuset traditionnel, mais des pratiques diversifiées.

2.1. Un modèle traditionnel hérité de l'histoire.

La plupart des modes d'élevage pratiqués sont plus ou moins proches de ce que l'on pourrait appeler un modèle originel dit « traditionnel », façonné par l'histoire et le contexte socio-économique (Xandé, 1999). Comme dans le reste de la Caraïbe, la Guadeloupe était vouée, dans le cadre de la colonisation, à l'agro-exportation. Les esclaves, puis les salariés, colons et/ou petits agriculteurs contribuaient directement à l'économie de plantation par leur production, sur des lopins de terre cultivés en canne où les bovins étaient élevés pour leur force de traction. De plus, les grands propriétaires leur laissaient la possibilité de produire eux-mêmes leur alimentation, où le jardin créole et un petit élevage trouvaient leur place, justifiant par-là leur faible rémunération. Ainsi, l'économie familiale puisait dans cette économie agricole informelle associant cultures et élevage sur de petites surfaces (Zebus, 2000). L'élevage se faisait aux moindres coûts et exploitait les ressources fourragères disponibles et les sous-produits de culture. C'est ainsi que s'est développée la technique de l'élevage à l'attache, afin de maximiser l'utilisation des surfaces réduites. Aujourd'hui ce mode d'élevage perdure et constitue l'originalité des petits paysans de notre région.

D'une manière générale, dans le système traditionnel, les éleveurs sont souvent pluriactifs, très rarement spécialisés, les ateliers d'élevage sont de petite taille, les interventions sur le troupeau ou sur les pâturages sont minimales, la reproduction se fait par monte naturelle et le choix se porte préférentiellement sur le bovin Créole rustique adapté au milieu et aux conditions faiblement artificialisées. De manière simpliste, on peut distinguer un groupe largement majoritaire d'élevages répondant à ces critères, et à l'opposé, un pôle plus restreint d'éleveurs plus spécialisés et ayant recours à des techniques d'élevage modernes.

Cependant de multiples pratiques d'élevage ont pu être relevées et quelles que soient l'échelle et la base de l'étude, il apparaît une série d'éléments invariables au cours des temps. Les principales caractéristiques sont présentées au tableau 1.2. et seront expliquées en détail dans ce qui suit.

La figure 1.6. présente quelques photos de bovins Créoles, caractéristiques de leur situation dans les systèmes d'élevage en Guadeloupe.

Tableau 1.2. Caractéristiques des systèmes d'élevage bovin vues au travers des études menées à différentes époques et à différentes échelles en Guadeloupe au cours des 20 dernières années.

Auteur	Salas (1984 à 1989) Enquête exploratoire (n = 610) Enquête vaste (n = 350) Suivis d'élevage (3 ans, n = 19)		Aliane (1993) Enquête vaste en 1990 compléments en 1993 (9 mois, n = 324)		Sabin (1998) Enquête ciblée (2 mois, n = 18) base EDE-UPRA Créole		Marquis (2000) Sondage (n = 103) base UDGDSB		Diman (2002) Enquête (2 mois, n = 29) SAFER	
Exploitation										
Age exploitant (ans)	48				52					
Surface Pâturage (Classe de surface; ha)	≤ 2	56 %	> 2	44 %	≤5	22 %	≤ 2	20 %	≤ 2	36 %
	2<-≤ 4	26 %			5 <-≤ 9	33 %	2<-≤4	31 %	2< -≤ 4	27 %
	> 4	13 %			> 10	45 %	4<-≤8	27 %	> 4	37 %
							> 8;	21 %		
Mode de pâturage										
Attache seulement	98 % *		94 %		67 %		87 %		81 %	
Autres, combinaisons			2 %		33 %		5 %		19 %	
A dominance Savane	76 %		55 %		61 %		64 %			
Pas de fertilisation			45 %		33%		38 %		21 %	
Animaux										
Nombre de bovins (Classe d'effectif)	1 <-≤ 5	27 %	1 <-≤ 5	14 %	1 <-≤ 20	17 %	1 <-≤ 5	20 %	1 <-≤ 10	37 %
	5 <-≤ 10	25 %	5 <-≤10	32 %	20 <-≤ 30 30	44 %	5 <-≤ 11	44 %	10 <-≤ 20	43 %
	10 <-≤ 20	39 %	10 <-≤20	41 %	<-≤ 40	27 %	12<-≤15	17 %	20 <-≤30	7 %
	> 20	9 %	> 20	13 %	> 40	12 %	> 15	20 %	> 30	13 %
Races choisies										
mères Créoles	95%		71 %		45 %		70 % *		42 %	
idem et veaux croisés					15 %				26 %	
mères croisées			8 %		0 %		8 % *		38 %	
mères croisées et Créoles			21 %		55 %		21 %*		20 %	
Conduites d'élevage										
Complémentation * ss-produits canne * commercial			80 %		94 % 72 % 44 %				47 % 47 % 13 %	
Reproduction										
Monte naturelle (MN)	82 %		71 %		72 %				68 %	
MN+ IA	16 %		21 %		28 %				13 %	
IA seule	2 %		8 %		0 %				19 %	
Soins										
* détiqage	95.5 %				100 %		100 %		19 %	
* vermifugation	26 %		69 %		89 %				19 %	

2.2. Conduite au pâturage et complémentation.

Au sein des différents élevages on peut distinguer deux grands types de conduite. Le mode de conduite dite traditionnelle consiste en l'attache des animaux par une chaîne à un point fixe sur les surfaces fourragères, et leur déplacement quotidien ; plus de 80 % des éleveurs enquêtés la pratiquent, quelle que soit l'étude. A l'opposé, une pratique plus "moderne", inscrite depuis de nombreuses années dans les plans de développement de l'élevage, est celle de la conduite en pâturage libre avec rotation ou pas sur des parcelles clôturées.

La conduite à l'attache bien que très répandue n'avait jamais été décrite jusqu'aux travaux de Boval (1994), basés sur des enquêtes et des expérimentations en station. Elle n'est pas simplement le fait d'une transmission inconsciente d'une méthode traditionnelle. Elle est aussi le résultat d'une volonté de gérer au mieux le milieu et les ressources disponibles. En effet, elle permet la valorisation des prairies naturelles et l'utilisation temporaire de surfaces supplémentaires afin de compenser la pénurie fourragère durant la sécheresse, en s'adaptant à des surfaces réduites ou des zones escarpées. C'est aussi un outil judicieux d'alimentation individuelle des animaux au pâturage au moyen de la longueur de la chaîne et de la fréquence de déplacements. De plus, ce mode d'élevage est un moyen de contention des animaux, en l'absence de corral, et facilite la détection des chaleurs. Il permet également une accoutumance à l'homme et par-là même un contrôle de la docilité. Enfin c'est surtout un système non onéreux qui permet de réduire les investissements. La description des opérations élémentaires souligne la souplesse de la conduite à l'attache, qui permet le fractionnement du troupeau et un suivi régulier et individualisé des animaux. Cependant elle est laborieuse et consommatrice de main d'œuvre, et convient aux exploitations réduites ou de type familial.

La conduite en pâturage libre se rencontre quasi exclusivement chez les gros éleveurs ou encore adhérents aux groupements. Elle nécessite la préparation de parcelles (4 ou 5 en moyenne) et l'investissement en clotûres. Par ailleurs une certaine technicité est requise dans le cas de pâturage rotatif et n'est pas toujours maîtrisée. En réalité certains éleveurs utilisent des méthodes mixtes associant les deux modes de gestion des pâturages, de 5 % (Marquis 2001) à plus de 20 % (Naves et al., 2001; Diman et al., 2002).

Les pâturages exploités sont constitués essentiellement de prairies naturelles : entre 50 et 75 % des exploitants enquêtés ont des prairies à dominante savane naturelle. Cependant la savane naturelle domine la surface fourragère guadeloupéenne dont elle occupe près de 80 %. Cette dernière se met rapidement en place et sa contribution a augmenté sensiblement avec la déprise des surfaces plantées en canne à sucre ces dernières années. Plus rarement des prairies ont été implantées en *Digitaria decumbens*, suivant les préconisations formulées pour l'intensification de l'élevage (Chenost, 1971). Le plus souvent il s'agit de prairies implantées en combinaison avec les espèces natives (de 5 à 30 % des éleveurs selon l'étude). Les éleveurs sont également nombreux à utiliser en plus d'autres ressources fourragères (friches, sous bois, bord de route, lisières de champs de canne ...).

Traditionnellement les prairies sont peu entretenues, et peu fréquemment et très faiblement fertilisées : ainsi 20 à 40 % des éleveurs affirment ne pas fertiliser leurs prairies.

Le troupeau comprend en moyenne de 7 à 12 bovins selon les auteurs, soit un chargement moyen de 3.4 à 4.3 têtes/ha. Celui-ci peut être très élevé dans certains cas d'élevage à l'attache : jusqu'à 4 voire plus de 5 têtes/ha, selon Salas (1989) ou Marquis (2001).

La pratique de la complémentation est assez répandue, surtout pendant la période de sécheresse, ou « carême », principalement sous forme d'amarres de canne à sucre (50 à 80 % des réponses) et moins fréquemment d'aliments concentrés (10 à 40 %) (Salas et Sheikboudou, 1988).

Figure 1.6. Quelques photographies illustrant la place du bovin Créole dans les systèmes d'élevage en Guadeloupe.



Vache et son veau en période de sécheresse en Grande Terre
(photo M. Naves)



Taureaux Créoles attelage traditionnel
(photo N. Barré)



Vache créole à l'attache en bordure d'un jardin créole (photo S. Barclay)



Jeunes bovins croisés à l'attache sur prairies améliorées (photo COOPIAG)



Taurillons Créole au pâturage sur *Digitaria decumbens* à Domaine de Gardel
(photo M. Naves)



Vache Créole et son veau de 7 mois, sur savane naturelle au Domaine de Gardel
(photo M. Naves)

2.3. Suivi sanitaire.

Depuis de nombreuses années les groupements de défense sanitaire mènent des campagnes de détiquage régulier dans le département et cette action prophylactique est relativement bien appliquée par les éleveurs (seuls 5 % disent ne pas détiquer). La fréquence bi-mensuelle est suivie régulièrement dans le cas de mise en œuvre par l'UDGDSB (Union départementale des groupements de défense sanitaire du bétail), mais il apparaît moins de rigueur chez certains éleveurs (Salas 1989). La sensibilisation à ce problème sanitaire est très forte dans le département, depuis la mise en place en 1995 d'une campagne d'éradication de la tique sénégalaise (Barré et Garris, 1990). Celle-ci s'appuie principalement sur la nécessité de mener des détiquages intensifs pour l'élevage d'animaux d'origine européenne ou croisés, connus comme étant plus sensibles aux maladies transmises par les tiques (Barré et al., 1988 ; Camus et Barré, 1990). Aliane (1993) montre également que la proportion d'éleveurs citant des problèmes sanitaires dans leur troupeau (tiques et maladies associées ou autres maladies infectieuses) suit l'importance du taux de croisement de leur cheptel.

Dans le cas des élevages plus technicistes les animaux sont vermifugés avec des produits polyvalents selon une fréquence prédéfinie (tous les 3 mois pour les jeunes et tous les 6 mois pour les adultes). Les proportions d'éleveurs concernés varient de 20 à 70 % selon la base d'échantillonnage. Selon des enquêtes en élevage menées par Salas et Sheikboudou (1988), les problèmes posés par le parasitisme digestif restent secondaires par rapport aux problèmes liés à l'alimentation ou à la reproduction, et le niveau d'infestation reste bas. Toutefois, ils notaient que le niveau d'infestation des animaux croisés n'était pas différent des animaux Créoles, malgré un degré d'infestation plus élevé, grâce à des traitements plus fréquents pour les animaux croisés que pour les Créoles.

2.4. Mode de reproduction et politique génétique.

De nombreux éleveurs ne possèdent pas de taureaux, du fait de la faible taille de leur cheptel : c'est le cas de 52 % des éleveurs dans l'échantillon étudié par Aliane (1993). Pourtant, pour plus de 70 % d'entre eux (quelle que soit l'étude), le mode de reproduction est la monte naturelle. Le prêt d'un mâle est donc assez fréquent, si l'exploitant n'en possède pas. La monte naturelle est pratiquée en alternance avec l'insémination artificielle (IA) dans près de 20 % des cas. On relève aussi un petit nombre d'éleveurs ayant même recours uniquement à cette dernière pratique ; la proportion semble augmenter au cours du temps, sans doute en relation avec l'activité de la coopérative COOPIAG (COOPérative d'Insémination Artificielle de la Guadeloupe) depuis 1991, qui réalise plus de 2000 IA premières par an.

La proportion d'éleveurs ayant délibérément choisi d'élever des vaches Créoles varie de 40 % à 70 % selon la base d'échantillonnage, ceux ayant opté uniquement pour des vaches croisées dépassent rarement 10 %; un choix mixte (vaches Créoles et croisées présentes dans le même troupeau) est fait par 20 ou 50 % des éleveurs selon l'étude.

Il apparaît ainsi une mosaïque de génotypes allant du Créole pur à des croisements complexes entre de multiples races. 59 % des éleveurs citent de 2 à 3 races en plus du bovin Créole dans la composition de leur cheptel (Marquis 2001). Parmi elles, le Limousin semble être préférentiellement choisi, chez 51 % des éleveurs pratiquant des croisements. Mais il existe toute une palette de situations où le génotype est mal déterminé. On parle ainsi de croisements tout venant non contrôlés : 37 % de l'effectif total de l'EDE en 1998. La tendance à la substitution du bovin Créole par des croisements tout venant semble par ailleurs s'accélérer : Naves et al. (2001) ont rapporté un effritement marqué de la population Créole qui ne représentait plus fin 1998 que 62 % de l'effectif bovin total, contre 75 % début 1996, et 95 % en 1985 (Salas, 1989).

Nous reviendrons en détail sur ces stratégies génétiques dans la discussion générale, lorsqu'il sera question de la politique d'amélioration génétique à mettre en œuvre dans les élevages bovins en Guadeloupe.

3. Approche économique des systèmes d'élevage bovin en Guadeloupe.

La logique économique des élevages et la valorisation de leur production au sein des filières existantes constituent un élément important à prendre en compte dans la description des systèmes de production, au même titre que la structure des exploitations ou les pratiques d'élevage. Les travaux les plus récents menés sur la question (Diman et al., 2002, 2003) décrivent deux finalités principales : l'une, productiviste, où la fonction majeure est la production ; l'autre, dite patrimoniale, où l'animal joue un rôle d'épargne sur pied. Elles avaient déjà été mises en évidence par Salas (1989) et Venkatapen (1991), mais sans être réellement analysées de manière détaillée.

3.1. Les stratégies de commercialisation s'appuient sur une dualité de la filière.

Certains éleveurs s'inscrivent pleinement dans la filière bouchère classique, pour laquelle la préoccupation quant au croît des animaux, et à la qualité bouchère de la carcasse lors de la vente devient prépondérante, induisant par-là même le suivi d'un ensemble de paramètres zootechniques pour optimiser le couple coût / qualité bouchère. Lors d'une enquête effectuée en 2001, auprès d'éleveurs organisés et encadrés, nous retrouvons ainsi principalement des activités d'élevage aux finalités classiques (75% des enquêtés). Ces éleveurs, de type naisseur, naisseur – engraisseur ou engraisseur, commercialisent régulièrement leurs animaux, les volumes pouvant toutefois varier de façon importante d'un élevage à l'autre en fonction de la taille de l'atelier bovin et surtout de sa part dans le revenu de l'exploitant (Diman et al, 2002). Ces élevages productivistes tendent à suivre les prescriptions technico-économiques des organisations professionnelles, soutenues en cela par les pouvoirs publics, et à se professionnaliser. Ils entrent dans une logique économique classique, organisée au sein de groupements à vocation commerciale, assurant un encadrement technique.

Une activité d'élevage bovin originale est l'élevage patrimonial, mise en œuvre par 25% des exploitants enquêtés. Elle correspond aux plus petits élevages comportant moins de 10 têtes et moins de 2 hectares de pâturage. Ceux-ci participent également à la production de viande mais avec une fréquence et des volumes irréguliers. L'élevage patrimonial tel qu'observé au moyen des enquêtes effectuées connaît en moyenne des volumes commercialisés par unité de production au moins deux fois inférieurs aux activités naisseur et naisseur-engraisseur. La décapitalisation du patrimoine sur pied permettra de pallier aux besoins en cas d'imprévus (événement coûteux fortuit, sécheresse exceptionnelle, réduction plus ou moins prolongée de la capacité de travail, etc...). Ces élevages s'inscrivent principalement dans une filière informelle très vivace en Guadeloupe, qui fait appel à l'abattage et à la commercialisation au détail "à la ferme". Cette filière informelle permet en éliminant les intermédiaires entre l'éleveur et le consommateur, d'augmenter sensiblement la marge procurée à l'éleveur par la vente tout en restant abordable pour le consommateur.

Les animaux qui proviennent en grande partie de l'élevage patrimonial ne sont pas uniquement abattus à la ferme par leur propriétaire. Les maquignons et petits bouchers s'approvisionnent volontiers chez ces éleveurs avec lesquels ils peuvent négocier des prix d'achat des animaux sur pied très avantageux. En effet, ils sont confrontés alors à des éleveurs qui ne sont pas dans une logique marchande classique où l'on essaie d'obtenir une rémunération satisfaisante du travail et plus généralement des ressources engagées (finances, foncier,...) à partir du produit commercialisé. Il n'est pas réellement question de compétition

entre cette filière "fermière" et la filière bouchère classique, la viande commercialisée dans le premier cas étant un produit différent des morceaux de boucherie conventionnelle à bien des égards. La clientèle peut être la même mais aura selon toute vraisemblance un usage différent du produit, selon qu'il provienne du circuit officiel ou du circuit informel. Les maquignons et les petits bouchers guadeloupéens alimentent leur activité de la coexistence de ces deux filières qui de fait sont complémentaires. De même, au sein des élevages, ces fonctions patrimoniale et productiviste ne sont pas exclusives, et peuvent être choisies partiellement ou alternativement par les éleveurs.

On estime à près de 20% la part de la viande bovine abattue localement dans des conditions non réglementaires, c'est à dire hors des abattoirs agréés. En volume, cela représentait entre 1988 et 1999 en moyenne 657 tonnes, sur un total de 3269 tonnes produites localement (Toumson, 2003), soit près de 4000 bovins abattus chaque année sans contrôle. S'il se confirme que le gros de l'abattage à la ferme est le fait des exploitants travaillant en élevage patrimonial, cela signifie que cette activité fournissait en 1999 près de 15 % de la viande fraîche consommée dans l'archipel (4319 tonnes en moyenne entre 1989 et 1997). Il est toutefois vraisemblable que les tenants d'activités « réglementaires » peuvent également à l'occasion recourir à l'abattage à la ferme.

3.2. Evaluation économique des activités d'élevage.

Salas (1989) ou Diman et al. (2003) montrent que l'allocation des ressources travail et surface, liées à taille des structures, génèrent la variabilité des résultats économiques obtenus. Les activités technico-économiques identifiées lors des études récentes (Diman et al., 2002, 2003) se distinguent principalement par l'objectif poursuivi et le mode de conduite au pâturage (Tableau 1.3).

La plupart des éleveurs enquêtés (45%) est naisseur/engraisseur (NE) à l'attache ou en pâturage libre. 28% des éleveurs enquêtés sont naisseurs (N) à l'attache ou en pâturage libre. L'élevage patrimonial (EP) est mis en œuvre par les 25% d'exploitants restants et échappe à la logique marchande.

Le mode de gestion du pâturage apparaît un critère très discriminant. Il oppose en termes de coût de production et de temps de travail (très rarement d'origine salariée), l'élevage à l'attache au piquet (AP) et le pâturage libre (PL). La pratique du pâturage libre (pâturage continu et tournant confondus) ne correspond qu'aux gros élevages comportant plus de 4 hectares de superficie pâturée consacrée aux bovins et plus de 5 vaches allaitantes. Le coût de production est sensiblement plus élevé (clôtures, chargement plus élevé, complémentation achetée...); en revanche le temps de travail est proportionnellement réduit.

La rentabilité s'exprime de manière différente dans les ateliers de type patrimonial. Contrairement aux éleveurs professionnels, la part de l'élevage est secondaire dans la formation du revenu de l'agriculteur, et sa rationalité ne peut se comprendre qu'au niveau de l'ensemble de ses activités, agricoles et non agricoles. Dans le cadre de l'élevage patrimonial comme son nom l'indique, l'animal est plus considéré comme un bien (un élément patrimonial) plutôt que comme un produit. Dans une telle approche, la marge qui peut être réalisée lors de la commercialisation s'apparente plus aux intérêts que produirait un capital après une durée d'immobilisation. Pour maximiser les intérêts correspondants, l'éleveur doit organiser lui-même l'abattage et la commercialisation, ce qu'il programmera en fonction d'un besoin de liquidités planifié. Dans un tel système, l'éleveur n'étant pas sûr du montant qu'il obtiendra de son animal à terme n'est pas incité pour s'y investir financièrement et donc techniquement. Son objectif est de maintenir, éventuellement d'accroître son capital mais

Tableau 1.3: Caractérisation technico-économique abrégée des principales conduites d'élevage bovin observées (Diman et al., 2002)

Orientation de production	N	N	EP	NE	NE
Conduite au pâturage	PL	AP	AP	PL	AP
STH moyenne (ha)	10,6	4,1	1,9	5,2	3,1
Vaches suitées / ha	1,97	1,67	1,13	2,23	1,13
Coût de production (€/ha)	443	330	126	728	206
Heures de travail / ha	47	172	165	89	152
Marges brutes (MB) hors travail:					
MB moyenne (€/ha)	866	745	725	938	792
MB moyenne horaire (€/h)	18,4	4,5	4,4	10,6	5,2
MB minimum (€/ha)	401	383	530	340	428

(N = Naisseur, NE = Naisseur/Engraisseur, EP = Elevage Patrimonial,

PL = Pâturage libre, AP = Attache au piquet)

surtout de ne pas perdre. C'est pour cela que cette activité est d'abord une activité au moindre coût.

Ce qui rend pour cette activité l'indicateur marge brute moyenne par hectare peu représentatif de la réalité (écart type relativement important). Cependant, il est intéressant de constater que quoique moins rentable par unité de surface, la différence avec les autres activités n'est pas considérable. La faible différence de marge brute moyenne à l'hectare (700 à 750 euros en élevage patrimonial contre environ 775 en naisseur ou 800 en naisseur-engraisseur) masque une différence bien plus importante en terme de productivité. C'est par ailleurs l'activité la moins risquée de l'ensemble de celles que nous avons pu caractériser, avec un seuil de marge brute minimale supérieur à 500 euros/ha.

A l'inverse, les activités sur pâturage libre qui semblent plus rémunératrices nécessitent aussi la plus forte capacité de financement, la plus grande prise de risque et demeurent l'apanage des plus gros éleveurs (14% des personnes interrogées). La mise en œuvre d'une conduite en pâturage libre témoigne d'une stratégie s'appuyant sur des moyens fonciers et financiers ainsi que sur une technicité d'une autre envergure. L'entrée dans la filière normalisée et la recherche de plus grands volumes de production, incitent les éleveurs à recourir aux croisements avec des races à viande exotiques.

Entre ces deux activités opposées, les ateliers de type naisseur ou naisseur/engraisseur à l'attache sont très proches de l'élevage patrimonial du point de vue technico-économique. Elles apparaissent comme une tentative d'étalement du revenu produit par l'élevage (ventes régulières d'une année à l'autre) en maintenant la technique de l'attache déjà maîtrisée dans le cadre de l'élevage patrimonial. L'éleveur essaie de stabiliser le rythme de commercialisation des produits, ce qui l'oblige pratiquement à abandonner le système d'abattage informel plus rémunérateur mais non autorisé et, pour compenser, à accroître les volumes commercialisés en augmentant le nombre d'animaux commercialisables en faisant évoluer soit le chargement soit la superficie consacrée à l'élevage (la taille moyenne des troupeaux passe de 7 à 11 têtes entre l'élevage patrimonial d'une part, naisseur et naisseur/engraisseur d'autre part).

4. Les systèmes d'élevage bovin et leurs principales finalités.

L'analyse des systèmes d'élevage étudiés lors des différentes enquêtes, fait ressortir une diversité et une variabilité qui se manifestent au travers à la fois, des objectifs assignés à l'atelier bovin au sein du système famille-exploitation, de la disponibilité en main d'œuvre (due à l'âge, à la précarité du statut et au degré d'engagement dans l'activité agricole), des caractéristiques structurelles (taille du troupeau, bâtiments ou équipements) et au travers des pratiques élémentaires d'élevage (d'alimentation, de reproduction, de choix génétique, de prophylaxie). Le tableau 1.4 présente de façon synthétique les conclusions des principaux travaux sur ce thème.

4.1. Des caractéristiques qui perdurent au cours du temps ...

La prééminence et la multitude des petites structures, l'omniprésence et la répartition sur le territoire montrent l'importance de l'élevage bovin en Guadeloupe même s'il ne joue pas le rôle central puisqu'il intervient au sein de systèmes "polyculture-élevage". L'élevage bovin est très lié à la sole cannière (historiquement, géographiquement et économiquement).

Les pratiques liées au mode d'élevage traditionnel perdurent et restent majoritaires: élevage à l'attache, valorisation des ressources locales (race Créole et savane naturelle), interventions de

Tableau 1.4. Typologie fonctionnelle des systèmes d'élevage bovin vues au travers des études menées à différentes époques et à différentes échelles en Guadeloupe au cours des 20 dernières années.

Salas (1984 à 1989) Enquête exploratoire n = 610 Suivis d'élevage (n = 19)		Aliane (1993) Enquête vaste en 1990 compléments en 1993 (9 mois ; n = 324)	Diman et al. (2003)	Marquis (2001) Enquête - sondage n = 103
Typologie fonctionnelle	Typologie structurelle			
<p>Traditionnels passifs (70 %)</p> <p>Minimum d'interventions sur le troupeau , Alimentation au pâturage aléatoire; alimentation complémentaire limitée. laissent se reproduire les animaux; pas ou peu de problèmes sanitaires grâce à rusticité des bovins créoles;</p>	<p><u>non agriculteurs</u> (retraités ou activité plein temps hors exploitation) pas de canne 5 à 6 têtes (27 %)</p>	<p><u>Petits propriétaires d'animaux</u> (28 %) pas de vocation agricole marquée revenus réguliers non agricoles. Petites exploit (2ha et 6.5 têtes). Exiguïté des exploit, âge avancé, garantie de revenus extérieurs → fonction traditionnelle.</p>	<p>Activité non agricole ou Anciens agric.</p> <p>Attache Peu d'interventions</p> <p>Elevage Patrimonial</p>	
	<p><u>Agric. colons</u> et ± jeunes. act hors exploit > 50 % surface réduite. 7 têtes en moy. NGT et NBT (24 %)</p>	<p>les <u>vieux Traditionnels</u> (16 %) expl. moyenne (5.5 ha et 12 têtes), dispo en MO réduite ↗ fble engagement agricole (retraité) prairies nat, non fertilisées, vente occasionnelle besoin de liquidités.</p>		
<p>exploitation repliées sur elles mêmes; ventes occasionnelles tout au long de l'année selon besoins en liquidités et peu d'achats</p>	<p>vocation agricole traditionnelle > 80 % ont canne . surfaces réduites. act hors exploit ↘ place limitée mais bien définie (Marie Galante surtout) (19 %)</p>	<p><u>Elevage traditionnel</u> ∈ agricult. diversifiée (17 %) 46 ans; expl. moyenne (15 à 20 têtes) et plus engagés dans agric (canne, jardin, maraichage et autres élevages) prairies entretenues; animaux vermifugés et complémentés. vente régulière animaux finis (bouchers) élevage n'est pas épargne sur pied mais fonction de production</p>	<p>Production agricole</p> <p>Attache intervention ↗</p> <p>± épargne et ± production</p>	<p><u>Petits éleveurs</u> (29 %) attache, faible intervention ani créoles 2.0 ha avec 7 têtes + forte charge (4.6 à 6.6) <u>Petits éleveurs</u> (35 %) attache, faible intervention (debut de plantation de prairies) ani croisés 3.1 ha avec 7 têtes fble charge (3.9 à 2.8) ↘</p>

<p><u>Traditionnels en évolution</u> (25 %) 1ere forme d'évolution du système traditionnel pâturages mieux entretenus niveau de complémentation ↗ quelque fois recours aux IA Cycles de production plus courts : animaux vendus plus finis et plus souvent.</p>	<p>Agriculteurs propriétaires + agés. surf assez importante (polyc-élevage; 45 % en Canne,) 14 têtes en moyenne. assez entrepreneurs EGT et NGT.</p>	<p><u>Elevages moyens</u> (26 %) ¾ SAU pour l'élevage et 12 têtes ; Prairies plantées et entretenues , quelquefois IA et système mixte (créoles + croisés) créoles + (17 % éleveurs) Croisés + (9 % éleveurs).</p>	<p>Production animale et agricole Attache et pât libre Fonction production ↗</p>	<p>↗ <u>Petits éleveurs</u> (35 %) attache, faible intervention (debut de plantation de prairies) ani croisés 3.1 ha avec 7 têtes fble charge (3.9 à 2.8) <u>Moyens</u> (16%) attache , intervention ↗ ; prairies plantées ↗ ani créoles 2.8 ha avec 11 têtes.</p>
<p><u>Éleveurs dynamiques</u> (5.5 %) temps et moyens ↗ Fertilisation; Complémentation plus élevée Repro maîtrisée choix des repro Politique d'engraissement Politique de vente plus intensive sous groupes *dynamiques modernes intensif et productiviste (coopératives) Rotation, métissage, ateliers d'engraissement, concentrés achetés *dynamiques traditionnels valorisent ressources et pratiques locales Méthodes de pâturage traditionnels, chargement plus élevé , races européennes plus ponctuellement Sous produits de recolte plutot que concentré commercial .</p>	<p><u>Éleveurs jeunes, proprio et colons.</u> Canne présente quasi majoritaire. Élevage assez bien développé. près de 14 têtes. interventions troupeau ↗ NGT</p>	<p><u>Grands élevages</u> (5 %) 11 ha et 26 têtes jeunes agriculteurs modernes (canne ou banane en plus) , MO salariée éleveurs spécialisés (anciens agriculteurs)</p>	<p>Pâturage libre ↗ Attache Fonction production ↗</p>	<p>↗ <u>Moyens grands</u> (28%) attache , intervention ↗ ; prairies plantées ↗ ani croisés 3.9 ha avec 13 têtes</p>

l'éleveur minimes (monte naturelle, peu d'intrants vétérinaires et produits phytosanitaires). A l'opposé, il y a très peu d'élevages spécialisés de grande taille ce qui rend difficile l'organisation du développement (identification des animaux laborieuse, taux d'encadrement réduit, politique de développement normative non différenciée).

La notion de dualité a été introduite par Venkatapen (1991), y compris au niveau des filières, mais prévaut pour toute l'agriculture guadeloupéenne (Zebus et al 2003); il s'agit de dualité entre la masse des agriculteurs « traditionnels » et le secteur moderne plus réduit mais plus visible. On parlera de deux logiques de fonctionnement, mais il ne semble pas légitime de les opposer car ces secteurs sont sources de diversité et de dynamisme, et sont complémentaires. Par ailleurs, par delà cette vision simplificatrice, il est bon de signaler qu'un gradient de types d'élevages intermédiaires existe, fondés sur le modèle traditionnel, mais attirés vers les modèles techniques modernistes.

Une activité originale, importante culturellement bien que marginale en terme de production, est celle liée à l'utilisation des charrettes traditionnelles pour la récolte de la canne et les courses de bœufs tirants. Au départ organisées autour de la sauvegarde et de l'élevage du bovin Créole de Guadeloupe (Guiraud, 1996 ; Versini, 1997), les courses de bœufs tirants notamment se sont développées à partir des années 1970 et plus encore depuis quelques années. Elles connaissent actuellement des dérives, notamment vers une utilisation croissante des taureaux issus de croisement avec des races à forte musculation, pour répondre à une demande de courses plus spectaculaires et sportives.

4.2. ... et des éléments variables ...

En plus des deux tendances fortes qui sont régulièrement reportées, 3 ou 4 variantes (voire plus) ont pu être décrites montrant l'existence d'un gradient de systèmes intermédiaires entre ces deux modes. Les systèmes d'élevage mis en place par des anciens ou non agriculteurs plutôt de très petite taille apparaissent la survivance du modèle traditionnel précédemment décrit. Salas (1989) et Aliane (1993) y font référence, mais l'importance de ces élevages dépend de l'échantillon enquêté: de 40 % à 50%. Deux ou trois variantes de systèmes d'élevage à la fois traditionnels par certains côtés de leurs pratiques (recours à l'attache, à la monte naturelle et aux ventes occasionnelles) et productivistes de l'autre (intensification du chargement, introduction partielle de génotypes croisés, structuration de l'exploitation) sont décrites et laissent envisager une série de combinaisons progressives: chargement élevé à l'attache sur savane naturelle peu fertilisée, élevage mixte d'animaux Créoles et croisés ou encore combinaison piquet et pâturage libre avec peu d'interventions, recours alternatif à la monte naturelle et à l'IA. La taille de l'exploitation et celle du troupeau varient en fonction de la disponibilité de main d'œuvre et en raison de la part prise dans la formation du revenu agricole. Ce seraient plutôt des élevages petits à moyens aux finalités mixte d'épargne et/ou de production. De façon nette apparaît le pôle des élevages modernistes, avec souvent une taille plus conséquente, utilisant le « paquet technologique » en matière de pratiques d'élevage et assurant la commercialisation d'animaux finis via les groupements. Leur proportion est souvent faible, pas plus de 5 % (Salas, 1989; Aliane 1993).

Les modalités discriminantes sont pour Boval (1994) et pour Marquis (2000) la multitude de pratiques d'élevage à l'attache (7 types sur 9 et 95 % des éleveurs sont reportés par Marquis 2001). Pas loin de 5 types ont été décrits par Boval (1994). Les critères les plus discriminants sont les fréquences de déplacement (plutôt 2 fois par jour), la fréquence d'abreuvement, (plus d'une fois en saison sèche) , le piquet dortoir (les animaux sont parqués la nuit dans un petit enclos au piquet où ils reçoivent leurs aliments complémentaires et où s'accumule aussi le fumier utilisé pour les cultures dans certains cas) , la longueur de chaîne (5.6 m pour les vaches et 6.7 m pour les taureaux en moyenne) et l'âge de repousse de la prairie exploitée (11

jours en saison humide et 15 jours en saison sèche). Cette différenciation n'est pas fortuite car elle est relevée aussi dans les études de Salas (1989) et de Diman et al (2002). Pour ces derniers auteurs, c'est le mode de gestion du pâturage qui introduit la variabilité au sein des systèmes d'élevage alors que le choix des génotypes n'est pas discriminant.

Le choix des génotypes croisés fait en effet partie intégrante du paquet technologique qui est mis en œuvre dans les élevages dits "productivistes" et est une étape dans la modernisation de l'élevage (Aliane 1993, Marquis 2001). Il accompagne souvent le degré d'intensification de la conduite du pâturage: 45 % des éleveurs qui ont un cheptel présentant des animaux croisés fertilisent leurs prairies alors qu'ils ne sont que 24 % à le faire quand ils ont un troupeau Créole pur. Ainsi, le pourcentage de bovin Créole dans le cheptel et le recours aux croisements suivent le gradient de systèmes intermédiaires qui ont été décrits.

5. Encadrement technique et questions de développement.

5.1. Les leçons du passé.

La filière élevage est de loin celle qui a connu le plus de tentatives et le plus d'échecs en matière d'organisation collective. Elle est également l'illustration d'une organisation fortement encadrée et financée par les pouvoirs publics, sur un modèle de développement inspiré du modèle coopératif métropolitain. La synthèse historique suivante provient d'un travail de thèse en cours mené par Delcombel (2001).

Dans la 1^{ère} phase qui va de 1966 à 1990 il y a eu création de syndicats puis de coopératives par filières, qui connaîtront chacun des destinées diverses. Parmi ces coopératives, la COPELBA (Coopérative des éleveurs de la Basse-Terre) se focalise sur l'élevage bovin et regroupera dans ces meilleurs jours près de 1000 adhérents. En 1987, sur exigence de l'ODEADOM, il apparaît une nécessité d'une mise en commun des activités. Les activités sont alors redistribuées entre monogastriques et herbivores dès lors regroupés sur le plan administratif sous le sigle de UNIBOCAGE (Union des coopératives bovine et caprine de la Guadeloupe). Ces restructurations se traduiront par un échec, avec la liquidation de UNIBOCAGE en 1988 et de la COPELBA en 1989. Les raisons invoquées sont le fait que la règle de l'apport total de la production n'était pas respectée, l'existence de difficultés financières et le surdimensionnement des structures d'aval, telle la structure de découpe et de commercialisation nommée ACOPEL (Action coopérative pour les produits de l'élevage). Cette 1^{ère} phase d'organisation des filières a connu un certain succès commercial mais qui a atteint des sommets en terme de "gigantisme".

Après quelques attermoissements consécutifs au cyclone Hugo, il apparaît dès 1991 la nécessité d'une nouvelle structuration et d'une réduction des organismes. Les structures sont créées à partir de l'aval (commercialisation, transformation) et seront fédérées au sein de UNICAP (Union des coopératives agricoles de production), structure de gestion administrative comportant des filiales par espèces, ainsi que la coopérative d'Insémination Artificielle (COOPIAG). Deux hypothèses auront présidé à cette nouvelle structuration, qui ne se réaliseront pas: développement rapide de la production locale venant en substitution des importations, et mise en place d'une structure coopérative de fabrication d'aliments du bétail afin de contrecarrer le monopole du seul secteur privé dans ce domaine. La liquidation de toutes les structures créées lors de cette 2^{ème} phase intervient entre 1995 et 1997. Dans le même temps disparaît la FDGDS (Fédération Départementale des Groupements de Défense Sanitaire), qui avait pourtant eu la plus forte longévité (créée en 19??), et assurait une fonction reconnue de tous, de lutte contre les parasites externes. Ces disparitions s'accompagnent de la gabegie des financements publics, et d'une crise financière chez les

éleveurs qui s'y étaient engagés (sauf chez les plus gros), et entraîne une perte définitive de crédibilité en matière d'action collective.

Depuis 1999, la filière animale est en voie de réorganisation et on parle alors de plan de relance. L'heure est maintenant à la prudence et on abandonne la voie des coopératives au profit de petites structures ayant un ancrage local. Aux côtés de la COOPIAG et de l'UDGDSB, nouvelle structure ayant pris le relais de la Fédération antérieure, sont ainsi créées la SICA Cap' VIANDE et l'URPAG (Union régionale des producteurs de Guadeloupe), qui sont des regroupements de 4 associations ou syndicats de 10 à 20 éleveurs. Actuellement ces groupements rassembleraient moins de 200 adhérents, pour près de 3000 vaches et 6000 bovins au total (Chambre d'Agriculture de la Guadeloupe 2001). Depuis 1998 existe également l'UPRA Bovin Créole, mais dont les activités se mettent en place progressivement. La dynamique collective est retombée et laisse de forts traumatismes. Les réseaux de distribution illégaux ont pris encore plus d'ampleur avec les marchés parallèles, ce qui par ailleurs a participé au manque de transparence de la filière. C'est l'occasion pour certains de poser la question des modèles de développement à promouvoir localement.

5.2. Modèle dominant et secteur informel.

D'une façon générale en Guadeloupe, les agriculteurs "à temps plein", "déclarés", "professionnels" ou "organisés" sont opposés aux agriculteurs "pluriactifs", "non déclarés", "amateurs", "non organisés". Les activités agricoles sont dites plus ou moins "parallèles", "informelles", "déclarées" ou "enregistrées". Par ailleurs, une agriculture "économique" est opposée à une agriculture "sociale". Une analyse précise sur l'économie informelle a été menée récemment dans le cas de l'élevage porcin guadeloupéen (Zebus et al, 2003) et par bien des côtés l'élevage bovin présente des caractéristiques similaires. L'élevage "moderne", "intensif", "aux normes", "professionnel", tel que promu en Guadeloupe dès la fin des années 70 (Chenost, 1971), s'est fortement inspiré de l'élevage pratiqué en France hexagonale, en particulier au travers du modèle coopératif. Il correspond en fait à un véritable "paquet technologique", rarement adapté aux réalités du milieu et difficilement applicable par la plupart des éleveurs.

Cet élevage, de forme productiviste et moderniste, s'organise suivant les prescriptions technico-économique des organisations professionnelles, afin de maximiser le revenu. Selon ces prescriptions, les éleveurs cherchent à maximiser la productivité du troupeau allaitant, et à incrémenter le niveau de croissance des animaux en engraissement. Cela s'accompagne de l'installation de prairies et la conduite intensive des pâturages, la mise en œuvre de croisements avec des races à viande spécialisées, l'investissement en installations d'élevage (clôtures, corral, bâtiments), l'équipement en matériel agricole pour la récolte, le conditionnement et la distribution des fourrages, l'achat d'intrants agricoles pour l'entretien des pâturages, l'alimentation des animaux (foin importé, aliment concentré) où la prophylaxie. Les soutiens publics mis en place dans les programmes de développement de l'élevage mettent ainsi l'accent sur la professionnalisation des éleveurs, autour de groupements de producteurs à vocation commerciale.

Ce type d'élevage a été, et est encore, complètement soutenu par la politique de développement, les structures d'encadrement, de formation, de crédit et de recherche. C'est le modèle dominant, bien identifié et suivi par les structures officielles. Les autres élevages, très mal connus, sont généralement assimilés à un élevage domestique traditionnel aux antipodes du modèle dominant. Pour certains, l'élevage traditionnel serait appelé à disparaître à terme ou tout au moins ne mériterait pas d'attention particulière car mis en œuvre par des "détenteurs d'animaux" et non des "éleveurs professionnels", complètement dans l'informel et en dehors de toute norme. Pour d'autres, cet élevage serait à défendre en vertu d'une adaptation plus

grande au milieu autant écologique que socio-économique et d'une meilleure valorisation des ressources locales et le maintien de la biodiversité en un mot pour sa durabilité. Cela laisse à penser que pour garder autant d'importance, en dehors de tout soutien public, cet élevage a dû s'adapter à des changements tels que l'évolution des goûts des consommateurs et de leurs habitudes d'achat, l'évolution des ressources des éleveurs (technicité, disponibilité en main d'œuvre familiale, volume et nature des ressources alimentaires, etc.) et à la coexistence d'un secteur dominant. Les élevages de taille moyenne aux caractéristiques "intermédiaires" ne seraient-ils pas l'un des résultats de cette adaptation ?

En réalité, l'opposition classique traditionnel/moderne n'est pas opérationnelle et les élevages intermédiaires ne sont pas un mélange d'éléments dits « traditionnels » et de caractéristiques dites « modernes », mais il s'agit de systèmes diversifiés d'élevage incluant ces différentes composantes. Salas (1989) souligne l'existence "d'éleveurs dynamiques traditionnels" et Marquis (2001) parle de "Piquet moderne intensif Créole" qui seraient des alternatives intéressantes en matière de développement. Ces systèmes d'élevage diversifiés issus du creuset traditionnel sont finalement très majoritaires et participent à l'approvisionnement du marché local de façon conséquente. Néanmoins la question se pose de la prise en compte des différents types d'élevage dans la conception des politiques agricoles (Salas, 1989): quelles méthodes particulières mettre en œuvre pour "accéder" à cette masse de petits et moyens agriculteurs-éleveurs complètement atomisée et dispersée sur tout le territoire et les intégrer dans les schémas de développement ?

Ces éleveurs sont sensibles à une intégration dans leur système de production. Une politique de développement agricole et rural ne peut s'imaginer sans une prise en compte de cette fraction d'exploitations oubliées dans la proposition de solutions techniques originales. Ainsi on peut concevoir dans une même exploitation, un fonctionnement quasi traditionnel aux moindres coûts pour le troupeau allaitant et la création d'un atelier d'engraissement, ou encore un système naisseur-engraisseur sur pâturage libre (avec apports de canne) et un engraissement au piquet (élevage et rationnement individualisés). Par ailleurs, le mode de conduite traditionnel n'est pas nécessairement non rationalisé ; en particulier l'élevage à l'attache apparaît bien comme un mode de gestion judicieux de ressources limitées. Cet élevage n'est pas non plus peu productif; Salas (1989) rapporte des niveaux de productivité très convenable : 350 à 500 kg de poids vif/ha/an (vente et croît du troupeau), qui soutiennent la comparaison avec les systèmes plus "modernes".

Références bibliographiques

- Aliane P., 1993. Etude prospective de la politique d'amélioration génétique à mettre en œuvre dans les systèmes d'élevage bovin guadeloupéens. Magistère Développement Agricole Caraïbe, Université des Antilles-Guyane, pp 92.
- Barré N., Matheron G., Rogez B., Roger F., Martinez D., Sheikboudou C., 1988 : La dermatophilose des bovins à *Dermatophilus congolensis* dans les Antilles françaises. II. Facteurs de réceptivité liés aux animaux. Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., **41** : 339-345
- Barré N., Garris G., 1990. Biology and ecology of *Amblyomma variegatum* (Acari : Ixodidae) in the Caribbean : Implications for a regional eradication program. J. Agric. Entomol., **7** : 1-9
- Boval M., 1994. La conduite à l'attache de bovins Créoles. Etude des quantités ingérées. Thèse de doctorat de l'Université de Paris VI, pp 123.
- Camus E., Barré N., 1990. *Amblyomma variegatum* and associated diseases in the Caribbean : Strategies for control and eradication in Guadeloupe. Parasitologia, **32**, 185-193

- Casabianca F., Vallerand F., 1994 : Gérer les races locales d'animaux domestiques : une dialectique entre ressources génétiques et développement régional. *Genet. Sel. Evol*, 26 (suppl.1), 343s-357s
- Chambre d'Agriculture de la Guadeloupe, 2001. Programme de développement des productions bovines et caprines de la Guadeloupe (2002-2006), pp 25.
- Chenost M., 1971 : Le Pangola et l'élevage intensif en climat tropical humide. Colloque sur l'intensification de la production fourragère en milieu tropical humide et son utilisation par les ruminants. Guadeloupe, 24-29 mai 1971 : 52-59
- Delcombel E., 2001. Organisation de l'action collective et rôle de la puissance publique pour le développement de l'agriculture guadeloupéenne. Thèse de Doctorat en Economie rurale, UAG/CIRAD/ENESAD en cours.
- Diman J.L., Marquis K., Naves M., 2001. La crianza bovina : caracterización de su diversidad técnico-económica, un reto para contribuir a su desarrollo sostenible en un territorio insular del Caribe. XVII Reunión Latinoamericana de Producción Animal. Ciudad Havana, Cuba, 20-23 noviembre 2001, TT14, 135
- Diman J.L., Naves M., Marquis K., Alexandre G., Zébus M.F., 2002. Différenciation technico-économique des conduites d'élevage bovin viande en Guadeloupe. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. 4-5 décembre 2002, Paris (France) : 126.
- Diman J.L., Naves M., Alexandre G., Zébus M.F., 2003. The diversity of ruminant rearing systems in Guadeloupe – a strength or a weakness for local meat production ? 6th Int. Livestock Farming System, Benevento, Italy, 26-29/08/03, (accepted paper).
- Guiraud C., 1996 : Les boeufs tirants : une 'force visible et utile' du monde rural Guadeloupéen. *Espace Caraïbe*, 4 : 75-106
- Lincertin N., 1982. L'élevage en Grande-Terre. Tradition et innovation. Thèse de doctorat de l'Université de Bordeaux. III-UER de Géographie, pp 144.
- Marquis K. 2001. Rapport sur les enquêtes en élevage bovin des éleveurs de l'UDGDSB. Document de travail URZ, pp 20.
- Naves M., Aliane P., Fleury J., Paul-Urbain-Georges C., Pensedent-Erblon J., Shitalou E., 1998. Sistemas de producción de carne y mejoramiento animal en ganado bovino en Guadalupe. IV Congreso Iberoamericano de Razas Autoctonas y Criollas. Tampico, Tamaulipas (Mexico), 23-27/11/98: 311.
- Naves M., Aumont G., Fleury J., Fargetton M., Paul Urbain Georges C., Farant A., 2000. Programme d'amélioration génétique du bovin Créole. Compte rendu technique des actions de l'INRA. pp 14
- Salas M., 1989. Systèmes d'élevage bovin allaitant en Guadeloupe : diagnostic et voies de développement. Thèse de doctorat, Université Paris XII, Paris, pp 340.
- Salas M., Sheikboudou C., 1988. Alimentation des bovins en saison sèche dans les systèmes d'élevage guadeloupéen: analyse des pratiques paysannes. *Cahier Rech.Dev.* 17, 54-63.
- SCEES, 2001. "Recensement Agricole 2000. L'Essentiel. Départements d'outre-mer.", Ministère de l'Agriculture et de la Pêche, Paris.
- SICA Cap Viande, 2001. Compte rendu d'activité, exercice 2000 - 2001, pp 14
- SICA Cap Viande, 2003. Compte rendu d'activité, exercice 2001-2002, pp 22
- SPEBA, 2003. Compte rendu d'activité, exercice 2002, pp 6
- UPRA Créole, 2003. Rapport d'activité 2002, pp 5.

Venkatapen G., 1991. L'évolution des techniques dans la filière viande en Guadeloupe : un exemple de dualité. Thèse de doctorat, UAG, INRA-ESR. Pointe-à-Pitre, pp 348

Versini F., 1997 : De la compétition des bœufs tirants et des charretiers en Guadeloupe. *Ethnozootechnie*, 60 : 75-83

Xandé A., 1999 : Animal and quality of life in traditional society in the Caribbean islands. *Livestock Production Science*, 59 : 137-143

Zébus M.-F. 2000. La diversification agricole, un archipel dans "l'océan des cannes" ? Développement agricole et industrie sucrière en Guadeloupe. *In* D. Bégot and J.-C. Hocquet, (eds), *Le sucre, de l'Antiquité à son destin antillais*, Comité des Travaux Historiques et Scientifiques, Paris, 283-300.

Zébus M.F., Alexandre G., Diman J.L., Despois E, Xandé A. 2003. Activités informelles, normalisation et développement dans l'agriculture caribéenne. Cas de l'élevage porcin en Guadeloupe. *Cahiers Agricultures*. (accepté sous réserve de modifications).

Deuxième Partie :
**Caractérisation génétique de la population
bovine Créole de Guadeloupe à l'aide de
marqueurs biochimiques et moléculaires**

Caractérisation génétique de la population bovine Créole de Guadeloupe à l'aide de marqueurs biochimiques et moléculaires.

Cette partie a pour objectif de décrire le bovin Créole de Guadeloupe à l'aide d'un ensemble complet de caractères de nature différente : marqueurs biochimiques, caryotypes, marqueurs moléculaires.

Ces différents types d'informations présentent un déterminisme génétique et ont été diversement étudiés au sein des populations bovines. Ils permettent de décrire la variabilité au sein d'une population ou entre populations pour des caractères diversifiés, présentant un intérêt zootechnique, ou neutres sur le plan sélectif. L'intérêt de cette étude est de combiner sur une même population des informations de nature différente, qui pourront être confrontées.

Le premier chapitre de cette deuxième partie fait le point sur les différentes caractéristiques qui ont été étudiées au sein de la population bovine Créole de Guadeloupe et la méthodologie précise employée pour chacun de ces critères de description.

Par ailleurs, des prélèvements sanguins ont été réalisés afin de mener à bien une caractérisation génétique précise du bovin Créole à l'aide de marqueurs de natures très différentes. Ces résultats, basés sur des marqueurs génétiques variés, permettent d'apprécier la diversité existant au sein de la population sur la base de caractères génétiques précis et de la mettre en relation avec d'autres populations bovines.

Les marqueurs les plus fréquemment étudiés dans des études de populations sont les protéines sanguines, les groupes sanguins érythrocytaires et les microsatellites, dont l'analyse de la variabilité au sein de la population fera l'objet du deuxième chapitre.

Grâce à une compilation de données bibliographiques et de résultats obtenus dans des études semblables, on a pu également étudier les relations entre le Bovin Créole de Guadeloupe et d'autres races, parmi lesquelles des races supposées être à l'origine du peuplement bovin de la Caraïbe et du continent américain, notamment des Petites Antilles, et d'autres populations Créoles représentatives de différentes branches de ce rameau. Cette étude phylogénétique sera traitée dans le troisième chapitre.

Le quatrième chapitre abordera enfin certains résultats portant sur des marqueurs particuliers qui ont été étudiés isolément, qui présentent soit la caractéristique d'être associés à des caractères zootechniques (Lactoprotéines, BoLA Classe 1), soit de présenter un déterminisme particulier (Caryotypes, ADN mitochondrial). Ces marqueurs apportent séparément des informations précieuses sur le statut génétique de la population bovine Créole, et viennent compléter la caractérisation génétique établie précédemment.

Tableau 2.1.1 : Distribution géographique du cheptel bovin en Guadeloupe et de l'effectif enquêté dans le cadre du programme 'Prodige'

Région	Cheptel total (têtes) ¹	Effectif enquêté	Taux de sondage
Est Grande Terre	20160 (33,7 %)	231 (34,2 %)	1,2 %
Nord Grande Terre	10674 (17,9 %)	179 (26,5 %)	1,7 %
Sud et Centre Grande Terre	10630 (17,8 %)	114 (16,8 %)	1,1 %
Marie Galante	8419 (14,1 %)	90 (13,3 %)	1,1 %
Nord Basse Terre	9921 (15,2 %)	61 (9,0 %)	0,6 %
Total	59804	675	1,1 %
Autres régions	5642	-	-

¹ Résultats du Recensement Général de l'Agriculture, 1989 ; les pourcentages se rapportent au total des 5 principales régions

Tableau 2.1.2 : Répartition du cheptel enquêté suivant la catégorie d'élevage

Catégorie d'élevage (% de la typologie)	Effectif enquêté	Elevages
'Traditionnel épargne 1' (27 %)	107 (21 %)	53 (23 %)
'Traditionnel épargne 2' (24 %)	131 (25 %)	63 (29 %)
'Traditionnel production 1' (6 %)	36 (7 %)	15 (7 %)
'Traditionnel production 2' (2 %)	16 (3 %)	7 (3 %)
'Créole moderne' (12 %)	59 (11 %)	26 (12 %)
'Moderne intensif 1' (12 %)	69 (13 %)	25 (12 %)
'Moderne intensif 2' (11 %)	37 (7 %)	16 (7 %)
'Pâturage libre intensif' (6 %)	66 (13 %)	12 (6 %)
Conduite non décrite	154	80
Total	675	297

(Les pourcentages se rapportent à l'effectif ou aux élevages appartenant à une catégorie identifiée)

Tableau 2.1.3: Répartition des animaux enquêtés suivant la classe d'âge et le sexe.

Age	mâles	Age	femelles
6 à 18 mois	37	6 à 18 mois	14
2 à 3 ans	50	2 à 3 ans	32
3 à 4 ans	38	3 à 4 ans	43
4 à 5 ans	27	4 à 5 ans	60
5 à 6 ans	28	5 à 6 ans	72
6 ans et +	14	6 à 7 ans	57
		7 à 8 ans	39
		8 à 9 ans	37
		9 ans et +	68
Adultes (âge inconnu)	14	Adultes (âge inconnu)	45
Total	208		467

Chapitre 1 : Méthodologie d'étude de la population bovine Créole.

1.1. Enquêtes de terrain – Echantillonnage de la population.

La plupart des données collectées ont été enregistrées lors d'une enquête réalisée dans le cadre du programme de recherche AGROTECH 'Protection et Gestion de la Diversité Génétique' (PRODIGE), mené entre 1990 et 1992. Cette enquête comportait deux questionnaires, un portant sur la structure de l'exploitation et la conduite d'élevage (voir 1^{ère} partie), l'autre portant sur les individus, en vue de la caractérisation de la population Créole. La mise au point de la procédure d'enquête s'est inspirée du travail réalisé en race Blonde d'Aquitaine, pour l'étude de la répartition de la translocation 1/29 (Frebling et al., 1987), et d'une étude similaire réalisée en vue de la caractérisation du zébu malgache (Lauvergne et Souvenir Zafindrajaona, 1992 ; Souvenir Zafindrajaona et Lauvergne, 1993).

Un total de 675 animaux représentatifs 'à dire d'expert' du bovin Créole ont été enquêtés dans des exploitations réparties dans les principales régions d'élevage de la Guadeloupe (voir Tableau 2.1.1), à l'exception du sud Basse Terre, de la Côte Sous le Vent et des Petites Dépendances, qui représentent moins de 9 % du cheptel bovin total.

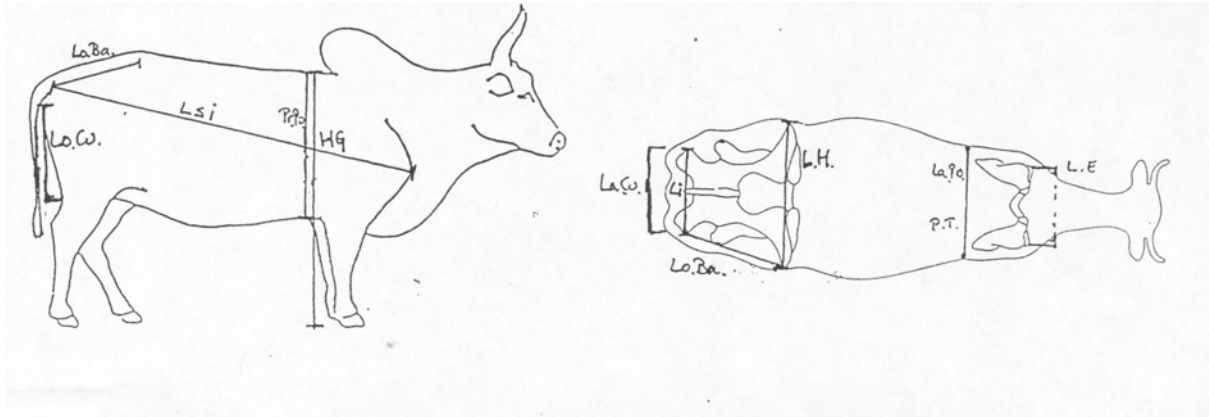
Rapporté au nombre de têtes recensées en 1989, le taux de sondage moyen (Ts) est de 1,1 %. Les différentes régions ont été enquêtées proportionnellement à la répartition du cheptel total. On note cependant un déséquilibre en ce qui concerne le Nord Grande Terre (Ts = 1,7 %) et le Nord Basse Terre (Ts = 0,6%). Pour cette dernière région, le faible taux de sondage s'explique par une proportion élevée de croisements dans le cheptel de cette zone, ce qui n'est pas le cas des régions plus traditionnelles d'élevage bovin, comme Marie Galante et la Grande Terre.

Le cheptel appartenait aux différents modes de conduite de l'élevage bovin préalablement identifiés, proportionnellement à l'effectif d'éleveurs rencontrés dans chacune des classes de la typologie (Tableau 2.1.2). Dans certains cas, il n'a pas été possible, faute d'entretien avec l'éleveur, de déterminer la catégorie d'élevage ; cela concerne 154 têtes (23 % de l'effectif enquêté), réparties dans 80 élevages.

Ces animaux étaient présents dans 297 élevages, ce qui représente un effectif moyen de 2,3 bovins étudiés par élevage. De plus, seulement 9,8 % des troupeaux visités ont eu plus de 3 animaux étudiés, 4 à 25 têtes (ce dernier troupeau est le troupeau INRA de Gardel, dont une partie de l'effectif a été inclus dans l'enquête). Par ailleurs, lors des visites, on interrogeait l'éleveur sur la parenté des animaux étudiés, en absence de pedigree ou de registre d'élevage. Cette méthode, peu fiable, était la seule disponible pour vérifier le degré d'apparentement des animaux. Seulement 40 bovins (6 %) figurent dans l'enquête en même temps qu'un parent proche (père, mère ou demi-frère), au dire des éleveurs ; il a été tenu compte de ces apparentements dans les analyses ultérieures. On peut donc considérer que l'échantillon étudié est bien constitué d'animaux indépendants et représentatifs de la population bovine Créole de Guadeloupe.

Des animaux des deux sexes, indépendamment de leur classe d'âge, ont été enquêtés (voir Tableau 2.1.3). Le sex-ratio est voisin de 31 % de mâles contre 69 % de femelles. Il s'explique notamment par une plus faible représentation des classes d'âge adultes (supérieures à 4 ans) chez les mâles. Cependant cette répartition est conforme à celle observée dans les questionnaires « conduite d'élevage ».

Figure 2.1.1 : Schéma des mensurations collectées dans le cadre de l'enquête sur la population bovine Créole



Les données collectées au cours de ces enquêtes ont été complétées par des études ponctuelles au sein du troupeau expérimental de l'INRA au Domaine de Gardel, lorsque des précisions étaient nécessaires, qui ne pouvaient être obtenues en ferme. La gestion rigoureuse des données de suivi d'élevage du Domaine de Gardel permet en effet de repérer des individus non apparentés, jusqu'à 3 générations antérieures, au sein du troupeau du Domaine. Sur ceux-ci ont été réalisés à titre ponctuel des prélèvements de lait (23 échantillons) pour étude des lactoprotéines, et de sang pour analyse de la séquence de l'ADN mitochondrial (30 échantillons).

1.2. Fiche individuelle d'enquête.

La fiche d'enquête (voir annexe 1) renseignée pour chaque animal observé était subdivisée en deux parties concernant d'une part les mesures de mensurations corporelles, d'autre part l'appréciation visuelle du phénotype des animaux, portant sur des caractères mendéliens et sur la description du patron de coloration. Des données sommaires d'identification de l'animal (numéro dans l'enquête, sexe, âge, présence d'apparentés, éleveur, localisation) étaient également notées.

1.2.1. Mensurations externes.

Les mesures morphométriques ont été réalisées sur le modèle défini par Vissac (1966) et employé par Lauvergne et Souvenir Zafindrajaona (1992). Le tour spiral (Vissac, 1966) et les mesures des oreilles et des cornes (Lauvergne et Souvenir Zafindrajaona, 1992), difficiles à mesurer en particulier dans les conditions de réalisation de l'enquête, n'ont pas été inclus. Des mesures de la bosse (hauteur ; diamètres antéro-postérieur et transversal) ont été réalisées sur quelques mâles adultes seulement, la gibbosité étant généralement peu prononcée chez les jeunes et les vaches. De même la largeur aux ischions, plus facile à repérer que les trochanters, a été préférée à cette dernière. Trois mesures complémentaires ont été ajoutées visant à évaluer le développement des muscles de la cuisse (largeur et longueur de la culotte), et de l'avant main (largeur aux épaules).

Les mensurations ont été réalisées par des techniciens formés à cet effet, à l'aide d'une toise (de 2m environ) et d'un mètre ruban (de 1,5 m), au centimètre près. Les mesures ont été réalisées sur des animaux maintenus le plus possible immobiles et d'aplomb, sans être crispés ou voussés. Compte tenu des conditions d'enquête sur le terrain, la plupart des mesures ont été collectées sur des animaux maintenus attachés à un point fixe (arbre, poteau), après un temps de repos et en présence de l'éleveur. Dans certains cas, lorsque les installations le permettaient, les mesures ont été pratiquées au couloir de contention, sur un animal non entravé mais bloqué devant et derrière afin de le maintenir immobile.

Au total, 14 mensurations ont été relevées (voir Figure 2.1.1) :

A la toise :

Hauteur au garrot	(HAGA)	: juste à l'arrière de la bosse
Longueur scapulo-ischiale	(LONG)	: de la pointe de l'épaule à la pointe des fesses
Largeur aux épaules	(LAEP)	: sous le cou
Largeur de poitrine	(LAPO)	: sur le dos en arrière des pattes
Profondeur de poitrine	(PRPO)	: au même niveau
Largeur aux hanches	(LAHA)	: sur le dos
Largeur aux ischions	(LAIS)	: à la pointe des fesses
Longueur de bassin	(LOBA)	: entre hanche et pointe des fesses
Largeur de culotte	(LACU)	: à mi hauteur
Longueur de culotte	(LOCU)	: dans le sens de la hauteur

Au mètre-ruban :

Périmètre thoracique	(PETH)	: derrière la bosse
Diamètres de la bosse	(BOAP)	: dans le sens antéro- postérieur
	(BOTR)	: dans le sens transversal
Hauteur de la bosse	(BOHT)	

Une appréciation visuelle sommaire de l'état général (sur 3 points) a été également notée.

1.2.2. Caractères mendéliens, patrons de coloration.

Le questionnaire d'enquête (voir annexe 1) comportait un ensemble de notations sur des caractères phénotypiques externes, appréciés visuellement : ligne du dos, profil de tête, largeur du front, port des oreilles, développement du fanon, position de la bosse, type de cornage (Souvenir Zafindrajaona et Lauvergne, 1993).

La description du patron de coloration a fait appel non pas aux critères habituels de description phanéroptique proposés par Lauvergne et al. (1989), mais s'attachait à une description complète des particularités de robe. Compte tenu de la diversité des colorations chez cette race multicolore, il nous est en effet apparu préférable d'établir une description précise, étayée dans certains cas par un silhouettage de l'animal, sur un ensemble de critères détaillés : aspect général de la robe ; teintes (jusqu'à trois teintes notées) ; panachures blanches ; raie de mulot inversée ; atténuation de la teinte sur le thorax, l'abdomen et sous le ventre ; assombrissement de l'avant main ; extrémités délavées ou plus sombres ; lunettes et chanfrein sombre ; couleur du chignon et du pourtour du mufle ; couleur des muqueuses (appréciées par les paupières, les naseaux et les babines) ; bringeures ; mouchetures.

Ces données ont été saisies directement sous format informatique au retour de chaque visite. Elles ont été interprétées à la fin de l'enquête, afin de les rapprocher du mode de classification des patrons colorés établie par Lauvergne et al. (1989). L'étude barymétrique du bovin Créole de Guadeloupe ainsi que la description des patrons de coloration et des caractères mendéliens ne seront pas abordés dans le cadre de cette thèse.

1.3. Prélèvements sanguins.

Sur 212 individus choisis au hasard parmi les précédents ont par ailleurs été réalisés des prélèvements sanguins à la jugulaire. Ces prélèvements consistaient en :

- 4 tubes EDTA. Sur ces tubes ont été réalisés au laboratoire de l'URZ la séparation du plasma, des globules rouges et des leucocytes en vue de l'extraction de l'ADN ;
- 1 tube à l'héparinate de sodium pour la séparation du plasma, des globules rouges et des leucocytes pour la réalisation des typages BoLA, au laboratoire de l'Antenne Guadeloupe du CIRAD EMVT ;
- 1 tube à l'héparinate de sodium pour l'analyse des caryotypes au Laboratoire de Génétique Biochimique et Cytogénétique de l'INRA à Jouy en Josas ;
- 1 tube au citrate de sodium pour l'analyse des groupes sanguins érythrocytaires par le laboratoire LABOGENA à Jouy en Josas ;

Les échantillons conservés sur place par l'URZ ou par le CIRAD EMVT étaient traités le jour même ou le lendemain. Leur traitement concernait :

- l'aliquotage et la conservation à -20°C du plasma et des globules rouges en vue d'analyses ultérieures du polymorphisme biochimique par électrophorèse ;
- l'isolement des leucocytes en vue, d'une part, de l'extraction de l'ADN par la méthode de Jeanpierre (1987) et sa conservation dans l'éthanol à température ambiante; d'autre part de l'analyse des marqueurs du Complexe Majeur d'Histocompatibilité BoLA classe 1.

Les autres échantillons étaient expédiés par avion dans la demi journée suivant le prélèvement aux différents laboratoires concernés à Jouy en Josas.

1.4. Caryotypes.

L'analyse des caryotypes a été réalisée sur 173 échantillons au Laboratoire de Cytogénétique et Génétique Biochimique de l'INRA à Jouy en Josas. Elle visait la recherche d'anomalies chromosomiques au sein de la population Créole, et l'étude de la morphologie du chromosome Y.

1.5. Marqueurs biochimiques

Le Tableau 2.1.4. détaille la liste des systèmes biochimiques polymorphes étudiés chez le bovin Créole de Guadeloupe.

1.5.1. Protéines sanguines.

Les typages ont été réalisés dans les laboratoires du CIRAD-EMVT et de l'URZ en Guadeloupe (Debus, 1993). Ils ont concerné trois protéines sériques, l'albumine (n=182), la transferrine (n=180) et l'amylase I (n=69), et une protéine érythrocytaire, l'hémoglobine (n=183). Le polymorphisme de ces protéines a été mis en évidence par électrophorèse en gel d'acétate de cellulose pour l'albumine et l'hémoglobine selon les méthodes décrites par Queval et Bambara (1984) et Queval et Petit (1982), par électrophorèse en gel de polyacrylamide pour la transferrine, et par électrophorèse en gel d'amidon en ce qui concerne l'amylase I (Gebicke-Härter et Geldermann, 1977). Pour ces systèmes codominants, on dispose de données de génotypage individuel.

1.5.2. Groupes sanguins érythrocytaires.

L'étude du polymorphisme des 11 systèmes de groupes sanguins érythrocytaires (A, B, C, F, J, L, M, S, Z, R', T') a été réalisée au laboratoire LABOGENA, sur 174 échantillons, par la technique de réaction d'hémolyse décrite par Grosclaude et al. (1979). Pour les systèmes complexes B, C et S, vraisemblablement codés par plusieurs gènes étroitement liés, une simplification a été apportée suivant le principe appliqué dans les études de Grosclaude et al. (1990) sur les races françaises et de Queval et al. (1998) et Souvenir Zafindrajaona et al. (1999) sur les bovins africains. Le système B a ainsi été réduit comme chez le zébu malgache (Souvenir Zafindrajaona et al., 1999) à 8 allèles, les 6 premiers correspondant à la présence respectivement des facteurs antigéniques G1, I1, K, P1, T et J', un autre allèle traduisant la présence simultanée des facteurs P2 et T, le dernier enfin correspondant à l'absence de tous ces facteurs. Pour le système C, la série tétra-allélique retenue par Grosclaude et al. (1990) a été complétée par un allèle négatif correspondant à l'absence de ces 4 facteurs antigéniques, comme observé par Queval et al. (1998) chez les bovins d'Afrique de l'Ouest. Enfin le système S a été simplifié en 10 allèles, dont 8 correspondent aux phénogroupes observés précédemment chez Grosclaude et al. (1990) : SH', SS''H', UH', H', H''H', S''H', U', U'2. Un allèle supplémentaire a été distingué, correspondant au phénogroupe en UH''H', également

Tableau 2.1.4 : Marqueurs biochimiques étudiés sur le bovin Créole de Guadeloupe

Systèmes étudiés (Acronyme)	Loc.	All.	Allèles (a) / facteurs (b) / spécificités reconnues (c)
Protéines sanguines			
Albumine (ALB)	6	2	F, S
Hémoglobine (HBB)	15	2	A, B
Transferrine (TF)	1	6	A, B, D1, D2, E, F
Amylase I (AMY1)	3	2	B, C
Lactoprotéines			
Caséine α S1 (CASAS1)	6	2	B, C
Caséine β (CASB)	6	3	A1, A2, B
Caséine κ (CASK)	6	2	A, B
Lactoglobuline (LGB)	11	2	A, B
Groupes sanguins érythrocytaires			
F (EAF)	17	2	F, V
A (EAA)	15	3	A, Z'
J (EAJ)	11	2	J
L (EAL)	3	2	L
M (EAM)	23	3	M, M'
R' (EAR)	16	2	R'
T' (EAT)	19	2	T'
Z (EAZ)	10	2	Z
B (EAB)	12		B, G1, G2, G3, I1, I2, K, O1, O2, O3, O4, Ox, P1, P2, Q, T1, Y2, A', B', D', E'1, E'2, E'3, E'4, G', I'1, I'2,, J'1, J'2, K', O', P'2, Q', Y', A'', B'', G'', I'', J'', F4, F7, F18, F20
C (EAC)	18		C1, C2, E, R1, R2, W, X1, X2, C', L', C''1, C''2, F2, F6, F10, F15
S (EAS)	21		S, U1, H', U'1, U'2, H'', S'', U''
BoLA classe 1	23		
Spécificités internationales			W1, A2, W4, A6, W17, A7, A8, A10, A12, A13, W16, A21, W25, A30
Spécificités européennes			EU2, EU22, EU28
Spécificités INRA Jouy en Josas			FJD1-G, FJ114, FJ442
Spécificités ABRO Edinburgh			ED1, ED11, ED13, ED74, ED81, ED94, ED99
Spécificités ILRAD Nairobi			MAP3, ILA4, ILA9, ILA10, ILA34, ILA37, ILA39, KK2, KK3, KM2, KM12, KM38, KN4, KN8, KN17, KN18
Spécificités CRTA Burkina Faso			BF1, BF2, BF3, BF5, BF6, BF7, BF9, BF10, BF11, BF12

(a) allèles : pour les protéines sériques et érythrocytaires et les lactoprotéines ; (b) facteurs antigéniques, pour les systèmes de groupes sanguins ; (c) spécificités reconnues pour le BoLA Classe 1

observé par Queval et al. (1998) chez certaines populations bovines africaines. Par ailleurs, par souci de simplification, il n'a pas été tenu compte du facteur U", comme cela a été également réalisé par Souvenir Zafindrajaona et al. (1999), la prise en compte de ce facteur rendant difficile l'interprétation de certains phénotypes observés. Cela a amené à regrouper, par rapport aux études antérieures, les phénogroupes présentant ce facteur antigénique avec les phénogroupes homologues ne le possédant pas. Enfin, un allèle négatif, correspondant à l'absence de l'ensemble des différents facteurs pris en compte a été ajouté. Les fréquences alléliques des systèmes complexes figurent en annexe (Annexe 2), ainsi qu'une liste de phénogroupes qui ont pu être identifiés chez le bovin Créole de Guadeloupe (Annexe 3), lors de l'étude de familles informatives au Domaine de Gardel.

1.5.3. Antigènes du Complexe Majeur d'Histocompatibilité BoLA classe 1.

Le polymorphisme des antigènes du système BoLA de classe 1 a été étudié sur 167 individus au laboratoire du CIRAD EMVT selon la technique standardisée du test de lymphocytotoxicité (Maillard et al., 1989). Les réactifs utilisés permettaient de mettre en évidence des spécificités reconnues internationalement, ainsi que des réactions spécifiques de races africaines, déjà étudiés sur des bovins ouest africains. Le détail des spécificités reconnues chez le bovin Créole figure en annexe 7, avec leurs fréquences géniques.

1.5.4. Lactoprotéines.

En dehors de l'enquête de population, 23 prélèvements de lait ont été réalisés sur des vaches du troupeau du Domaine INRA de Gardel, non apparentées. Ces échantillons prélevés par traite manuelle ont été conservés en présence de bichromate de potassium et congelés. Leur analyse a été effectuée au LGBC, pour l'étude du polymorphisme des lactoprotéines, suivant la méthode décrite par Mahé et Grosclaude (1993).

Sur ces mêmes femelles ont été réalisés des prélèvements sanguins qui ont été analysés, ainsi que 19 échantillons provenant de l'enquête, au Laboratoire de Génétique Biochimique et de Cytogénétique (LGBC) de l'INRA à Jouy en Josas. Ces analyses portaient d'une part sur le polymorphisme RFLP après digestion par l'enzyme de restriction TaqI (Levéziel et al., 1988), et d'autre part sur l'analyse par PCR d'un microsatellite du gène de la caséine κ (Levéziel et al., 1994), fortement corrélés au polymorphisme protéique précédemment décrit.

1.6. Marqueurs moléculaires.

Le Tableau 2.1.5. détaille les marqueurs moléculaires étudiés chez le bovin Créole de Guadeloupe.

1.6.1. Microsatellites (27 locus).

L'analyse du polymorphisme de marqueurs microsatellites a été réalisée au Laboratoire de Génétique Biochimique et Cytogénétique (LGBC) et à LABOGENA à Jouy en Josas, suivant la méthode de PCR décrite par Moazami Goudarzi et al. (1997) dans leur étude des relations génétiques entre races françaises. Un sous ensemble de 39 échantillons, choisis pour représenter les différentes régions de Guadeloupe et provenant d'élevages séparés, a été sélectionné pour cette étude.

Les marqueurs microsatellites analysés ont été décrits dans des études antérieures. Certains font partie de la liste de microsatellites recommandés par la FAO pour l'étude de la diversité des ressources génétiques animales dans les espèces domestiques (FAO/UNEP, 1998), et ont

Tableau 2.1.5 : Marqueurs moléculaires étudiés sur le bovin Créole de Guadeloupe

Systèmes étudiés (Acronyme)	Loc.	All.	tailles (d)
Microsatellites			
BM2113 ^{1;2;3}	2	9	122 - 146
ETH10 ^{1;2;3}	5	8	207 - 223
ETH131 ⁵	21	11	139 - 165
ETH152 ^{1;2}	5	6	191 - 201
ETH225 ^{1;2;3}	9	7	139 - 157
HUJI177 ⁴	3	9	196 - 222
ILSTS65 ⁴	24	9	123 - 139
INRA005 ^{1;2}	12	7	133 - 149
INRA006 ⁵	3	8	107 - 123
INRA011 ⁵	1	9	199 - 222
INRA016 ⁵	27	8	133 - 153
INRA023 ^{1;2;3}	3	7	156 - 170
INRA027 ⁵	27	10	160 - 202
INRA032 ^{1;2}	11	5	098 - 110
INRA035 ^{1;2}	16	10	114 - 132
INRA037 ²	4	6	178 - 188
INRA064 ⁵	23	9	110 - 128
INRA072 ⁴	4	7	135 - 169
INRA092 ⁴	14	6	162 - 176
INRA135 ⁴	2	9	170 - 196
INRA177 ⁴	11	11	096 - 122
INRA222 ⁴	25	10	197 - 217
INRAK ⁵	6	6	164 - 176
SPS115 ^{2;3}	15	7	244 - 256
TGLA122 ^{2;3}	21	13	136 - 172
TGLA126 ^{2;3}	20	9	115 - 131
TGLA227 ^{2;3}	18	10	079 - 099
Mt DNA			Séquence de l'ADN mitochondrial

(d) tailles : pour les microsatellites

1 FAO/UNEP (1998); 2 Williams (2002); 3 ISAG (2003); 4 Sancristobal-Gaudy et al. (2000) ;

5 Moazami et al. (1997)

été étudiés au LGBC dans le cadre de diverses études de populations françaises et africaines (Moazami Goudarzi et al., 1997, 2001) ou de races locales du sud de l'Europe (Cañon et al., 2001). D'autres sont analysés en routine à LABOGENA, dans le cadre des expertises de filiation suivant la liste de microsatellites recommandés par l'ISAG (2003), ou pour l'identification individuelle dans les races bovines françaises (San-Cristobal Gaudy et al., 2000).

La taille des allèles a été standardisée par rapport à des standards internes, utilisés dans le cadre des études de population menées par le LGBC, dont certains sont inclus dans le cadre du programme européen CaDBase (Williams, 2002).

1.6.2. ADN mitochondrial (mtDNA).

Indépendamment de l'enquête de population, des prises de sang sur EDTA ont été prélevées sur 30 individus non apparentés par la voie maternelle au sein du troupeau du Domaine INRA de Gardel. Ces prises de sang visaient à l'analyse du polymorphisme de la séquence de l'ADN mitochondrial. Cette étude particulière a été menée en collaboration avec différents partenaires d'Amérique Latine dans le cadre d'une étude de populations Créoles de la région (Miretti et al., 2000, 2002).

L'analyse de la diversité génétique de la population Créole et de ses relations avec d'autres races sera abordée dans le quatrième chapitre, à travers l'étude de quelques systèmes particuliers : d'une part 3 protéines sanguines (ALB, HBB, TF) et 9 groupes sanguins ; d'autres part les 27 microsatellites. Un chapitre intermédiaire abordera de manière purement descriptive les résultats concernant les autres marqueurs génétiques polymorphes étudiés au sein de la population Créole.

1.7. Traitements statistiques.

Les fréquences alléliques ont été calculées par comptage direct pour les systèmes codominants (protéines sanguines, groupe sanguin F, microsatellites). Pour les systèmes dominants présentant un allèle nul (groupes sanguins simples), l'estimation des fréquences a été réalisée par la méthode de la racine carrée, et pour les systèmes complexes (groupes sanguins B, C, S) par la méthode itérative de Cepellini. Pour le BoLA, la fréquence génique de chaque spécificité a été déterminée par la méthode de la racine carrée.

Les procédures statistiques propres à chaque étude seront décrites dans chaque chapitre.

Chapitre 2 : Analyse de la variabilité génétique au sein de la population bovine Créole de Guadeloupe à l'aide de marqueurs biochimiques.

2.1. Introduction.

L'objectif de cette étude est de décrire la variabilité existant au sein de la population Créole à l'aide de marqueurs génétiques de nature différente : polymorphismes biochimiques (protéines, groupes sanguins), pouvant être soumis à sélection, ou marqueurs moléculaires ayant un déterminisme neutre (microsatellites).

D'une part, on s'intéresse à la quantification de la diversité globale au sein de la population, afin de déterminer son degré de polymorphisme, et de vérifier si elle se trouve ou non en équilibre de Hardy Weinberg.

D'autre part, on s'interroge sur la présence ou non au sein de cette population d'une différenciation géographique, au niveau micro-régional, entre les différentes régions agricoles de l'île.

Cela devrait permettre de statuer sur sa situation actuelle, de population hétérogène ou de race à part entière, et sur son fonctionnement, mettant ou non en péril sa variabilité.

Enfin, l'étude détaillée des résultats obtenus suivant les marqueurs considérés devrait permettre de juger de l'intérêt des différents marqueurs pour apprécier la diversité au sein de la population. L'idée sous jacente est de pouvoir utiliser les résultats des typages génétiques réalisés pour orienter le choix d'individus les plus représentatifs de la diversité au sein de la population.

De telles études s'intéressant à la structuration de la diversité génétique au sein d'une race sont rares, et concernent le plus souvent des populations locales à petit effectif (Albères : Jordana et al., 1999 ; Criollo du Mexique : Russel et al., 2000 ; Zébu malgache : Souvenir Zafindrajaona et Lauvergne, 1993). A une échelle plus vaste, dans le cadre d'études de comparaison entre races, Jordana et al. (2003) ont également décrit la variabilité au sein des races locales de bovins allaitants du sud de l'Europe, ainsi que Singh et al. (1981) chez les zébus indiens, avec des marqueurs différents.

2.2. Matériel et méthodes

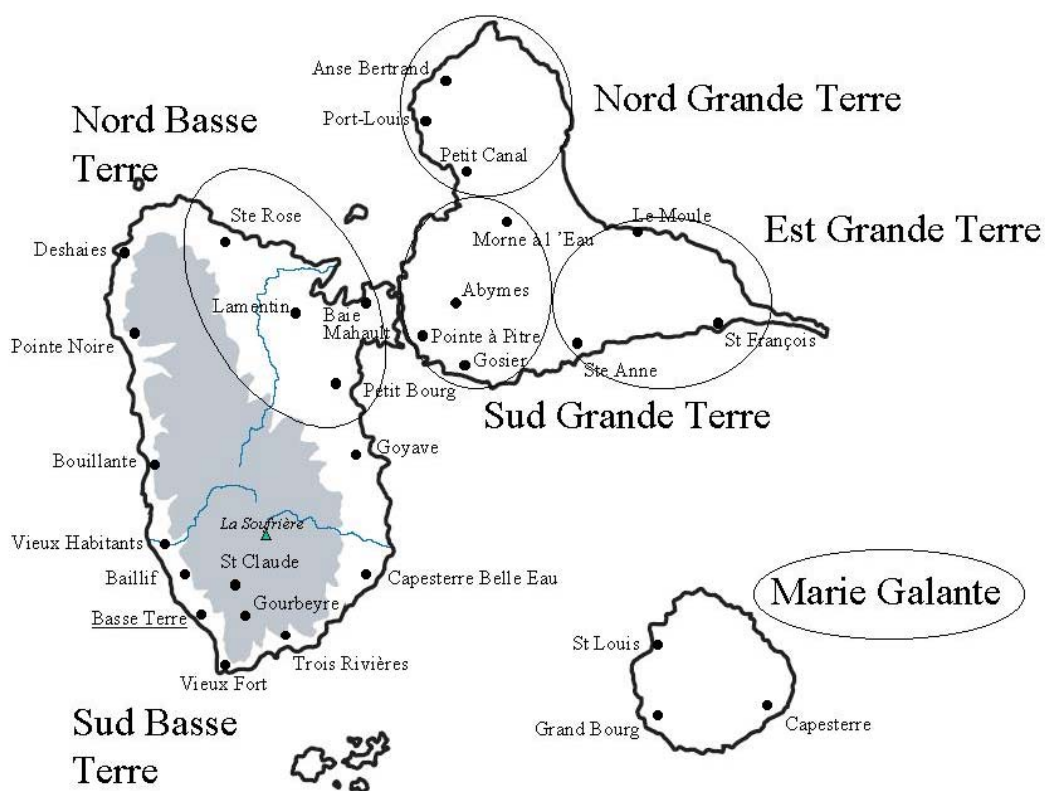
Cette étude s'inscrit dans le cadre de la caractérisation génétique de la population Créole de Guadeloupe, dont le principe général a été décrit par ailleurs (voir chapitre 1). Elle porte sur un ensemble de marqueurs étudiés sur des individus échantillonnés sur l'ensemble du territoire de la Guadeloupe, et représentatifs de cette population.

2.2.1. Marqueurs étudiés.

Le calcul des paramètres classiques de description de la variabilité génétique au sein de la population nécessite d'avoir accès aux génotypes individuels ; pour cette raison, nous avons limité la présente étude aux systèmes codominants : protéines sanguines (Albumine ; Hémoglobine ; Transferrine) ; système F des groupes sanguins érythrocytaires ; microsatellites (27 locus).

Tableau 2.2.1 : Répartition des échantillons étudiés.

Région	Protéines et système F	Microsatellites
Est Grande Terre (EGT)	60	10
Nord Grande Terre (NGT)	23	8
Sud Grande Terre (SGT)	36	5
Nord Basse Terre (NBT)	43	8
Marie Galante (MGA)	29	8
Total	191	39

Figure 2.2.1. Carte de Guadeloupe et des régions étudiées

Du fait du déséquilibre important entre les effectifs étudiés pour ces différents marqueurs (191 échantillons pour les protéines et le système F ; 39 échantillons pour les microsatellites), on a procédé à des analyses statistiques séparées suivant la nature des marqueurs.

2.2.2. Analyses statistiques.

Le calcul des fréquences alléliques et la description de la diversité génétique au sein la population Créole de Guadeloupe a été réalisée à l'aide du logiciel GENETIX 4.04 (Belkhir et al., 2002). La variabilité au sein de la population globale a été appréciée séparément pour chacun des locus étudiés, et par une analyse multiloci suivant la nature des marqueurs. Les paramètres pris en compte ont été le taux d'hétérozygotie observée (Hobs) et le taux d'hétérozygotie attendue, corrigée pour les biais d'échantillonnage (Hnb), représentant la diversité génique au sein de la population globale (Nei, 1978). Par ailleurs on a calculé l'estimateur f du paramètre de fixation intra population F_{IS} de Wright (1965) selon les formules de Weir et Cockerham (1984) ($f_{W\&C}$) et de Robertson et Hill (1984) ($f_{R\&H}$). Selon Belkhir et al. (2002), l'estimateur $f_{R\&H}$ donne plus de poids aux allèles rares que $f_{W\&C}$, mais il est de variance minimale sous l'hypothèse nulle d'équilibre de Hardy Weinberg, en particulier pour des valeurs de F_{ST} faible lors d'une étude intra population. Ces deux estimateurs ont donc été calculés afin de tenir compte de ces limitations, pour étudier la déviation de l'équilibre de Hardy-Weinberg au sein de la population dans son ensemble. La moyenne et l'écart-type de l'estimateur $f_{W\&C}$ sur l'ensemble des locus ont été calculés par jackknife sur les loci, sur les protéines et microsatellites séparément.

Les tests de l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg (H_0), et de ses alternatives (H_1) d'excès ou de déficit d'hétérozygotes ont été réalisés sur la population globale à l'aide du logiciel GENEPOP 3.3 (Raymond et Rousset, 1995), et du logiciel FSTAT (Goudet, 2002). Trois méthodes ont été employées, suivant le cas : test exact de H_0 selon la méthode employée par Guo et Thompson (1992), et pour les hypothèses alternatives H_1 , score test de Rousset et Raymond (1995) et test par permutations des allèles entre individus (4000 permutations), selon une procédure de Bonferroni séquentielle (Goudet, 2002).

Pour l'étude de la différenciation suivant la région géographique, on a tenu compte de la répartition entre cinq régions géographiques distinctes, plus ou moins isolées entr'elles : Est, Nord et Sud Grande Terre ; Nord Basse Terre ; Marie Galante (voir Tableau 2.2.1 et figure 2.2.1).

On a ensuite procédé au calcul des statistiques F de Wright (1965), sous la forme des paramètres de fixation $f=F_{IS}$ et $F=F_{IT}$, et de l'indice de différenciation $\theta=F_{ST}$, selon la méthode de Weir et Cockerham (1984) à l'aide du logiciel GENETIX 4.04 (Belkhir et al., 2002). Ces paramètres traduisent la déviation du taux d'hétérozygotie observée par rapport à la valeur attendue sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy Weinberg, respectivement intra-région (f) et dans la population globale (F), et la différenciation entre régions (θ) (Nei, 1977). La précision de la valeur moyenne des estimateurs suivant la nature des marqueurs a été appréciée par jackknife sur les loci, méthode applicable lorsque 4 loci au moins sont employés. Pour la précision des paramètres à chaque locus, une estimation par jackknife sur les populations a été réalisée.

Le seuil de signification des statistiques F a été étudié à l'aide de la version 2.9.3 du logiciel FSTAT (Goudet, 1995), par permutations des allèles entre individus intra région (f), ou entre région (F), et permutations des génotypes multilocus entre région (θ) selon une procédure de Bonferroni séquentielle (Goudet, 2002). Compte tenu du faible effectif d'individus typés dans chaque région, cette méthode de permutations des génotypes multilocus nous est apparue plus

Tableau 2.2.2 : Paramètres descriptifs de la variabilité génétique au sein de la population Créole

Locus (N)	Allèles	Hobs	Hnb	$f_{w\&c}$	$f_{r\&h}$
ALB (182)	2	0,484	0,501	0,035	0,035
EAF (174)	2	0,460	0,446	-0,032	-0,032
HB (183)	2	0,432	0,419	-0,029	-0,030
TF (180)	6	0,589	0,677	0,131	0,244
Moyenne	3	0,491	0,511	0,044	
(écart-type)		(0,069)	(0,116)	(0,002)	
BM2113 (36)	9	0,75	0,811	0,076	0,06
ETH10 (36)	8	0,833	0,805	-0,036	-0,04
ETH131 (36)	11	0,833	0,864	0,035	0,01
ETH152 (31)	6	0,774	0,719	-0,078	-0,061
ETH225 (39)	7	0,897	0,81	-0,11	-0,09
HUJI177 (35)	9	0,8	0,83	0,037	0,004
ILSTS65 (36)	9	0,861	0,838	-0,028	-0,029
INRA005 (37)	7	0,568	0,72	0,214	0,248
INRA006 (35)	8	0,771	0,853	0,096	0,102
INRA011 (36)	9	0,778	0,818	0,049	0,153
INRA016 (36)	8	0,611	0,792	0,231	0,177
INRA027 (33)	7	0,758	0,798	0,052	0,021
INRA032 (34)	10	0,853	0,872	0,022	0,078
INRA035 (38)	4	0,395	0,544	0,277	0,092
INRA037 (31)	10	0,774	0,885	0,127	0,098
INRA064 (35)	6	0,686	0,761	0,1	0,097
INRA072 (39)	9	0,59	0,817	0,28	0,135
INRA135 (36)	6	0,75	0,739	-0,014	0,002
INRA177 (35)	9	0,8	0,782	-0,023	0,006
INRA222 (36)	11	0,722	0,857	0,159	0,07
INRA23 (28)	10	0,679	0,752	0,099	0,054
INRA92 (36)	7	0,667	0,732	0,091	0,073
INRAK (37)	6	0,622	0,691	0,101	0,049
SPS115 (27)	7	0,37	0,467	0,206	0,037
TGLA122 (36)	13	0,778	0,759	-0,026	0,023
TGLA126 (36)	9	0,778	0,745	-0,045	-0,036
TGLA227 (36)	10	0,889	0,864	-0,029	-0,012
Moyenne	8,3	0,725	0,775	0,065	
(écart-type)		(0,132)	(0,095)	(0,000)	

N : effectif analysé ; Hobs : Hétérozygotie observée ; Hnb : Hétérozygotie calculée (non biaisée) ; $f_{w\&c}$ et $f_{r\&h}$: estimateurs du F_{IS} de Wright selon Weir et Cockerham (1984) et Robertson et Hill (1984).

adéquate que la permutation des allèles, dans la mesure où elle permet de se libérer de l'hypothèse d'équilibre de Hardy Weinberg au sein de chaque sous-population.

Compte tenu du nombre de microsatellites étudiés et de leur variabilité, on a utilisé ces marqueurs afin d'aborder plus en détail la différenciation entre région prise 2 à 2. Elle a été étudiée à l'aide du logiciel GENETIX 4.0.4 (Belkhir et al., 2002), par le paramètre de différenciation génétique de Robertson et Hill (1984), corrigé selon Raufaste et Bonhomme (2000), estimateur de F_{ST} non biaisé et de variance minimale, et par le calcul du nombre de migrants effectifs par génération (N_m). La signification de ces F_{ST} entre régions deux à deux a été testée par permutations sur les allèles.

Enfin une analyse des correspondances multiples sur la présence à l'état hétérozygote ou homozygote ou l'absence des différents allèles des microsatellites chez chaque individu a été réalisée à l'aide du logiciel SPAD version 4.5. Elle a été suivie d'une classification hiérarchique sur les coordonnées factorielles individuelles, afin de déterminer des regroupements des individus.

2.3. Résultats.

2.3.1. Diversité génétique au sein de la population bovine Créole de Guadeloupe.

Dans un premier temps, l'étude a porté sur l'analyse de la variabilité génétique au sein de la population Créole, considérée dans son ensemble. Le Tableau 2.2.2 présente les paramètres décrivant cette variabilité : le taux d'hétérozygotie observée (Hobs), le taux d'hétérozygotie attendue non biaisée (Hnb), traduisant la diversité génique au sein de la population, et l'estimateur du paramètre F_{IS} selon Weir et Cockerham (1984) ($f_{W\&C}$) et Robertson et Hill (1984) ($f_{R\&H}$), reflet de la déviation des fréquences phénotypiques de l'équilibre de Hardy Weinberg.

La diversité génétique, mesurée par Hnb, aux différents marqueurs est élevée, en moyenne 0,511 et 0,775, et la richesse allélique de l'ordre de 3 et 8 allèles respectivement, suivant la nature des marqueurs biochimiques et moléculaires. Hnb varie, suivant les marqueurs, de 0,419 (HB) à 0,885 (INRA037). Il est à noter que, paradoxalement, ce ne sont pas seulement les systèmes les moins polymorphes (HB, ALB, F, INRA035) qui ont la plus faible diversité mais également le microsatellite SPS115. En revanche, les marqueurs les plus polymorphes comme certains microsatellites présentent la diversité la plus élevée.

Des valeurs positives des paramètres $f_{W\&C}$ et $f_{R\&H}$ traduisent un déficit d'hétérozygotes dans la population par rapport à la valeur attendue ($Hnb > Hobs$). Dans notre cas, ces deux paramètres présentent des valeurs voisines, ou plus faibles en valeur absolue pour $f_{R\&H}$ que pour $f_{W\&C}$. Ce n'est pas le cas pour TF et INRA011 et dans une moindre mesure pour INRA032 ainsi que INRA005 et INRA006, pour lesquels $f_{R\&H}$ est supérieur à $f_{W\&C}$. Pour ces systèmes, on a en effet observé la présence d'allèles rares (B, E et F pour TF ;) qui viennent biaiser cet estimateur $f_{R\&H}$.

Le Tableau 2.2.3 présente les résultats des tests de l'équilibre de Hardy Weinberg. Dans le cas du test exact de l'équilibre de Hardy Weinberg et du score test des hypothèses alternatives, les résultats présentés sont les seuils obtenus par GENEPOP. Pour les tests par permutation réalisés par FSTAT, ce seuil est estimé par la proportions de permutations, parmi 4000, ayant donnée une valeur F_{IS} supérieure lorsque l'estimateur $f_{W\&C}$ est positif, traduisant un déficit d'hétérozygotes, ou inférieure lorsque l'estimateur $f_{W\&C}$ est négatif, cas d'un excès d'hétérozygotes.

Tableau 2.2.3 : Test de l'équilibre de Hardy Weinberg

Locus (N)	$f_{w\&c}$	GENEPOP (1)		FSTAT (2)	
		Test exact	Score test Excès	Score test Déficit	Excès
EAF (174)	-0,032	-	-	-	-
HB (183)	-0,029	-	-	-	-
ALB (182)	0,035	-	-	-	-
TF (180)	0,131	***	-	***	**
Moyenne	0,044	***	-	***	-
ETH225 (39)	-0,110	-	*	-	-
ETH152 (31)	-0,078	-	-	-	-
TGLA126 (36)	-0,045	-	-	-	-
ETH10 (36)	-0,036	-	-	-	-
TGLA227 (36)	-0,029	-	-	-	-
ILSTS65 (36)	-0,028	-	-	-	-
TGLA122 (36)	-0,026	-	-	-	-
INRA177 (35)	-0,023	-	-	-	-
INRA135 (36)	-0,014	-	-	-	-
INRA032 (34)	0,022	-	-	-	-
ETH131 (36)	0,035	-	-	-	-
HUJI177 (35)	0,037	-	-	-	-
INRA011 (36)	0,049	***	-	*	-
INRA027 (33)	0,052	-	-	-	-
BM2113 (36)	0,076	-	-	-	-
INRA92 (36)	0,091	-	-	-	-
INRA006 (35)	0,096	-	-	-	-
INRA23 (28)	0,099	-	-	-	-
INRA064 (35)	0,100	-	-	-	-
INRAK (37)	0,101	-	-	-	-
INRA037 (31)	0,127	-	-	*	-
INRA222 (36)	0,159	*	-	-	*
SPS115 (27)	0,206	*	-	-	-
INRA005 (37)	0,214	*	-	***	*
INRA016 (36)	0,231	*	-	**	**
INRA035 (38)	0,277	***	-	-	*
INRA072 (39)	0,280	***	-	*	***
Moyenne	0,065	***	-	***	***

GENEPOP : test exact de HW (Guo et Thompson, 1992) et score test (Rousset et Raymond, 1995) d'excès ou de déficit d'hétérozygote

FSTAT : test de signification de $f_{w\&c}$ par permutations selon la méthode de Bonferroni séquentielle (Goudet, 2002)

N : effectif analysé, $f_{w\&c}$: estimateur du F_{IS} de Wright selon Weir et Cockerham (1984)

Les marqueurs sont classés par valeurs de $f_{w\&c}$ croissantes ; * : $p < 0,05$; ** : $p < 0,01$; *** : $p < 0,001$

La plupart des marqueurs (3 protéines, 20 microsatellites) semble vérifier l'hypothèse d'équilibre de Hardy-Weinberg, et les valeurs de $f_{w\&c}$ calculées ne sont pas significativement différentes de 0. Ce n'est cependant pas le cas pour 8 marqueurs, parmi lesquels TF, INRA035, INRA011 et INRA072 présentent un très fort déséquilibre ($P < 0,001$), alors que celui-ci est plus réduit pour INRA005, INRA016, INRA222 et SPS115 ($P < 0,05$). Le déséquilibre apparaît significatif pour INRA011, alors que la valeur de $f_{w\&c}$ est faible (0,049).

Les tests de l'hypothèse alternative d'excès ou de déficit montrent des résultats légèrement différents, suivant le test employé. Les tests par permutations réalisés par FSTAT (Goudet, 2002) donnent des résultats assez voisins du test global de l'hypothèse H_0 , et traduisent un déficit significatif d'hétérozygotes pour les mêmes marqueurs, à l'exception de SPS115 et INRA011. SPS115 présentait également la diversité la plus faible, en raison de la présence prépondérante d'un allèle au sein de la population Créole (taille=244 ; 72,2 %). Pour INRA011, le paradoxe lié aux deux remarques précédentes s'explique probablement par la présence à l'état homozygote de trois allèles peu fréquents, qui pourrait être liée à un biais d'échantillonnage.

En revanche, le score test de Rousset et Raymond (1995) donne des résultats sensiblement différents. Seuls TF et INRA005 présentent un déficit marqué d'hétérozygotes ($p < 0,001$), suivi de INRA016 ($p < 0,01$), ainsi que INRA011, INRA037 et INRA072 ($p < 0,05$). De plus, un marqueur (ETH225) présente quant à lui un excédent significatif d'hétérozygotes.

La valeur moyenne de l'estimateur du F_{IS} , qui est une estimation du taux de consanguinité au sein de la population, est de l'ordre de 4,4 à 6,5 % suivant la nature des marqueurs, significativement différente de zéro.

2.3.2. Différenciation intra population, suivant la région.

Le Tableau 2.2.4 présente les estimateurs f , F et θ des paramètres F_{IS} , F_{IT} et F_{ST} de Wright. Les estimations à chaque locus ne sont pas portées car non significatives dans l'ensemble, sauf en ce qui concerne la transferrine.

Les statistiques F_{IS} et F_{IT} représentent la variabilité génétique observée respectivement au sein des sous-populations et de la population complète, alors que F_{ST} permet de décrire la différenciation entre sous-populations. Selon Reynolds et al. (1983) F_{ST} considérée comme distance entre populations est adéquate pour juger de l'évolution à court terme et expliquée par la dérive génétique. Elle s'applique donc bien à l'étude de sous-populations d'une même population globale, comme la présente étude de la population Créole de Guadeloupe.

Compte tenu de la faible différenciation au sein d'une même population, l'estimateur du F_{ST} selon Robertson et Hill (1984), corrigé selon Raufaste et Bonhomme (2000) est également présenté, qui présente la caractéristique d'être non biaisé et de variance minimale pour des valeurs de $F_{ST} < 0,05$ (Belkhir et al., 2002).

Les valeurs de f et F observées pour chaque ensemble de marqueurs sont voisines, et traduisent un déficit d'hétérozygotes aussi bien intra-région qu'au niveau de la population dans son ensemble. Cependant celui-ci est plus marqué pour les microsatellites qu'avec les marqueurs biochimiques, pour lesquels ces deux paramètres ne sont pas significatifs à l'issue des tests par permutations.

Le paramètre θ de différenciation génétique montre également un comportement différent entre les marqueurs biochimiques et moléculaires. Malgré une valeur voisine, de 2 % et 1,8 %

Tableau 2.2.4 : Indices de différenciation génétique au sein de la population Créole de Guadeloupe

Locus	$f=F_{IS}$	$F=F_{IT}$	$\theta=F_{ST}$	RH'
TF	0,114 *	0,147 **	0,037 ***	0,039
	(0,077)	(0,077)	(0,024)	
Marqueurs biochimiques	0,028 (0,040)	0,048 (0,047)	0,020 *** (0,010)	0,028
Microsatellites	0,051 *** (0,019)	0,068 *** (0,020)	0,018 (0,005)	0,032

* :p<0,05 ; ** :p<0,01 ; *** :p<0,001

Tableau 2.2.5 : Distribution allélique de la transferrine suivant la région

allèle	EGT	NGT	SGT	NBT	MGA
N	52	42	39	36	21
A	0,44	0,38	0,66	0,38	0,36
D1	0,43	0,20	0,21	0,35	0,45
D2	0,11	0,25	0,05	0,14	0,12
E	0,02	0,15	0,03	0,10	0,05
B	0,00	0,00	0,02	0,01	0,02
F	0,00	0,01	0,03	0,03	0,00
Hobs	0,46	0,57	0,55	0,69	0,81
Hnb	0,61	0,74	0,53	0,72	0,67

Tableau 2.2.6 : Différenciation suivant la région (microsatellites)

$F_{ST} \setminus Nm$	EGT	NGT	SGT	MGA	NBT
EGT		10,1	51,7	9,2	35,3
NGT	0,038		10,9	7,7	59,9
SGT	0,036	0,034		11,7	10,9
MGA	0,049*	0,061*	0,043		14
NBT	0,034	0,028	0,059	0,053*	

* :p<0,05

Régions : EGT = Est Grande Terre, NGT : Nord Grande Terre, SGT : Sud Grande Terre, MGA : Marie Galante, NBT : Nord Basse Terre

respectivement de variations expliquées par les différences entre régions, θ n'est significatif que pour les marqueurs biochimiques, mais pas pour les microsatellites.

Il est à noter que pour les marqueurs biochimiques cette différenciation s'explique uniquement par la distribution de la transferrine, qui présente un fort déséquilibre et des variations importantes suivant la région (Tableau 2.2.5). Sa diversité génétique (Hnb) varie très fortement ; elle est plus faible en SGT où l'allèle A prédomine, et ce malgré la présence d'allèles rares (B et F). Elle est maximale en NGT et NBT, avec des fréquences mieux réparties entre les 4 allèles principaux (A, D1, D2 et E). Un déficit important d'hétérozygotes apparaît cependant en EGT et NGT, alors qu'un excès d'hétérozygotes apparaît à Marie Galante. Les allèles rares ont enfin été très peu rencontrés en EGT et NGT.

Malgré la faible différenciation dans l'ensemble de la population, il est apparu intéressant de regarder la distinction entre région prise 2 à 2, à l'aide des 27 marqueurs microsatellites, marqueurs présentant la plus grande variabilité et les plus nombreux étudiés dans la population. Le Tableau 2.2.6 présente le paramètre F_{ST} de différenciation entre régions prises deux à deux (en dessous de la diagonale) et le nombre de migrants (Nm) par génération (au dessus de la diagonale).

Aucune différenciation n'apparaît significative, si ce n'est la distinction entre Marie Galante et les autres régions de Guadeloupe, principalement NGT, NBT et EGT. En revanche, Nm met en évidence une proximité très forte entre EGT et SGT d'une part, et entre NBT et les deux régions EGT et NGT d'autre part.

La Figure 2.2.1 présente les résultats d'une analyse en composantes multiples, suivie d'une classification sur les coordonnées factorielles. Cette classification fait bien apparaître l'absence de structuration géographique, et une dispersion des animaux des différentes régions, si ce n'est le rapprochement d'une part de 4 animaux de Marie Galante (sur 8) et d'autre part de 4 individus (sur 10) de EGT.

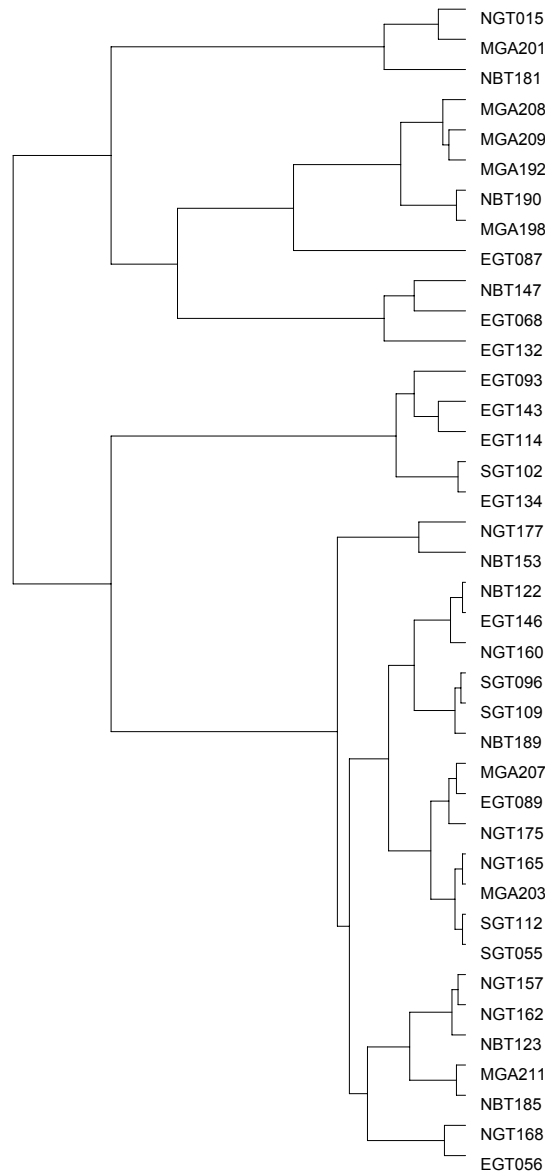
2.4. Discussion.

La diversité génétique enregistrée au sein de la population Créole est particulièrement élevée, comparativement à la littérature : en moyenne 0,51 pour les systèmes polymorphes biochimiques, et 0,78 pour les microsatellites. Elle est supérieure à celle observée avec des marqueurs biochimiques par Arranz et al. (1996) sur cinq races ibériques (0,20 à 0,26), par Singh et al. (1981) sur huit races de zébus indiens (0,20 à 0,34), par Jordana et al. (1999) sur la race des Albères (0,33) ou même par Giovambattista et al. (2001) sur le bovin Créole argentin (0,47). Elle est également supérieure à celle calculée avec des marqueurs microsatellites par Zamorano et al. (1998) sur le bovin Créole argentin (0,58), par Uffo et al. (2002) sur le bovin Créole de Cuba (0,62), par Martin Burriel et al. (1999) (0,59 à 0,67) et par Arranz et al. (1996) (0,70 à 0,77) sur diverses races locales espagnoles, ou encore sur des races africaines par Moazami-Goudarzi et al. (2001) sur quatre races d'Afrique de l'Ouest (0,54 à 0,73) et par Nortier et al. (2002) sur quatre races de Namibie (0,67 à 0,74). Elle est également supérieure aux valeurs présentées par MacHugh et al. (1997) pour cinq différents groupes géographiques (0,43 à 0,66). Cette diversité se retrouve également dans le nombre moyen d'allèles rencontrés dans la population Créole (8,3 en moyenne), qui avoisine celle citée par MacHugh et al. (1997) sur l'ensemble des races qu'ils ont étudiées, alors que cette diversité allélique est généralement plus faible au sein de chaque race considérée séparément.

Les résultats des tests de déviation de l'équilibre de Hardy Weinberg peuvent paraître un peu déconcertants suivant le marqueur. Ils pourraient être liés à un biais d'échantillonnage, comme dans le cas d'INRA011, des allèles peu fréquents se retrouvant de manière un peu

Figure 2.2.2: Classification hiérarchique des 39 bovins Créoles analysés pour les marqueurs microsatellites

(les acronymes représentent l'identifiant de l'individu, suivant sa région d'origine : EGT: Est Grande Terre, NGT: Nord Grande Terre , SGT: Sud Grande Terre, NBT: Nord Basse Terre, MGA: Marie Galante, et son numéro d'ordre dans l'enquête générale)



inattendue à l'état homozygote. Ce constat pourrait signifier l'absence de maîtrise de la consanguinité dans les troupeaux, liée à l'absence de pedigree, malgré son maintien à bas bruit dans l'ensemble de la population. En effet, la valeur moyenne du paramètre F_{IS} , estimateur du taux de consanguinité intra population, reste faible (4,4 et 6,7 % respectivement pour les marqueurs biochimiques et microsatellites). Elle est voisine, voire inférieure, aux valeurs calculées par Jordana et al. (2003) sur 18 races bovines locales du sud de l'Europe, en moyenne 7,6 %.

La valeur la plus élevée du paramètre F_{IS} pour un marqueur concerne les microsatellites INRA072 (0,280) et INRA035 (0,277). Elle est nettement inférieure aux valeurs les plus élevées notées par Jordana et al. (2003) sur les races bovines du sud de l'Europe. Il est à remarquer que ce même marqueur INRA035 présente les valeurs les plus fortes de F_{IS} (entre 0,243 et 0,697) pour 11 races parmi les 18 étudiées par Jordana et al. (2003), ainsi que parmi 20 races du nord de l'Europe (Kantanen et al., 2000). Chez le bovin Créole, le même déséquilibre s'observe, et il apparaît donc un phénomène très général dans la plupart des races. Il pourrait être dû à une liaison entre ce marqueur et un caractère présentant un intérêt sélectif, bien que cela n'ait pas encore été décrit (Jordana et al., 2003) ou la présence d'un allèle 'null' induisant un nombre élevé de pseudo-homozygotes (Kantanen et al., 2000). Cela pourrait être le cas également de INRA072. Ainsi le taux de consanguinité estimé sur l'ensemble des marqueurs pourrait bien être biaisé par les résultats de ces deux microsatellites. Le calcul a été renouvelé, sans ces deux marqueurs, et l'estimation du taux de consanguinité obtenue alors est de $F_{IS} = 5,0$ %.

Lorsque l'on s'intéresse à la répartition des animaux entre différentes régions, les taux de consanguinité estimés intra région et dans la population totale par les paramètres f et F , sont significatifs pour les microsatellites, mais pas pour les marqueurs biochimiques. Les marqueurs moléculaires présentent un polymorphisme plus élevé que les marqueurs biochimiques (8,3 vs 3 allèles en moyenne), mais également un échantillonnage plus réduit (39 vs 194 individus). Le taux estimé pourrait également être lié à un biais d'échantillonnage, et le taux de consanguinité réel pourrait donc bien être plus faible encore.

Le paramètre de différenciation génétique, voisin de 1,8 % et 2,0 % est très faible, nettement inférieur même aux valeurs observées au sein de la population Criollo argentine par Giovambattista et al. (2001) (5,3 % à 8,1 % suivant le marqueur étudié) ou à la différenciation mesurée entre races européennes du Sud de l'Europe, en moyenne de 6,8 % (Jordana et al., 2003). Il traduit l'absence de structuration géographique au sein de la population Créole, qui apparaît homogène quelle que soit la région considérée. On retrouve cependant une distinction entre Marie Galante et les autres régions, qui peut s'expliquer par l'isolement de cette île, dépendance de la Guadeloupe. En revanche, un net rapprochement apparaît entre le Nord Basse Terre et les régions de l'Est et du Nord Grande Terre, qui traduit les échanges d'animaux intervenants, en particulier pendant la saison sèche, avec le transfert d'animaux de ces deux régions plus arides vers la Basse Terre.

Un résultat un peu surprenant concerne la transferrine, qui présente un net déséquilibre et des fréquences alléliques très hétérogènes suivant la région. On sait que la transferrine présente de fortes différences de fréquences alléliques suivant la race (Baker et Manwell, 1980). En particulier les allèles « rares » chez le bovin Créole (B et F) sont absents des races taurines, et relativement fréquents chez les zébus. De même, l'allèle E est moins fréquent chez les races taurines européennes que chez les races africaines, indiennes ou même les races ibériques (Kidd et al., 1980). Les disparités notées suivant la région pourraient être dues à l'incidence de croisement relativement récents dans certaines régions (notamment EGT et NGT).

En conclusion, il apparaît que la population bovine Créole de Guadeloupe présente une diversité génétique élevée, liée probablement à ses origines. Bien qu'en équilibre génétique pour la plupart des systèmes étudiés, elle présente un taux de consanguinité non nul, mais faible. Elle constitue une population relativement homogène, même si des différences mineures apparaissent suivant la région. Cependant elle semble menacée par l'absence de gestion des généalogies dans les troupeaux, et par des croisements non contrôlés qui pourraient entraîner une évolution de sa structure génétique.

Chapitre 3 : Etude des relations génétiques entre le bovin Créole de Guadeloupe et différentes races bovines au moyen de marqueurs biochimiques et moléculaires.

3.1. Introduction.

3.1.1. Problématique générale.

Près de 1500 populations ou races bovines existent à travers le Monde, et différentes initiatives ont vu le jour pour les inventorier et les caractériser, dans le but d'évaluer et de maintenir la diversité génétique existante (FAO, 2000 ; Felius, 1995). De nombreuses études ont été menées afin de décrire les relations phylogénétiques entre ces différentes races bovines. Ces études de phylogénies répondent à deux objectifs principaux : d'une part, décrire les ressources génétiques locales dans un souci de préservation de la diversité génétique (Cañon et al., 1999 ; Martin Burriel et al., 1999 ; Maudet et al., 2000) ; d'autre part, élucider les origines des différentes populations animales et leur évolution (Naik, 1978 ; Medjugorac et al., 1994 ; MacHugh et al., 1997 ; Hanotte et al., 2002).

La caractérisation des ressources génétiques a été réalisée au début à partir de marqueurs polymorphes de nature biochimique, comme les protéines sériques, les lactoprotéines ou les groupes sanguins érythrocytaires (Manwell et Baker, 1980 ; Singh et al., 1981c ; Kidd et al., 1982 ; Gonzalez et al., 1987 ; Grosclaude et al., 1990 ; Medjugorac et al., 1994 ; Blott et al., 1998). Elles ont connu un essor avec les progrès de la génétique moléculaire, qui a permis d'aborder de nouvelles sources de polymorphisme. Les marqueurs les plus répandus sont les microsatellites de l'ADN, motifs de quelques paires de bases répétées un nombre variable de fois et possédant une localisation précise dans le génome (Vaiman et al., 1994). Ils présentent l'avantage d'être neutres sélectivement, car non codants. Certains microsatellites peuvent cependant, de par leur localisation, être liés à des gènes ayant un intérêt sélectif.

D'autres familles de marqueurs ont également été étudiées, et apportent des informations complémentaires, comme l'analyse de la séquence de l'ADN mitochondrial (Loftus et al., 1994a) ou plus récemment le polymorphisme de régions de l'ADN amplifiées aléatoirement (RAPD = Random Amplified Polymorphic DNA) (Rincon et al., 2000), de variations nucléotidiques isolées (SNP = Single Nucleotide Polymorphisme) ou d'AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) (Pitel et Riquet, 2000).

Les études de populations se sont généralement intéressées à des groupes de races appartenant à un ensemble géographique précis, comme les races européennes (MacHugh et al., 1994, 1998 ; Moazami-Goudarzi et al., 1997 ; Kantanen et al., 2000), les races africaines (Queval et al., 1998 ; Hanotte et al., 2002 ; Nortier et al., 2002) ou les bovins asiatiques (Kim et al., 2002). Elles ont concerné plus rarement un ensemble de races issues de groupes géographiques différents (MacHugh et al., 1997 ; Moazami-Goudarzi et al., 2001 ; Ceriotti et al., 2003).

Des recoupements peuvent ainsi être opérés entre les différents marqueurs génétiques étudiés et par ailleurs avec les données archéologiques ou historiques. Ces informations révèlent en premier lieu l'existence de deux foyers d'origine séparés pour, d'une part les zébus indiens appartenant au groupe *Bos indicus* et d'autre part les autres bovins rattachés au groupe *Bos taurus* (Naik, 1978 ; Loftus et al., 1994b ; MacHugh et al., 1997). Ces derniers auraient ensuite divergé pour donner naissance aux races taurines européennes et aux races africaines,

indépendamment de la présence ou non d'une bosse chez ces dernières (MacHugh et al., 1997 ; Troy et al., 2001). La domestication des trois différents rameaux se serait opérée séparément. La migration de ces populations ancestrales dans différents milieux a ensuite progressivement donné naissance aux races actuelles (Medjugorac et al., 1994 ; Hanotte et al., 2002).

Trois types de processus génétiques sont mis en cause dans l'évolution des populations animales. D'une part, des mutations génétiques sont évoquées pour expliquer des divergences intervenues sur un pas de temps important, et principalement entre espèces (Weir, 2002). La différenciation entre populations ou races, liée à leur migration et à leur isolement, est en revanche principalement la conséquence de processus de dérive génétique. Enfin, des migrations récentes peuvent expliquer l'introgession de gènes d'une population dans une autre. L'exemple le plus marquant concerne les races africaines de phénotype zébu, traduisant une influence décroissante d'Est en Ouest du continent africain d'animaux *Bos indicus* issus du continent Indien (Hanotte et al., 2002). C'est également le cas chez les bovins d'Afrique de l'Ouest, à l'interface entre les races taurines et zébus africaines (MacHugh et al., 1997 ; Moazami Goudarzi et al., 2001). On remarque également, de manière concordante suivant les différents marqueurs étudiés, une influence africaine nette chez les races de la péninsule ibérique (Cymbron et al., 1999 ; Beija-Pereira et al., 2003).

3.1.2. Extension à l'étude des populations bovines Créoles.

Dans le cas des populations bovines Créoles, peu d'études existent encore, quelle que soit la nature des marqueurs. Généralement, elles portent sur la description des fréquences alléliques au sein d'une population donnée (Zamorano et al., 1998 ; Postiglioni et al., 1998 ; Rincon et al., 2000 ; Uffo et al., 2002) ou sur l'étude de la diversité génétique et de la différenciation au sein d'une population (Russel et al., 1998 ; Giovambattista et al., 2001 ; Martinez et al., 2003). Les études de relation entre races sont plus rares et ponctuelles, en nombre aussi bien de races que de marqueurs (Kemenes et al., 1999 ; Lara et al., 2001 ; Ceriotti et al., 2003).

En effet l'étude des relations génétiques entre les races bovines Créoles et les races classiques est plus délicate à mener pour des raisons de différentes natures, liées à la fois à l'origine et la structure des races considérées, au modèle statistique à employer pour décrire ses relations, et enfin aux données disponibles suivant les races et les marqueurs.

D'une part, le concept de race peut être controversé pour ces populations. Une conception maintenant classique est basée sur différents critères, de nature paléontologique et historique, d'ordre géographique ou encore ayant trait à la morphologie. On peut également se référer à des critères ethnologiques, sur les processus de domestication et de sélection ayant donné naissance à ces races (Feliuss, 1995). Or l'histoire du peuplement bovin au Nouveau Monde est récente et il n'y avait pas de bovins jusqu'à la Découverte par les premiers colons espagnols. Le peuplement bovin s'est donc constitué progressivement à partir d'importations diverses suivant l'histoire propre à chaque région. Les populations métisses issues de ces divers croisements peuvent-elles dès lors être considérées comme des races à part entière ? L'isolement dans lequel elles se sont maintenues, le brassage continu intra population, en milieu isolé, la sélection naturelle ou orientée en fonction des usages locaux dont elles ont été l'objet sont autant de raisons pour leur donner le statut de « race ». Par ailleurs, nous avons vu dans la partie précédente que la diversité génétique, bien qu'importante, apparaît homogène au sein de la population Créole, et que cette population semble en équilibre génétique pour un nombre important de marqueurs. C'est également généralement le cas dans les études ayant porté sur d'autres Créoles de la région.

Pour les Antilles et l'Amérique, les premières introductions de bovins remontent au XVI^{ème} siècle. A l'origine du peuplement bovin la notion de race communément admise à l'heure actuelle n'existait pas (Rodero et al., 1992), mais les populations traditionnelles élevées dans les régions d'origine étaient encore en devenir. Les races actuelles permettent-elles réellement de tirer des enseignements sur l'histoire du peuplement ancien ? En fait, la situation phylogénétique actuelle devrait traduire aussi bien l'évolution des races d'origines que des races Créoles, sous l'effet de leur isolement et de la dérive génétique, par rapport à des populations ancestrales communes existant dans une période historique récente.

Ainsi, la comparaison des populations Créoles aux races d'origine devrait en fait refléter la conjonction de deux processus génétiques de dérive génétique et de migration entre populations qui ne peuvent être appréciés conjointement (Nei, 1987). Une autre difficulté est alors d'ordre méthodologique, quant à la méthode statistique à employer pour décrire les relations entre les races Créoles et leurs races d'origine. En effet, les distances génétiques utilisées classiquement, notamment distance de Reynolds et distance standard de Nei sont basées respectivement sur une hypothèse de dérive génétique seule, ou d'équilibre entre mutation et dérive génétique, et elles excluent les processus de migration (Weir, 2002 ; SanCristobal et al., 2003). En revanche des distances géométriques, comme la distance de corde de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) ou la distance du χ^2 seraient mieux adaptées, du moins dans une optique de présentation topologique des races (Weir, 2002). Pour décrire les flux géniques entre populations, Larson et al. (1984) ainsi que Slatkin et Barton (1989) suggèrent également l'utilisation de l'indice de fixation F_{ST} de Wright comme distance, et l'estimation du nombre de migrants effectifs par génération pour décrire l'importance relative de la dérive génétique et des migrations entre populations partiellement isolées.

Les méthodes d'analyses factorielles apparaissent également une alternative intéressante en cas de métissage important (Weir, 2002 ; Laloë et al., 2002). Elles permettent une représentation des relations entre les races établies à partir de mesures séparées, comme les fréquences alléliques à des locus différents. L'intérêt de l'application de ce type d'analyses à l'étude des relations entre races est qu'elle permet à la fois une description de la structuration globale des populations, en résumant les informations provenant de nombreux marqueurs en un nombre réduit d'axes factoriels indépendants expliquant la variabilité observée, et l'étude séparée de l'influence des différents marqueurs pris en compte (Moazami Goudarzi et Laloë, 2002). D'autre part, elles ne préjugent pas des processus ayant régi la constitution des populations, mais utilise les fréquences alléliques comme représentation de leur similitude ou de leur dissemblance, à travers une mesure euclidienne. Ce type de représentation illustre généralement bien la situation de races locales ayant subi des introgressions, notamment de races métisses entre taurins et zébus (Astolfi et al., 1983 ; Namikawa et al., 1984 ; Moazami Goudarzi et al., 2001).

Enfin, la difficulté méthodologique principale réside dans le choix des marqueurs et des races, et la disponibilité de données homogènes et comparables sur les différentes races sur lesquelles porte l'analyse. En effet, les données expérimentales disponibles dans la littérature sont généralement dispersées et portent sur des marqueurs différents. Elles ont également pu être obtenues dans des dispositifs d'échantillonnages différents et non comparables. Il devient alors primordial de veiller à l'harmonisation de l'expression des fréquences alléliques suivant les races et les marqueurs. En ce qui concerne les marqueurs biochimiques, un travail remarquable a été réalisé par Baker et Manwell (1980) pour décrire la variabilité des fréquences alléliques dans l'ensemble des races bovines, à partir d'une revue exhaustive de la littérature. Pour les microsatellites, des projets de phylogénie ont été menés par différents consortium, sur la base d'une liste de marqueurs recommandés par la FAO (FAO/UNEP, 2002). On dispose ainsi d'éléments de référence pour le choix de races et de marqueurs disponibles.

3.1.3. Origine du peuplement bovin de l'Amérique et de la Caraïbe.

Avant d'aborder l'étude des relations génétiques entre le bovin Créole de Guadeloupe et différentes races, et comment ces difficultés méthodologiques ont été résolues, il est utile de faire un rappel historique sur l'origine du peuplement bovin de la région Amérique – Caraïbe.

Rouse (1977) et Rodero et al. (1992) situent en Andalousie le point de départ du peuplement des différentes espèces animales domestiques au Nouveau Monde. Ils situent notamment l'embarquement des premières expéditions coloniales aux ports de la région de Séville et plus généralement sur la côte entre Cap Saint Vincent au Portugal et la baie de Cadiz.

Les Canaries auraient également joué un rôle important, comme point de transit sur la route des « Indes » (Rouse 1977). Les Canaries étaient exemptes de bétail jusqu'au début du XIV^{ème} siècle. Par la suite elles ont connu des importations d'Andalousie dans un premier temps, puis de Galice et des Asturies à partir du XV^{ème} siècle (Rodero et al., 1992 ; Fresno et al., 1998). Ce bétail sera progressivement remplacé par des bovins plus spécialisés.

Les races ayant contribué au peuplement du Nouveau Monde auraient ainsi été dans un premier temps la Retinta, la Black Andalusia et la Berrenda (Rouse, 1977 ; Rodero et al., 1992). Fresno et al. (1998) citent également, comme origine des bovins importés aux Canaries, les races du Nord de la péninsule, Asturiana de los Valles et Rubia Gallega, en plus de la Retinta. Les mêmes origines sont citées également par Granado et al. (1974) pour le Criollo de Cuba, avec par la suite l'influence de croisements avec des zébus indiens, en provenance de Jamaïque. Selon Rouse (1977), les races Créoles ont pu également subir une influence Maure, indirectement à la suite d'introduction d'animaux d'Afrique du Nord dans la péninsule ibérique. En revanche, Rouse (1977) indique comme moins probable une influence de la race Cacereña, originaire de Estremadura, plus au Nord, car de robe blanche unie, rare dans les races Créoles. De même, la race de taureaux de combat De Lidia lui paraît aussi peu probable, car de tempérament peu favorable pour une expédition maritime.

Payne et Hodges (1997) ajoutent quant à eux des précisions sur les origines portugaises. Tout d'abord, de même que les Canaries, Madère et les îles du Cap Vert auraient joué un rôle de transit pour des animaux originaires de la péninsule, des races Mertola, Aroucesa, Barrosa, Minho, Miranda. Les îles du Cap Vert auraient également reçu des bovins d'Afrique de l'Ouest, sur les routes de la traite négrière.

Ces populations ibériques ont ainsi été à l'origine du peuplement de la Caraïbe, puis du continent Latino-Américain (Rouse, 1977). Il est à noter en effet le rôle des Antilles comme point de débarquement et de ravitaillement proche du but (Rodero et al., 1992). Par la suite, deux voies principales ont contribué au peuplement du continent : d'une part par le Nord Ouest à partir de l'Amérique Centrale, et à travers les Andes en redescendant vers le plateau amazonien, sous influence espagnole ; d'autre part, d'Est en Ouest à travers les côtes du Brésil, sous influence portugaise (Deffontaines, 1956).

Au Nord, Sponenberg et Olson (1992) décrivent également aux USA des bovins d'origine ibérique : Texas Longhorn et Florida Cracker, assez répandues jusqu'au XIX^o siècle, dans la région sud et sud-est des USA. Cette présence s'explique en partie par l'intérêt porté par les colons français de Louisiane pour les bovins de Cuba et d'Hispaniola d'origine ibérique (Payne et Hodges, 1997).

En ce qui concerne les Antilles Françaises, Maillard et Maillard (1998) ont fait une synthèse des données historiques retraçant les origines du peuplement des animaux domestiques. Ces origines sont d'abord ibériques, soit directement de la péninsule, soit à travers les Canaries, Madère et les Açores. Elles ont pu être influencées par des apports directs d'Afrique de

l'Ouest et du Nord, importés aux Antilles et sur le continent au XVI^e siècle. Par la suite, les Petites Antilles ont été délaissées par les Espagnols, passant sous influence française et anglaise. Un manque crucial d'animaux, alors que l'élevage se développe dans les régions avoisinantes, se traduira par des importations continues, entraînant une forte augmentation du cheptel aux XVII^e et XVIII^e siècles.

Ces importations sont difficiles à retracer et quantifier précisément, en raison d'une part de l'histoire coloniale particulièrement instable, et des règles contradictoires régissant le commerce durant cette période, et d'autre part de l'importance de la contrebande très répandue dans la région. Différentes origines sont probables, tout d'abord du continent sud américain et des îles proches sous domination espagnole (Saint Domingue, Puerto Rico, Vénézuéla, Trinidad), avec lesquelles le commerce était très largement toléré pendant cette période, et jusqu'au XIX^e siècle. Des introductions ont également pu intervenir des colonies françaises d'Amérique (Canada, Louisiane, Haïti ou Guyane), mais aussi de Nouvelle Angleterre et des Petites Antilles sous influence anglaise. On peut supposer qu'elles sont principalement d'origine ibérique, descendant des premiers animaux introduits. Mais des importations d'animaux d'origine britannique ont également pu intervenir, la Shorthorn, la Hereford, et l'Angus ayant notamment contribué au peuplement bovin des colonies anglaises (Payne et Hodges, 1997). Cependant des restrictions ont été imposées à différentes périodes, notamment au XIX^e siècle à l'entrée de bœufs des USA et du Canada.

Des importations directes d'Afrique de l'Ouest en provenance du Cap Vert, de Guinée et du Sénégal sont également intervenues, en relation avec la traite. Notamment l'entrée d'animaux de petite taille, interprétés par Maillard et Maillard (1998) comme de type dwarf shorthorn comme le N'Dama, est avérée par des documents historiques. Ils auraient par la suite été remplacés par des zébus de format plus important. Ces introductions se sont poursuivies durant tout le XIX^e siècle, en particulier du Sénégal. De tels mouvements sont également intervenus dans la création du Senepol à Sainte Croix, issus du croisement entre des N'dama et des Red Poll. (Payne et Hodges, 1997).

En revanche, très peu de documents font référence à des importations d'Europe, et traitent surtout de mulets et de chevaux. Les ports de commerce en relation avec la traite, comme Nantes, Bordeaux ou les ports normands ont sûrement été le point de départ d'importations limitées, durant les premières périodes de l'histoire coloniale (Maillard et Maillard, 1998). Au XX^e siècle, ces importations ont été plus importantes, dans le but de développer des filières d'élevage suivant des modèles européens (Lasserre, 1960). Elles ont notamment bénéficié des progrès des méthodes modernes de reproduction, avec la mise en œuvre de programme d'inséminations artificielles, qui ont notamment contribué à la réalisation de schéma de croisements dits d'amélioration, mais souvent réalisés de manière anarchique.

Pour être complet, il faut mentionner des introductions massives de zébus indiens sur le continent américain à partir du milieu du XIX^e siècle. Elles ont été d'origines diverses, mais principalement les races Gir, Kankrej et Nelore ont contribué au peuplement zébu au Brésil (Nelore, Guzerat) et aux USA notamment (Brahman), mais aussi à Cuba, en Jamaïque, à Trinidad et au Mexique (Feliu, 1995). La mention de l'autorisation de l'importation de zébus des Indes Françaises (Pondichéry) dans les Antilles Françaises apparaît également au XIX^e siècle, mais elle n'est pas vérifiée (Maillard et Maillard, 1998).

Ainsi, ces différentes informations historiques nous guident sur les régions d'origine possibles des bovins importés dans la région. Même si les populations de ces régions d'origine ont sûrement connu leur propre évolution durant la période historique, ces informations nous orientent sur les races actuelles avec lesquelles effectuer la comparaison pour essayer

d'inférer les origines phylogénétiques des populations locales, notamment du bovin Créole de Guadeloupe.

3.2. Matériel et méthodes.

3.2.1. Choix des races.

L'étude a consisté tout d'abord à inventorier et regrouper les données publiées dans la littérature sur les marqueurs étudiés dans la population bovine Créole, sur des races originaires des régions d'où des introductions pourraient s'être produites de manière plus ou moins avérées par les données historiques. Afin de relativiser ces rapprochements, il peut aussi être intéressant de comparer des races *a priori* plus éloignées, mais bien référencées en ce qui concerne les marqueurs, comme témoin extérieur à la classification et permettant de borner l'espace de comparaison.

Nous nous sommes tout d'abord basés pour le choix des races sur différentes classifications des populations bovines à travers le Monde, afin de repérer des groupes de races plus intéressants. Ces classifications font généralement appel à des données morphologiques, géographiques et historiques (Payne et Hodges, 1977 ; Felius, 1995). Baker et Manwell (1980) ont également établi une première classification d'après des marqueurs biochimiques, à partir de différentes études de populations sur un échantillonnage plus ou moins étendu et divers marqueurs polymorphes. Une première liste de races sur lesquelles il pourrait être intéressant de rechercher des informations sur des marqueurs génétiques a pu alors être établie, notamment à partir de l'encyclopédie publiée par Felius (1985) (voir en annexe 4).

Nous avons ainsi été amenés à nous intéresser plus particulièrement à des races issues des zones côtières et de l'arrière pays du sud et du nord-ouest de l'Espagne et du Portugal (Andalousie, Asturies, Galice, Extremadure). Pourraient aussi être intéressantes à investiguer des races des îles ibériques, qui peuvent avoir subi des influences identiques que les bovins Créoles. En ce qui concerne la France, nous nous sommes intéressés principalement aux races bovines de l'Ouest depuis la Manche au nord-ouest jusqu'au sud-ouest et aux Landes, en raison de la proximité des ports bretons et normands, et du port de Bordeaux.

Ont également été recherchées des informations sur d'autres races, bien que leur contribution ait été peu probable: race de taureaux de combat, et races de montagnes ibériques (Pirenaica, Bruna de Pireneus) ou françaises (Montbéliarde, Brune des Alpes) ainsi que races du Centre (Charolaise) ou du Nord de l'Europe de l'Ouest (Holstein). Il est à noter que certaines de ces races, notamment parmi les races laitières (Montbéliarde, Brune, Holstein, Normande, Jersey) ou des races à viande spécialisées (Limousine, Charolaise) ont été importées plus récemment dans les zones tropicales et pourraient avoir influencé les populations actuelles.

Pour les origines africaines, celles ci pourraient concerner des taurins et des bovins à bosse d'Afrique de l'Ouest, de la Mauritanie à la Côte d'Ivoire, mais surtout de la zone sahéenne (Sénégal, Cap Vert) et soudanienne (Guinée, Gambie) (Rege, 1999 ; Rege et Tawah, 1999). Parmi ces races, certaines sont le produit de croisements entre zébus et taurins (Borgou, Méré, Kétéku) et présentent ainsi des origines métisses. Il pourrait être intéressant également de comparer à des races plus éloignées, comme les races d'Afrique du Centre (Kouri), de l'Est (Surqo, Boran) et du Sud (Zébu malgache et races métisses Sanga d'Afrique du Sud), qui ont pu être le témoin d'introductions de zébus indiens (Hanotte et al., 2002).

Nous nous sommes aussi intéressés aux zébus indiens des régions voisines des comptoirs français d'Inde : régions actuelles de Pondichéry et Tamil Nadu, mais aussi du Kerala et de la côte de Malabar, de l'Andhra Pradesh et des Ghats orientaux (notamment l'Ongole ou Nelore,

fortement implanté au Brésil, et à l'origine du Brahman) et enfin du Bengale occidental et la région de Chandernagor (Bhat et al., 1980). Cependant, très peu de données sont disponibles sur ces races, et les principales races indiennes citées dans la littérature proviennent principalement du Nord-Ouest de l'Inde (Sahiwal, Tharpakar, Hariana).

Ont également été recherchées des informations sur des races ayant pu contribuer au peuplement des régions anglophones voisines (Caraïbe anglaise, USA, Canada), comme les zébus indiens d'autres régions que les anciens comptoirs français. Les races britanniques ayant eu un rayonnement important dans les colonies britanniques sont également l'Angus (Jamaica Black, Brangus), la Red Poll (Senepol, Jamaica Red, Velasquez), la Shorthorn (USA ; Lucerna, Santa Gertrudis), la Hereford (USA) et la Devon (USA ; Jamaica Red). La race française Maine-Anjou, qui a été fortement influencée par la Durham, se rattache également à ce groupe des races britanniques.

Enfin quelques races Créoles et races synthétiques élevées en zone tropicales ont pu être investiguées, bien que les données les concernant dans la littérature soient très fragmentaires. La Figure 2.3.1 présente la localisation des races incluses dans notre étude, et les principales régions de provenance des bovins ayant contribué au peuplement bovin d'Amérique et de la Caraïbe.

3.2.2. Choix des marqueurs.

Le choix des marqueurs a quant à lui été motivé d'une part par l'existence d'une littérature importante sur leur polymorphisme dans différentes populations intéressantes, d'autre part par les possibilités techniques d'analyse sur la population bovine Créole (voir chapitre 1).

La principale contrainte était de disposer de références fiables et comparables sur les différents marqueurs génétiques dans les différentes populations. Ainsi ont été recherchées en priorité des références ayant porté sur des comparaisons de races dans un cadre assez similaire, notamment sur des races présentant un intérêt pour notre étude comme les races européennes (Kidd et al., 1980 ; Grosclaude et al., 1990 ; Moazami Goudarzi et al., 1997 ; Blott et al., 1998 ; Cañon et al., 2001) et africaines (Queval et al., 1998 ; Souvenir Zafindrajaona et al., 1999 ; Moazami-Goudarzi et al., 2001 ; Cerriotti et al., 2003).

Ces données ont été complétées par des résultats obtenus plus ponctuellement sur un marqueur étudié séparément, comme par exemple dans le cas des études de caractérisation des races africaines (Petit, 1968 ; Braend, 1979 ; Queval et Petit, 1982 ; Queval et Bambara, 1984) ou indiennes (Singh et Bhat, 1979, 1980a,b,c ; Prasad et Nair, 1982, 1983), ou sur une race déterminée présentant un intérêt particulier pour notre étude, comme les résultats obtenus généralement sur les races locales d'Amérique Latine Créoles (Miller, 1966 ; Rodriguez et Mitat, 1972 ; Hernandez et al., 1983 ; Ramirez et al., 1992) ou zébus (Mitat, 1971 ; Suzuki et Amano, 1973 ; Soarez et al., 1982 ; Pascual et al., 1985 ; Mortari, 1991).

Une difficulté importante a concerné la cohérence entre les différents articles quant aux allèles pris en compte. Pour la transferrine, la distinction entre les allèles D1 et D2 n'est pas toujours réalisée. De même, les systèmes de groupes sanguins complexes B, C et S donnent lieu suivant les auteurs à des regroupements différents. Alors que Grosclaude et al. (1990), Queval et al. (1998), Souvenir Zafindrajaona et al. (1999) ou Moazami Goudarzi et al. (2001) se basent sur la connaissance de la cartographie de ces systèmes pour distinguer entre 6 et 8 allèles pour le système B, entre 4 et 6 allèles pour le système C et entre 13 et 18 allèles pour le système S, il n'a pas été possible d'avoir des références analogues dans les autres races.

Figure 2.3.1 : Localisation des races étudiées et principales régions à l'origine du peuplement bovin de l'Amérique et de la Caraïbe

(voir Tableau 2.3.1. pour la signification des abréviations)

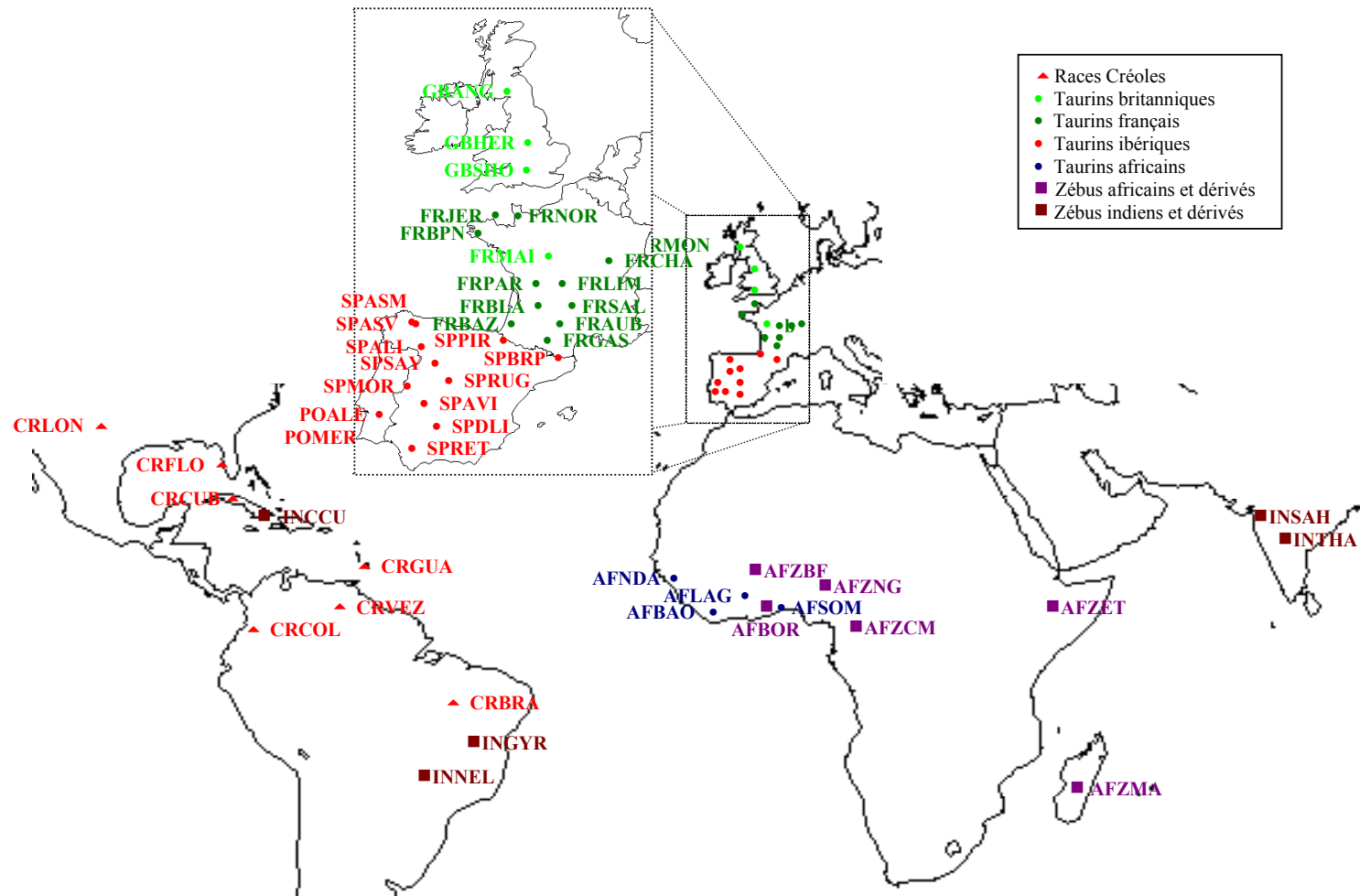


Tableau 2.3.1 : Panels de comparaison**a. Groupes raciaux**

Groupes raciaux	Races (code)
Races taurines britanniques	Aberdeen Angus (GBANG), Hereford (GBHER), Shorthorn (GBSHO)
Races taurines françaises	Jersey (FRJER), Normande (FRNOR) , Bretonne Pie Noire (FRBPN) , Limousine (FRLIM) , Blonde d'Aquitaine (FRBLA) , Parthenaise (FRPAR), <i>Bazadaise (FRBAZ)</i> , <i>Aubrac (FRAUB)</i> , <i>Salers (FRSAL)</i> , <i>Gasconne (FRGAS)</i> , <i>Charolaise (FRCHA)</i> , <i>Montbéliarde (FRMON)</i> , Maine Anjou (FRMAI)
Races taurines ibériques	<i>Pirenaica (SPPIRE)</i> , <i>Bruna de Pireneus (SPBRPI)</i> , <i>Tudanca (SPTUD)</i> , <i>Asturiana de las montañas (SPASTM)</i> , <i>Asturiana de los valles (SPASTV)</i> , <i>Sayaguesa (SPSAY)</i> , <i>Alistana (SPALI)</i> , <i>Morucha (SPMOR)</i> , <i>Avileña Negra (SPAVI)</i> , <i>Rubia Gallega (SPRUGA)</i> , Retinta (SPRET) , De Lidia (SPDLI), Mertolenga (POMER), Alentejana (POALE)
Races taurines africaines	N'dama (AFNDA) , Baoulé (AFBAO), Lagunaire (AFLAG) , Somba (AFSOM)
Zébus africains	Zébu Peuhl du Burkina Faso (AFZBF) , Borgou de Côte d'Ivoire (AFBOR) , Gudali du Cameroun (AFZCM), Azawak du Niger (AFZNG), Surqo d'Ethiopie (AFZET), Zébu Malgache (AFZMA)
Zébus indiens et races dérivées	Sahiwal (INSAH), Tharparkar (INTHA), Cebu Cubano (INCCU), Gyr Brésilien (INGYB), Nelore (INNEL)
Races créoles	Créole de Guadeloupe (CRGUA) , Criollo de Cuba (CRCUB), Carora du Venezuela (CRVEZ), Longhorn des USA (CRLON), Florida Cracker des USA (CRFLO), Criollo colombiano (CRCOL), Caracu du Brésil (CRBRA)

(en caractères normaux : uniquement sur marqueurs biochimiques ; *en italiques* : uniquement pour le panel « microsattellites » ;**en gras** : marqueurs biochimiques et microsattellites)**b. Marqueurs polymorphes**

Panel	Marqueurs étudiés (code ; nombre d'allèles)
Marqueurs biochimiques	Hémoglobine (HBB ; 3), Albumine (ALB ; 3), Transferrine (TF ; 5) ; Groupes sanguins F (EAF ; 3), J (EAJ ; 2), L (EAL ; 2), Z (EAZ ; 2), R' (EAR' ; 2), A (EAA ; 3), B (EAB ; 3), C (EAC ; 3), S (EAS ; 5)
Microsattellites	ETH10 (10), ETH152 (13), ETH225 (15), INRA005 (8), INRA023 (15), INRA032 (19), INRA035 (10), INRA037 (21)

Ainsi, bien que sensiblement les mêmes allèles aient été retenus pour le bovin Créole (voir chapitre 1), on a été amené à effectuer des regroupements entre allèles pour essayer de rester cohérent avec les autres références. En effet, des simplifications plus importantes ont été apportées par Mitat et al. (1973), Susuki et Amano (1973) ou Kidd et al. (1980).

D'autre part, les fréquences alléliques ont dû dans certains cas être calculées à partir des fréquences d'haplogroupes détaillés (Miller, 1966 ; Larsen et al., 1974) ou des réactions antigéniques (Prasad et Nair, 1983 ; Teodoro Caminhas et al., 1992). Sur l'ensemble des références, peu de classes alléliques sont citées ou peuvent être déduites de manière commune, et on a dû simplifier les systèmes B et C en 3 classes alléliques, respectivement G, K et « null », et C1, C2 et « null ». De même pour le système S, les mêmes réactifs ne sont pas toujours cités, et on a pu obtenir des références seulement sur les allèles SH', UH', H' ou U', avec un allèle supplémentaire « null » correspondant à l'absence de ces allèles.

Au total, plus de 150 références ont été compilées, portant sur 64 races et 19 marqueurs polymorphes, de nature biochimique ou moléculaire. Finalement, la comparaison a été menée d'une part sur des marqueurs biochimiques sur 36 races appartenant à 7 groupes raciaux distincts, à l'aide de 12 systèmes polymorphes totalisant 36 allèles, d'autre part sur 27 races appartenant à 4 groupes principaux pour 8 marqueurs microsatellites totalisant 111 allèles (voir Figure 2.3.1 et Tableau 2.3.1). Faute de références suffisantes, seules 12 races ont pu être incluses en parallèle dans les deux analyses. Le détail des références utilisées dans le cadre de notre étude figure en annexe 5.

3.2.3. Méthodes statistiques.

Les fréquences alléliques ont été calculées chez le bovin Créole de Guadeloupe directement à partir des résultats des analyses de laboratoire (voir chapitre 1). En ce qui concerne les autres races, les fréquences citées dans la littérature ou fournies par les auteurs ont été directement utilisées ; les fréquences alléliques ont été calculées lorsque étaient fournies seulement des données phénotypiques. Un tableau synthétique reprenant les fréquences alléliques a été constitué pour chacun des panels étudiés.

Deux méthodes d'analyses factorielles multi-tableaux ont été mises en œuvre sur les fréquences alléliques dans chacun des panels de comparaison, à l'aide du logiciel ADE4 (Thioulouse et al., 1997). D'une part la méthode STATIS a été utilisée afin d'étudier l'apport de chaque marqueur à la structuration des races. La valeur typologique est appréciée par deux paramètres, la somme des carrés des valeurs propres des différents axes des analyses des correspondances séparées sur chaque marqueur et le cosinus carré entre chaque analyse séparée et l'analyse du compromis obtenu par la méthode STATIS. Cette méthode permet également de représenter les relations entre les structures mises en évidence par chaque marqueur, à partir des coefficients RV, analogue à une corrélation entre marqueurs.

D'autre part, une analyse factorielle multiple a été mise en œuvre afin de fournir une représentation des races tenant compte de l'ensemble des marqueurs étudiés. Elle prolonge les analyses factorielles à chaque marqueur, par une analyse du tableau complet. Un poids uniforme a été attribué à chaque marqueur dans l'analyse globale, afin de prendre en compte leur contribution propre à la structuration des races sans la pondérer. On peut ainsi tenir compte de l'influence de chaque marqueur sur la représentation des races dans le plan factoriel.

A partir des fréquences alléliques ont aussi été calculées les distances de corde de Cavalli Sforza et Edwards (1967) entre populations, à l'aide du logiciel PHYLIP (Felsenstein, 2002). Ces distances calculées sur les deux panels ont servi à la construction d'arbres suivant la

méthode de Neighbor-Joining. La robustesse des regroupements obtenus a été testée par méthode de bootstrap, par 500 ré-échantillonnages sur les fréquences alléliques. La représentation de l'arbre consensus a été réalisée à l'aide du logiciel TREEVIEW (Page, 1996).

Sur les données microsatellites, on a pu disposer des résultats de génotypages individuels. On pu ainsi être calculées les valeurs de l'estimateur θ de Weir et Cockerham (1984) du paramètre F_{ST} de Wright de différenciation génique entre chacune des populations d'origine et la population bovine Créole de Guadeloupe. Par ailleurs, le F_{ST} permet d'estimer le nombre de migrants effectifs par génération : $N_e m = (1 - F_{ST}) / 4 * F_{ST}$, traduisant le flux génique entre chacune de ces populations et le bovin Créole de Guadeloupe. Ces calculs ont été effectués à l'aide du logiciel GENETIX (Belkhir et al., 2002).

De plus, on a pu étudier à partir des typages microsatellites l'affectation des individus aux différentes races étudiées, à l'aide du logiciel GENECLASS (Cornuet et al., 1999). La méthode employée consiste à affecter un individu à la population au sein de laquelle le génotype multilocus observé chez cet individu présente la plus forte probabilité. Cette probabilité est estimée par simulation de 10000 génotypes multilocus, à partir des fréquences alléliques calculées au sein de chaque population. Pour ne pas biaiser le calcul, la procédure « leave-one out » a été appliquée, qui consiste à ne pas inclure l'individu dont on vérifie l'affectation dans le calcul des fréquences alléliques de la population dont il est issu. L'individu est alors affecté à la race présentant la plus forte probabilité pour ce génotype multilocus.

3.3. Résultats et discussion sur l'étude des marqueurs biochimiques.

Pour cette étude, les fréquences alléliques de 12 systèmes polymorphes, totalisant 36 allèles, ont été compilées pour 36 races appartenant aux principaux groupes identifiés comme intéressants. Pour certaines races, des données manquantes ont été remplacées par la valeur moyenne observée sur l'ensemble des autres races, afin de ne pas biaiser la comparaison. Au minimum 9 systèmes étaient renseignés sur ces différentes races.

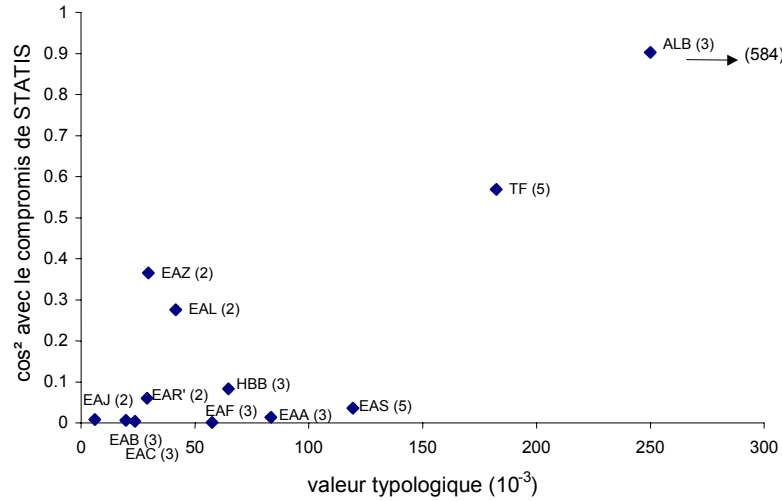
3.3.1. Analyses factorielles.

La Figure 2.3.2 présente différents paramètres résumant la contribution des différents marqueurs biochimiques à la structuration des races. De fortes variations apparaissent, aussi bien pour la valeur typologique et le cosinus carré que pour l'inter-relation entre marqueurs, issus de la méthode STATIS (2a et 2b).

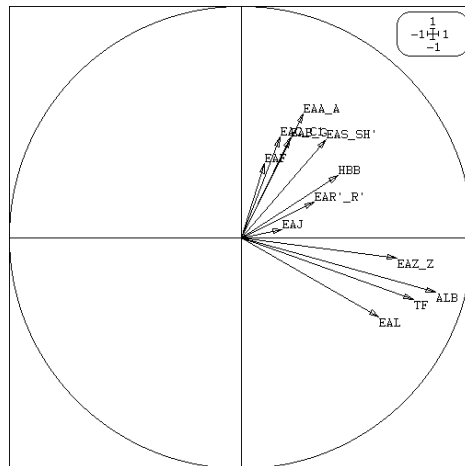
L'albumine (ALB) et dans une moindre mesure la transferrine (TF) et les systèmes de groupes sanguins Z et L (EAZ, EAL) sont les marqueurs qui permettent la meilleure différenciation entre races et sont les mieux corrélés au compromis de la méthode STATIS. Les autres marqueurs ont des valeurs typologiques et des cosinus carrés plus faibles, traduisant une moins bonne différenciation entre races, et peu corrélés avec la différenciation globale. En particulier 4 systèmes des groupes sanguins (EAJ, EAB, EAC, EAR') apportent très peu d'informations sur la structuration des races. Par ailleurs, les 4 marqueurs principaux (ALB, TF, EAZ et EAL) semblent induire la même structuration entre les races, alors que les autres marqueurs leur sont très faiblement associés, notamment EAF, EAJ, EAB, EAC, EAS.

Figure 2.3.2 : Contribution des marqueurs biochimiques à la typologie (36 races ; 12 marqueurs biochimiques)

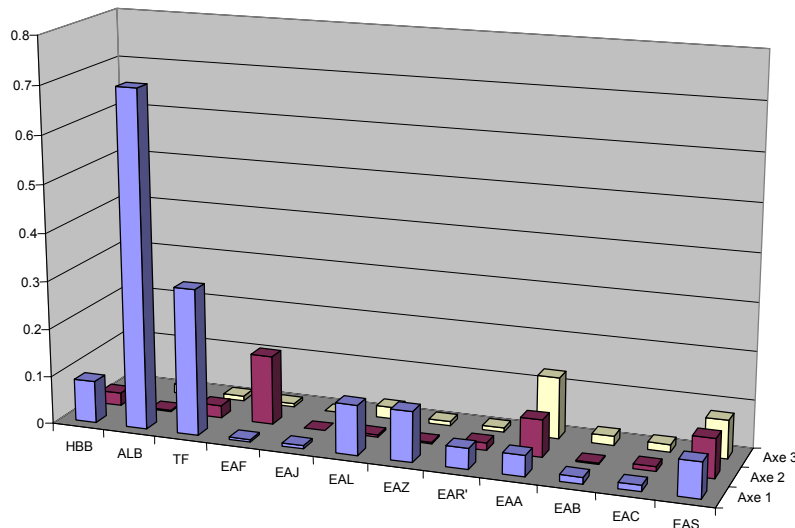
a. Indices de valeur typologique (Méthode STATIS)



b. Interstructure (Méthode STATIS)



c. Contribution absolue (en ordonnée) à l'inertie des axes de l'analyse factorielle multiple des différents systèmes étudiés (en abscisse)



Le premier axe de l'analyse factorielle multiple présente la valeur propre de loin la plus élevée ($\lambda_1=1,50$; 36 % de l'inertie totale), nettement supérieure aux autres axes (axe 2 : $\lambda_2=0,39$, 10 % de l'inertie totale ; axe 3 : $\lambda_3=0,34$, 8% de l'inertie totale). Une direction prépondérante apparaît donc définir très nettement la distinction entre les races. Elle est influencée en particulier par TF et surtout ALB, qui contribuent fortement à l'inertie du premier axe (Figure 2.3.2c). 6 autres marqueurs contribuent assez faiblement à cet axe : EAL, EAZ, HBB, EAS, EAA et EAR'. Par ailleurs, on retrouve 3 marqueurs principaux sur les axes 2 et 3 (EAF, EAA et EAS). Les groupes sanguins EAJ, EAB et EAC n'ont aucun apport à la topologie des races.

La plupart des marqueurs biochimiques étudiés étant bi ou tri alléliques, il n'est pas étonnant de ne trouver qu'un seul axe fort de différenciation entre races. On aurait pu cependant s'attendre à avoir plus de contribution des marqueurs pluri-alléliques, comme TF et EAS (5 allèles), ou d'autres marqueurs tri-alléliques (EAA ; EAF ; EAB ; EAC ; HBB); deux seulement (EAA et EAS) contribuent en effet aux axes 2 et 3. L'absence de signification des marqueurs B et C peut s'expliquer par la simplification apportée à leurs séries alléliques. De même, le regroupement des allèles D1 et D2 de la transferrine, et la prise en compte d'allèles rares (B, E et F) peuvent expliquer sa faible contribution au delà du premier axe. En revanche, la simplification apportée au système S permet malgré tout une contribution globale importante de ce marqueur.

La représentation des races obtenue à partir de cette analyse factorielle multiple (Figure 2.3.3) montre bien la gradation suivant l'axe 1 entre les races zébus (abscisses positives) et taurines (abscisses négatives). La différenciation entre les races taurines apparaît plus difficile, bien que le deuxième axe isole quant à lui les races taurines d'Afrique de l'Ouest, en particulier Lagunaire et Baoulé. Les groupes raciaux définis sur des bases géographiques se retrouvent relativement bien isolés sur le premier plan factoriel.

La position des races Créoles est généralement centrale. En ce qui concerne les races Caracu (CRBRA), Créole de Colombie (CRCOL) et Florida Crackers (CRFLO) cela s'explique en grande partie par l'absence de données pour les systèmes contribuant le plus à la différenciation entre les races (ALB et TF) ; c'est également le cas des zébus malgaches (AFZMA) et Nelore (INNEL). Les autres systèmes en relation avec cet axe ont cependant tendance à placer CRBRA et CRFLO parmi les races taurines, et CRCOL, de même que AFZMA et INNEL, plus proches des zébus. Pour le Criollo de Cuba (CRCUB), les données manquantes ne concernaient que des marqueurs moins informatifs (EAB, EAC, EAR', EAS) et il semble donc s'apparenter plus étroitement aux races taurines européennes. Pour le bovin Créole de Guadeloupe, pour lequel tous les marqueurs étaient disponibles, cette position traduit en revanche son caractère métis, analogue à la situation du Borgou (AFBOR). Le cas de la Carora (CRCAR) est original, car il traduit vraisemblablement des introgressions récentes par la réalisation de croisements d'amélioration. La Longhorn (CRLON) apparaît, quant à elle, la race Créole la plus proche des races taurines ibériques, parmi celles étudiées dans notre panel.

Si l'on superpose à la représentation des races sur le plan factoriel les coordonnées des différents marqueurs isolément chez le bovin Créole (Figure 2.3.4), la position médiane du Créole apparaît liée à l'influence antagoniste de deux marqueurs en particulier, ALB et TF, qui tendent à le rapprocher respectivement des zébus et des taurins.

Figure 2.3.3: Représentation des races dans le premier plan de l'Analyse Factorielle Multiple sur les fréquences alléliques à 12 systèmes biochimiques

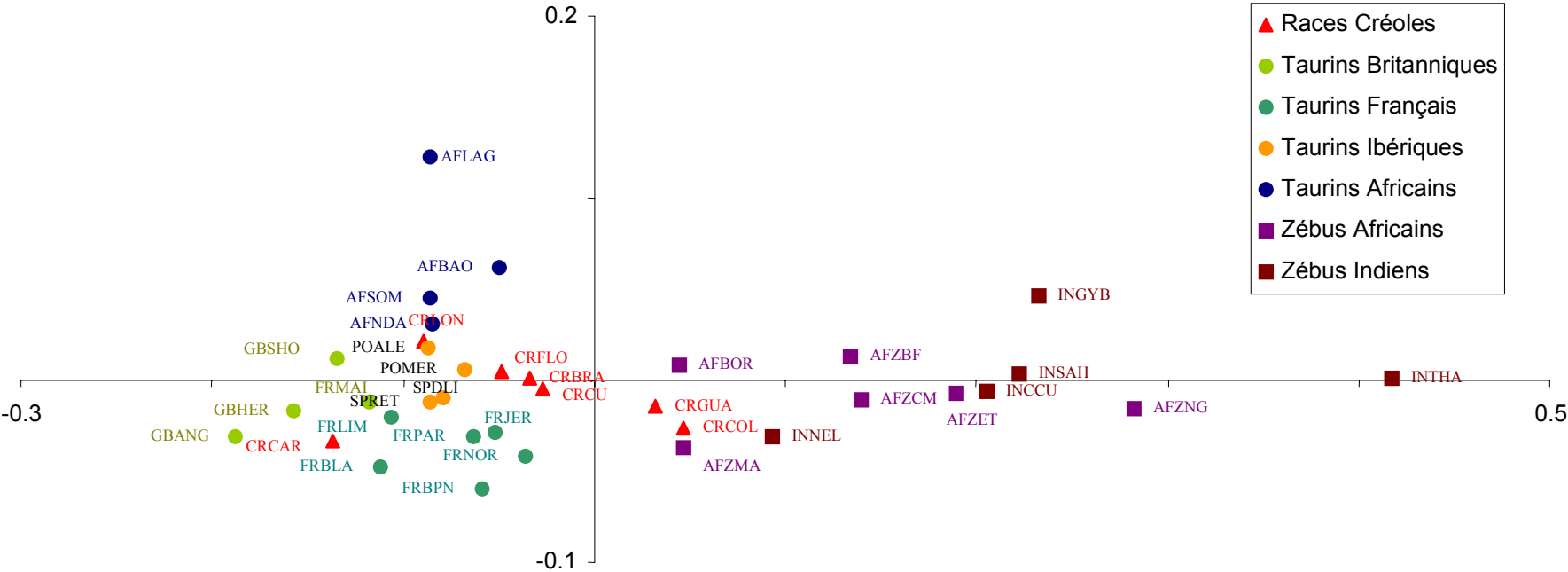


Figure 2.3.4: Influence des marqueurs biochimiques individuels sur la position du bovin Créole de Guadeloupe dans le premier plan de l'Analyse Factorielle Multiple

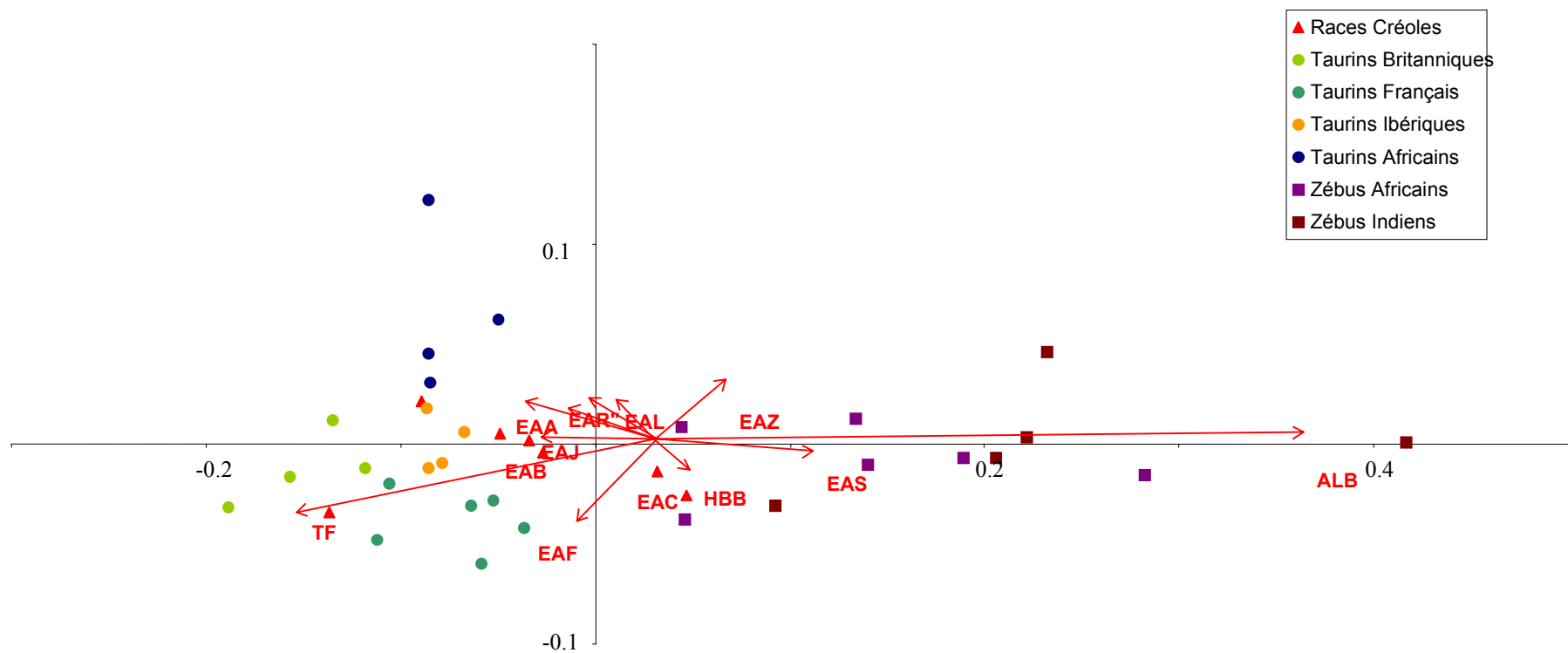
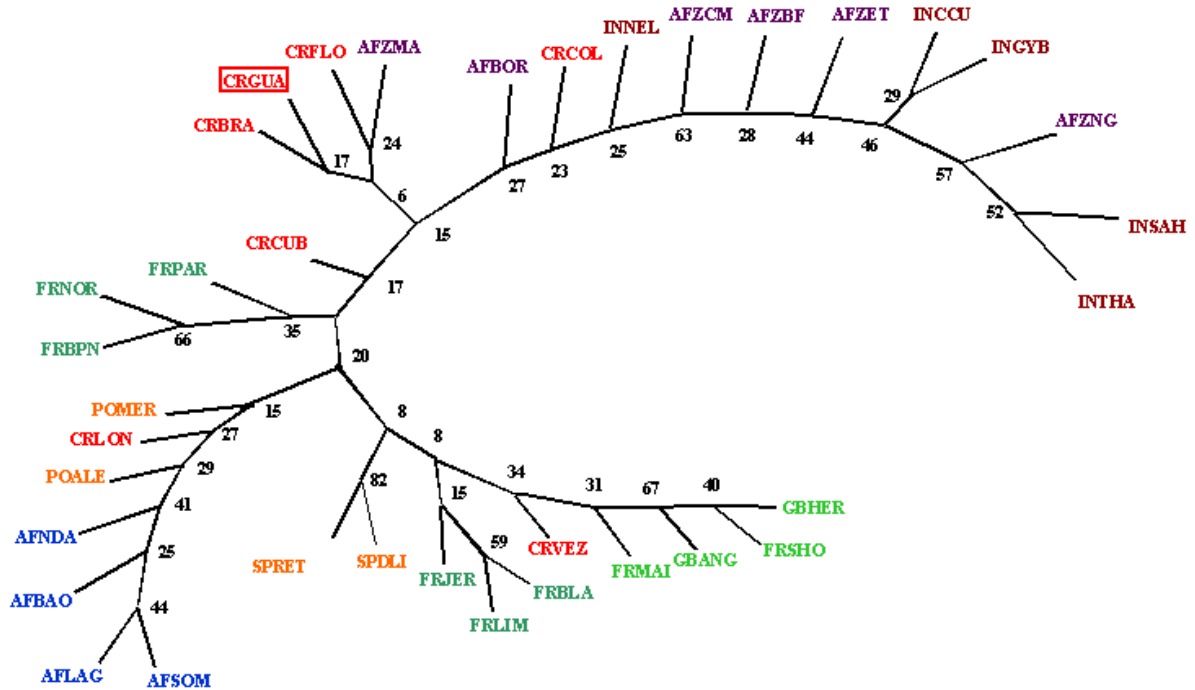


Figure 2.3.5 : Arbre de consensus obtenu à partir du calcul de la distance de corde de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) sur des données biochimiques, et de sa représentation par la méthode Neighbor-Joining sur 500 re-échantillonnages par bootstrap

(les valeurs de bootstrap, en %, sont indiquées à côté des nœuds)



Ces résultats concordent en partie avec la représentation proposée par Queval et al. (1998), qui observaient une nette différenciation entre races taurines et zébus africains, les races taurines africaines partageant des caractères communs avec les taurins européens ou les zébus africains, suivant les marqueurs. Par ailleurs, la race Lagunaire s'isolait nettement des autres races africaines. Cependant, leur étude faisait apparaître une influence plus marquée des systèmes B et C de groupes sanguins, et un rapprochement dans le premier plan factoriel des races africaines zébus et taurines. La simplification apportée à ces systèmes, imposée par la nature des données disponibles, biaise donc la description des races que nous avons obtenue.

3.3.2. Distances génétiques.

Les distances de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) calculées entre populations à partir des fréquences alléliques aux différents systèmes biochimiques figurent en annexe 6. Elles ont été employées pour regrouper les différentes races suivant la méthode de Neighbor Joining, qui permet de s'affranchir de la variabilité de la taille efficace entre populations. La robustesse des regroupements ainsi effectués a été testée par re-échantillonnage par Bootstrap, et le diagramme consensus issu de 500 re-échantillonnages est présenté dans la Figure 2.3.5. De très faibles valeurs de bootstrap ont généralement été obtenues, traduisant le peu de robustesse de la phylogénie proposée. On peut cependant noter quelques rapprochements stables, en particulier avec la séparation encore une fois entre zébus et taurins. Parmi les taurins, différentes branches apparaissent, parmi lesquelles on note des rapprochements géographiques entre races deux à deux, notamment FRLIM et FRBLA ; SPRET et SPDLI ; FRNOR et FRBPN. Les races Créoles présentent les branchements les plus instables (valeur de bootstrap inférieures à 34 %), en particulier pour le Créole de Guadeloupe, de Cuba, de Floride et de Colombie et du Brésil. Mais comme noté précédemment, cela peut être dû au poids des données manquantes, comme au métissage important à l'origine de ces races. L'analyse factorielle multiple apporte à ce titre plus d'informations sur la structuration des races.

3.4. Résultats et discussion sur l'étude des microsatellites

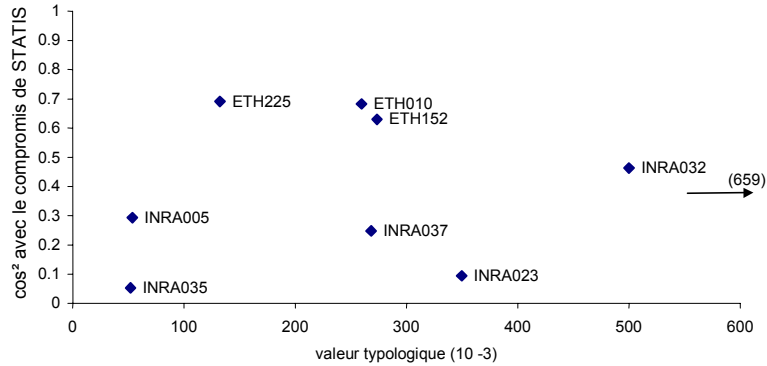
Des résultats de typages individuels ont pu être obtenus dans 27 races, pour 8 microsatellites regroupant 111 allèles observés au total. Ces données proviennent d'études antérieures réalisées sur les races européennes (Moazami Goudarzi et al., 1997 ; Cañon et al., 1999) ou africaines (Moazami Goudarzi et al., 2001). L'utilisation d'échantillons standards internes au laboratoire ont permis de caler les typages microsatellites individuels réalisés sur le bovin Créole de Guadeloupe sur une échelle de taille de référence. Bien que ces résultats aient été obtenus sur un nombre plus restreint de races, ils apportent des informations plus riches sur les relations entre races.

3.4.1. Analyses factorielles.

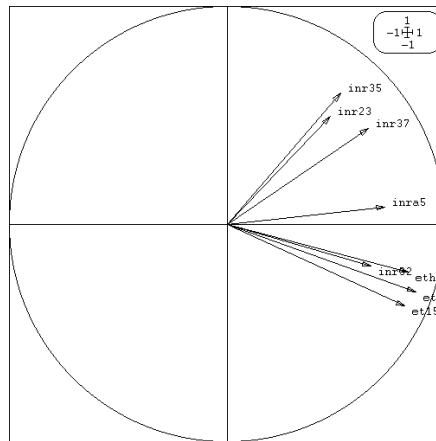
La contribution des différents marqueurs à la structuration des races apparaît en effet bien plus élevée que pour les marqueurs biochimiques (voir Figure 2.3.6). En particulier, seuls 2 marqueurs, INRA005 et surtout INRA035 présentent des valeurs typologiques relativement faibles. 4 marqueurs (ETH10, ETH152, ETH225 et INRA032) montrent les plus fortes corrélations avec le plan factoriel moyen défini par le compromis de STATIS (6a). Bien qu'ayant une valeur typologique plus faible, INRA005 participe à la même différenciation entre races. Seuls INRA037, INRA023 et INRA035 semblent proposer une organisation légèrement différente.

Figure 2.3.6 : Contribution des marqueurs microsatellites à la typologie (27 races ; 8 microsatellites)

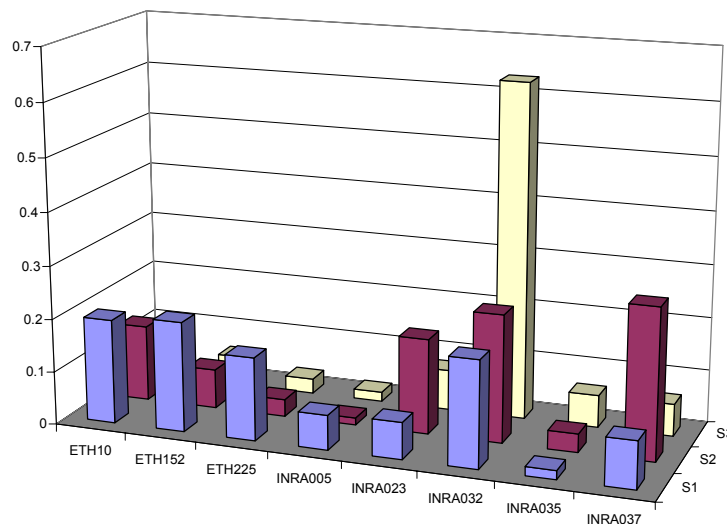
a. Indices de valeur typologique (Méthode STATIS)



b. Insterstructure (Méthode STATIS)



c. Contribution absolue (en abscisse) à l'inertie des axes de l'analyse factorielle multiple des marqueurs microsatellites étudiés (en ordonnée)



Le premier axe de l'analyse factorielle multiple résume 24% de l'inertie totale ($\lambda_1=2,02$), contre 11 % et 8 % pour les axes suivants ($\lambda_2=0,90$; $\lambda_3=0,69$). La distribution des races dans le plan factoriel apparaît ainsi plus dispersée. Tous les marqueurs, à l'exception de INRA035 contribuent fortement à la définition des différents axes (Figure 2.3.6c). Les quatre principaux marqueurs (ETH10, ETH125, ETH225, INRA032) ont la plus forte contribution sur l'axe 1 et participent peu aux autres axes, à l'exception de INRA032 qui contribue presque à lui tout seul à la définition de l'axe 3. INRA005 apporte une contribution modeste, et uniquement sur l'axe 1. INRA023 et INRA037 contribuent assez fortement à l'axe 2. Ainsi l'axe 1 semble être un axe de consensus entre les différents marqueurs, les axes suivants étant définis plus ponctuellement par des marqueurs particuliers.

La représentation des races (Figure 2.3.7) fait apparaître une topologie suivant les groupes géographiques assez proche de la Figure 2.3.3, avec une différenciation nette entre zébus et taurins sur le premier axe. Les taurins européens apparaissent plus regroupés, la race Maine Anjou (FRMAI) semblant se détacher des autres races, ainsi que dans une moindre mesure la Normande (FRNOR) et la Asturiana de los Valles (SPASTV). L'axe 2 distingue les races taurines africaines des autres races, avec en particulier l'isolement de la race Lagunaire. On retrouve dans ce schéma une représentation assez proche, au signe près, de la typologie établie par l'analyse des marqueurs biochimiques. Le bovin Créole se retrouve dans ce schéma bien plus proche du zébu Peuhl soudanien (AFZBF) et très voisin de son homologue Borgou (AFBOR). La Figure 2.3.8 présente l'incidence des marqueurs séparés sur la localisation du bovin Créole de Guadeloupe ; les marqueurs ETH10, ETH152, ETH225 et INRA032 présentent un comportement assez proche, et l'apparentent au zébu. A l'opposé INRA023 semble rapprocher le bovin Créole des taurins d'Afrique de l'Ouest. En revanche le rapprochement du centre du graphique par INRA035 est probablement lié à la faible valeur typologique de ce marqueur.

Les résultats obtenus dans cette étude sont cohérents avec ceux présentés par Souvenir Zafindrajaona et al. (1999) et Moazami Goudarzi et al. (2001) pour les races africaines, et leur distinction des races françaises. Un petit nombre de marqueurs (8 microsatellites) a cependant été utilisé dans cette étude, mais il s'agit de marqueurs ayant généralement une influence forte sur la typologie des races. Notamment 4 marqueurs inclus dans notre étude (ETH10, ETH152, ETH225, INRA032) isolent fortement les zébus africains (Moazami Goudarzi et al ; 1997 ; MacHugh et al., 1997) ; la position du bovin Créole pourrait donc être biaisée par l'influence prépondérante de ces marqueurs.

3.4.2. Allèles spécifiques.

L'analyse factorielle multiple permet de mettre en évidence des allèles ayant une forte influence sur la discrimination entre les races (Figure 2.3.9). Ainsi, les allèles ayant une forte contribution sur l'axe 1 (séparant taurins et zébus) ont été les suivants (avec le codage marqueur-allèle) : ETH152-191 ; ETH225-157, INRA032-162, ETH10-207, ETH10-209, INRA005-137. Ceux-ci se positionnent en abscisses positives sur cet axe et définissent les zébus. A l'opposé, définissant plus particulièrement les taurins, figurent les allèles : ETH10-215, INRA032-180, INRA032-182 et INRA037-132. Sept autres allèles sont également représentés sur la figure, bien que leur contribution à l'inertie du premier axe de l'analyse factorielle multiple soit plus faible : INRA023-201 et 205, ETH152-199 et 201, INRA032-168 et 186, et INRA037-146. Ils sont positionnés en abscisses négatives, et sont assez nettement caractéristiques des taurins. Sur l'axe 2, trois allèles apparaissent plus caractéristiques des taurins africains : INRA032-178, INRA023-199 et surtout INRA037-114.

Le Tableau 2.3.2 présente les fréquences alléliques des allèles caractéristiques ainsi identifiés, selon la race ou le groupe racial. Ont été regroupées respectivement les races taurines

Figure 2.3.7: Représentation des races dans le premier plan de l'Analyse Factorielle Multiple sur les fréquences alléliques à 8 microsatellites

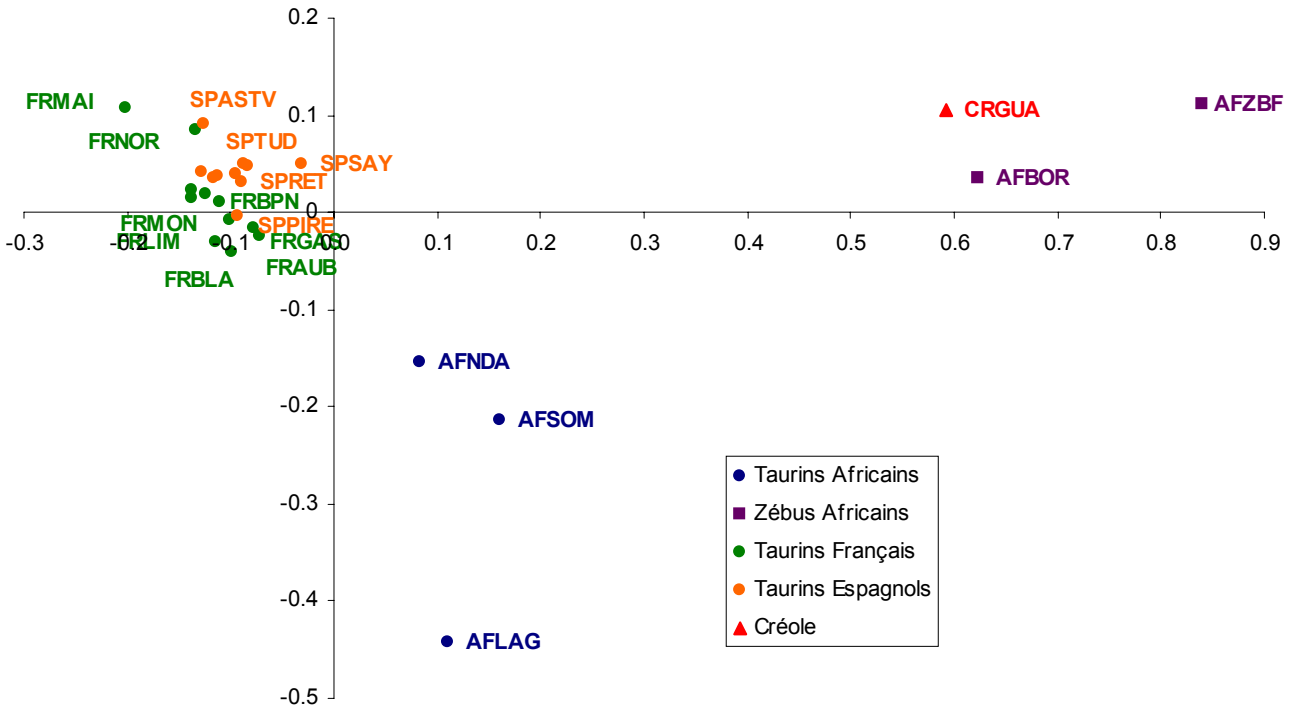
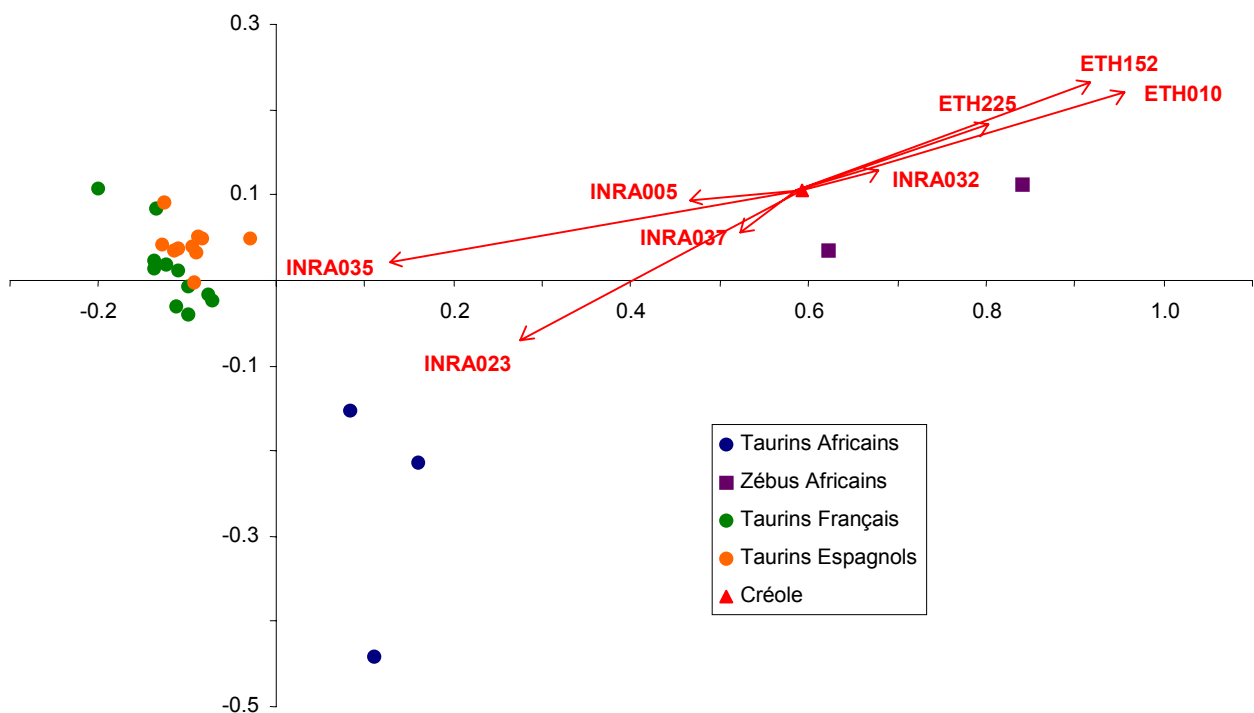


Figure 2.3.8: Influence des marqueurs microsatellites individuels sur la position du bovin Créole de Guadeloupe dans le premier plan de l'Analyse Factorielle Multiple



africaines (T. AF : Lagunaire, Somba, N'Dama), 11 races françaises (T. FR) et 11 races espagnoles (T. SP). En revanche, compte tenu de leurs fortes particularités, le zébu Peuhl soudanien et la race métisse Borgou, ont été considérés isolément.

Le premier groupe de 6 allèles (ETH152-191 ; ETH225-157, INRA032-162, ETH10-207, ETH10-209, INRA005-137) apparaît très spécifiques des zébus, chez lesquels leur fréquence est élevée : de 10 à 55 % (31,6 % en moyenne). On les retrouve également fréquent chez le métis Borgou : 10 à 33 % (23,5 % en moyenne), et beaucoup plus rarement chez les races taurines : 1 % en moyenne, si on excepte ETH225-157, chez les taurins africains, et moins de 0,5 % chez les taurins européennes. Chez le bovin Créole de Guadeloupe, leur fréquence est également relativement élevée, de 4 à 39 % (20,5 % en moyenne).

Les 4 allèles suivants (ETH10-215, INRA032-180, INRA032-182 et INRA037-132), caractérisant les taurins, leur sont cependant moins spécifiques, car on les retrouve également chez les zébus. Leurs fréquences sont cependant plus élevées chez les taurins européens : en moyenne 32,0 % et 35,6 % chez les taurins espagnols et français respectivement, contre 3,3 %, 6,5 % et 4,4 % chez le zébu Peuhl, le Borgou et les taurins africains. Chez le bovin Créole, leur fréquence est relativement élevée : 11 % en moyenne.

Les 3 derniers allèles, contribuant à l'axe 2, sont caractéristiques de taurins africains. INRA037-114 leur est même spécifique, alors que INRA032-178 et INRA023-199 paraissent assez communs dans les autres races, mais avec des fréquences plus faibles.

Cinq autres allèles (ETH152-199 et 201, INRA023-205, INRA032-168 et 186) apparaissent en revanche très spécifiques des taurins européens, et très rarement présents chez les bovins africains. Ils contribuent cependant peu à la description des races, car leurs fréquences sont en général relativement faibles : moins de 20 % en moyenne chez les races taurines européennes. ETH152-199 et 201 se retrouvent dans toutes les races françaises et espagnoles, alors que les autres ne sont pas aussi largement représentés. En particulier, INRA032-168 apparaît rarement chez les races espagnoles, alors que INRA032-186 y est plus représenté, et quasiment absent des races françaises. Il est intéressant de noter que cet allèle spécifique des races ibériques est présent chez le bovin Créole de Guadeloupe.

Deux allèles sont également présentés compte tenu de leur forte spécificité : INRA023-201 pour le N'dama (57 %), et INRA037-146 pour la Maine Anjou (20 %). Tous les deux sont absents chez le bovin Créole, ce qui semble indiquer le peu d'influence de la N'dama et probablement des races britanniques à la constitution du bovin Créole.

MacHugh et al (1997) citent également des allèles spécifiques aux zébus, dont notamment l'allèle ETH152-193. Le décalage avec nos résultats provient de l'étalonnage de nos données par rapport à un groupe de travail international, ce qui n'est pas le cas de cette publication. Les allèles spécifiques aux zébus présentent chez le Créole des fréquences plus élevées que ceux provenant d'autres origines. Mais il convient de noter que les allèles propres aux zébus présentent globalement des fréquences plus élevées. Les allèles spécifiques de races taurines, notamment espagnoles, se retrouvent de manière non négligeable dans la population Créole, malgré leurs fréquences plus faibles chez les populations d'origine. L'importance différente des allèles spécifiques dans les différents groupes raciaux devrait pondérer la remarque faite par Magee et al. (2002), qui observait également des allèles spécifiques zébus en pourcentage élevé chez le bovin Créole de Guadeloupe. En revanche, il est difficile de statuer sur l'apport éventuel des races françaises, pour lesquelles des allèles spécifiques n'ont pu être observés. Par ailleurs il semble que les contributions du N'dama et des races britanniques ont probablement été faibles.

Figure 2.3.9 : Représentation dans le premier plan de l'analyse factorielle multiple des allèles (désignés par le codage « marqueur_allèle ») apportant la plus forte contribution à la différenciation entre les races

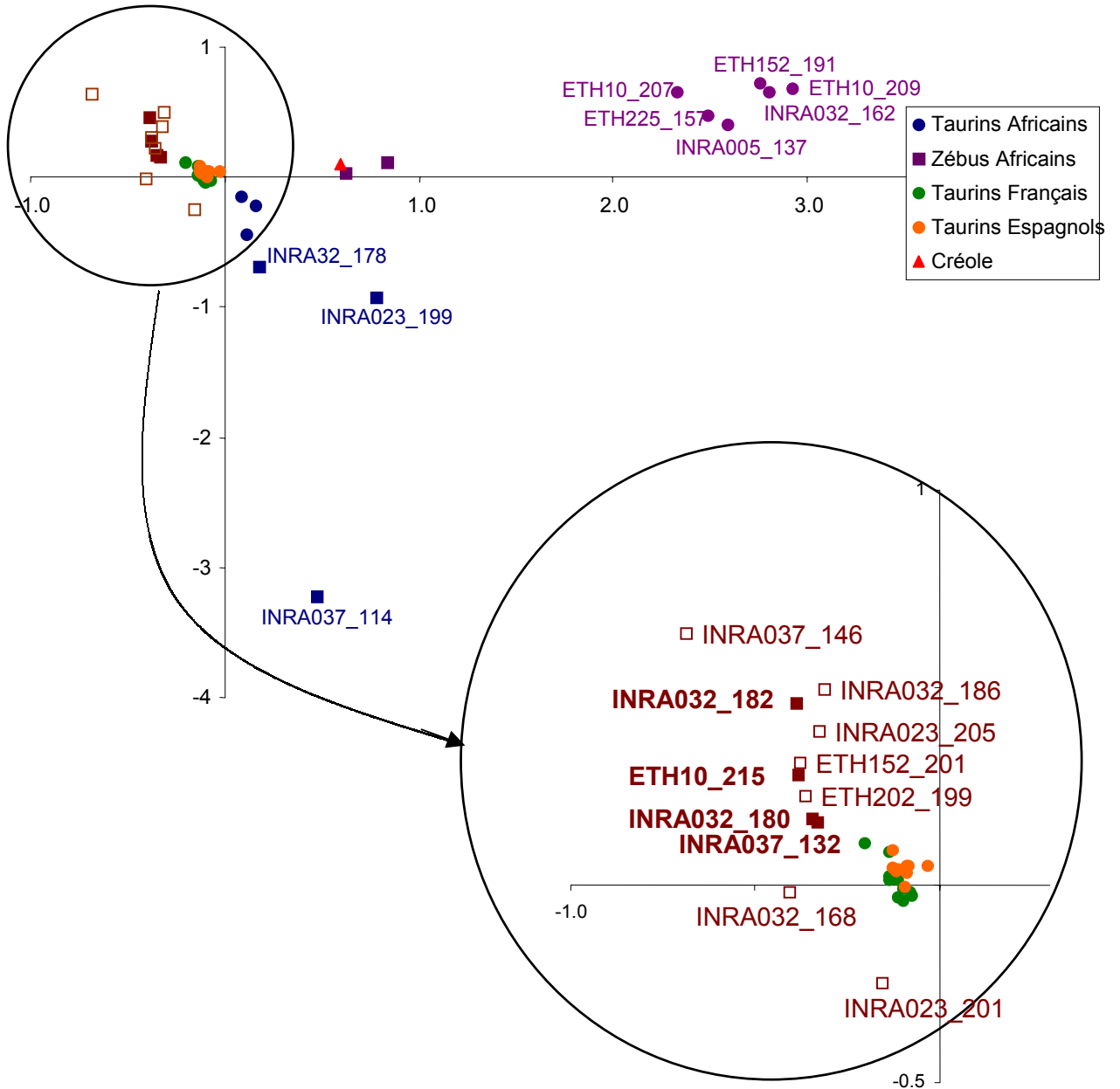


Tableau 2.3.2 : Fréquences alléliques (%) de quelques allèles spécifiques de races ou groupes raciaux**a. allèles de forte contribution à l'AFM**

Marqueur allèle	CRGUA	AFZBF	AFBOR	T. AF	T. SP	T. FR
ETH10 207	33.3	19.0	19.0	1.1 (2)	0.2 (2)	0.4 (1)
ETH10 209	4.2	27.0	10.0	0.8 (1)	0.0	0.0
ETH152 191	38.7	55.0	30.0	1.2 (1)	0.0	0.2 (2)
ETH225 157	25.6	40.0	32.0	4.2 (2)	0.3 (1)	0.0
INRA005 137	6.8	10.0	17.0	0.8 (2)	0.0	0.0
INRA032 162	14.7	38.8	33.0	0.8 (1)	0.0	0.0
ETH10 215	13.9	3.0	6.0	0.8 (2)	23.1 (11)	42.8 (11)
INRA032 180	16.2	2.0	6.0	6.1 (2)	30.0 (11)	41.9 (11)
INRA032 182	4.4	1.0	5.0	0.0	26.2 (11)	9.7 (9)
INRA037 132	9.7	7.0	9.0	11.2 (3)	48.8 (11)	53.8 (11)
INRA023 199	25.0	31.3	38.0	49.6 (2)	7.4 (11)	4.8 (8)
INRA032 178	19.1	26.5	35.0	79.4 (3)	17.0 (11)	26.9 (11)
INRA037 114	1.6	1.0	0.0	16.2 (2)	0.0	0,5 (1)

CRGUA : Créole de Guadeloupe, AFZBF : zébu Peuhl soudanien, AFBOR : Borgou, T. AF : Taurins Africains (Lagunaire, Somba, N'Dama), T. SP : 11 races espagnoles, T. FR : 11 races françaises

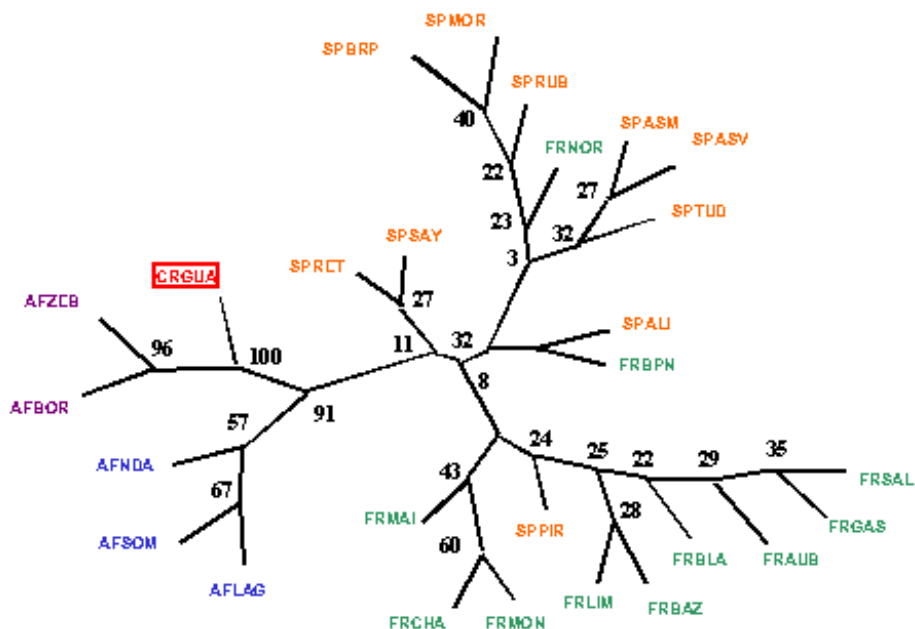
Les valeurs entre parenthèses représentent le nombre de races du groupe considéré possédant cet allèle

b. Autres allèles « spécifiques » des races taurines

Marqueur allèle	CRGUA	AFZBF	AFBOR	T. AF	T. SP	T. FR
ETH152 201	4.8	2.0	1.0	0.0	20.6 (11)	7.6 (11)
ETH152 199	6.5	0.0	0.0	1.9 (2)	10.4 (11)	9.2 (11)
INRA023 205	1.8	1.0	3.0	0.0	11.0 (8)	2.8 (6)
INRA032 168	1.5	0.0	1.0	0.0	1.5 (3)	12.8 (9)
INRA032 186	2.9	0.0	0.0	0.0	4.3 (8)	0.5 (3)
INRA023 201	0.0	1.0	4.0	12.7 (1)	2.2 (8)	9.8 (10)
INRA037 146	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.0 (4)

Figure 2.3.10 : Arbre de consensus obtenu à partir du calcul de la distance de corde de Cavalli-Sforza et Edwards (1967) sur microsatellites, et de sa représentation par la méthode Neighbor-Joining sur 500 re-échantillonnages par bootstrap

(les valeurs de bootstrap, en %, sont indiquées à côté des nœuds)



3.4.3. Distances génétiques.

Le diagramme de Neighbor Joining obtenu à partir des distances de Cavali Sforza calculées sur les fréquences alléliques aux microsatellites (Figure 2.3.10) semble définir une phylogénie un peu différente de la Figure 2.3.5. Elle isole plus nettement l'ensemble des races africaines, liées entr'elles avec des valeurs de bootstrap très élevées (entre 59 et 99 %). Une différenciation s'établit entre races européennes autour d'un centre commun, mais avec des regroupements plus instables (bootstrap inférieurs à 62 %). La topologie ne semble pas reproduire les regroupements géographiques, avec notamment un rapprochement de FRBPN et FRNOR des races ibériques. En revanche les races du Centre-Sud de la France se retrouvent associées, ainsi que SPPIR, ce qu'avaient également observé Cañon et al. (1999).

Dans ce schéma, le bovin Créole de Guadeloupe se retrouve très fortement associé au zébu Peuhl (AFZBF) et au Borgou (AFBOR), dans 99 % des arbres obtenus par re-échantillonnage.

L'appréciation de la distance entre le bovin Créole et les autres races par le paramètre F_{st} et l'estimation des flux géniques $N_e m$ (Tableau 2.3.3) traduisent un rapprochement identique. Le zébu Peuhl et le Borgou présente le plus fort rapprochement avec le Créole ($N_e m = 6,3$ et $9,2$ respectivement). Les « flux géniques » estimés entre les races taurines européennes et le bovin Créole sont bien plus faibles et varient entre 1,3 et 2,8 individus par génération. Ils sont sensiblement voisins pour les races françaises et espagnoles : $2,1 \pm 0,5$ et $2,3 \pm 0,3$ respectivement. Parmi elles, les races ayant pu avoir une contribution plus importante apparaissent les races FRBPN, FRGAS et FRBLA pour les races françaises, et les races SPAVI, SPRET, SPRUBA, SPMOR, SPPIRE, pour les races ibériques. Les races taurines d'Afrique de l'Ouest présentent quant à elles des valeurs de $N_e m$ avec le Créole faibles, de 1,1 à 1,8 individus par génération.

3.4.4. Discrimination entre races.

Nous avons voulu aborder la différenciation en races également à travers l'affectation des individus entre les différentes populations suivant le génotype multilocus qu'ils présentent (Tableau 2.3.4). Une population sera d'autant plus isolée et facilement identifiable que le taux d'erreur d'affectation concernant des animaux lui appartenant sera plus faible. Le pourcentage d'animaux bien classés dans la population bovine Créole est de 67 %, proche de la moyenne sur l'ensemble des races. Les meilleurs taux de classement concernent les races taurines africaines (82 à 98 %) et la Sayaguesa (SPSAY ; 84 %). En particulier, chez les bovins africains, on ne note que très rarement des erreurs de classement entre zébus et taurins, principalement chez la race métisse Borgou (4% d'individus classés chez les taurins africains) et chez la Somba (8 % des individus classés chez les zébus), qui ont pu être influencées par des apports de sang zébu.

Pour la plupart des races taurines françaises (8 sur 11), le taux de bien classés est inférieur ou égal à 60 %, alors que c'est l'inverse chez les races ibériques (6 races sur 10 au delà de 60 % de bien classés). Les erreurs d'affectations concernent principalement des affectations au même groupe géographique (30 % des individus en moyenne chez les races françaises ; 23 % chez les races ibériques).

Pour le bovin Créole, les erreurs d'affectation ont concerné son classement parmi les zébus africains (Zebu Peuhl ou métis Borgou ; 23 %), avec un taux proche du pourcentage d'inversion de classement entre ces deux mêmes races (24 %). Plus rarement des bovins Créoles ont été classés d'après leur génotype multilocus parmi les taurins espagnols (5 %), les

Tableau 2.3.3 : Paramètres de différenciation ($\theta = F_{ST}$) et estimation des flux géniques ($N_e m$) entre le bovin Créole de Guadeloupe et différentes populations

Groupe raciaux	race	$\theta = F_{ST}$	$N_e m$
Races taurines ibériques	Pirenaica (SPPIRE)	0,091	2,5
	Bruna de Pireneus (SPBRPI)	0,119	1,9
	Tudanca (SPTUD)	0,126	1,7
	Asturiana de las montañas (SPASTM)	0,098	2,3
	Asturiana de los valles (SPASTV)	0,094	2,4
	Sayaguesa (SPSAY)	0,101	2,2
	Alistana (SPALI)	0,122	1,8
	Morucha (SPMOR)	0,091	2,5
	Avileña Negra (SPAVI)	0,087	2,5
	Rubia Gallega (SPRUGA)	0,091	2,5
	Retinta (SPRET)	0,090	2,5
Races taurines françaises	Bretonne Pie Noire (FRBPN)	0,086	2,7
	Normande (FRNOR)	0,104	2,2
	Blonde d'Aquitaine (FRBLA)	0,091	2,5
	Bazadaise (FRBAZ)	0,125	1,8
	Maine Anjou (FRMAI)	0,160	1,3
	Limousine (FRLIM)	0,113	2,0
	Aubrac (FRAUB)	0,101	2,2
	Salers (FRSAL)	0,113	2,0
	Gasconne (FRGAS)	0,082	2,8
	Charolais (FRCHA)	0,133	1,6
	Montbéliarde (FRMON)	0,119	1,9
Races d'Afrique de l'Ouest	N'Dama (AFNDA)	0,155	1,4
	Lagunaire (AFLAG)	0,190	1,1
	Somba (AFSOM)	0,125	1,8
	Zébu Peuhl (AFZBF)	0,038	6,3
	Borgou (AFBOR)	0,026	9,2

Tableau 2.3.4 : Assignment des individus aux différentes races

race d'origine	% Bien classés	Créole Guadeloupe	Zébus africains	Taurins africains	Taurins français	Taurins espagnols
Créole Guadeloupe	67		23	3	3	5
Zébu Peuhl	74	2	24			
Borgou	66	6	24	4		
Lagunaire	98			2		
N'Dama	83			7	3	7
Somba	82	2	8	6	2	
Normande	55	3		3	21	18
Bretonne Pie Noire	32			6	32	29
Blonde d'Aquitaine	43			1	43	13
Bazadaise	64				21	15
Limousine	60				36	4
Salers	46				48	6
Aubrac	50			4	40	6
Gasconne	44				34	22
Charolaise	67				25	7
Montbéliarde	59				22	19
Maine Anjou	73				12	14
Alistana	72				8	20
Asturiana / montañas	72				4	24
Asturiana / valles	62				4	34
Bruna de Pireneus	66			2	10	22
Morucha	60				10	30
Pirenaica	52				24	24
Retinta	40				32	28
Rubia Gallega	60				18	22
Sayaguesa	84			2	4	10
Tudanca	76				6	18
Total	63	1	3	1	18	15

taurins français (3 %) ou les taurins africains (3 %). Il est à noter que parmi les différentes races, certains individus ont pu être affectés au bovin Créole, principalement parmi les races africaines (AFBOR, AFSOM, AFZBF) mais aussi, curieusement, chez la Normande.

3.5. Conclusion et discussion générale.

Comme observé auparavant par Moazami Goudarzi et al. (1997) et par Arranz et al. (1996), l'apport des marqueurs moléculaires à la description des relations entre races apparaît plus déterminant que celui des marqueurs biochimiques, à travers les différentes méthodes statistiques employées. Pourtant le nombre de marqueurs microsatellites disponibles dans notre étude est faible, sur le bovin Créole de Guadeloupe comme sur d'autres races locales qui auraient pu être intéressantes à comparer. A l'opposé les marqueurs biochimiques permettent, grâce à la littérature, d'avoir des indications sur un panel de races important, que les données disponibles pour le moment sur les microsatellites ne permettent pas de comparer. Des difficultés sont cependant apparues dans l'étude des marqueurs biochimiques, notamment quant à l'homogénéité des informations sur les fréquences alléliques.

L'analyse factorielle, qui permet à la fois de décrire l'apport des différents marqueurs à la structuration des races et les relations entre races, apporte dans notre étude des enseignements intéressants. Les représentations définies par les marqueurs biochimiques et par les microsatellites semblent cohérentes, et concordent dans les grandes lignes avec les études antérieures (Moazami Goudarzi et al., 2001 ; Laloë et al. ; 2002). En revanche, les valeurs de bootstrap obtenues dans la représentation des arbres de consensus établis à partir de la distance de Cavalli-Sforza et Edwards (1967), en particulier avec les marqueurs biochimiques, sont particulièrement faibles comparativement à celles obtenues dans la littérature (Queval et al., 1998 ; Souvenir Zafindrajaona et al., 1999). Cela peut s'expliquer en grande partie par la faible informativité des marqueurs employés. On aurait en effet pu s'attendre, compte tenu de la diversité des origines des races étudiées, à avoir des regroupements plus stables. Les croisements, notamment ceux intervenus dans la formation des populations Créoles concernées par notre étude, ont pu également entraîner une plus forte instabilité des regroupements.

La distinction la plus importante est celle séparant zébus et taurins. On retrouve également, dans une moindre mesure, la distinction entre races africaines et européennes, et entre zébus indiens et bovins à bosses africains (Moazami Goudarzi et al., 2001 ; MacHugh et al., 1997). Par ailleurs, les races européennes constituent un ensemble de races peu différenciées, comparées aux autres populations. Cette faible différenciation se traduit par un taux élevé de mauvais classement dans l'étude d'affectation des individus entre les différentes races.

La distinction entre races à l'intérieur des ensembles géographiques apparaît par ailleurs plus délicate, en particulier pour les races européennes. Des études précédentes (Kidd et al., 1980 ; Grosclaude et al., 1990 ; Moazami et al., 1997 ; Cañon et al., 1999 ; Jordana et al., 2001) ont également montré que la distinction géographique entre régions d'Espagne, du Portugal ou de France n'est pas toujours vérifiée par les marqueurs polymorphes étudiés. Cette observation se vérifie dans notre étude, aussi bien avec des marqueurs biochimiques que les microsatellites.

On observe cependant des rapprochements communs, comme le regroupement des races du Centre et Sud Ouest de la France - Charolais, Limousin, Salers, Aubrac, Gascon - (Grosclaude et al., 1990 ; Moazami Goudarzi et al., 1997), ou le rapprochement de la Pirenaica et de la Gasconne (Cañon et al., 1999), ou au contraire l'isolement de races particulières comme la Normande (Grosclaude et al., 1990 ; Moazami Goudarzi et al., 1997) ou la Sayaguesa (Cañon

et al., 1999). La position de la race Lagunaire est également isolée, comme observé auparavant (Queval et al., 1998 ; Moazami Goudarzi et al., 2001).

Mac Hugh et al. (1998) à partir de 20 microsatellites et Blott et al. (1998) sur 9 marqueurs biochimiques, observaient une revanche une nette séparation des races britanniques et des races continentales, alors que la différenciation entre races britanniques était plus faible. Dans notre étude sur les marqueurs biochimiques, cette séparation des races britanniques apparaît moins nette, et elles se rapprochent de l'ensemble des races taurines européennes. La Maine Anjou est rattachée à ces races britanniques, comme cela a déjà été observé en raison de ses origines (Grosclaude et al., 1990 ; Moazami Goudarzi et al., 1997). Sur les microsatellites, cette race se retrouve en revanche plus isolée.

Bien qu'ils se distinguent assez nettement des autres groupes, les zébus indiens ne constituent pas un groupe fortement homogène, mais présentent une valeur de bootstrap faible (52 %). Mac Hugh et al. (1998), sur des données individuelles, n'observaient pas de structuration raciale très marquée entre les races Tharparkar, Sahiwal et Hariana. Cela est probablement lié aux échanges entre populations entre les différentes régions du sous-continent indien (Singh et Bhat, 1981c ; Singh et al., 1981). Les races zébus d'Amérique du Sud (Gyr, zébu Cubain) leur apparaissent bien liées, comme leurs origines le laissent supposer. Seul le Nelore semble se distinguer, mais cela peut être dû à l'absence dans cette race de données pour des marqueurs importants. Meireles et al. (1999) avait cependant déjà noté un rapprochement du Nelore et des races taurines, lié à l'absorption probable de Créoles brésiliens par cette race. Les zébus africains apparaissent très proches des zébus indiens, mais on n'observe pas aussi nettement le gradient d'est en ouest du continent africain tel qu'il est révélé par MacHugh et al. (1997) et Hanotte et al. (2002).

L'importance des données manquantes dans l'analyse sur les marqueurs biochimiques oblige à rester prudent quant à l'analyse des relations entre les races Créoles. On note cependant une différenciation nette de ces populations, suivant la nature des migrations ayant participé à leur constitution. Le bovin Créole de Guadeloupe apparaît ainsi très fortement influencé par des croisements avec des animaux d'Afrique de l'Ouest, à la différence de la Carora ou du Longhorn. De tels croisements semblent également pouvoir expliquer la position des races Caracu ou Criollo de Colombie ou de Cuba. Mais les origines taurines, notamment ibériques restent apparentes chez le Créole de Guadeloupe : elles se retrouvent dans l'influence de marqueurs dont les fréquences alléliques se rapprochent des races européennes (TF, INRA023), et dans l'existence d'allèles « spécifiques ». On verra également que d'autres marqueurs génétiques (caryotypes, lactoprotéines, ADN mitochondrial) traduisent également le caractère métis du bovin Créole de Guadeloupe, et permettent de préciser la contribution des différentes populations d'origine (voir chapitre 5). Comme observé par Rouse (1977), les bovins De Lidia sont particulièrement proches de la Retinta, d'après les informations sur les marqueurs biochimiques. Le rapprochement du Longhorn et de certaines races Criollo avec le bovin De Lidia, observé également par Kidd et al. (1980), pourrait donc être fortuit, indirectement lié à des origines communes avec la Retinta.

Finalement, la typologie obtenue aussi bien avec les marqueurs biochimiques qu'avec les microsatellites semble dans les grandes lignes en accord avec les études antérieures. Malgré les problèmes méthodologiques (simplification exagérée des systèmes des groupes sanguins ; données hétérogènes et incomplètes pour les marqueurs biochimiques ; faible échantillonnage de races pour les microsatellites), on a pu obtenir une représentation cohérente des grands groupes raciaux. Les relations entre races sont en revanche plus incertaines, en dehors de l'isolement de certaines races particulières. En particulier, les relations entre les races Créoles et les groupes raciaux ou des races prises isolément apparaissent plus difficiles à définir. Elles semblent indiquer une différenciation assez nette, qui peut facilement s'expliquer par les

origines historiques du peuplement bovin du Nouveau Monde. L'influence africaine, et particulièrement des zébus d'Afrique de l'Ouest, sur le bovin Créole de Guadeloupe apparaît ainsi indéniable. Mais l'importance des métissages intervenus rend difficile l'établissement de relations précises, et des regroupements stables entre races. La variabilité entre races Créoles apparaît très importante, suivant les groupes raciaux qui ont pu contribuer à leur constitution. Il semble nécessaire de pouvoir à l'avenir développer un travail coordonné dans différentes races Créoles afin de disposer de données cohérentes et comparables permettant de mieux préciser leur structuration.

Chapitre 4 : Autres marqueurs génétiques polymorphes : Lactoprotéines, BoLA Classe 1, Caryotypes, ADN mitochondrial.

L'objectif du présent chapitre est de présenter les résultats des analyses de certains marqueurs polymorphes étudiés au sein de la population Créole de Guadeloupe, qui présentent des caractéristiques particulières. D'une part, il s'agit de gènes liés à des caractères de production qui ont été relativement bien documentés dans différentes populations : le polymorphisme des lactoprotéines, qui a des conséquences sur la production et la composition du lait ; les antigènes du Complexe Majeur d'Histocompatibilité BoLA de classe I, liés aux réactions immunitaires et à la sensibilité ou la résistance aux maladies. D'autre part, il s'agit de marqueurs génétiques originaux comme les caryotypes, notamment la morphologie du chromosome Y, et la séquence de l'ADN mitochondrial, ces deux caractères faisant l'objet d'une transmission héréditaire paternelle ou maternelle stricte.

Ces marqueurs ont été très diversement étudiés à travers les populations bovines. Leur comparaison ne peut donc être que limitée, et ils ne peuvent être mis sur le même plan que des marqueurs référencés de manière plus répandue, comme les protéines sanguines, les groupes sanguins ou les microsatellites qui ont été étudiés précédemment.

Ces résultats apportent séparément des indications sur la caractérisation génétique de la population Créole et peuvent être comparés à la littérature publiée pour chacun des systèmes ou marqueurs concernés. Bien qu'ils ne permettent que partiellement d'avoir une idée des relations phylogénétiques entre le bovin Créole et d'autres populations bovines auxquelles on pourrait être tenté de le rapprocher, ces marqueurs apportent chacun des informations originales.

4.1. Gènes d'intérêt liés à des caractères zootechniques.

Les marqueurs microsatellites étudiés précédemment présentent généralement un déterminisme neutre, c'est à dire qu'ils ne sont normalement pas influencés par les processus de sélection. En ce qui concerne les marqueurs biochimiques, comme les protéines et les groupes sanguins, peu de relations semblent exister entre eux et des caractères de production. Ils permettent ainsi d'étudier les relations génétiques entre races, sous la seule influence de phénomènes de mutation ou de dérive génétique aléatoires et non orientés.

A l'opposé, de nombreux cas de relations entre des marqueurs génétiques et des caractères de production ou d'adaptation présentant un intérêt pour l'élevage ont été mis en évidence :

- polymorphisme des lactoprotéines et niveau de production et de composition du lait
- complexe majeur d'histocompatibilité BoLA et sensibilité ou résistance aux maladies
- Gène Boroola et prolificité chez les ovins
- Gène PrP et sensibilité à la tremblante

...

L'étude du polymorphisme de ces gènes au sein des populations animales peut ainsi apporter des précisions sur les aptitudes respectives de ces populations et la variabilité des caractères au sein de ces populations, et constituer une aide au choix des reproducteurs dans les schémas de sélection. Elle peut également permettre de mettre en évidence des variants génétiques en relation avec des caractéristiques originales de ces populations. Les informations sur la variabilité de tels marqueurs peuvent donc être très utiles dans l'exploitation des ressources génétiques animales et la gestion des populations.

Tableau 2.4.1 : Fréquences alléliques des caséines chez le bovin Créole de Guadeloupe en comparaison à différents groupes raciaux

Protéines allèle	caséine α S1 (n=23)		caséine β (n=23)		caséine κ (n=42)		
	B	C	A1	A2	B	A	B
Bovin (écart-type)	Créole 56,5 % (7,3)	43,5 % (7,3)	30,4 % (6,8)	63,1 (7,1)	% 6,5 % (3,6)	78,6 (4,5)	21,4 % (4,5)
Taurins européens ¹	55 à 99 %	1 à 45 %	4 à 35 %	29 à 95 %	1 à 47 %	5 à 74 %	26 à 95 %
Taurins africains ²	87 à 92 %	8 à 13 %	57 à 64 %	36 à 43 %	0 à 3 %	25 à 42 %	58 à 75 %
Zébus africains ²	17 à 39 %	61 à 83 %	8 à 23 %	72 à 86 %	0 à 6 %	69 à 83 %	17 à 31 %
Zébus indiens ³	0 à 22 %	78 à 100 %	1 à 10 %	84 à 97 %	0 à 7 %	83 à 97 %	3 à 17 %
Criollo Cubano ⁴	51%	49%	84%		16%	62%	38%
Criollo Argentino ⁵	75 – 78 %	22 – 25 %	93%		7%	65 – 75 %	25 – 35 %
Carora ⁶	89%	11%	14%	75%	12%	51%	49%

¹Grosclaude (1988), Beja-Pereira et al. (2003) ; ²Grosclaude et al., (1974) ; Mahé et al. (1999), sans le Kouri ; Moazami-Goudarzi et al. (2001) ; ³Aschaffenburg et al., 1968 ; Silva et Del Lama (1997) ; Kemenes et al. (1999) ; Singh et Bhat (1981a)

⁴Hernandez et al., 1983, ⁵Poli et Antonini, 1991 ; Golijow et al., 1999 ; ⁶Bolla et al., 1997

Nous aborderons dans ce chapitre le cas de deux ensembles de marqueurs polymorphes : les lactoprotéines et les antigènes du système BoLA de classe 1.

4.1.1. Lactoprotéines.

Le polymorphisme des lactoprotéines est très extensivement étudié, du fait de ses conséquences sur la technologie laitière (Grosclaude, 1988 ; Barroso et al., 1999). En effet la présence des différents variants alléliques a un effet sur la teneur de chacune de ces protéines dans le lait, et par là même sur sa qualité technologique. Ainsi, l'allèle A de la β lactoglobuline entraîne un taux significativement supérieur de cette protéine, qui se répercute sur le taux d'ensemble de protéines dans le lactosérum. Ces différences sont compensées par une variation inverse du taux de caséines. Parmi les caséines, les allèles B de la caséine β et de la caséine κ sont quant à eux liés à de meilleures aptitudes fromagères. La race Normande présente en ce domaine des caractéristiques particulièrement favorables, avec une fréquence élevée d'allèle B de la caséine β . La prise en compte du polymorphisme des lactoprotéines dans les programmes de sélection peut avoir des conséquences sur les aptitudes de transformation du lait des différentes races.

Peu d'échantillons de lait ont pu être étudiés (23 prélèvements), et les résultats observés ne donnent qu'une indication partielle des fréquences alléliques réelles au sein de la population Créole. Cependant les différentes lactoprotéines et les haplotypes des caséines semblent présenter des fréquences alléliques intermédiaires entre celles observées chez les taurins européens et les bovins africains (voir Tableau 2.4.1).

Pour la caséine α S1, deux allèles (B et C) ont été observés, avec des fréquences voisines (56,5 % et 43,5 % respectivement). Généralement, l'allèle C prédomine chez les zébus et l'allèle B chez les taurins (Barroso et al., 1999), y compris chez les races taurines africaines (à l'exception du Kouri). Les fréquences observées chez le bovin Créole sont tout à fait semblables à celles observées chez le taurin Kouri du Tchad (Mahé et al., 1999) et le Borgou, race bovine d'Afrique de l'Ouest métisse entre zébu Peul soudanais et taurins Lagunaire ou Somba (Moazami-Goudarzi et al., 2001). Parmi les races Criollo, le Criollo Cubano présente des valeurs proches du Créole de Guadeloupe, alors que le Criollo Argentino et la Carora se rapprochent des valeurs observées chez les taurins.

Pour la caséine β , les allèles A1 et A2 prédominent, comme cela est généralement observé (Grosclaude, 1988). L'allèle A2 est plus fréquent que l'allèle A1, ce que l'on retrouve très souvent chez les races bovines françaises (exception faite de la Maine Anjou), ou les races zébuines africaines et indiennes alors que l'allèle A1 est généralement plus répandu chez les races taurines d'Afrique de l'Ouest. L'allèle B, très fréquent chez la Normande (47 %), n'est présent que chez 6,5 % des Créoles. Chez les Criollo, la distinction entre A1 et A2 n'a pas été faite chez Criollo Cubano et Criollo Argentino. En revanche A2 prédomine très nettement chez la Carora.

En ce qui concerne la caséine κ , les résultats disponibles concernent à la fois le polymorphisme protéique et moléculaire, et apportent des précisions complémentaires. En ce qui concerne la protéine, les variants A et B déterminés par électrophorèse, sont répandus dans toutes les populations bovines (Barroso et al., 1999). Le polymorphisme RFLP Taq1 permet également de les révéler, mais de plus permet de détecter trois variants de l'allèle A (Leveziel et al., 1988). Les fréquences rapportées ici concernent le cumul des résultats de ces deux techniques, sur un total de 42 échantillons ; elles montrent une prédominance de l'allèle A par rapport au B (78,6 % vs. 21,4 %). Sa fréquence est assez proche de ce que l'on peut

Tableau 2.4.2 : Haplotypes des caséines (sur 23 échantillons de lait)

Haplotypes (α S1 - β - κ)	B-A1-A	B-A1-B	B-A2-A	B-B-A	C-A2-A
Bovin Créole	15 %	15 %	20 %	6 %	44 %
5 races laitières françaises ¹	10 à 40 %	1 à 21 %	13 à 37 %	0 à 15 %	1 à 6 %
10 races portugaises ²	0 à 29 %	0 à 11 %	13 à 51 %	0 à 1 %	2 à 39 %
Taurins africains ³	4 à 10 %	52 à 60 %	8 à 30 %	0 à 2 %	6 à 8 %
Zébus africains ³	2 à 4 %	1 à 18 %	7 à 13 %	0 à 5 %	53 à 63 %

¹ Grosclaude (1988) ; ² Beija-Pereira et al. (2003) ³ Grosclaude et al., (1974) ; Mahé et al. (1999), sans le Kouri ; Moazami-Goudarzi et al. (2001)

Tableau 2.4.3 : Fréquences alléliques de la β lactoglobuline chez le bovin Créole de Guadeloupe en comparaison à différents groupes raciaux

Protéines allèle	β lactoglobuline (n=23)	
	A	B
Bovin Créole	13,0 % (5,0)	87,0 % (5,0)
Taurins européens ¹	30 à 67 %	33 à 70 %
Taurins africains ²	9 à 42 %	58 à 91 %
Zébus africains ²	9 à 27 %	73 à 91 %
Zébus indiens ³	9 à 44 %	56 à 83 %
Criollo Cubano ⁴	59%	41%
Criollo Argentino ⁵	49%	51%
Carora ⁶	33%	67%

¹ Grosclaude (1988), Beja-Pereira et al. (2003) ; ² Grosclaude et al., (1974) ; Mahé et al. (1999), sans le Kouri ; Moazami-Goudarzi et al. (2001) ; ³ Aschaffenburg et al., 1968 ; Silva et Del Lama (1997) ; Kemenes et al. (1999) ; Singh et Bhat (1981a)

⁴ Hernandez et al., 1983, ⁵ Poli et Antonini, 1991 ; Golijow et al., 1999 ; ⁶ Bolla et al., 1997

rencontrer généralement chez les races zébuines, et nettement supérieure à celles rencontrées chez les taurins d'Afrique de l'Ouest ou chez le Borgou (59 % ; Moazami-Goudarzi et al., 2001). Cependant, de grandes différences sont également observées chez les races taurines européennes, que Barroso et al. (1999) lie à l'orientation de la sélection, entre races sélectionnées pour la quantité de lait (Holstein) ayant un allèle A plus fréquent, et races sélectionnées pour la production de beurre (Normande) où l'allèle B prédomine. Chez les races Criollo Cubano et Argentino ou chez la Carora, l'allèle A domine également, mais avec des fréquences comprises entre 51 et 75 %.

Par ailleurs, Levéziel et al. (1994) ont mis en évidence une originalité que le bovin Créole partage avec la race Normande. D'une part, ils observent chez ces deux races l'existence d'allèles spécifiques, absents chez les autres races étudiées d'origine française. Ces allèles révélés par le polymorphisme RFLP Taq1 (allèle A3, caractérisé par un fragment de 12,5 kb) et par le microsatellite INRAK (allèle ms2, de taille 176 pb), sont en complète association, formant ainsi un variant de l'allèle A. D'autre part, l'allèle ms6 (de taille 166 pb) du microsatellite INRAK paraît absent chez la Normande comme chez la Créole ; dans notre échantillon, nous l'avons observé avec une fréquence très faible (1.6 %). La contribution de cette race au peuplement bovin de la Guadeloupe, que l'on peut supposer compte tenu de la contribution des ports normands au trafic maritime vers les Antilles durant la période coloniale, semble donc confirmée par ce marqueur. Enfin, un allèle (ms3, de taille 174 pb) n'a été rencontré que chez le bovin Créole, avec une fréquence élevée (56 % dans l'étude de Levéziel et al. (1994) ; 30 % dans notre échantillonnage) et beaucoup plus rarement en Abondance (2%).

Les gènes des trois caséines sont très voisins sur le chromosome 6, et leurs allèles ne sont pas transmis indépendamment, l'association de leurs allèles déterminant ainsi des haplotypes. Les fréquences observées chez le bovin Créole sont présentées au Tableau 2.4.2, à titre indicatif vu le faible échantillon étudié, et comparées à celles observées dans d'autres groupes raciaux. L'haplotype qui semble le plus fréquent en race Créole est celui déterminé par la présence des allèles caséine α S1 C, caséine β A2, caséine κ A, que l'on rencontre généralement chez les zébus africains. Il est à noter que Beija-Pereira et al. (2003) l'ont également observé avec des fréquences relativement élevées chez différentes races portugaises, avec un gradient de diminution du Sud vers le Nord du Portugal, signe de l'introgression de sang africain dans les races de la péninsule ibérique.

Enfin, en ce qui concerne la β lactoglobuline (Tableau 2.4.3), l'allèle B domine largement chez le Créole comme chez la plupart des races d'Afrique de l'Ouest, taurines ou zébuines, ou chez les zébus indiens. En revanche, chez ces derniers, un allèle C a été identifié avec des fréquences relativement élevées (jusqu'à 30 % ; Singh et Bhat, 1980d), que l'on ne retrouve pas chez le Créole de Guadeloupe. Chez la plupart des taurins, et chez les races Criollo Cubano, Argentino et la Carora, les fréquences des allèles A et B varient assez largement autour de la fréquence médiane.

L'échantillonnage est en revanche trop restreint pour statuer sur l'existence ou non d'allèles rares décrits dans certaines populations, notamment d'allèles plus spécifiques de races zébuines (caséine β D) ou de races taurines africaines (caséine κ J ; caséine α S1 H), mais très peu fréquents (Barroso et al., 1999 ; Mahé et al., 1999).

Si l'on se réfère à la synthèse établie par Grosclaude (1988), le polymorphisme des lactoprotéines rencontré chez le bovin Créole pourrait avoir des conséquences contradictoires sur les aptitudes de transformation du lait : d'une part, le faible taux de l'allèle A de la β lactoglobuline pourrait se traduire par un teneur plus importante de caséines ; en revanche, les allèles A de la caséine β et de la caséine κ et l'haplotype CA2A sont plus fréquents, ce qui

Tableau 2.4.4 : Fréquences géniques de quelques spécificités BoLA internationales rencontrées chez le bovin Créole, en comparaison à d'autres races

Spécificités internationales	A2 (W2)	A6 (W6)	A7 (W7)	A8 (W8)	A10 (W10)	A13 (W13)	W16	W25
Créole	15,6	3,1	3,7	4	6,5	11,1	3,7	3,4
Angus ¹	12,0	1,0	1,9	8,8	1,9	1,9	0,0	5,8
Hereford ¹	0,7	6,8	0,0	0,7	6,1	0,7	0,0	0,0
Charolais ¹	2,2	17,8	0,0	0,8	4,5	0,8	0,8	3,8
Normande ¹	6,5	11,0	8,7	11,0	11,0	0,0	4,2	0,0
N'Dama ²	0,0	0,5	0,0	0,0	9,4	(nt)	0,0	(nt)
Baoulé ³	5,5	10,0	11,3	2	18,5	4,8	4,8	9,8
Zébu peuhl ³	0,0	5,8	4,8	4,8	1,9	7,2	7,2	24,7
Boran ¹	0,0	11,7	3,5	10,7	15,6	0,0	0,0	12,7
Brahman ⁴	0,0	9,4	4,8	10,2	11,9	0,0	10,1	(nt)

¹ Bull et al., 1989 ; ² Spooner et al., 1987 ; ³ Maillard et al. (1989) ; ⁴ Stear et al. (1987) ; (nt) : non typé

Tableau 2.4.5 : Fréquences géniques de quelques spécificités BoLA africaines rencontrées chez le bovin Créole, en comparaison à d'autres races

Spécificités africaines	BF1	BF2	BF6	BF7	BF10	KN8	KN12	KN17	KN18
Créole	11,8	8,8	15,6	6,8	7,9	7,8	1,8	6,5	14,8
Baoulé ³	16,7	2,8	13,9	5,8	9,3	0,8	0,0	0,7	15,8
Zébu peuhl ³	13,9	14,7	15,5	1,4	2,4	11,3	0,0	0,0	3,6
Boran ⁵	(nt)	(nt)	(nt)	(nt)	(nt)	6,9	7,4	2,6	1,3

³ Maillard et al. (1989) ; ⁵ Kemp et al. (1988)

devrait lui conférer une moins bonne qualité fromagère. Cependant, compte tenu des orientations principales de la race, ces caractéristiques ne semblent pas devoir jouer un rôle important dans la sélection à mettre en œuvre dans cette population. Il n'en pas de même pour d'autres races Créoles, comme la Carora, le Criollo Argentino et Criollo Cubano, dont l'orientation laitière est plus marquée et les caractéristiques des lactoprotéines semblent plus favorables pour la transformation.

4.1.2. BoLA Classe 1.

Le Complexe Majeur d'Histocompatibilité est un système particulièrement complexe, codé par de très nombreux gènes, impliqués principalement dans les mécanismes de défense immunitaire. Les études réalisés depuis plus de 20 ans ont permis une description détaillée de l'organisation structurelle et fonctionnelle de plus de 200 gènes le constituant (Bishop et al., 2002 ; Amills et al., 1998). Ils constituent ainsi des candidats de choix pour l'étude du déterminisme génétique des mécanismes de susceptibilité / résistance aux maladies, en vue de leur amélioration génétique. Les antigènes de surface, appartenant au système BoLA de classe 1, sont présents sur la plupart des cellules comme les lymphocytes. Ce sont les premiers déterminants à avoir été étudiés car ils sont impliqués dans les réactions immunitaires à médiation cellulaire, comme le rejet de greffes.

Leur variabilité est extrêmement importante, et de nombreuses spécificités ont été mises en évidence, parfois uniquement à l'échelle régionale, par un laboratoire. Quelques unes apparaissent communes à de nombreuses races, et ont été reconnues au niveau international. Mais la variabilité entre races est particulièrement importante, et certaines spécificités permettent de discriminer nettement les races en raison de leur distribution hétérogène entre les populations. Cependant la plupart des résultats concernent les races européennes, principalement nordiques ou anglaises (Bull et al., 1989). Des comparaisons ont été réalisées avec de rares populations africaines (Bull et al., 1989 ; Kemp et al., 1988), ou entre populations africaines (Maillard et al., 1989 ; Spooner et al., 1987). En revanche très peu de résultats ont été rapportés pour les zébus indiens, et uniquement sur des spécificités locales (Verma et al., 1991). Seul le zébu Brahman américain, qui dérive de races indiennes, a été comparé à d'autres populations (Stear et al., 1987).

Les fréquences géniques des spécificités les plus informatives sont présentées et comparées aux fréquences citées dans la littérature pour d'autres races ; le détail des fréquences géniques observées chez le bovin Créole de Guadeloupe figure en annexe 7. Le Tableau 2.4.4 présente les résultats de spécificités mondialement reconnues (suffixe A ou W), étudiées chez la plupart des races. Des spécificités « africaines » mises en évidence au Burkina Faso et au Kenya (suffixe BF et KN respectivement) ont par ailleurs été étudiées (Tableau 2.4.5).

La spécificité W2, caractéristique des races européennes et généralement absente des races africaines, est la plus fréquence chez le bovin Créole. Vient ensuite W13, qui est au contraire plus fréquence chez les bovins d'Afrique de l'Ouest (taurin Baoulé et zébu Peuhl).

Les autres spécificités sont présentes avec des fréquences relativement faibles (moins de 7 %). Les spécificités W6, W7, W8 et W10 sont généralement considérées communes à la plupart des races étudiées, y compris des races africaines. Selon la comparaison de Bull et al. (1989), W7 est cependant absente dans 10 races européennes sur 16 étudiées. Les fréquences observées pour ces 4 spécificités chez le bovin Créole semblent se rapprocher de celles rapportées chez le zébu peuhl (Maillard et al., 1989). En revanche W16 et W25 apparaissent plus fréquents chez les zébus, à l'exception de W16 chez le Boran du Kenya.

Tableau 2.4.6 : Résultats de caryotypes chez les bovins Créole de Guadeloupe

	Mâles	Femelles	Popescu et al. (1987)
Effectif	86	87	49
Translocation 1/29	8.1 %	1.1 %	2.0 %
Chimérisme XX/XY	1.2 %		2.0 %
Y acrocentrique	86.0 %		88.0 %
Y métacentrique	14.0 %		12.0 %

Tableau 2.4.7 : Incidence de la translocation 1/29 dans différentes races bovines

Référence	Population	Pays	Incidence
Rangel-Figuereido et Iannuzi (1993)	Barrosa	Portugal	65,0 %
	Maronesa		40,2 %
	Mirandesa		1,6 %
Popescu et Pech (1991)	Retinta	Espagne	25,3 %
	Sayaguesa		24,0 %
	Morucha		17,6 %
	De Lidia		6,3 %
	Baoulé	Cote d'Ivoire	4,7 %
Muñoz et al. (1994)	Rio Limon	Venezuela	21,6 %
Vera et al. (2002)	Rio Limon	Venezuela	20,0 %
Madriz et Muñoz (1991)	Rio Limon	Venezuela	13,3 %
Muñoz et al. (1995)	Rio Limon	Venezuela	4,8 %
De Luca et al. (2002)	Chaqueño	Bolivie	28,2 %
	Yacumeño		20,3 %
	Altiplano		18,2 %
	Saavedreño		1,0 %
Postiglioni et al. (1996)	Criollo	Uruguay	2,0 %
De Luca et al. (1997)	Criollo	Argentine	0
Genero et al. (1999)	Patagonico	Argentine	0
Schifferli et al. (2003)	Criollo	Argentine	2,6 %

Les spécificités africaines BF1, BF6 et KN18 sont très fréquentes chez le bovin Créole, comme dans les races africaines étudiées (Kemp et al., 1988 ; Maillard et al., 1989). Mais on retrouve également des marqueurs propres au zébu Peuhl comme KN8 et dans une moindre mesure BF2, ou au taurin Baoulé comme BF7, BF10 et KN18 (Maillard et al., 1989).

La variabilité des fréquences géniques des antigènes BoLA de classe 1 rencontrés chez le bovin Créole et les autres races apparaît très importante. Cependant, les données sont très fragmentaires, d'une part du fait que peu de races ont été étudiées, d'autre part de l'existence de spécificités propres à chaque race. Cette dernière caractéristique fait que la comparaison entre résultats est rendue difficile, malgré les efforts de standardisation (Bull et al., 1989).

La biologie moléculaire a entraîné de profondes évolutions en génétique et immunologie. Ainsi les antigènes du système BoLA de classe 1, d'une utilisation complexe en raison de la technique utilisée et des discordances observées entre races (Bull et al., 1989 ; Kemp et al., 1988), ont maintenant été détrônés par des typages moléculaires, concernant un éventail plus large de gènes. En particulier le locus BoLA-DRB3, impliqué dans la présentation des antigènes aux lymphocytes montre une diversité très importante dans différentes races (Acharya et al., 2002 ; Giovambattista et al., 1996 ; Miretti et al., 2001). Du fait de sa liaison avec les mécanismes immunitaires, ce système fait donc l'objet d'un intérêt particulier.

4.2. Autres marqueurs.

4.2.1. Caryotypes.

Les résultats des caryotypes réalisés sur le bovin Créole de Guadeloupe sont présentés au Tableau 2.4.6.

Deux types d'anomalies chromosomiques ont été observés chez le bovin Créole : un cas de chimérisme leucocytaire XX/XY, et 8 cas de translocation 1/29 à l'état hétérozygote. La première signale seulement la présence d'une naissance gémellaire ayant donné un veau mâle et un veau femelle. En revanche la seconde mérite d'être abordée plus en détail.

La translocation 1/29 avait été déjà observée chez le bovin Créole par Popescu et al. (1987), sur un effectif plus réduit ne permettant pas d'apprécier sa fréquence. La procédure d'enquête adoptée ici permet d'avoir une représentation statistique plus précise ; on peut ainsi estimer son incidence (fréquence d'animaux porteurs) à 4,6 % (écart-type = 1,6) sur les 173 échantillons de l'enquête, et en cumulant avec les résultats de Popescu et al. (1987) à 4,1 % (écart-type = 1,3).

Cette translocation a des conséquences sur la viabilité des embryons issus d'animaux porteurs, et on lui attribue une baisse de fertilité d'environ 12 points sur le taux de gestation sur les femelles porteuses (Foulley et Frebling, 1985 ; Frebling et al., 1987). Son existence dans différentes races bovines a justifié la mise en place de programmes de dépistage systématiques en vue de son éradication, aussi bien dans les races où elle est peu présente (2 à 3 %) que dans celles où sa fréquence est plus élevée (15 % et plus). Sa fréquence en bovin Créole est relativement faible, mais non négligeable, et il pourrait être utile de mettre en œuvre un dépistage semblable sur les taureaux Créoles utilisés en élevage, afin d'éviter de la propager.

On sait cette anomalie présente à des degrés divers dans différentes races à travers le Monde (Popescu et Pech, 1991). Elle a notamment été observée dans diverses races ibériques ou d'Afrique de l'Ouest. Elle a également été décrite dans des races Créoles latino-américaines, parmi lesquelles les populations Criollo Argentino et Patagonico font figure d'exception

Tableau 2.4.8 : Fréquence de chromosome Y acrocentrique dans différentes races créoles

Référence	Population	Pays	Fréquence
Tambasco et al. (1985)	Caracu	Brésil	90 %
[cité par Giovambattista et al. (2000)]	Curraleiro		90 %
	Lageano		43 %
Britto et Mello (1999)	Pé-Duro	Brésil	68 %
De Luca et al. (2002)	Saavedreño	Bolivie	22 %
	Yacumeño		17 %
	Chaqueño		27 %
Muñoz et al. (1994)	Rio Limon	Venezuela	0
Postiglioni et al. (1996)	Criollo	Uruguay	0
De Luca et al. (1997)	Criollo	Argentine	0
Schifferli et al. (2003)	Criollo	Argentine	0

Figure 2.4.1. : Fréquences de chromosome Y de type zébu ou taurin dans différentes races Créoles sud américaines.

En noir : Y acrocentrique, de type zébu ; en blanc : Y métacentrique, type taurin

Acc : Créole Argentin; ChBc : Chaqueño Boliviano; Ycc : Yacumeño; SCc : Saavedreño; Ucc : Créole d'Uruguay; CCc : Caracu; CuCc : Curraleiro; LCc : Lageano; I : Taurin ibérique; Z : zébu.

L'asterisque représente un animal prélevé sur l'Altiplano bolivien, avec un chromosome Y taurin.

(Giovambattista et al., 2000)



(Tableau 2.4.7). Compte tenu de ces origines présumées, métisses entre races ibériques, françaises et africaines, il n'est pas surprenant de la rencontrer chez le bovin Créole de Guadeloupe. La fréquence observée est cependant parmi les plus faibles observées dans les populations Créoles.

Par ailleurs, le chromosome Y est chez la plupart des taureaux (86 %) de type acrocentrique, caractéristique des zébus. Cette fréquence est très voisine de celle déjà observée par Popescu et al. (1987) antérieurement et semble donc relativement stable. Elle est très élevée et confirme le caractère zébu nettement visible sur les caractères morphologiques du bovin Créole (bosse, fanon et prépuce développés).

L'intérêt de ce marqueur est qu'il signe de manière ciblée des introgressions de sang zébu par voie mâle. Celles-ci ont été démontrées par l'étude des caryotypes (voir Tableau 2.4.8) ou l'analyse du microsatellite INRA124 spécifique du chromosome Y (Giovambattista et al., 2000) chez certaines populations bovines locales du Brésil et de Bolivie.

Giovambattista et al. (2000) observent en particulier un gradient d'introgression de sang zébu diminuant d'est en ouest et du nord au sud du continent latino américain (Figure 2.4.1), qu'ils attribuent soit à l'utilisation récente de zébu d'origine indienne au Brésil, soit à des croisements plus anciens avec des zébus africains ayant concerné les races portugaises à l'origine des races bovines locales. La proportion observée est très importante chez le Créole de Guadeloupe, de même que les races Caracu et Curraleiro du Brésil, qui semblent donc se distinguer des populations du rameau Criollo sud américain généralement réputées de type taurin (Rouse, 1975). Il serait intéressant de vérifier sur d'autres informations quelles populations peuvent être à l'origine de cette introgression.

Les conséquences de ce dimorphisme du chromosome Y entre races taurines et zébuines sont controversées. Selon Popescu et al. (1987), citant des résultats antérieurs, il pourrait être la cause de problème de fertilité chez les descendants de croisements entre ces deux sous-espèces. Cependant, les résultats de Mackinnon et al. (1989) sur des croisements réciproques entre différentes lignées métisses, semblent infirmer cette hypothèse. Il pourrait cependant être utile de contrôler le type de chromosome Y rencontré chez les géniteurs utilisés au sein de la population Créole (issus de cette population ou d'origine extérieure) afin de le mettre en relation avec la fertilité de leurs filles.

4.2.2. ADN mitochondrial

A l'opposé du polymorphisme du chromosome Y, l'ADN mitochondrial (mtDNA) donne des informations sur l'hérédité maternelle des individus examinés. Il s'agit en effet d'une molécule d'ADN circulaire (voir annexe 8) contenue dans les mitochondries, présentes uniquement dans le plasma cellulaire de l'ovule et absentes des spermatozoïdes, à la différence de l'ADN nucléaire qui provient de la fusion des deux gamètes. Les trois types de marqueurs (polymorphisme de l'ADN nucléaire, chromosome Y, ADN mitochondrial) peuvent donc apporter des informations complémentaires sur les origines des populations étudiées.

L'étude de la séquence de la région de contrôle de l'ADN mitochondrial a été menée sur la population bovine Créole de Guadeloupe, dans le cadre d'une collaboration avec différents laboratoires latino-américains (Miretti et al., 2000, 2002a). Elle a porté sur des individus Créoles d'Argentine, du Brésil, de Colombie, du Pérou et de Guadeloupe. Les données obtenues ont ainsi pu être comparées aux résultats publiés antérieurement, dans différents groupes de populations.

Les variations dans la séquence de l'ADN mitochondrial sont relativement minimales entre races appartenant à un même groupe géographique. En revanche, de grandes différences apparaissent entre régions du globe, qui ont pu être mises en relation avec l'histoire de l'apparition, de la domestication et des migrations du genre *Bos*. A partir de l'analyse de fragments RFLP de l'ADN mitochondrial, deux lignées de séquences mitochondriales ont d'abord été mises en évidence, différenciant nettement les zébus indiens des taurins (Loftus et al., 1994a). Plus surprenant fut de constater que les bovins africains, qu'ils soient de type taurin ou de type « bovin à bosse », présentent le même polymorphisme RFLP (Suzuki et al., 1993). Ils possèdent par ailleurs de fortes homologues avec les taurins européens : on observe ainsi 0,7 % de sites divergents entre bovins européens et africains, voisin du taux de divergence entre races à l'intérieur de chacun de ces deux groupes (0,6 % et 0,8 %) (Loftus et al. 1994a).

Ces résultats ont ensuite été confirmés par le séquençage d'une fraction correspondant à la région de contrôle de l'ADN mitochondrial (Loftus et al., 1994b ; Bradley et al., 1996). Le taux de divergence entre séquences de taurins européens et d'animaux africains (0,73 %) était légèrement supérieur au taux observé à l'intérieur de chaque groupe continental : 0,41 %, 0,38 % et 0,42 % respectivement pour les races européennes, africaines et indiennes. Par ailleurs, les différences entre taurins et zébus africains étaient minimales, de 0,23 à 0,63 %. En revanche, le taux de divergence entre ces deux rameaux africains et européens et le rameau indien était beaucoup plus élevé, de l'ordre de 5,01 %. Ainsi, deux phases de domestication semblent être à l'origine d'une part des zébus indiens, et d'autre part des taurins et zébus africains et taurins européens, qui doivent être rattachés au genre *Bos taurus* (Loftus et al., 1994b).

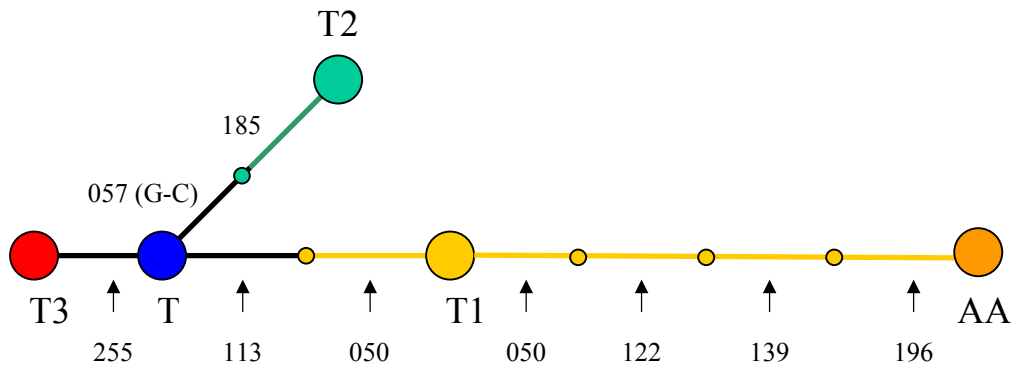
Depuis, la séquence de l'ADN mitochondrial a été décrite de manière extensive dans différents groupes raciaux (Tableau 2.4.9), et a permis d'identifier de très nombreuses séquences différentes.

Dans l'ensemble de ces études, deux haplotypes apparaissent caractéristiques respectivement des taurins européens (T3) et des bovins africains (T1), présentant de fortes similitudes entre eux mais très différents de la séquence consensus indienne (Bradley et al., 1996). Troy et al. (2001) décrivent par ailleurs deux autres haplotypes consensus (T et T2), présents plus particulièrement chez les taurins d'Anatolie et du Proche Orient. Miretti et al. (2000, 2002a, 2002b) décrivent enfin une nouvelle séquence, fréquente chez certaines races bovines locales d'Amérique Latine et de la Caraïbe, et proche de la séquence africaine (AA pour « African derived American sequence »).

Les séquences consensus déduites de ces références sont présentées dans la Figure 2.4.2. 22 transitions et deux insertion/délétion d'une paire de base seulement séparent les séquences consensus européenne et indienne (Bradley et al., 1996). En revanche, seulement trois transitions différencient la séquence consensus africaine (T1) par rapport à la séquence consensus européenne (T3), en positions 16050, 16113 et 16255. Les deux autres classes, décrites par Troy et al. (2001), se différencient de T3 par la seule transition en 16050 (T), et par deux transitions en 16050 et 16185 et une transversion en 16057 (T2). Le nouvel haplotype (AA) présente quant à lui une forte homologie avec le type T1, mais se caractérise par 4 transitions par rapport à T1, en positions 16053, 16122, 16139 et 16196 (Miretti et al., 2000).

Les autres séquences observées peuvent être représentées suivant une organisation radiale (« Median Network ») autour des haplotypes consensus, considérés comme haplotypes ancestraux, à partir desquels les différentes séquences divergent par des modifications mineures. Troy et al. (2001) ont ainsi mis en évidence 4 classes (« clusters ») de séquences, qui suivent une répartition géographique nette entre le Proche Orient et l'Europe (voir en

Figure 2.4.3 : Schéma d'organisation des haplotypes T, T1, T2 et T3 selon Troy et al. (2001) et AA selon Miretti et al. (2002b)



annexe 9) ; deux de ces classes sont équivalentes à celles décrites par Bradley et al. (1996) respectivement chez les taurins européens (centrée autour de T3) et les bovins africains (centrée autour de T1). Troy et al., (2001) observent par ailleurs que les trois classes centrées autour de T, T2 et T3 sont moyennement représentées chez les bovins d'Anatolie et du Proche Orient, et le cluster T1 plus faiblement. Les séquences consensus de ces différentes classes représentent des transitions suivant le schéma présenté en Figure 2.4.3. Ces différentes observations semblent conforter les hypothèses d'une origine Proche Orientale des bovins européens actuels, et d'une domestication séparée des bovins africains et taurins européens, dont la divergence entre T3 et T1 est le reflet. Les résultats de Miretti et al. (2002b) mettent enfin en évidence une lignée mitochondriale dérivée de la séquence africaine nettement différente des lignées précédentes, et dont l'apparition serait encore antérieure à la divergence entre T1 et T3, le nombre d'évènements de substitutions séparant T1 de AA étant plus important.

En ce qui concerne les bovins ibériques et les races Créoles, les résultats sont quant à eux plus controversés. De manière générale, la classe T3 de type européen domine chez les bovins ibériques, et aucune séquence de type indien n'y est rencontrée. Mais l'haplotype T1 d'origine africaine s'y rencontre également, en moyenne chez 22 % des bovins portugais étudiés par Cymbron et al. (1996), mais avec une fréquence plus élevée dans les races du Sud du Portugal (42 % chez la race Alentejana) et allant en décroissant vers le Nord, comme il a été précédemment observé pour l'haplotype CA2A des caséines (Beija-Pereira et al., 2003). Ces auteurs attribuent cette influence africaine à la période de la colonisation de la péninsule ibérique par les conquérants d'Afrique du Nord, et excluent deux autres hypothèses, celle la reliant à l'origine de la domestication des bovins dans la péninsule ibérique, et celle d'un apport plus récent à partir des colonies portugaises d'Afrique de l'Ouest.

Par ailleurs, des résultats récents (Miretti et al., à paraître) montrent que l'on retrouve également chez la Retinta l'haplotype AA, décrit à l'origine chez différentes populations Créoles, et l'haplotype T1 africain, avec des fréquences élevées : 37,5% et 25 % respectivement. On manque cependant de résultats sur un effectif suffisant d'autres races espagnoles.

En ce qui concerne les populations Créoles de la Caraïbe, Magee et al. (2002) observent que toutes les séquences tombent dans les catégories européennes et africaines ; seuls 26,3 % des Nelore présentaient une séquence de type indien. Le résultat le plus important apparaît la présence d'haplotypes appartenant au cluster africain chez 60 % des bovins Créoles de Guadeloupe, 7,7 % des Créoles de Sainte Lucie, et 4,8 % des Créoles d'Antigue, ainsi que 42,8 % des zébus Nelore brésiliens qu'ils ont étudiés. Cependant, la séquence consensus T1 n'est elle-même que faiblement présente dans leur échantillon (1 individu sur 78), et la séquence de type africain la plus fréquente (18 individus au total) diffère de la séquence consensus T1 par quatre substitutions.

Cette séquence « T1 atypique » n'est pas précisée par Magee et al. (2002), mais on notera que l'haplotype AA décrit par Miretti et al. (2000, 2002a) présente une différence similaire. Cet haplotype est aussi le plus fréquent dans notre propre échantillon de bovin Créole de Guadeloupe (32,1 %), et est observé dans des proportions voisines (33,3 %) dans trois races bovines locales du Brésil (Caracu, Pantaneiro, Mocho National). La fréquence plus importante citée par Magee et al. (2002) chez la population Créole de Guadeloupe pourrait être liée à un biais d'échantillonnage. On retrouve plus rarement dans notre échantillon des haplotypes différenciés de AA par une seule substitution, et des séquences rattachées à T1. En revanche les séquences de type AA sont absentes du Criollo d'Argentine et de la race Curaleiro du Brésil (Miretti et al., 2002a, 2002b). Enfin, différents haplotypes proches de la

séquence consensus européenne se retrouvent chez la plupart des individus (57,1 % des bovins Créoles de Guadeloupe).

Bien que l'influence africaine que l'on observe chez les bovins Créoles puisse provenir indirectement des premières introductions d'animaux ibériques, Magee et al. (2002) l'attribuent principalement à un apport direct de bovins d'Afrique de l'Ouest. Ils expliquent par ailleurs l'absence de l'haplotype atypique du cluster T1 en Afrique, et sa présence dans la Caraïbe, par un effet fondateur, suivant lequel une part réduite de la variabilité originelle s'est maintenue dans les populations actuelles, et se serait perdue dans les autres. On notera cependant que peu de populations africaines et ibériques ont été caractérisées à ce jour; notamment l'argumentation de Magee et al. (2002) s'appuie uniquement sur des résultats issus de six races portugaises et, pour l'Afrique de l'Ouest, des races N'Dama, Somba et White Fulani.

L'hypothèse d'une introduction directe d'animaux d'Afrique de l'Ouest pourrait expliquer la présence de l'haplotype AA chez le bovin Créole de Guadeloupe comme dans les races locales du Brésil, dans la mesure où la colonisation du Brésil comme des Antilles a transité par les colonies françaises et portugaises d'Afrique de l'Ouest (Maillard et al., 1993 ; Primo, 1992). Cependant, cet haplotype AA se retrouve également dans la race Retinta, que l'on sait avoir contribué à la constitution des races Créoles latino-américaines (Fellius, 1995). L'effet fondateur argumenté par Magee et al. (2002) paraît ainsi peu convaincant, car il serait surprenant que cet haplotype se soit répandu dans des populations distinctes latino-américaines et ibériques, mais ait disparu des populations africaines dans un temps aussi court. Mirol et al. (2003) observent également des séquences (mais d'un fragment différent) d'origine africaine chez des bovins Criollo d'Argentine et de Colombie, et l'attribuent plus probablement à une influence africaine sur le bétail ibérique.

De plus la séquence la plus fréquente du cluster T1 rencontrée chez les populations du Brésil et des Antilles, se différencie nettement des séquences actuelles observées en Afrique, ce qui semble indiquer une divergence très ancienne (#85000 ans, donc bien avant la domestication) (Miretti et al., 2002a). Il paraît ainsi concevable que l'haplotype AA soit la signature d'origines africaines anciennes, peut être à l'origine de la domestication des bovins en Espagne ou à l'époque de la colonisation nord africaine. Faute de données suffisantes, on ne peut statuer sur sa disparition éventuelle du continent africain ; mais elle pourrait alors être intervenue dans une période plus longue.

La présence de l'haplotype AA et de séquences rattachées au groupe européen T3 dans les races latino américaines actuelles traduirait ainsi l'importance de leurs origines ibériques, les influences africaines rencontrées au niveau mitochondrial ayant été transmises par les premiers bovins espagnols introduits. Des apports africains directs sont ensuite intervenus pour modifier la structure génétique de ces populations. Un fait similaire est d'ailleurs également rapporté concernant la contribution des zébus indiens à la constitution du zébu Nelore au Brésil (Meireles et al., 1999 ; Miretti et al., 2002a ; Magee et al., 2002).

Pour étayer leurs conclusions, Magee et al. (2002) font par ailleurs référence à des fréquences alléliques observées pour 4 microsatellites. Ils observent ainsi la présence d'allèles microsatellites spécifiques de zébus chez 13 à 23 % des individus des 3 populations Créoles étudiées, et d'allèles microsatellites spécifiques de taurins ouest africains uniquement chez le bovin Créole de Guadeloupe. Nos propres résultats sur les microsatellites (voir chapitres précédents), montrent également un net rapprochement avec les bovins africains. Mais ils traduisent également la contribution des races ibériques au peuplement bovin de Guadeloupe. En effet nous avons pu mettre en évidence des allèles spécifiques des races européennes ou des groupes raciaux européens pour 8 microsatellites, étudiés parmi 10 races françaises, 11

des races espagnoles et de 5 races d'Afrique de l'Ouest. Tout d'abord, on notera que les allèles spécifiques zébus et taurins africains figurent dans ces races respectives avec des fréquences particulièrement élevées. Au contraire, les allèles plus spécifiques de races taurines européennes, notamment ibériques, présentent des fréquences plus faibles y compris dans les races dont ils sont caractéristiques. Ainsi, il n'est pas étonnant de rencontrer des allèles spécifiques zébus ou taurins africains en proportion plus élevée que des allèles spécifiques de taurins européens ou ibériques.

En conclusion, il semble bien que les races taurines ibériques aient fortement contribué à la constitution de la population Créole de Guadeloupe, comme à celle des races Créoles latino américaines. Ces origines expliquent en grande partie le polymorphisme rencontré au niveau mitochondrial, montrant ainsi la contribution de la lignée maternelle d'origine ibérique. Des apports ultérieurs de bovins africains ont eu lieu directement des colonies d'Afrique de l'Ouest. Ils expliquent l'introgession du chromosome Y zébu, et d'allèles spécifiques africains et notamment d'origine zébu, dans les populations issues des bovins ibériques. Mais ces introductions africaines ont probablement concerné principalement la voie paternelle.

Bibliographie Générale de la 2^{ème} Partie.

- Acharya C.P., Pipalia D.L., Rank D.N., Joshi C.G., Solanki J.V., Shah R.R., 2002: Detection of BoLA-DRB3 gene polymorphism in Gir and Kankrej cattle using PCR-RFLP. *Indian Journal of Animal Sciences*, **72**: 680-683
- Amills M., Ramiya V., Norimine J., Lewin H.A., 1998: Le Complexe Majeur d'Histocompatibilité des ruminants. *Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epiz.*, **17**: 108-120
- Arranz J.J., Bayon Y., San Primitivo F., 1996 : Comparison of protein markers and microsatellites in differentiation of cattle populations. *Anim. Genet.*, **27** : 415-419
- Aschaffenburg R., Sen A., Thompson MP., 1968 : Genetic variants of casein in indian and african zebu cattle, *Comp. Biochem. Physiol.*, **25** : 177-184.
- Astolfi P., Pagnacco G., Guglielmino-Matessi, 1983 : Phylogenetic analysis of native Italian cattle breeds. *Z. Tierzücht. Züchtgsbiol.*, **100** : 87-100
- Baker C.M.A., Manwell C., 1980 : Chemical classification of cattle. I. Breed groups. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, **11** :127-150
- Bangham A.D., 1957 : Distribution of electrophoretically different Haemoglobins among cattle breeds of Great Britain, *Nature*, **179** : 467-468
- Bangham A.D., Blumberg B.S., 1958 : Distribution of electrophoretically different Haemoglobins among some cattle breeds of Europe and Africa, *Nature*, **181** : 1551-1552.
- Barroso A., Dunner S., Cañon J., 1999: Polimorfismo genético de las lactoproteínas de los rumiantes domesticos – Révision. *ITEA*, **95A**:143-179
- Beija-Pereira A., Erhardt G., Matos C., Gama L., Ferrand N., 2003 : Evidence for a geographical cline of casein haplotypes in Portuguese cattle breeds. *Anim. Genet.*, **33** : 295-300
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. & Bonhomme F., 1996-2002 : GENETIX 4.04, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Bhat P.N., Bhat P.P., Khan B.U., Goswami O.B., Singh B., 1980: Animal Genetic resources in India. *Proceedings of SABRAO Workshop on “Animal Genetic Resources in Asia and Oceania”*, Ed. Tropical Agriculture Research Center, Tokyo, Japan. *Nekken Shiryo*, **47**: 119-135
- Bishop S.C., Chesnais J., Stear M.J., 2002: Breeding for disease resistance: issues and opportunities. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August 19-23, 2002, Montpellier, France. Session 13: Disease Resistance, Communication 13-01
- Blott SC., Williams JL., Haley CS., 1998 : Genetic relationships among European cattle breeds, *Anim. Genet.*, **29** : 273-282.
- Bradley D.G., MacHugh D.E., Loftus R.T., Sow C.H., Hoste C.H., 1994: Zebu-taurine variation in Y chromosomal DNA: a sensitive assay for genetic introgression in West African trypanotolerant cattle populations. *Anim. Genet.*, **25**: 7-12
- Bradley D.G., MacHugh D.E., Cunningham P., Loftus R.T., 1996: Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, **93**: 5131-5135

- Braend M., 1979 : Blood groups of Nigerian cattle. Comparative aspects, Anim. Blood Grps. Biochim. Genet., **10** : 49-56.
- Britto C.M.C., Mello M.L.S., 1999: Morphological dimorphism in the Y chromosome of “Pé-Duro” cattle in the Brazilian state of Piauí. Genetics and Molecular Biology, **22**: 369-373
- Bull R.W., Lewin H.A., Wu M.C., Peterbaugh K., Antczak D., Bernoco D., Cwik S., Dam L., Davies C., Dawkins R.L., Dufty J.H., Gerlach J., Hines H.C., Lazary S., Leibold W., Leveziel H., Lie O., Lindberg P.G., Meggiolaro D., Meyer E., Oliver R., Ross M., Simon M., Spooner R.L., Stear M.J., Teale A.J., Templeton J.W., 1989 : Joint report of the Third International Bovine Lymphocyte Antigen (BoLA) Workshop, Helsinki, Finland, 27 July 1986. Anim. Genet., **20** : 109-132
- Cañon J., Alexandrino P., Bessa I., Carleos C., Carretero Y., Dunner S., Ferran N., Garcia D., Jordana J., Laloë D., Pereira A., Sanchez A., Moazami-Goudarzi K., 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. Genet. Sel. Evol., **33**: 311-332
- Cavalli-Sforza L.L., Edwards. A.W.F., 1967. Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. Evolution **32**: 550-570
- Cerioti G., Caroli A., Rizzi R., Crimella C., 2003 : Genetic relationships among taurine (*Bos taurus*) and zebu (*Bos indicus*) populations as revealed by blood groups and blood proteins, J. Anim. Breed. Genet., **120** : 57-67.
- Cornuet J.M., Piry S., Luikart G., Estoup A., Solignac M., 1999 : New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. Genetics **153**: 1989-2000
- Cymbron T., Loftus R.T., Malheiro M.I., Bradley D.G., 1999 : Mitochondrial sequence variation suggests an African influence in Portuguese cattle. Proc. R. Soc. Lond. B, **266** : 597-603
- Debus A., 1993 : Etude phylogénétique du bovin Créole de Guadeloupe à l'aide du polymorphisme biochimique, DEA Sc. Agron., ENSAIA Nancy, 34 p
- Deffontaines P., 1956 : Routes et foires à bétail en Amérique Latine. Cours de géographie pastorale de l'Amérique latine. 26 pp
- De Luca J.C., Golijow C.D., Giovambastista G., Diessler M., Dulout F.N., 1997 : Y-chromosome morphology and incidence of the 1/29 translocation in Argentine Creole bulls. Theriogenology, **47** : 761-764
- De Luca J.C., Zufriateguy L., Picco S.J., Ripoli M.V., Giovambastista G., Rojas F.V., Dulout F.N., 2002 : Incidence of 1/29 translocation in Bolivian Creole and Brahman Yacumeño cattle. Theriogenology, **58** : 1273-1281
- FAO/UNEP, 1998 : Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: measurement of domestic animal diversity (MoDAD). Recommended Microsatellite Markers. Available at :
<http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf> (E). Rome.
- FAO/UNEP, 2000 : World Watch List for domestic animal diversity. 3rd edition. Ed. Scherf B.D., Rome, Italy. 726 pp
- Felius M., 1995 : Cattle Breeds, an encyclopedia, Misset Ed., Doetinchem, Netherlands
- Felsenstein J., 2002 : PHYLIP - Phylogeny Inference Package, Version 3.6 (alpha3), July 2002, Ed. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle, USA

- Foulley J.L., Frebling J., 1985 : La translocation 1-29 chez les bovins : distribution, effets, procédure d'éradication. Bull. Tech. C.R.Z.V. Theix, INRA, **62** : 93-102
- Frebling J., Foulley J.L., Berland H.M., Popescu C.P., Cribeu E.P., Darre R., 1987 : Résultats de l'enquête sur la fréquence de la translocation 1/29 en race bovine Blonde d'Aquitaine. Bull. Tech. C.R.Z.V. Theix, INRA, **67** : 49-58
- Fresno M., Reig M., Molina P., Delgado J.V., Molina A., Darmanin N., Lorenzo M., 1998. Programa de conservacion del ganado vacuno Canario. Arch. Zootec., **47** : 565-569
- Gebicke-Härter P.J., Geldermann H., 1977 : Inheritance of amylases in blood serum of cattle. Biochemical Genetics, **15** : 59-73
- Genero E.R., Rumiano F.J.L., Moreno Millan M., 1999 : Estudio citogenetico del ganado bovino criollo argentino biotipo Patagonico. Arch. Zootec. **48** : 425-427
- Giovambattista G., Golijow C.D., Dulout F.N., Lojo M.M., 1996 : Gene frequencies of DRB3.2 locus of Argentine Creole cattle. Anim. Genet., **27** : 55-56
- Giovambattista G., Ripoli M.V., De Luca J.C., Mirol P.M., Liron J.P., Dulout F.N., 2000 : Male-mediated introgression of *Bos indicus* genes into Argentine and Bolivian Creole cattle breeds. Anim. Genet., **31** : 302-305
- Giovambattista G., Ripoli M.V., Peral-Garcia P., Bouzat J.L., 2001 : Indigenous domestic breeds as reservoirs of genetic diversity : the Argentinian Creole cattle. Anim. Genet., **32** : 240-247
- Gonzalez P., Tunon MJ., Vallejo M., 1987 : Genetic relationships between seven spanish breeds of cattle, Anim. Genet., **18** : 249-256.
- Goudet J., 2001 : FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Available from : <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.htm>. Updated from Goudet J., 1995 : FSTAT (vers. 1.2) : a computer program to calculate F-statistics. J. Hered., **86** : 485-486
- Granado A., Berovides V., Ronda R., 1974. Aportes al estudio sobre el origen del ganado criollo. Rvta Cub. Cienc. Vet., **5** : 15-22
- Grosclaude F., Mahé M.F., Mercier J.C., 1974 : Comparaison du polymorphisme génétique des lactoprotéines du zébu et des bovins, Ann. Génét. Sélec. Anim, **6** : 305-329.
- Grosclaude F., Guérin G., Houlier G., 1979 : The genetic map of the B system of cattle blood groups as observed in French breeds. Anim. Blood Groups Biochem. Genet., **10** : 199-212
- Grosclaude F., 1988 : Le polymorphisme génétique des principales lactoprotéines bovines, INRA Prod. Anim., **1** : 5-17.
- Grosclaude F., Aupetit R., Lefebvre J., Mériaux J.C., 1990 : Essai d'analyse des relations génétiques entre les races bovines françaises à l'aide du polymorphisme biochimique. Genet. Sel. Evol., **22** : 317-338
- Hanotte O., Bradley D.G., Ochieng J.W., Verjee Y., Hill E.W., Rege J.E.O., 2002 : African pastoralism : Genetic imprints of origins and migrations. Science, **296** : 336-339
- Hernandez MH., Granado A., Perez-Beato Y., 1983 : Polimorfismo de seis sistemas sanguíneos y cinco lacteos en vacas de la raza Criollo de Cuba, Rev. Cub. Cienc. Vét., **14** : 253-260.
- ISAG, 2003 : Guidelines for the conduct of comparison tests : Recommended species panels for identity and parentage analysis. Available at : <http://www.isag.org.uk/comparison.htm>.

- Jeanpierre M., 1987 : a rapid method for purification of DNA from blood. *Nucl. Acid Res.*, **15** :9611
- Jordana J., Piedrafita J., Carre X., Martell A., 1999 : Conservation genetics of an endangered catalonian cattle breeds (“Alberes”). *Genetics and Molecular Biology*, **22** : 387-394
- Jordana J., Alexandrino P., Beja-Pereira A., Bessa I., Cañon J., Carretero Y., Dunner S., Laloë D., Moazami-Goudarzi K., Sanchez A., Ferrand N., 2003 : Genetic structure of eighteen local south European beef cattle breeds by comparative F-statistics analysis. *J. Anim. Breed. Genet.*, **120** : 73-87
- Kantanen J., Olsaker I., Holm L.-E., Lien S., Vilkki J., Brusgaard K., Eythorsdottir E., Danell B., Adalsteinsson S., 2000 : Genetic diversity and population structure of 20 north European cattle breeds. *J Hered*, **91**: 446-457.
- Kemenes PA, Regitano LC., Rosa AJ., Packer IU., Razook AG., Figueiredo LA., Silva NA., Etchegaray MA., Coutinho LL., 1999 : K-Casein, B-Lactoglobulin and Growth hormone allele frequencies and genetic distances in Nelore, Gyr, Guzera, Caracu, Charolais, Canchim and Santa Gertrudis cattle, *Genet. Mol. Biol.*, **22** : 539-541.
- Kemp S.J., Spooner R.L., Teale A.J., 1988 : A comparative study of major histocompatibility complex antigens in East African and European cattle breeds. *Anim. Genet.*, **19** : 17-29
- Khanna ND., Singh H., 1971 : Studies on L and M blood group systems in eight Indian cattle breeds, *Indian J. Anim. Sci.*, **41** : 222-225.
- Kidd K., Stone W., Crimella C., Carenzi C., Casati M., Rognoni G., 1980 : Immunogenetics and population genetics analysis of Iberian cattle. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, **11** : 21-38
- Kim K.S., Yeo J.S., Choi C.B., 2002 : Genetic diversity of north-east Asian cattle based on microsatellite data. *Anim. Genet.*, **33** : 201-204
- Laloë D., Moazami-Goudarzi K., Chessel D., 2002 : Contribution of individual markers to the analysis of the relationships among breeds by correspondence analysis. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France. Session 26: Management of genetic diversity. Communication n° 26-06
- Lara M.A.C., Sereno J.R., de Abreu U.G.P., Sereno F.T.P.S., Contel E.P.B., 2001: Estudio preliminar de relaciones genéticas entre razas naturalizadas brasileñas, cebuinas y europeas. *Arch. Zootec.*, **50**: 165-170
- Larsen B., Gruchy C.L., Moustgaard J., 1974 : Studies on blood groups and polymorphic protein systems in Jersey cattle on the Isle of Jersey, *Acta Agriculturae Scandinavica*, **24** : 99-110.
- Larson A., Wake D.B., Yanev K.P., 1984 : Measuring gene flow among populations having high levels of genetic fragmentation. *Genetics*, **106** : 293-308
- Lauvergne J.J., Renieri C., Silvestrelli M., Valfré F., 1989 : Genetic analysis of cattle coat color from crossbreds with Swiss Brown. *J. Anim. Breed. Genet.*, **106** :389-397
- Lauvergne J.J., Souvenir Zafindrajaona P., 1992 : Comparaison de deux populations de Zébu Malgache par les distances génétiques biométriques. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **45** : 167-174
- Leveziel H., Méténier L., Mahé M.F., Choplain J., Furet J.P., Paboeuf G., Mercier J.C., Grosclaude F., 1988 : Identification of the two common alleles of the bovine κ -casein locus by the RFLP technique, using the enzyme HindIII. *Genet. Sel. Evol.*, **20** : 247-254

- Leveziel H., Rodellar C., Leroux C., Pepin L., Grohs C., Vaiman D., Mahé M.F., Martin P., Grosclaude F., 1994 : A microsatellite within the bovine κ -casein gene reveals a polymorphism correlating strongly with polymorphisms previously described at the protein as well as the DNA level. *Anim. Genet.*, **25** : 223-228
- Loftus R.T., MacHugh D.E., Ngere L.O., Balain D.S., Badi A.M., Bradley D.G., Cunningham E.P., 1994a : Mitochondrial genetic variation in European, African and Indian cattle populations. *Anim. Genet.*, **25** : 265-271
- Loftus R.T., MacHugh D.E., Bradley D.G., Sharp P.M., Cunningham P., 1994b : Evidence for two independent domestications of cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, **91** : 2757-2761
- MacHugh D.E., Loftus R.T., Bradley D.G., Sharp P.M., Cunningham P., 1994 : Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proc. R. Soc. Lond. B.*, **256** : 25-31
- MacHugh D.E., Shriver M.D., Loftus R.T., Cunningham P., Bradley D.G., 1997 : Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurine and zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics*, **146** : 1071-1086
- MacHugh D.E., Loftus R.T., Cunningham P., Bradley D.G., 1998 : Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Anim. Genet.*, **29** : 333-340
- Mackinnon M.J., Hetzel D.J.S., Taylor J.F., 1989 : Genetic and environmental effects on the fertility of beef cattle in a tropical environment. *Aust. J. Agric. Res.*, **40** : 1085-1097
- Madriz M.L., Muñoz G., 1991 : Analisis cromosómico del ganado criollo venezolano. *Acta Científica Venezolana*, **42** : 266-269
- Magee D.A., Meghen C., Harrison S., Troy C.S., Cymbron T., Gaillard C., Morrow A., Maillard J.C., Bradley D.G., 2002 : A partial african ancestry for the Creole cattle populations of the Caribbean. *J. Hered.*, **93** : 429-432
- Mahé M.F., Grosclaude F., 1993 : Polymorphism of β -Cn in the creole goat of Guadeloupe : evidence for a null allele. *Genet. Sel. Evol.*, **25** : 403-408
- Mahé M.F., Miranda G., Queval R., Bado A., Souvenir Zafindrajaona P., Grosclaude F., 1999 : Genetic polymorphism of milk proteins in African *Bos taurus* and *Bos indicus* populations. Characterization of variants alphaS1-CnH and Kappa-CnJ. *Genet. Sel. Evol.*, **31** : 239-253.
- Maillard J.C., Kemp S.J., Leveziel H., Teale A.J., Queval R., 1989. Le complexe majeur d'histocompatibilité de bovins ouest africains. Typages d'antigènes lymphocytaires (BoLA) de taurins Baoulé (*Bos taurus*) et de zébus Soudaniens (*Bos indicus*) du Burkina Faso (Afrique Occidentale). *Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **42** : 275-281
- Maillard J.C., Kemp S.J., Naves M., Palin C., Demangel C., Accipe A., Maillard N., Bensaid A., 1993 : An attempt to correlate cattle breed origins and diseases associated with or transmitted by the tick *Amblyomma variegatum* in the French West Indies. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **46** : 283-290
- Maillard J.C., Maillard N., 1998 : Historique du peuplement bovin et de l'introduction de la tique *Amblyomma variegatum* dans les îles françaises des Antilles : synthèse bibliographique. *Ethnozootechnie*, **61** : 19-36
- Manwell C., Baker C.M.A., 1980 : Chemical classification of cattle. II. Phylogenetic tree and specific status of the Zebu. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, **11** : 151-162
- Martin-Burriel I., Garcia-Muro E., Zaragoza P., 1999 : Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.*, **30** : 177-182

- Martinez R.D., Giovambattista G., Ripoli M.V., De Luca J.C., Dulout F.N., 2003 : Patagonian Argentine Creole cattle polymorphism : comparison with North-West populations of this breed. *Research in Veterinary Science*, **74** : 287-290
- Maudet C., Luikart G., Taberlet P., 2002 : Genetic diversity and assignment test among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. *J. Anim. Sci.*, **80** : 942-950
- Medjugorac I., Kustermann W., Lazar P., Russ I., Pirchner F., 1994 : Marker-derived phylogeny of European cattle supports demic expansion of agriculture. *Anim. Genet.*, **25** (supplement 1) : 19-27
- Meireles F.V., Rosa A.J.M., Lôbo R.B., Garcia J.M., Smith L., Duarte F.A.M., 1999 : Is the american zebu really *Bos indicus* ? *Genetics and Molecular Biology*, **22** : 543-546
- Miller W.J., , 1966 : Blood groups in Longhorn cattle, *Genetics*, **54** : 391-404.
- Miretti M.M., Pereira H.A., Ferro J.A., Contel E.P.B., Lara M.A., Poli M.A., Naves M.J., 2000. Mitochondrial D-loop nucleotide sequence variation in central and south american creole cattle breeds. 27th International Conference on Animal Genetics, Minneapolis (USA), July 22-26, 2000
- Miretti M.M., Ferro J.A., Lara M.A., Contel E.P.B., 2001. Restriction fragment length polymorphism (RFLP) in exon 2 of the BoLA-DRB3 gene in South American cattle. *Biochemical Genetics*, **39** : 311-324
- Miretti M.M., Pereira H.A., Poli M.A., Contel E.P.B., Ferro J.A., 2002a : African derived mitochondrial in South american native cattle breeds (*Bos taurus*) : evidence of a new taurine mitochondrial lineage. *J. Hered.*, **93** : 323-330
- Miretti, MM; Poli, M; Martínez, G; Naves, M; Reynoso, G; Womack, J; de Carvalho, JH; Ferro, JA; Contel, EPB, 2002b. Origin and distribution of mitochondrial haplotypes in american native cattle breeds (*Bos taurus*): phylogenetic network analysis. 48o Congresso Nacional de Genética. Aguas de Lindoia, SP (Brésil), 17 - 20 de setembro de 2002, 57
- Mirol P.M., Giovambattista G., Liron J.P., Dulout F.N., 2003: African and European mitochondrial haplotypes in South American Creole cattle. *Heredity*, **91**: 248-254
- Mitat J., , 1971 : Estado actual de las investigaciones de los marcadores genéticos y sus aplicaciones zootécnicas en Cuba, *Rev. Cub. Cienc. Vét.*, **2** : 7-14.
- Moazami Goudarzi K., Laloë D., Furet J.P., Grosclaude F., 1997 : Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Anim. Genet.*, **28** : 338-345
- Moazami-Goudarzi K., Belemsaga D.M.A., Ceriotti G., Laloë D., Fagbohoun F., Kouagou N'T, Sidibé I., Codjia V., Crimella M.C., Grosclaude G., Touré S.M., 2001 : Caractérisation de la race bovine Somba à l'aide de marqueurs moléculaires. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **54** : 129-138
- Moazami Goudarzi K., Laloë D., 2002: Is a multivariate consensus representation of genetic relationship among populations always meaningful ? *Genetics*, **162**: 473-484
- Mortari N., , 1991 : Blood types in Gyr cattle raised in Brasil, *Anim. Genet.*, **22 (s1)** : 9-10.
- Muñoz M.G., Ocanto D., Madriz M.L., Medina R., Vera O., 1994 : Incidence of 1/29 translocation in venezuelan creole bulls. *Theriogenology*, **41** : 379-382
- Muñoz M.G., Ocanto D., Medina R., Duraes M.I., 1995 : Incidence of 1/29 translocation in venezuelan creole pure and crossbred cows used in reproductive programs. *Theriogenology*, **43** : 1055-1060
- Naik S.N., 1978 : Origin and domestication of Zebu cattle (*Bos indicus*). *J. Hum. Evol.*, **7** : 23-30

- Namikawa T., Ito S., Amano T., 1984 : Genetic relationships and phylmogeny if East and Southeast Asian cattle : genetic distance and principal component analyses. *Z. Tierzücht. Züchtgsbiol.*, **101** : 17-32
- Naves M., Maillard J.C., Debus A., Houlier G., Leveziel H., Cribiu E., Mahe M.F., 1993. Etude du polymorphisme biochimique du bovin Créole de Guadeloupe. Colloque BRG/INRA "Ressources génétiques animales et végétales. Méthodologies d'étude et de gestion", Montpellier, France, 28-30 septembre 1993, 73.
- Nei, M., 1977 : F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Ann. Hum. Genet., Lond.*, **41** : 225-233
- Nei M., 1978 : Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, **89** : 583-590
- Nei M., 1987 : *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York, USA, 510 pp
- Nortier C.L., Els J.F., Kotze A., Van der Bank F.H., 2002 : Genetic diversity of indigenous sanga cattle in Namibia using microsatellite markers. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France, n° 26-07
- Osta R., Zaragoza P., Rodellar C., Martin I., Marcos S., Zarazaga I., 1994 : Tipificacion rapida mediante PCR/RFLPs de variantes genética de lactoproteinas en siete poblaciones espanolas de ganado vacuno. *ITEA*, **90A** : 38-57.
- Page, R. D. M. 1996. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* **12**: 357-358
- Pascual C., Perez Beato O., 1985 : Caracterizacion del cebu cubano en la region occidental de Cuba mediante el polimorfismo genético bioquimico, *Rev. Cub. Cienc. Vét.*, **16** : 285-291.
- Payne W.J.A., Hodges J., 1997. *Tropical Cattle. Origins, breeds and breeding policies*. Blackwell Sciences Ed., Oxford, England, 328 pp
- Petit J.P., , 1968 : Détermination de la nature des hémoglobines chez 982 bovins africains et malgaches (taurins et zébus) par électrophorèse sur acétate de cellulose, *Rev. Elev. Méd vét. Pays trop.*, **21** : 405-413.
- Pitel F., Riquet J., 2000 : Les marqueurs anonymes et la détection de leur polymorphisme. *INRA Prod. Anim.*, n° hors série 'Génétique Moléculaire : principes et application aux populations animales', 45-53
- Poli M., Antonini A.G., 1991 : Genetic structure of milk proteins in Argentinian Holstein and Argentinian Creole cattle, *Hereditas*, **115** : 177-182.
- Popescu C.P., Gauthier D., Tambasco A.J., 1987 : Etude cytogénétique des bovins Créoles élevés en Guadeloupe. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **40** : 89-91
- Popescu C.P., Pech A., 1991 : Une bibliographie sur la translocation 1/29 de bovins dans le monde (1964-1990). *Ann. Zootech.* **40** : 271-305
- Postiglioni A., Llambi S., Gagliardi R., de Bethencourt M., 1996 : Genetic characterisation of Uruguayan Creole cattle. *Arch. Zootec.*, **45** : 209-213
- Prasad SK., Nair PG., 1982 : Immunogenetic profile of some erythrocyte antigens in cattle, *Indian J. Exp. Biol.*, **20** : 805-807.
- Prasad SK., Nair PG., 1983 : Immunogenetic profile of some erythrocyte antigens in cattle: part II. Genetic architecture of complex blood groups of indian cattle, *Indian J. Exp. Biol.*, **21** : 168-172.

- Primo A.T., 1990 : A South American Report, with special reference to Criollo cattle. In : Genetic conservation of domestic livestock. Ed. L. Alderson, Bristol, England,
- Primo A.T., 1992 : El ganado bovino ibérico en las Americas : 500 años despues. Arch. Zootec., **41** : 421-432
- Queval R., Petit J.P., 1982 : Polymorphisme biochimique de l'hémoglobine de populations bovines trypanosensibles, trypanotolérantes et de leur croisement dans l'Ouest africain. Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop., **35** : 137-146
- Queval R., Bambara L., 1984 : Le polymorphisme de l'albumine dans la race Baoulé et une population de zébu de type soudanien. Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., **37** (n° spécial) : 288-296
- Queval R., Moazami-Goudarzi K., Laloë D., Mériaux J.C., Grosclaude F., 1998 : Relations génétiques entre populations de taurins ou zébus d'Afrique de l'Ouest et taurins européens. Genet. Sel. Evol., **30** : 367-383
- Ramirez G., Miller W.J., Bittle P.A., Hidalgo A., Santacruz R., Colice G., 1992 : Blood types in cattle of Iberian ancestry and in Hosteins at various altitudes, Am. J. Vet. Res., **53** : 1248-1252
- Raymond M., Rousset F., 1995 : GENEPOP (version 1.2) : population genetics software for exact tests and ecumeniscism. J. Heredity, **86** : 248-249
- Rangel-Figueiredo T., Iannuzi L., 1993 : Frequency and distribution of rob(1 ;29) in three Portuguese cattle breeds. Hereditas, **119** : 233-237.
- Rege, J.E.O., 1999 : The state of African cattle genetic resources. I. Classification framework and identification of threatened and extinct breeds. AGRI, **25** :1-25
- Rege, J.E.O., Tawah C.L., 1999 : The state of African cattle genetic resources. II. Geographical distribution, characteristics and uses of present-day breeds and strains. AGRI, **26** : 1-25
- Reynolds J., Weir B.S., Cockerham C.C., 1983 : Estimation of co-ancestry coefficient : basis for short-term genetic distance. Genetics, **105** : 767-779
- Rincon G., D'Angelo M., Gagliardi R., Kelly L., Llambi S., Postiglioni, 2000 : Genomic polymorphism in Uruguayan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers. Research in Veterinary Science, **69** : 171-174
- Robertson A., Hill W.G., 1984 : Deviations from Hardy Weinberg proportions : sampling variances and use in estimation of inbreeding coefficients. Genetics, **107** : 703-718<
- Rodero A., Delgado J.V., Rodero E., 1992 : Primitive andalusian livestock and their implications in the discovery of America. Arch. Zootec. **41** (extra) : 383-400
- Rodriguez A., Mitat J., 1972 : Estudio comparativo de las frecuencias génicas en cinco sistemas de grupos sanguíneos entre bovinos Cebu, Santa Gertrudis y Criollo, Rev. Cub. Cienc. Vét., **3** : 155-157.
- Rouse J.E., 1977 : The Criollo : Spanish cattle in the Americas. University of Ocklahoma Press. Normann, Ocklahoma, USA, 303 pp
- Rousset F. et Raymond M., 1995 : Testing heterozygote excess and deficiency. Genetics, **140** : 1413-1419
- Russel N.D., Rios J., Erosa G., Remmenga M.D., Hawkins D.E., 2000 : Genetic differentiation among geographically isolated populations of Criollo cattle and their divergence from other *Bos taurus* breeds. J. Anim. Sci., **78** : 2314 – 2322

- Sancristobal-Gaudy M., Renand G., Amigues Y., Boscher M.Y., Leveziel H., Bibé B., 2000. Traçabilité individuelle des viandes bovines à l'aide de marqueurs génétiques. *INRA Prod. Anim.*, **13** : 269-276
- Sancristobal M., Chevalet C., Foulley J.L., Ollivier L., 2003 : Some methods for analysing genetic marker data in a biodiversity setting – Example of the PigBioDiv data. *Arch. Zootec.* **52** : 173-183
- Schifferli C.A., Bonelli A.M., Wevar C., Scilingo A.M., Arruga M.V., 2003 : Presumptive 1/29 Robertsonian translocation observed in the Argentinean Creole cattle breed. *Anim. Res.*, **52** : 119-123
- Silva I.V., Del Lama M.A., 1997 : Milk protein polymorphisms in Brazilian Zebu cattle, *Brazil. J. Genet.*, **20** : 625-630.
- Singh H., Bhat PN, 1980a : Genetic studies on albumin polymorphism in the blood of Indian cattle, *Indian J. Anim. Sci.*, **50** : 224-233.
- Singh H., Bhat PN, 1980b : Genetic studies on serum transferrin polymorphism in the blood of Indian cattle, *Indian J. Anim. Sci.*, **50** : 297-310.
- Singh H., Bhat PN, 1980c : Studies on haemoglobin polymorphism in the blood of indigenous cattle, *Indian J. Anim. Sci.*, **50** : 459-467
- Singh H., Bhat P.N., 1980d : B-lactoglobulin polymorphism in indigenous cattle, *Indian J. Anim. Sci.*, **50** : 932-937.
- Singh H., Bhat P.N., 1981a : B-casein polymorphism in indigenous cattle. *Indian J. Anim. Sci.*, **51** : 11-16.
- Singh H., Bhat PN, 1981b : Current status of blood groups and biochemical polymorphism studies in zebu cattle, *Indian Journal of Animal Genetics and Breeding*, **3** : 8-24.
- Singh H., Bhat P.N., 1981c : Phylogenetic relationship between Indian cattle breeds. *Indian J. Anim. Sci.*, **51** : 691-697
- Singh H., Bhat P.N., Singh R., 1981 : Gene differentiation in Indian cattle. *Indian J. Anim. Sci.*, **51** : 267-270
- Slatkin M., Barton N.H., 1989 : A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. *Evolution*, **43** : 1249-1368
- Soares M., Gomes R., Leite, F.G., 1982 : Haemoglobin polymorphism in Brazilian Nelore cattle, *Rev. Brasil. Genet.*, **V** : 345-352.
- Souvenir Zafindrajaona P., Lauvergne J.J., 1993 : Comparaison de populations de zébu malgache à l'aide des distances génétiques. *Genet. Sel. Evol.*, **25** : 373-395
- Souvenir Zafindrajaona P., Zeuh V., Moazami-Goudarzi K., Laloë D., Bourzat D., Idriss A., Grosclaude F., 1999 : Etude du statut phylogénétique du bovin Kouri du lac Tchad à l'aide de marqueurs moléculaires. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **52** : 155-162
- Sponenberg D.P., Olson T.A., 1992 : Colonial Spanish cattle in the USA : History and present status. *Arch. Zootec.* **41 (extra)** : 401-414
- Spooner R.L., Leveziel H., Hoste C., Queval R., 1987 : Studies on the Major Histocompatibility Complex of indigenous cattle in the Ivory Coast. *Veterinary Immunology and Immunopathology*, **15** : 377-384
- Stear M.J., Brown S.C., Dimmock C.K., Dufty J.H., Hetzel D.J.S., Mackie J.T., Nicholas F.W., Tierney T.J., Wetherall J.D., 1987 : Breed differences in the frequency of bovine lymphocyte antigens. *Exp. Clin. Immunogenet.*, **4** : 27-36

- Suzuki S., Amano T., 1973 : Serological observations on Brazilian zebu cattle, *Anim. Blood Grps. Biochim. Genet.*, **4** : 233-235.
- Suzuki R., Kemp S.J., Teale A.J., 1993 : Polymerase chain reaction analysis of mitochondrial DNA polymorphism in N'Dama and Zebu cattle. *Anim. Genet.*, **24** : 339-343
- Theodoro Caminhas MM., Bortolozzi J., Chamma OJ., Curi PR., 1992 : Grupos sanguíneos de bovinos, *Pesq. Agropec. Bras.*, **27** : 1195-1200.
- Thioulouse J., Chessel D., Dolédec S., Olivier J.M., 1997 : ADE-4 : a multiariate analysis and graphical display software. *Statistics and Computing*, **7** : 75-83
- Troy C.S., MacHugh D.E., Bailey J.F., Magee D.A., Loftus R.T., Cunningham P., Chamberlain A.T., Sykes B.C., Bradley D.G., 2001 : Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, **410** : 1088-1090
- Uffo O., Martinez S., Martin-Burriel I., Osta R., Zaragoza P., 2002 : Caracterización genética de una población de ganado criollo de Cuba mediante análisis de microsatélites del ADN.
- Vaiman D., Mercier D., Moazami-Goudarzi K., Eggen A., Ciampolini R., Lépingle A., Velmala R., Kaukinen J., Varvio S.L., Martin P., Levéziel H., Guérin G., 1994 : A set of 99 cattle microsatellites : characterization, synteny mapping and polymorphism. *Mammalian Genome*, **5** : 288-297
- Vallejo M., Iglesias A., Sanchez Garcia L., Gonzalez P., Tuñon MJ., 1990 : Variabilidad genética y relaciones filogenéticas de trece razas bovinas autoctonas españolas, *Arch. Zootec.*, **39** : 197-210.
- Vera O., Duraes M.I., Medina R., Ocanto D., Muñoz G., 2002 : La translocación robertsoniana 1/29 en bovinos criollos y mestizos venezolanos. *Arch. Zootec.*, **51** : 335-340
- Verma N.K. et Prasad S.K., 1991 : Bovine lymphocyte antigens (BoLA) of Indian and its exotic crossbred cattle. *Indian Journal of Animal Sciences*. **61** : 363-367
- Vissac B., 1966 : Recherches sur les possibilités d'emploi de la barymétrie chez les bovins. *Ann. Zootech.*, **15** : 15-45
- Weir B.S., Cockerham C.C., 1984 : Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, **38** : 1358-1370
- Weir B.S., 2002 : Genetic distances and population histories : traps and bootstraps. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France. Session 26: Management of genetic diversity. Communication n° 26-01
- Wilkins J.V., 1984 : Criollo cattle of the Americas. *Animal Genetic Resources Information*, **1/84** : 1-19
- Williams J., 2002: CaDBase – Genetic Diversity in Cattle. Available at: <http://www.projects.roslin.ac.uk/cdiv/object.html>. Edinburgh
- Wright S., 1965 : Interpretation of population structure by F-statistics with special regard to system of mating. *Evolution*, **19** : 395-420
- Zamorano M.J., Género E.R., Rodero A., Vega-Pla J.L., Rumiano F.J., 1998 : Caracterización genética de ganado bovino criollo argentino utilizando microsatélites. *Arch. Zootec.*, **47** : 273-277

Troisième Partie :
Facteurs de variations des aptitudes
zootechniques et variabilité génétique des
performances des bovins Créoles de
Guadeloupe.

Facteurs de variations des aptitudes zootechniques et variabilité génétique des performances des bovins Créoles de Guadeloupe.

L'élevage bovin en Guadeloupe s'appuie sur l'exploitation d'une population locale dénommée Créole. Elle présente des caractéristiques propres, liées à ses origines et au métissage important ayant eu lieu au cours de l'histoire de la colonisation. Ainsi, elle combine des caractéristiques des populations Créoles d'origine ibérique et de bovins d'Afrique de l'Ouest, principalement de zébus. Les mélanges, les processus de sélection naturelle, les pratiques d'élevage et les orientations des éleveurs ont forgé une population originale.

Longtemps utilisé pour la traction animale, le bovin Créole est actuellement exploité suivant un mode allaitant pour la production de viande en race pure ou en croisement, avec une alimentation basée sur l'utilisation de ressources fourragères locales. Dans la première partie, une description complète des divers types d'exploitation et des systèmes d'élevage bovin existant en Guadeloupe a été effectuée. Elle a permis de préciser les orientations suivies par les éleveurs en terme de renouvellement et de gestion des effectifs. Cette description des systèmes d'élevage donne des pistes en terme d'amélioration génétique du cheptel local.

Initié d'après les références acquises par les organismes de recherche, un schéma de sélection du bovin Créole a été élaboré en commun par les professionnels et les chercheurs (Naves et Shitalou 1996). Les enjeux de ce programme génétique sont, d'une part de maintenir cette population, afin de la pérenniser comme race pure et support de croisements ; d'autre part d'augmenter le niveau de ses performances de croissance et de ses aptitudes bouchères, pour améliorer sa valorisation sur le marché de la viande bovine locale, tout en conservant ses aptitudes maternelles et ses qualités d'adaptation.

L'objectif de cette 3^{ème} partie est d'une part d'aborder de manière descriptive les performances qui concourent à la productivité de l'élevage du bovin Créole de Guadeloupe, et leurs facteurs de variations en zone tropicale humide. D'autre part, elle vise à étudier la variabilité génétique existant au sein de la population Créole afin de déterminer les critères à prendre en compte dans le schéma de sélection.

La production animale est gouvernée par un ensemble de fonctions complexes dans lesquelles interviennent un grand nombre de facteurs. Cet ensemble de facteurs peut être résumé par l'action conjointe et les interactions entre génotype et milieu. Ces deux composantes se combinent au sein d'un système d'élevage pour aboutir à une production. Ce modèle est relativement simple, mais sa traduction est difficile en ce qui concerne les systèmes d'élevage en zone tropicale (Ménissier et Frisch, 1992).

Le ratio output/input est une mesure courante pour évaluer l'efficacité de n'importe quelle activité productive. L'élevage ne fait pas exception. La difficulté consiste en l'identification des caractères et des fonctions les plus importants pour les systèmes d'élevage tropicaux. L'objectif principal est d'augmenter la productivité animale en utilisant au mieux le potentiel disponible, dans une approche globale du fonctionnement des systèmes d'élevage.

Pour un système de production de viande, l'objectif principal peut être résumé par :

$$\text{Productivité (output)} = f(\text{nombre d'animaux, poids vif individuel})$$

La difficulté réside dans le fait que les composantes de cette fonction dépendent d'un ensemble d'autres fonctions. Une première approche est la division du système d'élevage dans un '*modèle allaitant*' qui comprend toutes les étapes jusqu'au sevrage, et un '*modèle croissance*', jusqu'au début de la reproduction ou jusqu'à l'abattage. Le bon équilibre entre ces deux composantes reste l'objectif pour trouver la charge d'animaux à l'hectare optimum.

Dans *le modèle allaitant*, les performances du couple mère - jeune induisent un coût important mais indispensable pour tout le système. La valeur commerciale de la femelle de réforme et le nombre de descendants produits constituent les principales recettes.

Par ailleurs, quelques tendances générales sont à souligner :

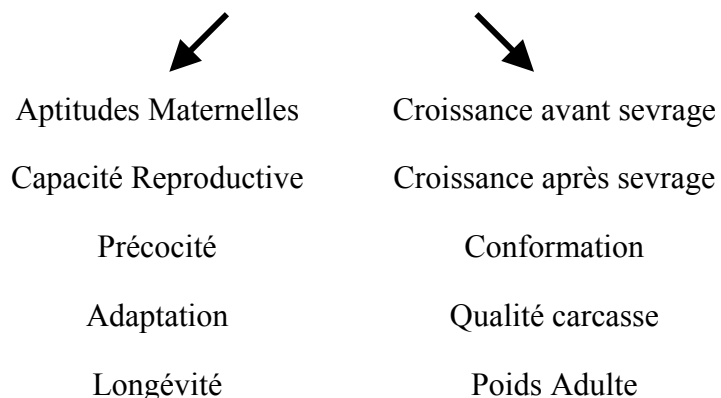
- *la précocité et la longévité*, résumant le déroulement de la carrière reproductrice, peuvent contribuer de façon non négligeable à la réduction des coûts des composantes de l'input ;
- *la capacité reproductrice* des femelles ainsi que les qualités maternelles composent les éléments déterminants de l'output. Le potentiel de *croissance des descendants* est aussi important ;
- *Les aptitudes d'adaptation*, particulièrement au milieu tropical et aux pathologies qui lui sont propres, ont des conséquences très importantes aussi bien sur les coûts de production que sur le niveau de productivité.

Ces quatre grandes fonctions liées à l'animal : *les qualités d'adaptation, le déroulement de la carrière reproductrice, la capacité reproductrice* et *la croissance des descendants* correspondent aux grandes lignes de recherche qui seront étudiées ici. En particulier, les principaux facteurs de variation et la variabilité génétique de caractères du modèle allaitant seront présentés.

Le *modèle de croissance* est a priori plus simple à aborder. Il est toutefois nécessaire d'évaluer ses composantes ainsi que leurs relations avec celles du modèle allaitant.

La fonction de productivité peut dès lors se décomposer comme suit :

$$\text{Productivité (output)} = f (\text{nombre d'animaux, poids vif individuel})$$



Nous considérerons donc la productivité totale comme une fonction de la productivité numérique et de la productivité pondérale, dont les composantes sont assez mal connues en zone tropicale. Ces différentes composantes seront étudiées successivement dans le cadre de cette 3^{ème} partie.

Chapitre 1 : Méthodologie d'étude des aptitudes zootechniques.

L'essentiel des données exploitées dans cette partie ont été acquises au Domaine expérimental INRA de Gardel, situé en Grande Terre, en zone sèche et calcaire. Le Domaine est constitué de 60 hectares de prairies, en majorité sous forme de savanes naturelles à base de *Dichanthium annulatum*, mais également de prairies plantées en *Digitaria decumbens*, et exploitées au pâturage ou en fauche. Le troupeau de bovins a été constitué à partir de 1970, par l'achat d'animaux Créoles dans des élevages familiaux répartis dans cette région traditionnelle d'élevage bovin en Guadeloupe. Le troupeau est constitué d'environ une centaine de vaches Créoles, mises en reproduction principalement en monte naturelle avec des taureaux Créoles en provenance des élevages privés, ou nés sur le Domaine. Les données zootechniques analysées ont été collectées sur les cohortes d'animaux nés entre 1981 et 2000.

1.1. Conduite du troupeau.

Les opérations de gestion technique d'élevage et les contrôles zootechniques menés en routine ou dans un cadre expérimental sont notés quotidiennement sur des documents d'élevage (plannings, agendas, registres). La présentation ci dessous résume dans les grandes lignes la conduite du troupeau bovin allaitant du Domaine de Gardel.

1.1.1. Milieu d'élevage.

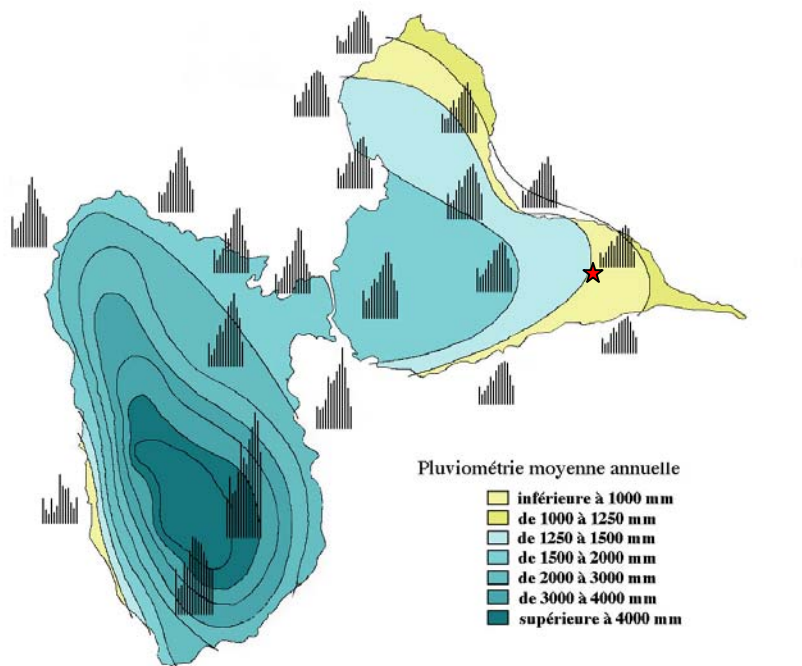
Le Domaine de Gardel est situé en Grande Terre, par 16°N et 61°W, en zone sèche de la Guadeloupe, sur des terrains de types vertisols caractéristiques de la région (Figure 3.1.1). Le climat de la zone est de type tropical humide, mais avec une forte saisonnalité. La figure 3.1.2. présente la moyenne des enregistrements climatiques dans la région de Gardel sur la période 1981 à 2000. La pluviométrie annuelle est de l'ordre de 1300 mm par an, mais principalement répartie sur une période humide de 5 mois, entre août et décembre (125 à 175 mm par mois). La température est assez régulière durant l'année, autour de 26°C en moyenne, avec une amplitude de 6°C environ durant la journée, et de 3°C entre les périodes fraîches et chaudes. Les températures minimales et maximales varient respectivement de 22°C et 28°C en janvier à 25°C et 31°C en août. L'humidité relative est élevée toute l'année et supérieure à 75 %. La durée de la période claire du nyctémère varie faiblement, de 11 h en décembre à 13 h en juin. Malgré des variations inter-annuelles importantes, deux saisons principales peuvent être définies : une saison fraîche et sèche de décembre à mai, et une période chaude et humide de juin à novembre. Des années particulièrement sèches ont été notées en 1983, 1990, 1991, 1994, 1997 et 2000, alors que les années 1988, 1992, 1993, 1996 ont été plus humides.

1.1.2. Conduite de l'alimentation.

Le troupeau est scindé en différents lots de femelles allaitantes. Ces lots sont conduits le plus souvent au pâturage en plein air intégral, sur deux types de prairies, caractéristiques des pâturages exploités dans la région (Salas et al., 1986a). Il s'agit d'une part de savanes naturelles à Petit Foin (*Dichanthium annulatum*), peuplement végétal plurispécifique typique de la Grande Terre (Fournet et al., 1986 ; Manteaux et al., 1991). D'autre part, des prairies artificielles ont été plantées en Pangola (*Digitaria decumbens*), une graminée tropicale productive dont l'implantation a été préconisée en Guadeloupe pour développer l'élevage (Chenost, 1971).

Figure 3.1.1. Localisation du Domaine de Gardel (★) en Grande Terre (Guadeloupe)

a. Carte des isohyètes



b. Carte des sols

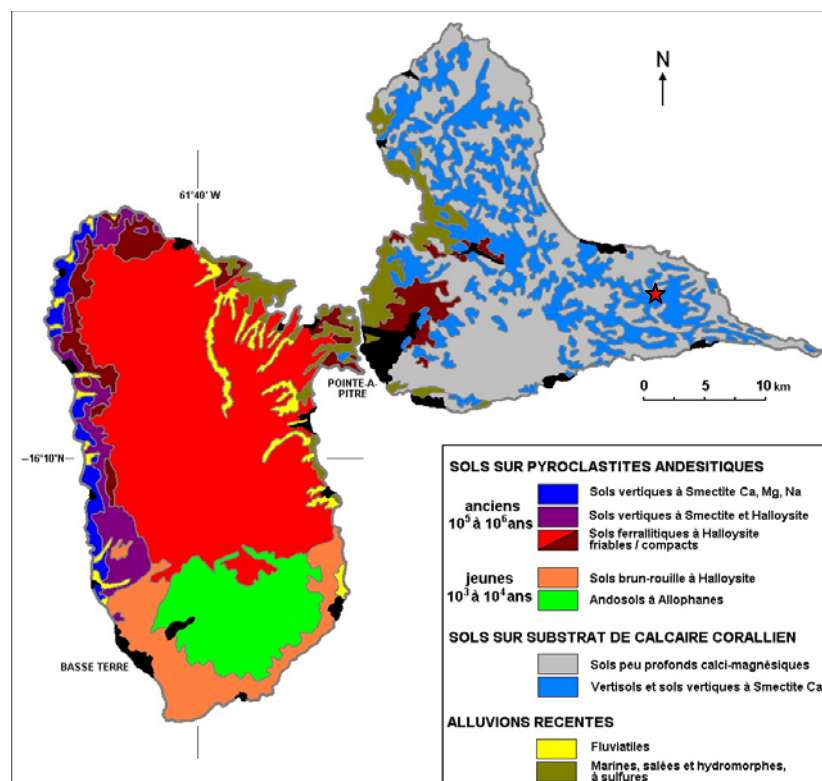
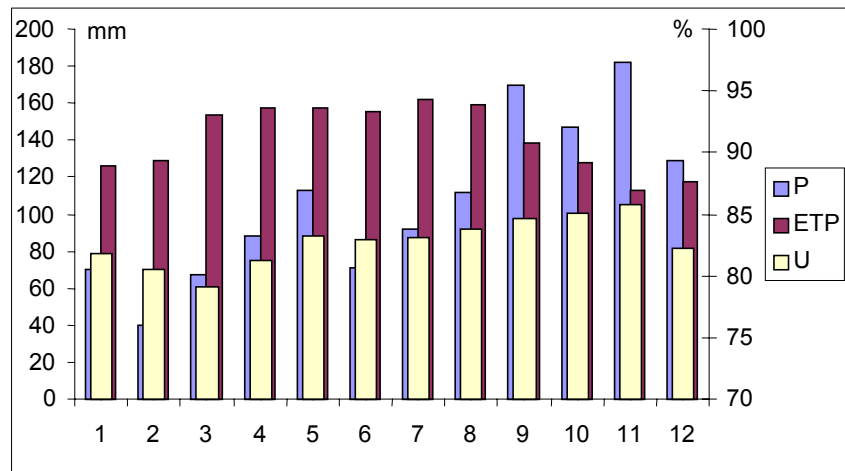
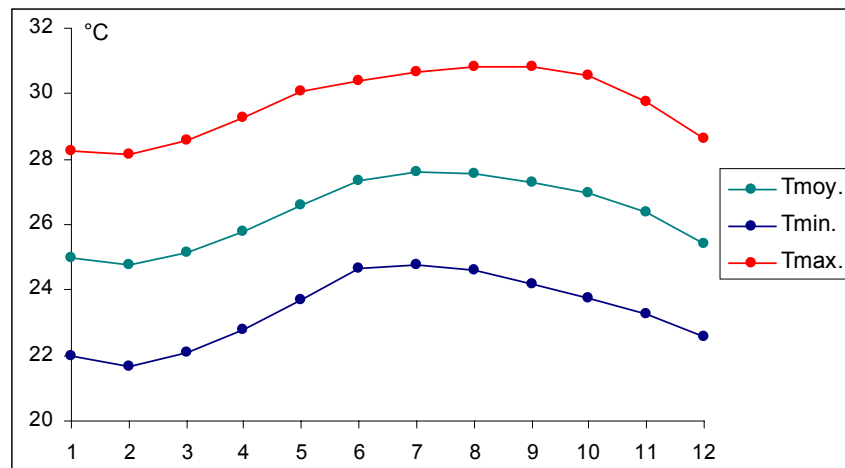


Figure 3.1.2. Variations climatiques mensuelles au Domaine de Gardel (1981-2000)

a. Pluviométrie (P, mm), Evapotranspiration (ETP, mm) et Humidité relative (U, %)



b. Température minimale (Tmin), moyenne (Tmoy) et Maximale (Tmax) mensuelles



c. Variations inter-annuelles de la pluviométrie (en écart en % à la moyenne)

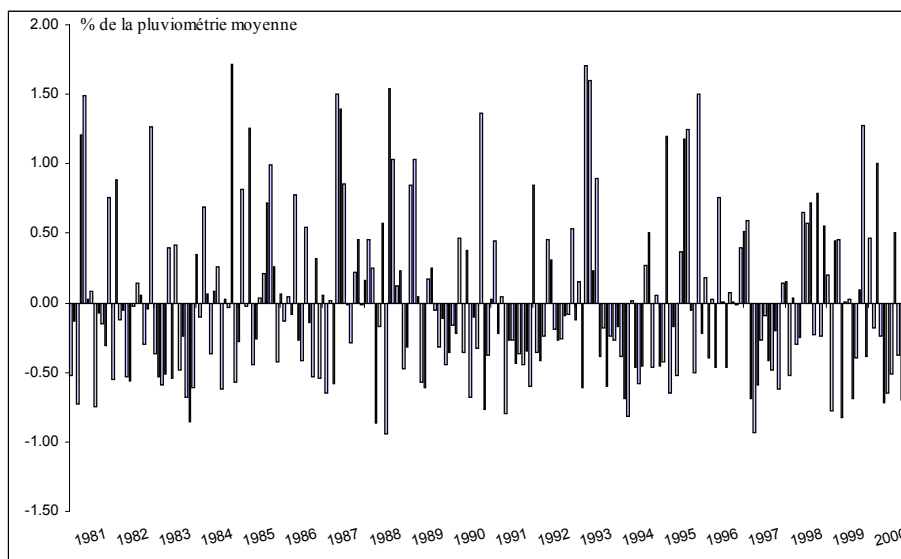


Tableau 3.1.1. Schéma simplifié de la conduite des troupeaux allaitants à Gardel

	1981-1982 *		1983-1984		1985-1987		1988-1997		1997-1999		2000	
	S1	S2	S1	S2	S1	S2	S1	S2	S1	S2	S2	
Dumont : savane naturelle ; sans irrigation, 100 U/ha/an ; 1500 kg PV/ha	■	▨	■				■	■		■	■	■
Dumont 2 : savane naturelle ; avec irrigation ; 200 UN/ha/na ; 2000 kg PV/ha										■	■	■
Labarthe : savane naturelle dégradée ; sans irrigation ni engrais ; 1200 kg PV/ha				■	■			■				
Montplaisir : Pangola ; avec irrigation ; 200 UN/ha/an ; 2000 kg PV/ha	■	■			▨	■	■		■	■	■	■
Parcelles C : Pangola ; sans irrigation ; 100 UN/ha/an ; 1500 kg PV/ha									■	■	■	■
Gardel : hors sol ; herbe de fauche + 2 kg concentré	■	■		▨								

S1 : reproduction en février, mise bas décembre, allaitement en saison sèche

S2 : reproduction en août, mise bas juin, allaitement en saison humide

* en 1981 et 1982 : 4 périodes de mises bas correspondant à la fin ou au début de S1 et S2



Mode de conduite habituel sur la période -



Cas particulier

Suivant les années, le mode de gestion des pâturages a évolué, avec généralement deux modalités principales : une conduite peu intensive sur savanes naturelles, sans irrigation et avec une fumure réduite (100 UN/ha/an), et une conduite intensive sur prairies plantées en *Digitaria decumbens*, recevant 200 UN/ha/an et irriguées. Le chargement s'élevait sur les savanes naturelles à environ 1500 kg/ha, et sur prairies plantées intensives à environ 2000 kg/ha (Naves et al., 1989a, 1989b). Des variantes ont pu être pratiquées, en particulier pour la savane naturelle, comme son enrichissement avec des légumineuses (Manteaux et al., 1991), la constitution de réserves fourragères sur pied par la mise en défens, ou des essais de complémentation différentielle en saison sèche. A partir de 1998, une comparaison entre la savane naturelle et les prairies à Pangola, conduites dans les mêmes conditions, intensive ou moins intensive, a également été mise en place. Mais ces variantes de mode de conduite ne seront pas détaillées dans l'analyse, car ne correspondent pas à l'objectif principal de notre étude. Elles sont décrites de manière sommaire au tableau 3.1.1.

Suivant l'intensité de la saison sèche, une complémentation a été distribuée, soit sous forme de fourrages de qualité médiocre (refus des animaux alimentés à l'auge ; canne à sucre entière ou résidus de récolte), soit avec un complément commercial, généralement à base de son de blé mélassé, à 0.95 UFL/kg, distribué à raison de 2.5 kg par animal et par jour environ. Un équivalent de 2 UFL environ était ainsi apporté par vache allaitante et par jour en période de disette.

Après sevrage, aux alentours de 7 mois, les veaux sevrés étaient séparés suivant le sexe, et mis en engraissement suivant les disponibilités de surface et d'alimentation et les expérimentations programmées. Trois modes principaux d'élevage post sevrage peuvent être distingués : un engraissement intensif à l'auge, un élevage au pâturage sur prairies à *Digitaria* et une conduite intermédiaire en feed lot. A l'auge, les veaux recevaient une ration à base d'herbe de fauche (*Digitaria decumbens* irrigué et fumé) complétement par un aliment à base de maïs et de soja à 1.2 UF et 150g PDI / kg MS, à raison de 3 à 5 kg par animal et par jour suivant la catégorie de poids. Au pâturage, les jeunes étaient conduits sur des prairies intensives à *Digitaria decumbens*, régulièrement irriguées et fumées, avec un chargement variant de 1500 à 2500 kg/ha, soit environ 6 animaux/ha (Naves et Vallée, 1990). Le mode de conduite intermédiaire correspond à un élevage hors sol, en feed-lot, avec une ration à base de fourrage de fauche et de 2 à 4 kg environ de concentré par tête et par jour.

Les taurillons ont été le plus souvent abattus en fin d'engraissement, à un âge variant de 14 à 21 mois suivant les conditions d'engraissement, alors que les génisses étaient généralement gardées pour la reproduction ou vendues pour l'élevage, vers 18 ou 24 mois.

1.1.3. Conduite de la reproduction.

Le mode de reproduction pratiqué a été principalement la monte naturelle, avec des périodes de reproduction de 6 à 12 semaines environ. En 1980 et 1981, 4 périodes de reproduction ont été pratiquées. Par la suite, et jusqu'en 1998, 2 saisons principales ont été définies, centrées sur les mois de février et août, pour des vélages centrés sur les mois de décembre et juin, et un allaitement se déroulant respectivement en saison sèche ou en saison humide. A partir de 1999, une seule saison de reproduction a été pratiquée, au mois d'août, pour un allaitement en saison humide. Les taureaux de monte naturelle ont été introduits dans les lots pendant des périodes 2 à 4 semaines chacun, et deux à quatre taureaux se sont succédés dans un même lot au cours d'une même saison de reproduction.

Généralement, sur l'ensemble de la période expérimentale étudiée, un lot de femelles allaitantes déterminé, conduit suivant un mode de pâturage, était affecté à une saison de

reproduction fixée. Le tableau 3.1.1. présente de manière simplifiée les modes de conduites des lots allaitants pratiqués entre les campagnes 1981 et 2000.

Suivant les années, des inséminations artificielles (IA) ont également été pratiquées, avec des semences de taureaux soit de races à viande spécialisées (Limousin principalement), soit de race Créole en testage. Différentes techniques de synchronisation ont été employées, soit par pose d'implant suivant la méthode CRESTAR[®], soit par double injection de prostaglandines à 10 jours d'intervalle (voir en annexe 10 les protocoles de synchronisation employés). Les IA ont eu lieu soit en une seule fois, entre 48 et 56 h après retrait d'implant, soit à deux reprises, à 48 h et à 72 h après retrait d'implant, ou à 72 et à 96 h après la deuxième injection de prostaglandines. Ces traitements de synchronisation avaient auparavant été mis au point sur génisses Créoles en Guadeloupe par Gauthier et al. (1984).

Environ 15 % des femelles du troupeau ont été renouvelées chaque année, et remplacées par des génisses issues du Domaine. Les principales causes de réforme ont été les problèmes de fertilité (réformes après deux saisons de reproduction sans gestation) ou d'allaitement (mortalité ou faible croissance du veau).

Les génisses de renouvellement ont été mises en reproduction à l'âge de 18 ou 24 mois, suivant les années, à un poids minimum de 250 kg environ. Ce stade de mise en reproduction a été fixé à partir des résultats de Gauthier et Thimonier (1982) sur les facteurs de variation de la cyclicité chez les génisses Créoles.

Les taureaux reproducteurs ont été quant à eux principalement choisis à l'extérieur du Domaine, pour des questions de maîtrise de la consanguinité et de représentation de la population globale. Jusqu'en 1987, ce mode de renouvellement des mâles a été exclusivement pratiqué. Des jeunes taureaux issus du Domaine ont par la suite été conservés pour la reproduction, et choisis de manière à couvrir la gamme de variation des performances de croissance (Poids au sevrage et croissance post sevrage au pâturage).

1.1.4. Conduite sanitaire.

Très peu de problèmes sanitaires sont observés chez les bovins Créoles. L'ensemble des animaux est soumis à des détiquages réguliers, suivant les préconisations élaborées par le CIRAD - EMVT lors d'expérimentations menées au Domaine de Gardel et en exploitations privées (Barré et al., 1987 ; Barré et Garris, 1990). Le traitement habituel a consisté en une aspersion avec une solution d'un acaricide rémanent (Deltaméthrine, Butox[®] ; Amitraze, Taktik[®]) à l'aide d'une motopompe. En raison de la bonne résistance des bovins Créoles aux tiques et aux maladies qui leur sont associées (Camus et Barré, 1987 ; Barré et al., 1988 ; Stachursky et al., 1988), ces traitements ont généralement été espacés de 1 mois environ. Des expérimentations ponctuelles menées par l'EMVT ont également occasionné l'emploi d'autres acaricides (Coumaphos, Asuntol[®] ; Diéthion, Rhodiocide[®] ; Fluméthrine, Bayticol[®]), d'autres formes d'application (bain détiqueur, « Pour On ») ou de rythmes de traitements différents (bimensuel), suivant les protocoles.

Des traitements antiparasitaires internes sont également pratiqués, sur les veaux sous la mère, au sevrage, et à 1 an, puis tous les ans sur les animaux conservés pour la reproduction, à partir de l'âge de 18 mois. Ces traitements sont suffisants pour limiter l'incidence du parasitisme gastro-intestinal chez les bovins Créoles (Salas et Sheikboudou, 1988b ; Aumont et al., 1991).

1.2. Données zootechniques enregistrées.

Les données zootechniques ont été enregistrées lors des opérations de suivi technique régulier ou lors d'expérimentations particulières menées sur les animaux. Ces données ont donné lieu à des enregistrements sur les documents d'élevage et dans des fichiers informatisés gérés sous tableur par l'équipe technique du Domaine. Une base de données zootechniques complètes, couvrant les années 1980 à 2000 a été incrémentée régulièrement à partir de ces données de base et constituée sous le logiciel SAS (SAS Institute Inc., 1990 ; Archimède et al., 1997). Le tableau 3.1.2 présente un résumé des données analysées dans le cadre de ce travail. La structure des fichiers et le dictionnaire des variables enregistrées sont présentés en annexe 11.

1.2.1. Données de reproduction.

Les informations concernant la constitution des lots de reproduction, le plan d'accouplement pratiqué, les traitements de synchronisation éventuellement mis en œuvre, les inséminations artificielles réalisées ou saillies naturelles observées, ainsi que les événements de reproduction exceptionnels (avortement, césarienne, mortalité) sont notés régulièrement sur des plannings de reproduction.

Au total, le fichier reproduction constitué à partir de ces enregistrements comprend 1894 mises en reproduction, couvrant les périodes de reproduction de janvier 1980 à novembre 1999, et les vêlages de septembre 1980 à août 2000 (campagnes 1981 à 2000). Parmi ces enregistrements, 484 correspondent à des synchronisations de chaleur suivies d'Insémination Artificielle, les 1410 autres correspondant à des montes naturelles. L'analyse de ces données sera abordée dans le chapitre 2.

1.2.2. Pedigree - Etat civil.

Les données zootechniques sont complétées par l'enregistrement de l'identification des veaux, de leur mère et de leur père lors des mises bas, conformément à la déclaration de l'état civil des animaux à leur naissance. Jusqu'en 1989, une identification de travail propre au Domaine était seule pratiquée ; elle a ensuite été complétée par la mise en place à partir de 1989 du système national d'Identification Pérenne Généralisée, effectuée sous le contrôle de l'Etablissement Départemental de l'Elevage mis en place à cette date. Les numéros d'identification, aussi bien le numéro de travail que le numéro national, sont attribués à un animal uniquement et permettent de le repérer durant l'ensemble de sa carrière.

Les informations enregistrées sur le Domaine permettent également de connaître les parents des animaux, et de suivre leur devenir. Ces informations d'état civil ont pu être complétées en remontant jusqu'aux animaux ayant participé à la fondation du troupeau. Depuis 1987, les filiations sont contrôlées sur la plupart des veaux nés, par la méthode des groupes sanguins (jusqu'en 2001) puis par typages de microsatellites de l'ADN (depuis 2001). Ces analyses sont réalisées au laboratoire de référence LABOGENA à Jouy en Josas.

Au total 1681 individus sont présents dans le fichier de pedigree, correspondant aux animaux suivis durant la période considérée (1421 veaux nés durant les campagnes 1981 à 2000) et leurs ascendants en remontant jusqu'à la fondation du troupeau. La consanguinité estimée sur la base de ce pedigree est restée très faible sur l'ensemble de la période étudiée, et inférieure à 0,5% en moyenne. Ce fichier pedigree a été utilisé pour les analyses génétiques dans le chapitre 2.

Tableau 3.1.2. Base de données zootechniques du Domaine de Gardel (1981 - 2000)

Fichier	Nombre d'animaux
Reproduction	1894
Etat-civil - Pedigree	1681
Croissances en allaitement	1421
Croissances post sevrage	1209

1.2.3. Performances de croissance.

Les veaux sont pesés à la naissance, puis tous les mois environ jusqu'à leur exploitation (abattage, mise en reproduction ou vente). Au total, les fichiers de croissance comprennent 1421 individus suivis jusqu'au sevrage, et 1209 individus après sevrage. Ces performances de croissance seront analysées dans le chapitre 2. Des pesées ont également été réalisées mensuellement sur les adultes.

1.2.4. Caractéristiques d'adaptation.

Des mesures ponctuelles ont été réalisées pour évaluer l'adaptation des animaux au milieu tropical considéré dans un sens large. Elles ont concerné l'évaluation du niveau d'infestation par les tiques, l'évaluation de l'incidence du parasitisme interne, des paramètres d'adaptation physiologique à la chaleur, et des mesures de comportement alimentaire. Le détail de ces mesures sera présenté dans le chapitre 3.

1.2.5. Mesures sur les carcasses.

Les abattages ont eu lieu à un âge et un poids variable suivant les conditions d'alimentation et les lots expérimentaux, à l'abattoir expérimental de l'INRA à Duclos, et des contrôles ont été réalisés sur la qualité des carcasses, par un personnel expérimenté. Le protocole d'abattage et de mesures sur les carcasses est présenté en annexe 12. Seules les mesures réalisées dans le cadre de protocoles de comparaison entre le bovin Créole et des croisés Limousins ont été prises en compte dans le cadre de cette étude. Les variables exploitées seront présentées en détail dans le chapitre 4.

1.3. Analyses statistiques.

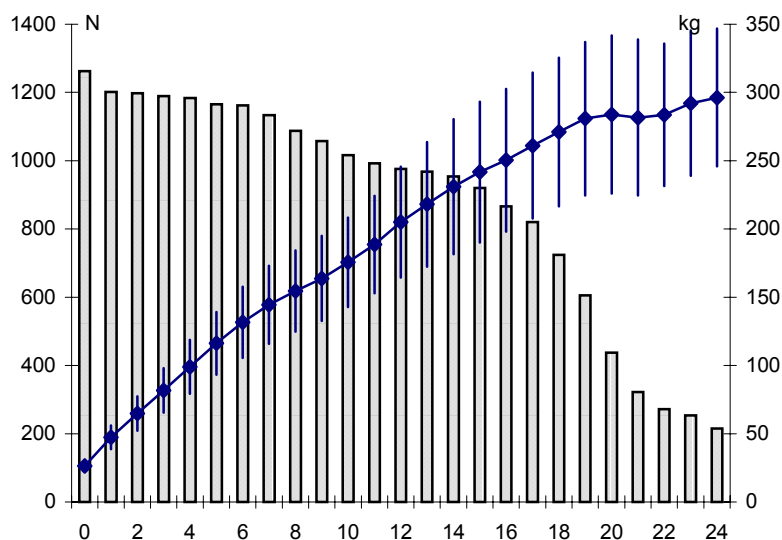
1.3.1. Edition des données.

A partir des fichiers de base enregistrés au Domaine de Gardel a été constituée une base de données complète, couvrant les périodes de reproduction de janvier 1980 à novembre 1999, les saisons de naissances (campagnes 1981 à 2000) et les bandes d'engraissement correspondantes. Les données ont été éditées et contrôlées de manière détaillée, afin de détecter et corriger d'éventuelles données erronées.

En particulier ont été vérifiés les rangs de mise en reproduction et de vêlage successifs, la cohérence entre les données de mise en reproduction et les vêlages observés, la concordance entre les informations de reproduction et les filiations déclarées, les intervalles entre deux pesées, la cohérence de la présence des individus dans les différents fichiers (mère présente dans le lot durant la saison de monte ; présence du veau aux périodes d'allaitement et post sevrage).

1.3.2. Analyses des facteurs de variation non génétiques et génétiques.

Les données ont été en premier lieu analysées à l'aide du logiciel SAS (SAS Institute Inc, 2000), et les procédures de statistiques élémentaires (FREQ, CORR) et d'analyses du modèle linéaire généralisé (GLM), afin d'étudier les facteurs de variation non génétiques. Les estimations des composantes de la variance et le calcul des paramètres génétiques ont été menées à l'aide du logiciel ASREML (Gilmour et al., 2002) suivant la méthode REML, avec un modèle animal incluant suivant les cas des effets d'environnement permanent et génétique maternel. Le détail des analyses statistiques employées sera présenté dans chaque chapitre.

Figure 3.2.1. Données de croissance disponibles**Effectif (N) ; poids à âge type moyen (PAT_{i, i=0 ;24}) et écart-type****Tableau 3.2.1. Distribution des veaux Créoles suivant le mode de conduite.**

Avant sevrage (N=1263)											
	1981-1982		1983-1984		1985-1987		1988-1997		1997-1999		2000
	S1	S2	S1	S2	S1	S2	S1	S2	S1	S2	S2
Dumont : savane naturelle peu intensive	23	21	56			79	231		15	15	19
Dumont 2 : savane naturelle intensive									17	21	17
Labarthe : savane naturelle dégradée				66	93		215				
Montplaisir : Pangola intensif	21	27			18	47	98		16	14	16
Parcelles C : Pangola peu intensif									12	24	19
Gardel : hors sol	19	22		22							

Après sevrage (N=1052)	mâles	femelles
Intensif (Stabulation, Herbe de fauche + 3 à 5 kg concentré)	138	35
Intermédiaire (Feed Lot, Herbe de fauche + 2 à 4 kg concentré)	60	415
Pâturage (Pangola irrigué ; 250 UN/ha/an ; 2000 kg PV/ha)	331	73

(voir chapitre 1 et tableau 3.1.1. pour la description des modes de conduites)

Chapitre 2 : Variabilité environnementale et génétique des performances zootechniques chez le bovin Créole de Guadeloupe.

L'objectif de ce chapitre est de préciser les facteurs de variation, notamment d'ordre génétique, de quelques performances zootechniques qui concourent à la productivité de l'élevage, chez le bovin Créole de Guadeloupe. L'étude de certains de ces facteurs de variation a fait l'objet de différentes communications antérieures (Naves et Vallée, 1990 ; Naves et Menendez Buxadera, 1997 ; Naves et al., 1998, 2000). Une première analyse partielle des facteurs génétiques a déjà été réalisée sur une base un peu restreinte (Naves et al., 2002). Les présents résultats constituent la révision la plus complète et précise de ces performances zootechniques chez le bovin Créole de Guadeloupe.

2.1. Description générale de la croissance.

2.1.1. Matériel et méthodes.

Les fichiers de croissance en allaitement et après sevrage comprennent au total 1421 veaux nés sur le domaine, dont 1209 ont été contrôlés après sevrage. Parmi eux, n'ont été pris en compte dans ce chapitre que les veaux de race Créole, soit 1263 veaux.

A partir des pesées, réalisées normalement à un rythme mensuel, des poids à âge type à intervalle mensuel ont été calculés jusqu'à l'âge de 24 mois, PAT_i [_{1, 24}], à l'âge type $AT_i=i*30$ jours pour $i<12$, ou $AT_i=i*30+5$ jours pour $i\geq 12$. Ces calculs ont été réalisés suivant le cas par intrapolation ou par extrapolation, suivant une méthode proche de celle décrite dans le répertoire des méthodes et des procédures utilisées en France pour l'amélioration génétique des ruminants allaitants (Institut de l'Élevage, INRA, 1995). Chaque PAT_i est ainsi calculé à partir de 2 pesées, P_j et P_{j-1} , aux âges A_j et A_{j-1} , suivant la formule suivante :

$$PAT_i = P_{j-1} + (AT_i - A_{j-1}) * (P_j - P_{j-1}) / (A_j - A_{j-1})$$

Les deux pesées utilisées dans le calcul doivent remplir une des trois conditions suivantes :

- les deux pesées mesurées encadrent l'âge type AT_i ,
- elles sont postérieures à l'âge type i et la plus ancienne a eu lieu au maximum 30 jours après l'âge type AT_i ,
- elles sont antérieures à l'âge type i et la plus récente a eu lieu au maximum 30 jours avant l'âge type AT_i .

Compte tenu de la fréquence des pesées, aucune condition n'a été fixée pour l'intervalle entre deux pesées et elles ont toutes été prises en compte. Seulement 7 % des pesées en allaitement et 9 % des pesées post sevrage ont été réalisées avec un intervalle supérieur à 60 jours après la précédente. Ainsi, dans peu de cas, deux mêmes pesées ont pu servir au calcul de plusieurs poids à âge type différents.

Le fichier de croissance analysé est ainsi constitué de 1263 veaux Créoles, sur lesquels ont été enregistrées au total 20713 estimations de PAT_i entre l'âge de 1 mois et l'âge de 24 mois, en plus du poids à la naissance. Les données disponibles sont résumées dans la figure 3.2.1.

Dans un premier temps, on ne s'intéresse qu'à la description de la courbe moyenne de croissance chez le bovin Créole, jusqu'à l'âge de 18 mois inclus, compte tenu de la sortie progressive des animaux au-delà de cet âge. Pour cela n'ont été considérés que les veaux

Tableau 3.2.2. Distribution des veaux suivant le rang de mise bas de la mère.

Rang	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10 et +
effectif	206	173	163	143	129	99	76	68	57	149

Tableau 3.2.3. Facteurs de variation de la croissance globale chez le bovin Créole de Guadeloupe

Facteur de variation	ddl	F	seuil
Classe d'âge (AT_i)	18	2684	****
Année – Saison de naissance (AS_j)	38	68	****
Rang de mise bas de la mère (RMB_k)	9	59	****
Sexe du veau ($SEXE_l$)	1	1769	****
Saison de naissance (S_m)	1	0.4	ns
Lot d'allaitement (LA_n)	5	46	****
Lot de conduite après sevrage (LE_o)	2	201	****
$I_{imn} = AT_i \times S_m \times LA_n$	203	3	****
$I_{ilo} = AT_i \times SEXE_l \times LE_o$	92	61	****
$e_{ijklmno}$	18356		

(ns : non significatif ; **** : $p < 0.0001$)

Créoles élevés au moins jusqu'au sevrage puis contrôlés plus ou moins longtemps après sevrage, soit 1052 veaux des deux sexes, regroupant 19726 PAT_i entre 0 et 18 mois, PAT_0 représentant le poids mesuré à la naissance.

Le modèle d'analyse inclus seulement des effets fixes, correspondant aux principaux facteurs de variation environnementaux. Compte tenu de la complexité du dispositif expérimental, il est volontairement simplifié pour décrire leur influence sur l'ensemble de la courbe croissance. Les données ont été analysées suivant le modèle linéaire généralisé suivant, avec la procédure GLM de SAS Institute (2000) :

$$Y_{ijklmnop} = \mu + AT_i + AS_j + RMB_k + SEXE_l + S_m + LA_n + LE_o + I_{imn} + I_{ilo} + e_{ijklmnop}$$

où:

$Y_{ijklmnop}$ est la mesure effectuée sur l'individu p,

μ est la moyenne générale,

AT_i est l'effet fixe lié à la classe d'âge avec $i = 0 \dots 18$ niveaux,

AS_j est un effet fixe correspondant à la combinaison Année - Saison de naissance de l'individu, avec $j = 1 \dots 39$ niveaux,

RMB_k est l'effet fixe lié au rang de mise bas de la mère du veau, avec $k = 1 \dots 10$ niveaux,

$SEXE_l$ est l'effet fixe correspondant au sexe du veau, avec $l = 1, 2$ niveaux,

S_m est l'effet fixe lié à la saison de naissance de l'individu, avec $m = 1, 2$ niveaux

LA_n est l'effet fixe lié au mode de conduite en allaitement, avec $n = 1 \dots 6$ niveaux,

LE_o est l'effet fixe lié au mode de conduite après sevrage, avec $o = 1 \dots 3$ niveaux,

I_{imn} et I_{ilo} représentent les interactions entre les facteurs simples décrits par les indices, c'est à dire la classe d'âge, la saison de naissance et le mode de conduite en allaitement d'une part, et la classe d'âge, le sexe et le mode de conduite après sevrage d'autre part,

$e_{ijklmnop}$ est un effet aléatoire résiduel, suivant une loi normale $N(0, \sigma_e^2)$ et indépendant des autres effets.

La distribution des effectifs de veaux suivant le mode de conduite en allaitement (LA_n) et la saison (S_m), ou le mode de conduite en engraissement (LE_o) intra sexe ($SEXE_l$) est présenté dans le tableau 3.2.1. (voir chapitre 1 et tableau 3.1.1 pour les explications détaillées sur le mode de conduite).

La distribution des veaux suivant le rang de mise – bas de la mère (RMB_k) est présentée dans le tableau 3.2.2.

L'objectif de ce modèle est de décrire la cinétique de croissance globale à travers des estimations de PAT_i répétées sur un même animal. Ainsi ont été calculées les moyennes ajustées des PAT_i $_{[0, 18]}$ intra-sexe et régime après sevrage, correspondant à l'interaction I_{ilo} , afin de décrire la courbe de croissance du bovin Créole entre la naissance et l'âge de 18 mois.

2.1.2. Résultats et discussion sur la courbe de croissance globale.

Le modèle employé s'est traduit par un effet hautement significatif de tous les facteurs étudiés ($P < 0.0001$), à l'exception de l'effet simple lié à la saison de naissance S_m , masqué par les interactions avec l'année et avec le mode de conduite en allaitement. Le coefficient de détermination du modèle s'est élevé à 90,3 %, traduisant un bon ajustement du modèle aux données observées. Les effets du sexe et du mode de conduite après sevrage et leur interaction aux différents âges sont les principales sources de variation (Tableau 3.2.3). Un modèle similaire, incluant un facteur aléatoire « individu » (mais sans tenir compte de la matrice de parenté) s'est traduit par une amélioration de 5 points du coefficient de détermination, suggérant l'influence d'une variabilité individuelle affectant la courbe de croissance globale.

Figure 3.2.2. : Courbe de croissance moyenne chez le bovin Créole de Guadeloupe, suivant le mode de conduite en engraissement.

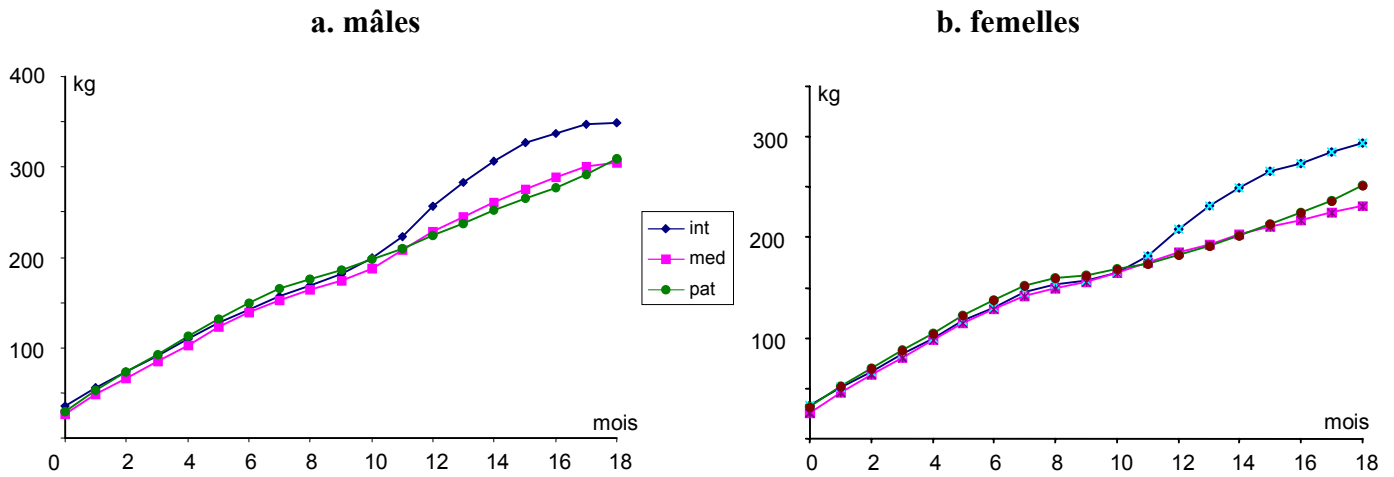
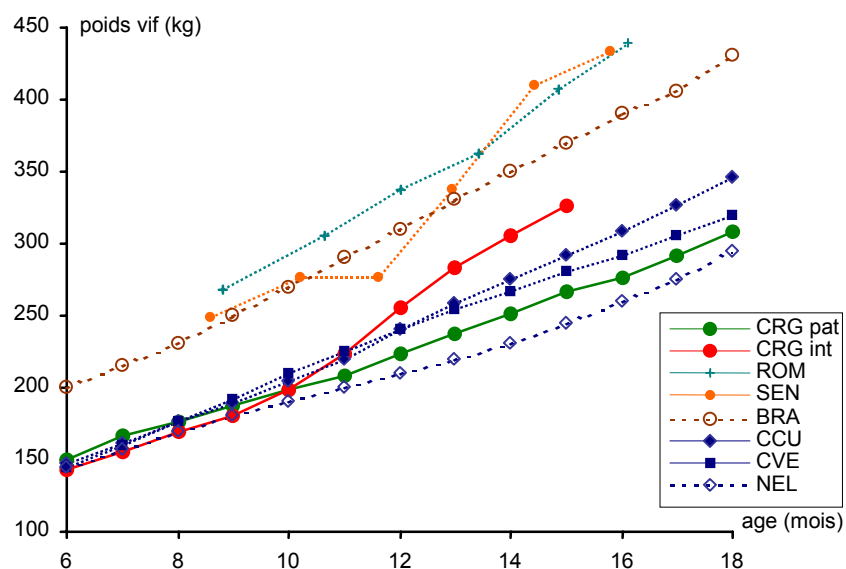


Figure 3.2.3. : Comparaison de la courbe de croissance de taurillons Créole de Guadeloupe (CRG) élevés au pâturage (pat) ou en engraissement intensif (int), avec différentes races bovines élevées en Amérique tropicale

(voir les explications sur la légende dans le texte)



L'importance de cette composante a récemment été quantifiée, sur un fichier partiel, chez des femelles Créoles entre la naissance et l'âge adulte (Gourdine, 2002).

La figure 3.2.2. présente la courbe moyenne de croissance observée chez le bovin Créole de Guadeloupe, suivant le sexe et le mode d'alimentation post sevrage, qui sont les principaux facteurs de variation. Elle fait apparaître deux phases, correspondant aux périodes d'allaitement et post-sevrage, avec une période de transition entre 7 et 9 mois environ. Logiquement, les mâles sont plus lourds que les femelles à tous les âges. Le rapport entre le poids des génisses et le poids des taurillons avoisine 83 % et 80 % dans les systèmes intensif (SI) et de pâturage (SP), et de 73 % en système intermédiaire (SM). A 18 mois d'âge, au pâturage, les mâles atteignent en moyenne 309 kg et les génisses 252 kg, alors que ce même poids est atteint aux environs de 14 mois en système d'alimentation intensif à l'auge, à base d'aliment concentré. Cela correspond à une diminution de 22 % de la durée de présence des animaux engraisés dans un système d'alimentation intensif pour atteindre un même poids. Cependant il convient de vérifier si ce poids correspond bien au même caractère biologique, dans la mesure où il est obtenu dans des conditions de conduite très différentes. On vérifiera ce point dans les paragraphes suivants. Peu de différences apparaissent en revanche entre les systèmes de pâturage et intermédiaire.

Ces données brutes peuvent par ailleurs être comparées aux valeurs phénotypiques moyennes citées dans la littérature dans différentes races de la région tropicale. On ne peut en déduire une comparaison absolue, compte tenu des différences de systèmes de production propres à chaque pays. Mais cette comparaison permet de situer le bovin Créole de Guadeloupe relativement à la situation moyenne rencontrée généralement dans la région. La figure 3.2.3 compare les courbes de croissance citées dans la littérature sur différentes populations locales des régions tropicales. La croissance des mâles Créoles au pâturage suit une courbe très voisine de celles rencontrées dans les principales races zébus exploitées dans des conditions similaires dans différents pays de la région, et connues pour leur adaptation au milieu tropical. Il est intéressant de noter que l'on observe peu de différences entre les âges de 6 et 9 mois, entre les races zébus et le Créole, traduisant chez ce dernier une bonne aptitude maternelle durant la phase précédente. Le poids à 18 mois atteint par les taurillons Créoles est intermédiaire entre les valeurs citées par Nobre et al. (2003) pour le Nellore du Brésil (NEL), et par Menendez Buxadera et al. (2003) pour le zébu de Cuba (CCU), et proches des résultats cités par Plasse et al. (1997) pour le Cébu du Venezuela (CVE). On n'a malheureusement pu comparer ces données à d'autres populations d'origine Criollo de la région dans des conditions comparables.

Les courbes des animaux Brahman (BRA), Romosinuano (ROM) et Senepol (SEN) se réfèrent à des résultats obtenus en Floride par Menchaca et al. (1996) et Chase et al. (1997), dans des conditions d'alimentation intensive avec une complémentation au pâturage (4.5 kg par jour), ce qui n'est pas le cas des autres populations citées. Cette différence de mode de conduite explique en grande partie la supériorité de la croissance enregistrée dans ce cas. On note en effet un net comblement de cette différence chez le Créole en alimentation intensive.

L'étude de la croissance s'est poursuivie en distinguant les deux phases principales, de croissance sous la mère et après sevrage, afin de déterminer de manière plus précise l'influence des facteurs environnementaux et génétiques sur la croissance durant chacune de ces phases. Ces résultats sont présentés dans les paragraphes suivants.

2.2. Croissance en allaitement.

2.1.3. Matériel et méthodes.

Les caractéristiques générales de la base de données disponibles ont été présentées dans le chapitre 1., pour les conditions d'élevage et de suivi des lots, et le paragraphe 2.1.1., en ce qui concerne les données de croissance.

Au total, on dispose de 1263 individus suivis en allaitement, dont on a analysé les poids à âge type PAT_i entre la naissance et l'âge de 7 mois ($i=0 \dots 7$), où PAT_0 représente le poids à la naissance mesuré, les autres PAT_i étant calculés suivant la procédure décrite au paragraphe 2.1.1.

Le mode de conduite des lots allaitants du Domaine de Gardel a été décrit dans le chapitre 1, et on n'en rappellera que les grandes lignes. L'effectif des femelles adultes est réparti en différents lots de conduite suivant les années, correspondant chacun à un mode de gestion des pâturages et à une saison de reproduction déterminés. Ils sont conduits en plein air intégral, sur des parcelles de Petit Foin (*Dichanthium annulatum*) ou de Pangola (*Digitaria decumbens*). De manière générale, 6 modes de conduite principaux ont pu être distingués, dont les caractéristiques principales ont été présentées dans le tableau 3.2.1. A partir de ces lots de conduite, un facteur « groupe de contemporains » a été défini, correspondant à la combinaison année – saison de reproduction – lot de conduite. Au total, 97 « groupes de contemporains » ont ainsi été définis, rassemblant entre 4 et 40 veaux Créoles en allaitement.

Ces veaux sont issus de 72 pères et 291 mères, parmi lesquels 15 pères et 183 mères figurent également dans le vecteur des performances. De plus, 95 ascendants supplémentaires sont inclus dans le pedigree, au titre de la fondation du troupeau, en remontant jusqu'à 5 générations suivant les individus.

Les différents PAT_i ont été analysés séparément à l'aide de modèles linéaires mixtes, afin d'en étudier la variabilité génétique, à l'aide du logiciel ASREML (Gilmour et al., 2002). Différents modèles de type « BLUP Modèle Animal » univariés et multivariés ont été employés, qui peuvent être décrits sous la forme matricielle générale suivante :

$$Y = Xb + Z_1a + Z_2m + Wp + e$$

où :

- Y représente le vecteur des données disponibles sur chaque animal,
 - b est le vecteur des effets fixes, c'est à dire le groupe de contemporains (97 niveaux), le sexe du veau (2 niveaux) et le rang de mise bas de la mère du veau (10 niveaux),
 - a est le vecteur des effets aléatoires correspondant aux effets génétiques additifs directs de chaque animal,
 - m est le vecteur des effets aléatoires correspondant aux effets génétiques additifs maternels de la mère des individus,
 - p est le vecteur des effets aléatoires correspondant aux effets d'environnement permanent maternel,
 - e est le vecteur des effets aléatoires résiduels,
- X, Z_1 , Z_2 et W sont les matrices d'incidences reliant les effets inclus dans le modèle au vecteur des observations.

Suivant le cas général, les composantes aléatoires du modèle suivent des lois normales d'espérance et de variance respectivement :

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ et } Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & Z_1 G_a & Z_2 G_m & Wp & R \\ G_a Z_1' & G_a & G_{am} & 0 & 0 \\ G_m Z_2' & G_{am} & G_m & 0 & 0 \\ pW' & 0 & 0 & P & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

où :

$$V = (Z_1 A Z_1') G_a + (Z_2 A Z_2') G_m + (Z_1 A Z_2' + Z_2 A Z_1') G_{am} + W P W' + R,$$

A représente la matrice de parenté entre les animaux avec performances et leurs ascendants,

G_a, G_m et G_{am} représentent les matrices de (co)variance de rang 2(nxn) des effets génétiques directs (σ_a^2), maternels (σ_m^2) et leur covariance (σ_{am}^2),

$$P = I_c \otimes P_0 \text{ et } R = I_e \otimes R_0, \text{ où } \otimes \text{ est le produit de Kronecker,}$$

I_c et I_e sont des matrices identités représentant les effets de l'environnement permanent maternel et résiduel respectivement,

P₀ est une matrice de (co)variance de rang nxn des effets de l'environnement permanent maternel, de composantes σ_p^2 et σ_{pp} ,

R₀ est une matrice de (co)variance de rang nxn des effets aléatoires résiduels, de composantes σ_e^2 et σ_{ee} , commun à toutes les observations.

Différentes fonctions linéaires ont été construites à partir de ces composantes pour estimer les paramètres génétiques, à savoir l'héritabilité des effets génétiques directs et maternels (h_a^2 et h_m^2 respectivement) et la corrélation génétique entre ces effets (r_{am}). L'héritabilité totale (h_t^2) peut être estimée par $h_t^2 = (\sigma_a^2 + 1.5\sigma_{am} + 0.5\sigma_m^2) / \sigma_t^2$ où $\sigma_t^2 = (\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am} + \sigma_p^2 + \sigma_e^2)$ est la variance phénotypique totale (Willham, 1972).

La répétabilité (R) de chaque caractère a également été calculée, par $R = (\sigma_m^2 + \sigma_p^2) / \sigma_t^2$. L'amplitude de la variabilité génétique a été estimée par le coefficient de variation génétique total $CV_g = \sqrt{(\sigma_a^2 + 1.5\sigma_{am} + 0.5\sigma_m^2)} / m * 100$, où m représente la moyenne générale du caractère étudié.

ASREML utilise l'algorithme dit « Average Information REML » pour calculer les composantes de la variances suivant une procédure de type REML (Gilmour et al., 1995). Il permet ainsi de calculer les erreurs standards de chaque paramètre génétique, à partir des éléments correspondants de la matrice d'information moyenne. De plus, il a été fait appel à l'option « predict » de ASREML afin d'obtenir la moyenne ajustée de chaque variable dépendante pour les effets inclus dans le modèle.

2.1.4. Facteurs de variations non génétiques.

Les figures 3.2.4. et 3.2.5. illustrent les effets du sexe du veau et du rang de mise bas de la mère sur la croissance des veaux Créoles, estimée à différents âges type. Pour simplifier, on

Figure 3.2.4 : Influence du sexe sur l'évolution du poids vif de veaux Créoles en allaitement

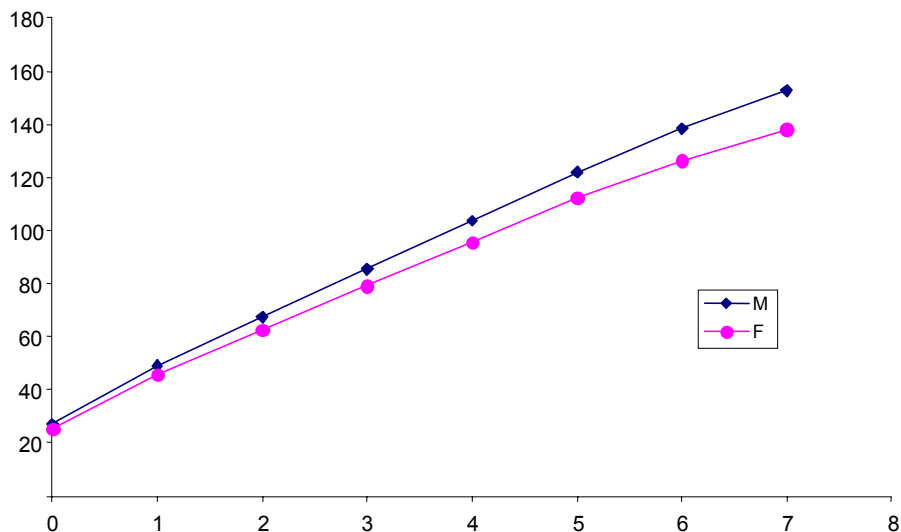
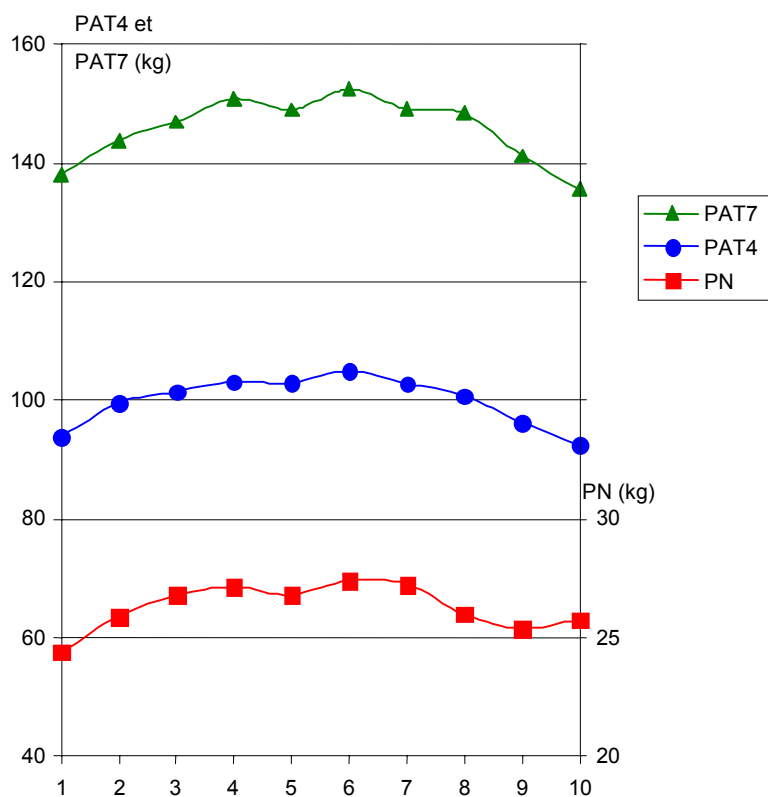


Figure 3.2.5 : Influence du rang de mise bas de la mère sur le poids vif à la naissance (PN), et les poids à age type à 4 mois (PAT4) et à 7 mois (PAT7)



n'a représenté dans la figure 3.2.4. que les variations de PAT_0 , PAT_4 et PAT_7 en fonction du rang de mise bas, alors que la figure 3.2.3. présente la courbe moyenne de croissance entre la naissance et l'âge de 7 mois suivant le sexe du veau. Ces figures ont été réalisées à partir des moyennes ajustées des facteurs fixes considérés, aux différents âges types.

De manière générale, les veaux mâles sont plus lourds que les veaux femelles à tous les âges, entre la naissance et l'âge de 7 mois. Leur poids de naissance, à 4 mois et à 7 mois sont en moyenne respectivement de 27.3 kg, 104 kg et 153 kg, contre 25.3 kg, 96 kg et 138 kg chez les femelles. Cette différence est en accord avec celle indiquée dans la littérature, selon les résultats cités par Casellas et Piedrafita (2002) et par Villalba et al. (2000) sur des races tempérées, et par Plasse et al. (1995) pour des zébus adaptés à la zone tropicale.

Les veaux produits par des vaches adultes à leur 6^{ème} vêlage pèsent environ 11 % plus lourd que les veaux issus de génisses, et cela à tous les poids à âge type. Cette augmentation est particulièrement élevée, et supérieure à celle observée sur des races tropicales exploitées pour la production de viande, de type zébu (Rico et al., 1984, sur des zébus cubains, ou Mariante, 1985, sur des animaux Nellore au Brésil) ou Criollo (Menendez Buxadera et Planas, 1996, sur des veaux Criollo de Cuba, ou Tewolde, 1988, sur Romosinuano). Elle se rapproche de l'amélioration observée chez des races taurines tempérées (Casellas et Piedrafita, 2002 ; Villalba et al., 2000).

Au delà du 6^{ème} vêlage, on observe une légère diminution du poids à la naissance, alors qu'elle est plus importante pour les autres poids âge type, et d'un niveau similaire à l'augmentation observée avant la 6^{ème} mise bas. Une diminution d'un tel niveau n'est pas observée dans les races tropicales citées précédemment. Cette observation pourrait être liée à une fatigue physiologique des femelles Créoles adultes plus importante, en liaison avec la phase antérieure d'augmentation et aussi avec de meilleures performances reproductives, comme nous le verrons plus loin.

2.1.5. Paramètres génétiques.

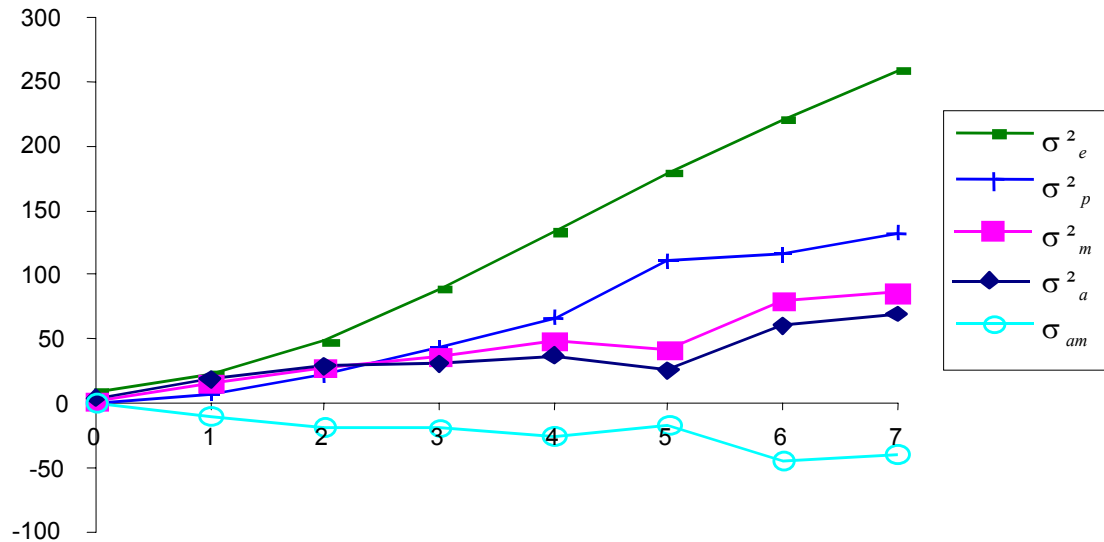
Les résultats des analyses génétiques univariées sont présentés dans la figure 3.2.6 et le tableau 3.2.4.

Toutes les composantes de la (co)variance estimées augmentent en valeur absolue avec l'âge, dans des proportions variables suivant les composantes (Figure 3.2.5). Ainsi, la variance des effets génétiques directs (σ_a^2) à PAT_7 est 16.4 fois plus élevée qu'à PAT_0 , alors que celle des effets génétiques maternels (σ_m^2) et des effets d'environnement (σ_p^2) permanent sont respectivement 44.9 et 189.5 fois plus élevés, entre les mêmes âges. La covariance entre effets directs et maternels (σ_{am}^2) est négative à tous les âges types considérés à l'exception du poids à la naissance (PAT_0), où elle est légèrement positive mais faible et non significative.

Les paramètres génétiques calculés séparément à chaque poids à âge type figurent dans le tableau 3.2.4. L'héritabilité des effets génétiques directs (h_a^2) est supérieure à l'héritabilité des effets génétiques maternels (h_m^2) à PAT_0 , PAT_1 et PAT_2 , puis lui devient inférieure jusqu'à l'âge de 7 mois. Cette tendance ainsi que la répétabilité (R) élevée à tous les poids à âge type indiquent clairement des effets maternels très importants durant la phase pré-sevrage chez la race Créole. Cette observation est similaire aux résultats obtenus par Diop et Van Vleck (1998) pour le zébu Gobra du Sénégal, et par Plasse et al. (2002) sur des animaux Brahman au Venezuela.

Figure 3.2.6. Composantes de la variance pour les poids à âge type entre la naissance et 7 mois.

(σ^2_a : variance génétique directe ; σ^2_m : variance génétique maternelle ; σ^2_p : variance des effets d'environnement permanent ; σ_{am} : covariance entre effets génétiques directs et maternels ; σ^2_e : variance résiduelle)

**Tableau 3.2.4. : Paramètres génétiques moyens (et erreur-standard) des poids à âge type avant sevrage, entre la naissance et 7 mois.**

âge	moyenne	N	h^2_a	h^2_m	r_{am}	R	CV _g
0	26.4	1262	0.250 (0.110)	0.113 (0.074)	0.275 (0.484)	0.155 (0.060)	9.6
1	47.5	1201	0.343 (0.143)	0.286 (0.110)	-0.568 (0.211)	0.415 (0.089)	7.2
2	64.8	1198	0.265 (0.125)	0.251 (0.109)	-0.638 (0.222)	0.457 (0.084)	6.1
3	81.7	1189	0.170 (0.097)	0.202 (0.103)	-0.571 (0.289)	0.442 (0.076)	5.5
4	99.0	1184	0.143 (0.082)	0.185 (0.102)	-0.589 (0.309)	0.442 (0.074)	4.9
5	116.2	1166	0.076 (0.059)	0.122 (0.093)	-0.499 (0.470)	0.446 (0.064)	4.1
6	131.7	1162	0.140 (0.081)	0.184 (0.103)	-0.636 (0.308)	0.452 (0.075)	4.4
7	144.5	1134	0.137 (0.080)	0.170 (0.101)	-0.501 (0.350)	0.430 (0.073)	5.1

(h^2_a : hérabilité directe ; h^2_m : hérabilité des effets maternels ; r_{am} : corrélation génétique entre effets directs et maternels ; R : répétabilité ; CV_g : coefficient de variation génétique total)

L'opposition entre les effets génétiques directs et maternels apparaît nettement dans nos résultats, à tous les poids à âge type, hormis le poids à la naissance. Cet antagonisme indique que les efforts de sélection des animaux sur leur propre poids avant sevrage pourraient être contrecarrés par une évolution antagoniste des effets maternels. Cette observation est concordante avec la plupart des résultats disponibles dans la littérature, et avec les principes énoncés par Cundiff (1972) à ce sujet. Cependant, selon son point de vue, on pourrait s'attendre à un antagonisme entre composantes directes et maternelles plus important chez les races spécialisées que chez les races adaptées à des conditions difficiles. Or cela n'apparaît pas aussi nettement, d'après la forte variabilité observée dans les résultats publiés sur des races spécialisées dans les pays développés (Meyer, 1992 ; Dodenhoff et al., 1999). Par ailleurs, il a été montré que l'estimation de cet antagonisme peut être biaisée par la structure des données (Clément et al., 2002), par la structure des pedigree disponibles (Dong et al., 1988) et par des problèmes de confusion entre les pères des individus avec performances et l'effet année (Lee et Pollack, 1997). Ces différents facteurs peuvent être intervenus dans notre propre étude, et avoir influencé les paramètres estimés.

L'amplitude de la variabilité génétique estimée par le coefficient de variation génétique totale (CVg) varie de 5,1 % à 9,6 %, et apparaît particulièrement élevée. A titre de comparaison, des valeurs de CVg de 1 à 8 % ont été citées dans une synthèse récente sur les composantes génétiques de 15 caractères productifs dans différentes races bovines allaitantes spécialisées en pays tempérés (Roughsedge et al., 2001).

Nos estimations pour le PAT₇, poids à âge type le plus proche du sevrage, sont dans la gamme de variation des paramètres génétiques publiés par différents auteurs sur différentes races tropicales pour le poids au sevrage (Tableau 3.2.6.).

Une analyse multivariée a été réalisée en prenant en compte seulement les poids à âge type PAT₀, PAT₄ et PAT₇, représentatifs de la tendance générale de la croissance avant sevrage. Les coefficients d'héritabilité estimés sont légèrement supérieurs aux coefficients calculés dans les analyses univariées montrés dans le tableau 3.2.4. On doit également signaler que la convergence a pu être obtenue après plusieurs lancement de la procédure, avec des valeurs initiales différentes à chaque tentative. Cette analyse multivariée avait pour but d'estimer les corrélations génétiques entre les caractères de poids avant sevrage, et les résultats sont présentés dans le tableau 3.2.5. De manière générale, les corrélations génétiques entre les trois PAT_i étudiés sont positives et élevées. Ces corrélations suggèrent qu'une sélection pour les effets génétiques directs ou maternels sur l'un ou l'autre de ces poids se traduirait par une évolution homogène sur les autres. Cependant le poids à la naissance apparaît un faible indicateur des effets génétiques directs sur les autres poids, en particulier à un âge avancé. Les corrélations génétiques entre effets maternels sont en revanche élevées entre les trois PAT_i étudiés, et supérieures à 0.820, suggérant un déterminisme génétique similaire.

2.1.6. Tendances phénotypique et génétique observées.

Ainsi, la variabilité génétique des paramètres de croissance avant sevrage chez le bovin Créole apparaît très voisine de celle observée dans d'autres races bovines exploitées pour la production de viande, en zone tropicale ou tempérée, de sorte que l'on pourrait s'attendre à une réponse similaire à la sélection. Bien que le programme de sélection du bovin Créole de Guadeloupe (Naves et Shitalou, 1996) n'ait pas été totalement mis en place, la base de données étudiée permet d'évaluer sur la période de temps considérée (1981-2000) l'évolution observée au sein du troupeau du Domaine de Gardel. Pour cela ont été utilisées les moyennes des valeurs génétiques additives des effets directs et maternels, par année de naissance des veaux, ainsi que la valeur phénotypique observée pour le poids à âge type de 7 mois (Figure 3.2.7.).

Tableau 3.2.5. : Corrélations génétiques entre effets génétiques directs (au dessus de la diagonale) et maternels (en dessous de la diagonale) entre le poids vif à la naissance (PN), le poids à âge type à 4 mois (PAT4) et à 7 mois (PAT7).

	PAT ₀	PAT ₄	PAT ₇
PAT ₀		0.741 ± 0.15	0.342 ± 0.10
PAT ₄	0.820 ± 0.16		0.989 ± 0.03
PAT ₇	0.874 ± 0.12	0.961 ± 0.08	

Tableau 3.2.6. : Paramètres génétiques pour le poids vif au sevrage dans différentes races locales exploitées en région tropicale.

Race (Pays)	h ² _a	h ² _m	r _{am}	CV _g	Référence
Diverses races zébus	0.22 (0.14 à 0.52)	0.180 (0.04 à 0.28)	-0.230 (-0.15 à -0.91)		Mercadante et al., 1995 (entre 7 et 12 publications)
Gobra (Sénégal)	0.203	0.205	-0.608	6.0	Diop et VanVleck, 1998
Nelore (Brésil)	0.160	0.133	-0.528	3.5	Nobre et al., 2003
Brahman (Vénézuéla)	0.068	0.140	-0.126	4.2	Plasse et al., 2002
Criollo (Cuba)	0.058	0.091	-0.449	4.0	Menendez-Buxadera et Planas, 1996
Sénépol (Ste Croix)	0.211	0.470	-0.570	5.4	Wright, 1986; Wright et al., 1991
Créole (Guadeloupe)	0.137	0.170	-0.501	5.2	Présente étude (PAT ₇)

(héritabilités des effets directs et maternels, respectivement h²_a et h²_m ; corrélations génétiques entre eux, r_{am}, et coefficient de variation génétique total, CV_g)

Figure 3.2.7. Evolution des niveaux phénotypique et génétique moyens pour le poids à âge type à 7 mois dans le troupeau de bovin Créole du Domaine de Gardel

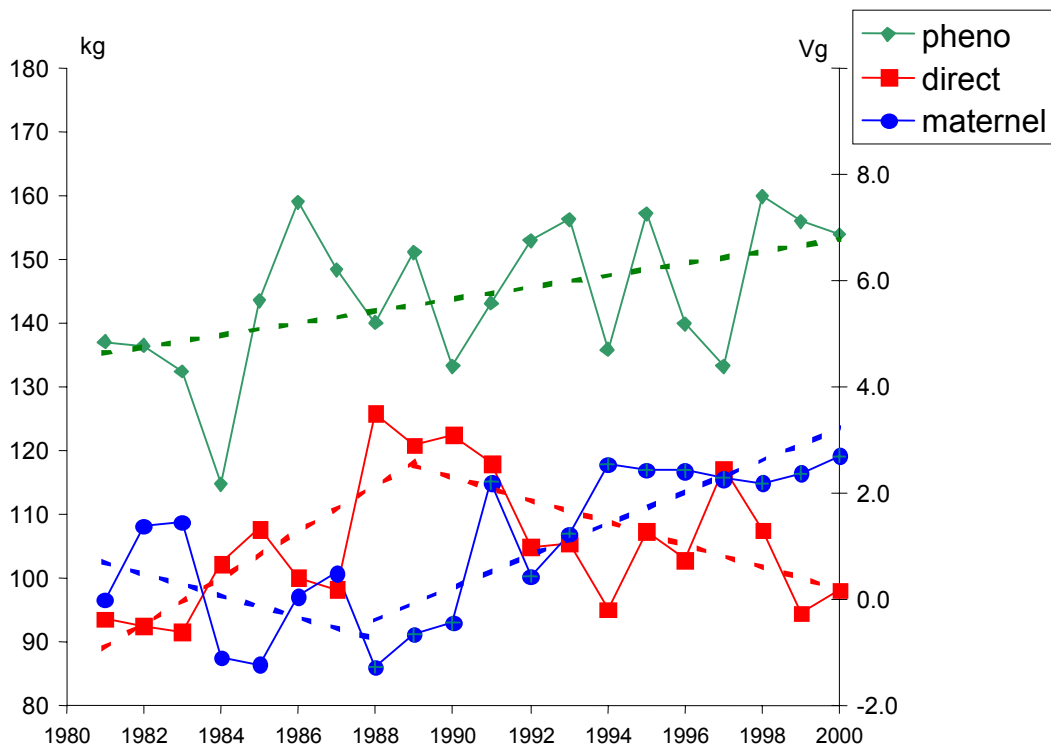
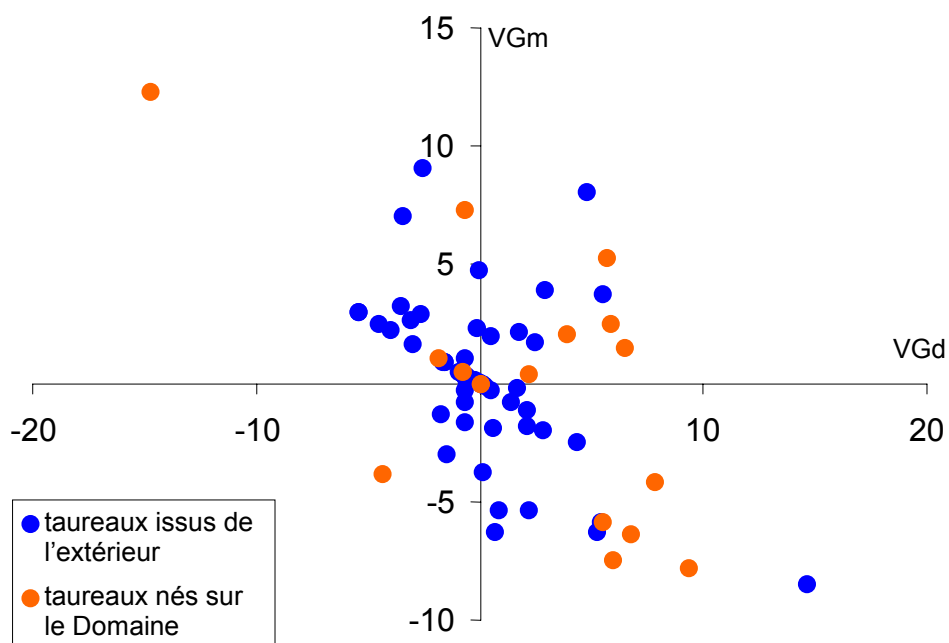


Figure 3.2.8. Distribution des valeurs génétiques des taureaux reproducteurs utilisés au Domaine de Gardel pour les effets directs (VGd) et pour les effets maternels (VGm) sur le poids à 7 mois



La valeur phénotypique présente des variations interannuelles très marquées, mais avec une tendance générale positive de l'ordre de 0.936 ± 0.140 kg/an, se traduisant par une amélioration du PAT₇ de 16.8 kg pour les veaux nés en 2000 comparés à ceux nés en 1981. L'évolution phénotypique présente des variations très erratiques qui s'explique par les conditions environnementales. En particulier, on observe l'effet très prononcé des sécheresses de 1983, 1990, 1994 et 1997.

Les réponses pour les valeurs génétiques directes (VGD) et maternelles (VGM) présentent deux étapes distinctes. D'une part, entre 1981 et 1987, on observe un progrès génétique annuel de l'ordre de 0.366 kg/an pour VGD et -0.186 kg/an pour VGM. Par la suite, l'évolution observée est à l'opposé, avec une amélioration de l'ordre de 0.284 kg/an de VGM et une diminution de -0.228 kg/an de VGD. De manière générale, on peut estimer qu'environ 83 % de l'augmentation phénotypique observée est due à l'amélioration des conditions environnementales, et 17 % aux effets génétiques, avec un gain de près de 3 kg sur l'ensemble de la période.

Les deux phases observées peuvent s'expliquer par la conduite du renouvellement pratiqué. A partir de 1984 a été mise en place une politique de renouvellement stricte, basée sur l'élimination des femelles les moins fertiles et moins productives, et leur remplacement par des génisses nées sur le Domaine et présentant un poids à 18 mois supérieur à la moyenne. Il semble que cette politique puisse expliquer l'amélioration notée sur les qualités maternelles à partir des naissances de 1987. L'antagonisme entre effets directs et maternels et les modalités de renouvellement des taureaux reproducteurs peuvent expliquer les variations irrégulières, mais en sens opposé, de la valeur génétique directe. En effet, les mâles reproducteurs ont été principalement achetés à l'extérieur du Domaine, et leur choix effectué sur une appréciation visuelle purement subjective. Les taureaux issus du Domaine et conservés ont été quant à eux choisis pour couvrir la gamme de variation des performances, dans un but d'expérimentation. On observe ainsi sur la figure 3.2.8. la variabilité importante, en particulier pour la valeur génétique maternelle, des taureaux issus du Domaine.

Les résultats observés pour les croissances avant sevrage sont dans la gamme des résultats obtenus dans les races spécialisées en pays tempérés (Sullivan et al., 1999) ou sur le Brahman au Vénézuéla (Plasse et al., 2002), et inférieur à ceux cités par Tewolde (1988) sur le Romosinuano au Costa Rica. Compte tenu des effectifs relativement faibles du Domaine de Gardel, et de la sélection purement massale réalisée durant la période considérée, ils apparaissent ainsi très satisfaisants et prometteurs pour la mise en œuvre d'un véritable programme de sélection du bovin Créole sur la croissance en allaitement.

2.2. Croissance post-sevrage.

Dans le paragraphe précédent, nous avons vu qu'il existe une importante variabilité génétique sur la croissance pré-sevrage. Dans le même temps, l'influence maternelle est apparue comme la principale composante génétique sur cette première phase. Il s'agit maintenant d'étudier les facteurs de variation de la croissance post sevrage et particulièrement d'estimer les paramètres génétiques pour cette période clef du choix des génisses de renouvellement et des futurs reproducteurs.

2.2.1. Matériel et méthodes.

De même que précédemment, les caractéristiques principales de la conduite des animaux et de la base de données étudiées dans ce paragraphe ont été décrits dans le chapitre 1 et la section 2.1.1.

Pour cette partie de l'étude, ont été utilisés les poids à âge type (PAT_i) entre 8 et 18 mois d'âge, calculés sur 947 individus des deux sexes qui ont été mis en engraissement entre 1981 et 2000, et suivis en contrôle de croissance au minimum jusqu'à l'âge de 12 mois. Les poids à âge type ont été calculés par intervalle mensuel, suivant la méthode présentée au 2.1.1.

Après le sevrage, les veaux étaient regroupés, suivant le sexe, en groupes de contemporains rassemblant entre 5 et 26 individus. Chaque groupe de contemporains recevait une alimentation, répondant à un des trois modes de conduite définis au 2.1.1. Le principal mode d'alimentation pour les mâles a été constitué par une alimentation au pâturage exclusivement, sur prairies à *Digitaria decumbens* (SP). Un mode d'engraissement à l'auge, à base de fourrage de fauche maïs complétement (entre 3 et 5 kg de concentré par jour) a été également mis en place (SI). Un mode intermédiaire (SM) a été pratiqué plus particulièrement sur les génisses ; il s'agit d'une conduite hors sol, avec un fourrage de fauche (principalement du Pangola, fauché à 35 jours), complétement avec un aliment concentré.

Malgré une mise en lot proche du sevrage, l'âge et le poids initiaux ont pu varier de manière importante suivant les lots. Leur influence a d'abord été étudiée sous SAS (SAS Institute, 2000), suivant différents modèles linéaires généralisés après ou non leur introduction dans le modèle comme covariables :

$$Y_{ijklm} = \mu + AS_i + RMB_j + SEXE_k + ALIM_l + I_{il} + b_1 * PDEB_m + b_2 * AGEB_m + e_{ijklm}$$

où:

Y_{ijklm} est la mesure effectuée sur l'individu m,

μ est la moyenne générale,

AS_i est un effet fixe correspondant à la combinaison Année - Saison de naissance de l'individu, avec $i = 1 \dots 38$ niveaux,

RMB_j est l'effet fixe lié au rang de mise bas de la mère du veau, avec $j = 1 \dots 10$ niveaux,

$SEXE_k$ est l'effet fixe correspondant au sexe du veau, avec $k = 1, 2$ niveaux,

$ALIM_l$ est l'effet fixe lié au mode de conduite après sevrage, avec $l = 1 \dots 3$ niveaux,

I_{il} est l'interaction entre les effets AS_i et $ALIM_l$

$PDEB_m$ est la covariable poids au début de la période de contrôle de croissance,

$ADEB_m$ est la covariable âge au début de la période de contrôle de croissance,

e_{ijklm} est un effet aléatoire résiduel, suivant une loi normale $N(0, \sigma_e^2)$ et indépendant des autres effets.

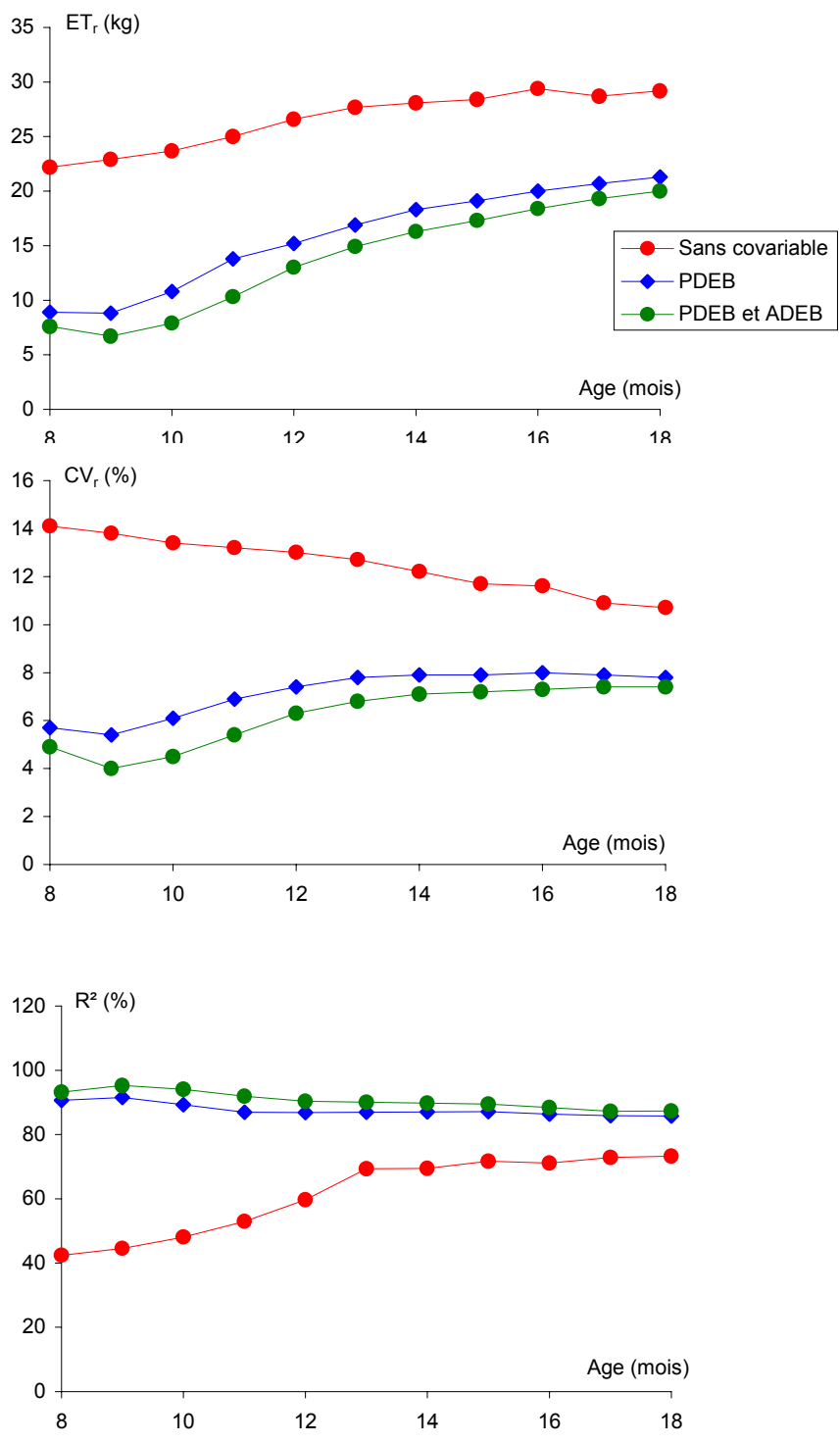
L'amplitude du coefficient de variation résiduel et du coefficient de détermination du modèle ont été les critères utilisés pour apprécier l'influence des covariables initiales $PDEB_m$ et $ADEB_m$ sur les PAT_i.

La variabilité génétique des PAT_i a été étudiée par la méthode des modèles linéaires mixtes, à l'aide du logiciel ASREML (Gilmour et al., 2002). Les données ont été analysées à l'aide de modèles univariés et multivariés, suivant des modèles similaires à celui présenté au 2.2.1. Les effets fixes pris en compte sont similaires, à part la combinaison année-époque-système de conduite, analogue au groupe de contemporains, qui rassemble 70 niveaux.

A également été constitué un nouveau fichier de données, à partir des poids à âge type disponibles, considérant ces PAT_i comme des caractères différents suivant le système d'alimentation. Ces poids à âge types, mesurés dans les trois principaux systèmes définis, ont été analysés suivant des modèles mixtes multicaractères.

Les paramètres génétiques ont été calculés suivant la même méthodologie que décrit précédemment au 2.2.1. Dans les analyses multivariées, les différentes composantes de la

Figure 3.2.9. Influence du poids (PDEB) et de l'âge (ADEB) au début des contrôles sur la croissance après sevrage



variance ont été estimées avec ou sans ajustement à même âge initial, même poids initial ou les deux.

2.2.2. Facteurs de variations non génétiques : influence des caractéristiques initiales.

La courbe de croissance générale et les principaux facteurs de variation ont été décrits dans la section 2.1. Il est également important pour la phase de croissance post sevrage, de tenir compte de l'effet des conditions d'allaitement. Pour cela ont été pris en compte différents ajustements suivant les conditions initiales.

Tous les effets inclus dans le modèle ont été hautement significatifs. Les différences liées au sexe et au mode d'alimentation après sevrage ont déjà été décrites au 2.1.2. et présentées dans la figure 3.2.2. On s'intéressera ici seulement à l'influence des conditions initiales sur la représentativité du modèle, appréciée par l'écart type résiduel (ET_r), le coefficient de variation résiduel (CV_r) et le coefficient de détermination (R^2) des différents modèles. Les résultats des multiples analyses réalisées sont présentés dans la figure 3.2.9.

Le premier ensemble d'analyse montre une augmentation de ET_r avec l'âge. Cependant, cette tendance est différente lorsque l'on élimine les effets d'échelle en comparant CV_r . Les modèles sans ajustement montrent une précision correcte, avec des coefficients de détermination du modèle variant entre 42.4 % (PAT_8) et 73.3 % (PAT_{18}).

L'inclusion du poids initial comme covariable dans le modèle améliore considérablement la précision, avec un R^2 variant entre 85.8 % et 90.7 %. En revanche, on ne note pas d'amélioration nette de R^2 lorsque l'âge initial est inclus dans le modèle, qui n'influe significativement que sur PAT_8 et PAT_9 , et ces résultats n'ont pas été inclus dans la figure 3.2.9. Finalement, l'ajustement à poids et âge initial constant entraîne l'amélioration la plus nette avec une diminution de ET_r et CV_r et une augmentation de R^2 , bien que ces résultats soient assez proches des modèles à poids initial constant.

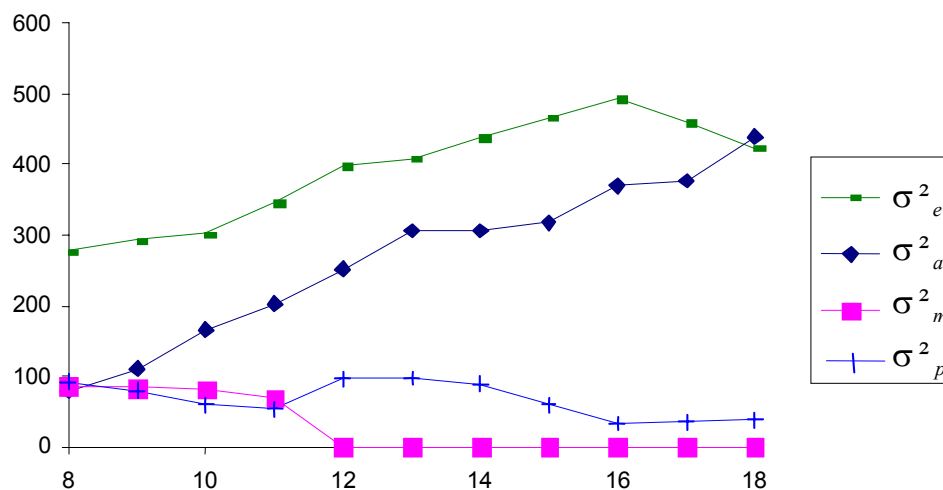
Des résultats similaires ont été obtenus par Rico et al. (1989) sur un échantillon de 719 taurillons zébus à Cuba. De même, les résultats obtenus dans des races tempérées montrent que le poids initial a un effet particulièrement important sur les poids des animaux en contrôle de croissance après sevrage. En général, ces variations sont attribuées aux conditions de conduite dans les troupeaux d'origine ; elles peuvent se traduire par une croissance compensatrice élevée, ce qui peut biaiser les résultats de l'évaluation individuelle (Kemp, 1990 ; Liu et Makarechian, 1993 ; Maiwashe et al., 2002). Dans notre étude, les animaux proviennent d'un même élevage, mais ces différences peuvent être associées aux modes de conduite en allaitement, et également aux variations des effets maternels dont on a vu qu'ils ont une influence particulièrement importante dans la section précédente.

2.2.3. Paramètres génétiques des PAT_i après sevrage.

Les composantes de la variance pour les PAT_i après sevrage, estimées par un modèle animal unicaractère et sans ajustement pour le poids ou l'âge initial, sont présentées dans la figure 3.2.10. La variance des effets génétiques directs (σ^2_a) augmente progressivement avec l'âge, en continuité avec les résultats pour la période précédente avant sevrage. Les effets génétiques maternels montrent une tendance opposée, et leur effet n'est plus significatif au delà de l'âge de 12 mois. Les effets d'environnement maternel permanent montrent une évolution irrégulière, mais restent significatifs, et expliquent 4.1 % environ de la variance totale pour PAT_{18} .

Figure 3.2.10. Composantes de la variance pour les poids à âge type après sevrage (sans covariable)

(σ_a^2 : variance génétique directe ; σ_m^2 : variance génétique maternelle ; σ_p^2 : variance des effets d'environnement permanent ; σ_e^2 : variance résiduelle)

**Tableau 3.2.7. Paramètres génétiques pour les poids à âge type après sevrage (sans covariable)**

Age	moyenne	N	h_a^2	h_m^2	R	CV _g
8	157.2	947	0.148	0.159	0.332	7.0
9	166.1	947	0.196	0.148	0.288	7.4
10	177.0	945	0.273	0.134	0.232	8.1
11	189.5	945	0.302	0.103	0.182	8.1
12	205.1	942	0.338		0.128	7.7
13	218.2	938	0.378		0.119	8.0
14	231.2	926	0.367		0.108	7.6
15	242.2	896	0.376		0.071	7.4
16	251.1	845	0.412		0.037	7.7
17	262.1	800	0.433		0.041	7.4
18	272.4	707	0.488		0.041	7.7

(h_a^2 : hérabilité directe ; h_m^2 : hérabilité des effets maternels ; R : répétabilité ; CV_g : coefficient de variation génétique total)

Les paramètres génétiques pour les différents poids à âge type sont présentés dans le tableau 3.2.7. L'héritabilité des effets directs (h^2_a) augmente considérablement entre l'âge de 8 et 12 mois, en même temps que diminue fortement l'héritabilité des effets génétiques maternels (h^2_m). La covariance entre ces deux effets génétiques n'atteint pas un niveau significatif et a été exclue des analyses. L'estimation de h^2_a est presque trois fois plus élevée pour PAT_{18} que pour PAT_8 , et atteint une valeur de $h^2_a = 0.488 \pm 0.10$. De manière générale, ces paramètres sont très supérieurs aux valeurs moyennes citées par Mercadante et al. (1995) et plus récemment par Plasse et al. (2002) pour des animaux de races locales sous les tropiques. Mais ces estimations sont sûrement biaisées par l'effet de l'environnement pré sevrage, selon les résultats présentés au 2.2.3, qui n'ont pas été inclus dans ce modèle.

Pour une estimation plus précise des composantes de la variance, il a été décidé d'utiliser un modèle animal multicaractère, comme précédemment. Pour cela, ont été utilisés les PAT_{12} , PAT_{15} et PAT_{18} , pour lesquels les effets maternels ne sont pas significatifs, et qui décrivent bien la période post sevrage. En effet on a considéré ces trois poids comme représentatifs de la trajectoire de croissance durant cette période des animaux présents dans notre étude, quelles que soient les conditions d'engraissement. D'autre part, ces trois PAT_i apportent une meilleure cohérence au modèle car ils permettent en partie de s'abstraire de problèmes d'autocorrélation entre variables, lorsque sont considérés des PAT_i calculés avec des pesées adjacentes. Enfin, le fait de travailler sur des paramètres en nombre réduit permet d'éviter les difficultés de convergence en comparaison à un modèle complet incluant tous les caractères. Les résultats sont présentés dans les tableaux 3.2.8 et tableau 3.2.9, avec ou sans ajustement pour les caractéristiques initiales.

Les modèles sans covariables ou à âge initial constant présentent des résultats très similaires, en termes de composantes de la variance et de paramètres génétiques, et même légèrement supérieurs aux modèles univariés. Cela peut s'expliquer par les propriétés du modèle multicaractère (Mrode, 1996), qui prend en compte notamment les problèmes de données manquantes pour certains individus, comme cela est le cas en ce qui concerne le PAT_{18} .

Avec la prise en compte du poids initial comme covariable, les variances génétique et résiduelle sont très fortement réduites, ainsi que l'estimation de l'héritabilité, en particulier pour PAT_{12} (Tableau 3.2.8). Les résultats d'un modèle à poids et âge initial constant montrent une réduction supplémentaire des composantes de la variance estimées ; mais les estimations d'héritabilité ne sont pas fortement affectées, et très voisines des valeurs obtenues avec un modèle à poids initial constant. Ces résultats sont cohérents avec nos remarques antérieures sur l'influence de l'environnement pré-sevrage.

Cependant, les valeurs de h^2_a obtenues dans cette étude sont très supérieures à celles compilées par Lobo et al. (2000) dans différents travaux publiés sur ce thème en zone tropicale, et du même ordre de grandeur que ceux estimés récemment par Schenkel et al. (2002) pour 13 races spécialisées élevées au Canada, ce qui peut paraître surprenant.

Le tableau 3.2.9 présente les résultats des analyses multivariées concernant les corrélations génétiques entre les caractères étudiés. Les résultats obtenus ne présentent pas de différence importante avec ou sans ajustement pour les covariables initiales. Cela traduit non pas l'absence d'influence des conditions pré-sevrage, mais que celle-ci se traduit de la même manière sur les caractères étudiés. De manière générale, les valeurs de r_g ont été supérieures à 0.928, indiquant que les trois PAT_i sont régis par des bases génétiques communes. Cette remarque est similaire aux résultats publiés par Rico et al. (1994) pour des taurillons zébus en contrôle de croissance au pâturage à Cuba.

Tableau 3.2.8. Paramètres génétiques pour différents poids à âge type (PAT_i, i en mois) après sevrage (modèle multicaractère) avec ou sans ajustement initial

	PAT ₁₂	PAT ₁₅	PAT ₁₈
Sans covariable			
Variance résiduelle	423.607	476.309	514.768
Variance génétique	327.565	412.532	559.303
héritabilité	0.436 ± 0.07	0.464 ± 0.07	0.521 ± 0.08
Age initial constant			
Variance résiduelle	423.410	477.915	515.810
Variance génétique	328.892	411.255	559.355
Héritabilité	0.437 ± 0.07	0.462 ± 0.08	0.520 ± 0.08
Poids initial constant			
Variance résiduelle	187.427	244.846	342.905
Variance génétique	50.466	164.864	224.660
héritabilité	0.212 ± 0.06	0.402 ± 0.08	0.396 ± 0.08
Age et poids initial constants			
Variance résiduelle	133.213	196.697	299.065
Variance génétique	40.744	132.549	188.502
héritabilité	0.234 ± 0.06	0.403 ± 0.08	0.387 ± 0.08

Tableau 3.2.9. Covariances et corrélations génétiques entre poids à âge type (PAT_i, i en mois) après sevrage (modèle multicaractère) avec ou sans ajustement initial

Modèle d'analyse	PAT ₁₂	PAT ₁₅	PAT ₁₈
Sans covariable			
PAT ₁₂		0.956 ± 0.02	0.978 ± 0.02
PAT ₁₅	351.230		0.985 ± 0.01
PAT ₁₈	418.563	473.189	
Age initial constant			
PAT ₁₂		0.958 ± 0.02	0.980 ± 0.02
PAT ₁₅	352.237		0.985 ± 0.0
PAT ₁₈	420.216	472.451	
Poids initial constant			
PAT ₁₂		0.982 ± 0.03	1.027 ± 0.03
PAT ₁₅	89.603		0.943 ± 0.03
PAT ₁₈	109.360	181.460	
Age et poids initial constants			
PAT ₁₂		0.959 ± 0.04	1.004 ± 0.04
PAT ₁₅	70.499		0.928 ± 0.04
PAT ₁₈	87.985	146.668	

Corrélations génétiques au dessus de la diagonale. Covariance génétique en dessous de la diagonale.

2.2.4. Interactions génétique x mode de conduite.

Les résultats présentés ci dessus montrent qu'il existe de bonnes opportunités de sélection des animaux Créoles sur les performances de croissance après sevrage. Cependant, différentes conditions de conduite ont été pratiquées, et il paraît opportun de s'interroger sur l'éventualité d'interactions génotype x milieu (GxE) sur ces performances. Dans ce but ont été mises en œuvre 4 analyses différentes, à l'aide d'un modèle animal multicaractère, dans lequel le poids vif a été considéré comme un caractère différent suivant le système d'alimentation ; dans ces conditions, la corrélation génétique entre ces caractères peut nous informer sur l'importance d'une éventuelle interaction GxE.

Les résultats de ces analyses ont montré une importante hétérogénéité des variances résiduelles et génétiques, ainsi que de leur relation avec la variance phénotypique totale, et donc de l'héritabilité de PAT₁₅, suivant les conditions de conduite post sevrage. Ce constat est de première importance pour l'évaluation génétique des animaux dans le cadre d'un schéma de sélection adapté à des conditions d'élevage en milieu tropical, comme le montrent les corrélations génétiques entre les estimations de PAT₁₅ suivant le système d'alimentation (Tableau 3.2.10).

Le logiciel ASREML fournit un indicateur de la signification des composantes de la variance, relativement à l'erreur standard de la composante estimée, obtenue par l'algorithme Average Information Matrix. Selon Gilmour et al. (2002), la variance estimée peut être considérée comme significative lorsque ce rapport est supérieur à 2. Ce même principe a été appliqué aux estimations des corrélations génétiques entre PAT₁₅ dans différents systèmes, présentées dans le Tableau 3.2.10. Aucune corrélation génétique n'est significative entre PAT₁₅ calculés sur des animaux élevés respectivement en système intensif (SI) et au pâturage (SP) ou en système intermédiaire (SM), hormis entre SI et SP lorsque l'âge initial est inclus comme covariable. A l'opposé, les corrélations génétiques entre PAT₁₅ estimé en SP et SM sont positives, quel que soit le modèle d'analyse et les covariables introduites. En particulier, les corrélations génétiques sont supérieures à 0.933 dans les modèles où le poids initial intervient en covariable.

On peut donc tirer les conclusions suivantes de ces résultats sur la croissance post-sevrage :

- Quel que soit le modèle utilisé, les caractéristiques initiales liées aux conditions d'allaitement constituent une source de variation importante, dont il doit être tenu compte dans l'évaluation ;
- Il apparaît clairement que le PAT₁₅ estimé en condition d'alimentation intensive à l'auge (SI) ne constitue pas le même caractère que celui mesuré au pâturage (SP) ou dans des conditions intermédiaires (SM) ;
- Les résultats obtenus dans ces deux systèmes (SP et SM) sont fortement liés et peuvent être considérés comme l'expression d'un même caractère, lorsque les conditions initiales sont prises en compte dans le modèle d'analyse.

Différents points de vue ont été abordés concernant l'interprétation de ces interactions GxE, qui soulève de vives discussions (Calus et al., 2002 ; Kolmodin et al., 2003), en particulier en ce qui concerne la production laitière. Peu de références ont jusqu'à présent traité de cette question pour la production de viande, et encore moins en ce qui concerne l'élevage en conditions tropicales.

La définition du milieu est une des premières interrogations, sur lesquelles les avis sont partagés. Ce thème a fait l'objet d'une révision récente par Fikse et al. (2003), particulièrement adaptée à la production laitière. Pour des bovins producteurs de viande, on évalue l'interaction GxE à travers la corrélation génétique entre le même caractère contrôlé

Tableau 3.2.10. Corrélations génétiques entre poids vif à 15 mois d'âge, estimé dans différents systèmes d'alimentation

Modèle d'analyse	SP et SI	SM et SI	SP et SM
Sans covariable initiale	0.446 ± 0.32	- 0.150 ± 0.37	0.601 ± 0.19**
Age initial constant	0.597 ± 0.33*	- 0.110 ± 0.39	0.592 ± 0.19*
Poids initial constant	0.041 ± 0.30	- 0.347 ± 0.43	0.962 ± 0.24***
Poids et âge initial constants	0.203 ± 0.33	- 0.285 ± 0.42	0.933 ± 0.23***

SP = système pâturage ; SM = Système intermédiaire ; SI = système intensif

* significative ; ** hautement significative ; sans exposant : non significatives.

Tableau 3.2.11. Paramètres génétiques pour différents poids à âge type (PAT_i, i en mois) dans les systèmes d'alimentation peu intensifs (systèmes de pâturage (SP) et intermédiaire (SM)). (modèles multicaractères avec ajustement à âge et poids initial constants).

	PAT12	PAT15	PAT18
Variance Génétique	57.5	124.7	174.9
Variance Residuelle	136.1	272.0	485.7
Variance Totale	193.6	296.7	660.6
Héritabilité	0.297 ± 0.08	0.314 ± 0.08	0.265 ± 0.08
CVg %	3.8	4.8	4.9

dans différents pays, considéré comme des milieux différents (Meyer et al., 1995 ; de Mattos et al., 2000 ; Quintanilla et al., 2002). Dans ces trois études, les différents indicateurs semblent indiquer qu'il n'existe pas d'interaction GxE, ou d'un niveau très faible, de sorte qu'une évaluation conjointe de la valeur génétique des animaux à un niveau international serait possible, d'une manière semblable à ce qui se fait en production laitière dans Interbull. On doit cependant observer que les conclusions de Quintanilla et al. (2002) restent réservées dans la mesure où elles mettent en avant la nécessité de poursuivre l'évaluation de ces corrélations génétiques entre différents pays.

Ces résultats peuvent également s'expliquer par les différences relativement faibles entre les systèmes de production existant dans les pays pris en compte. Au contraire, Charagu et Peterson (1998) ont montré de fortes interactions GxE sur la production laitière, entre des animaux évalués au Canada, dans des conditions d'alimentation intensive avec un haut niveau de concentré, et en Nouvelle Zélande, avec une alimentation principalement à base de pâturages. Dans le même sens, Berry et al. (2002) ont montré de telles interactions GxE sur le caractère « état corporel », qui est en relation avec la récupération après la mise bas, critère important à prendre en compte dans des conditions de pâturage.

En ce qui concerne les conditions d'élevage en milieu tropical, la seule référence ayant traité de ce sujet a également montré une interaction GxE importante pour la croissance journalière au pâturage ou dans des conditions intensives en stabulation (Schoeman et Jordaan, 1998).

Ainsi les résultats de la présente étude semblent démontrer de manière cohérente, pour la population Créole et les conditions d'élevage en région tropicale humide, qu'une interaction GxE importante existe. Cette interaction doit être prise en compte pour l'évaluation génétique des bovins pour la croissance, et elle confirme qu'il est nécessaire d'évaluer les futurs géniteurs dans des conditions les plus proches des conditions d'élevage dans lesquelles leurs produits seront élevés.

Par ailleurs, ces résultats suggèrent que les estimations des paramètres génétiques citées au 2.3.3, dans les tableaux 3.2.7 et 3.2.8, étaient probablement biaisées puisque l'hétérogénéité de la variance entre les milieux n'avait pas été prise en compte. Afin de calculer des paramètres plus adéquats pour l'évaluation des animaux dans un schéma de sélection adapté à un système de production de viande à base de pâturage, une nouvelle analyse a été réalisée après élimination des animaux maintenus dans le système intensif (SI). Compte tenu des fortes corrélations génétiques entre les modes de conduite SP et SM, il a été considéré que les poids à âge type des animaux élevés dans ces systèmes constituaient un même caractère. Les estimations de PAT_{12} , PAT_{15} et PAT_{18} ont ainsi été étudiées avec un modèle animal multicaractère, similaire à celui utilisé précédemment, avec prise en compte des covariables âge et poids initiaux (ADEB et PDEB) et sans effet du mode de conduite. Le tableau 3.2.11 présente les résultats de ces analyses.

Les estimations des héritabilités obtenues dans cette analyse sont inférieures aux résultats présentés précédemment, et entrent cette fois dans la gamme de variation des paramètres génétiques de la croissance en conditions de pâturage citées dans les révisions bibliographiques de Mercadante et al. (1995) et de Lobo et al. (2000). Les corrélations génétiques ont été de 0.910 ± 0.06 entre PAT_{12} et PAT_{15} ; 0.871 ± 0.09 entre PAT_{12} et PAT_{18} , et 0.917 ± 0.05 entre PAT_{15} et PAT_{18} , ce qui indique une base génétique commune pour ces trois caractères. Ces derniers paramètres sont ceux qui apparaissent les plus adéquats pour décrire la croissance après sevrage au sein de la population bovine Créole, représentés dans le cadre de notre étude.

Figure 3.2.11. Evolution des niveaux phénotypique et génétique pour le poids à âge type à 18 mois dans le troupeau de bovin Créole du Domaine de Gardel

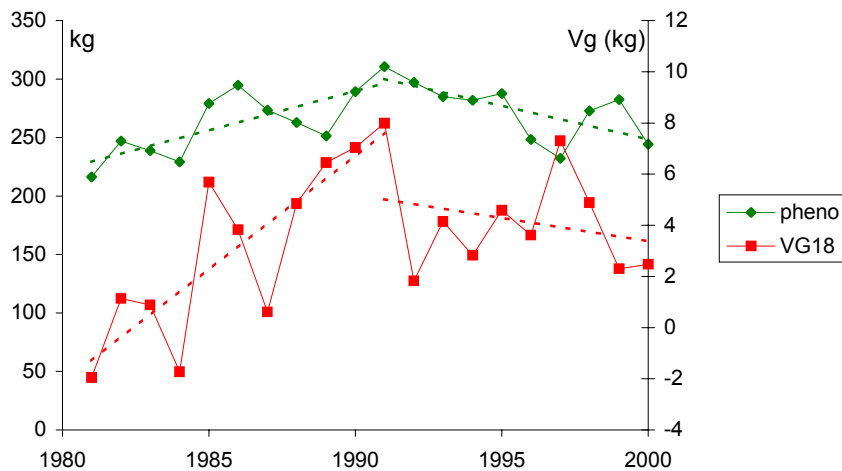
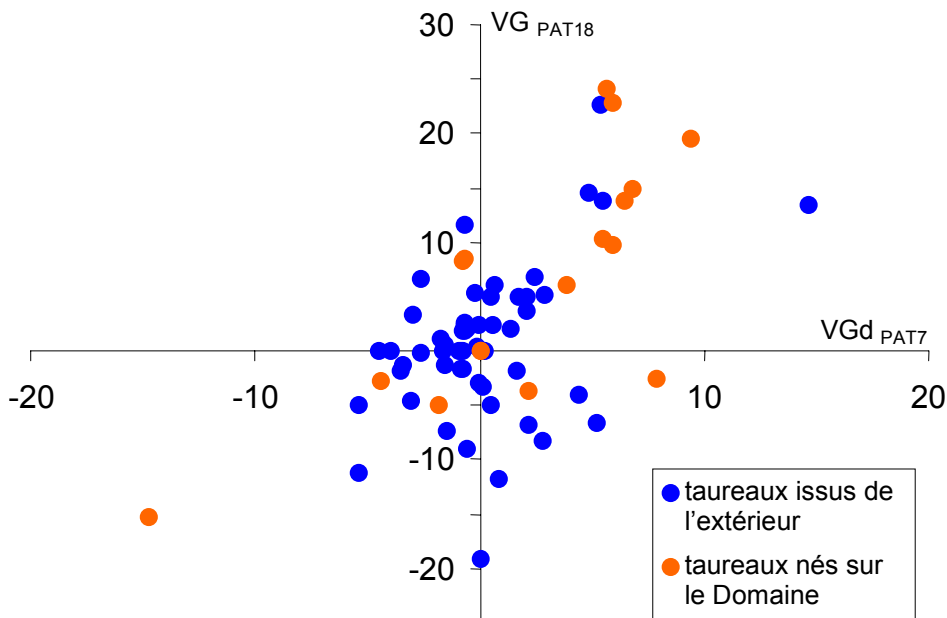


Figure 3.2.12. Valeurs génétiques des taureaux reproducteurs utilisés au Domaine de Gardel (PAT7 et PAT18)



La variabilité génétique évaluée par le coefficient de variation génétique (CV_g), apparaît importante, avec des valeurs de CV_g de 3.8 %, 4.4 % et 4.9 % pour PAT_{12} , PAT_{15} et PAT_{18} respectivement.

2.2.5. Tendances phénotypique et génétique observées.

Comme précédemment, on a voulu mesurer l'évolution du poids à 18 mois, en valeur phénotypique et en valeur génétique, en se basant uniquement sur les animaux maintenus dans les systèmes SP et SM. Cette évolution permet de décrire les variations liées à l'amélioration des conditions de conduite et le progrès génétique réalisé, dans des conditions de conduite peu intensive. Le PAT_{18} est par ailleurs un caractère intéressant pour la sélection des futurs reproducteurs, aussi bien pour le choix des génisses de renouvellement que pour les taureaux. La figure 3.2.11 présente l'évolution phénotypique mesurée et le progrès génétique réalisé sur PAT_{18} .

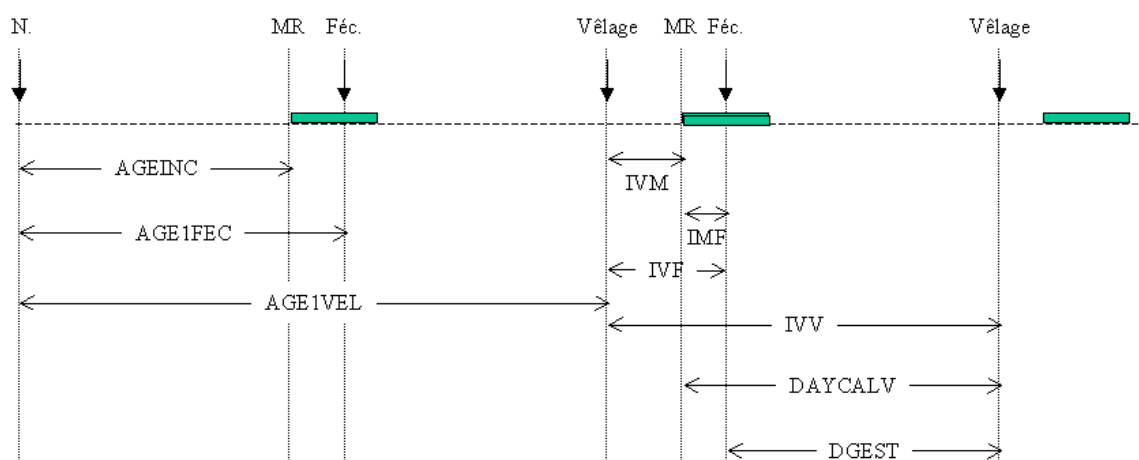
Sur l'ensemble de la période 1981-2000, on note une augmentation de 28 kg en valeur phénotypique sur le poids à 18 mois, c'est à dire de 5.8 % relativement au poids des animaux nés en 1981, soit une amélioration de 0.687 kg/an. Mais cette réponse a été très irrégulière et on observe une augmentation de l'ordre de 94 kg sur les 10 premières années, suivie d'une diminution, mais d'une amplitude plus faible, les années suivantes.

La composante génétique a montré une augmentation très marquée durant la première phase, jusqu'en 1991, avec un gain de 10 kg, suivi d'une légère diminution. Globalement, sur l'ensemble de la période, le progrès génétique a été de 0.195 kg/an, soit 28.7 % de l'évolution phénotypique enregistrée.

L'évolution notée sur le PAT_{18} va dans le même sens que l'évolution observée pour les paramètres au sevrage, et représentés dans la figure 3.2.7. En particulier, on observe une évolution très voisine des effets génétiques directs sur le poids à 7 mois et sur le poids à 18 mois. La politique de choix des génisses sur leur poids à 18 mois et le choix des reproducteurs extérieurs sur leur développement morphologique apprécié subjectivement ont apporté des résultats très nets durant la première phase. La diminution enregistrée ensuite peut s'expliquer par la conservation de taureaux nés sur le domaine, représentatifs de la variabilité des performances globales. C'est d'ailleurs ce que l'on peut observer sur les valeurs génétiques des principaux taureaux reproducteurs utilisés sur le Domaine (Figure 3.2.12) : on note globalement une bonne association entre les valeurs génétiques directes pour le poids à 7 mois (VGd_{PAT7}) et le poids à 18 mois (VG_{PAT18}), et la forte variabilité des taureaux issus du Domaine.

Ces résultats concordent avec les estimations réalisées par Plasse et al. (2002) sur une population de zébus Brahman du Vénézuéla, sujette à sélection pendant près de 30 ans. De manière générale, l'évolution génétique observée est favorable, malgré l'absence d'une sélection systématique, et démontre l'amélioration que l'on peut espérer de la mise en œuvre d'un programme de sélection du bovin Créole sur le poids à 18 mois, dans des conditions d'alimentation au pâturage.

Figure 3.2.13. Représentation schématique du déroulement du cycle de reproduction et des paramètres reproductifs étudiés sur les vaches Créoles du Domaine de Gardel.



N : Naissance ; MR : Mise en Reproduction ; Féc. : fécondation

AGEINC = âge à l'incorporation (1^{ère} mise en reproduction des génisses)

AGE1FEC = âge à la première fécondation

AGE1VEL = âge au premier vêlage

IVM = intervalle vêlage – mise en reproduction suivante

IVF = intervalle vêlage – fécondation

IMF = intervalle mise en reproduction – fécondation

IVV = intervalle entre vêlage

DAYCALV = « days to calving », intervalle entre mise en reproduction et vêlage

DGEST = durée de gestation

2.3. Performances de reproduction.

2.3.1. Matériel et méthodes.

a. Description des données disponibles.

Les données prises en compte dans l'analyse sont issues des enregistrements de la conduite de la reproduction et de ses résultats sur les vaches adultes et les génisses durant les campagnes 1980 à 1999, qui ont été décrits dans le chapitre 1. Ces informations concernent la mise en reproduction en monte naturelle ou insémination artificielle, le planning d'accouplement ou de circulation des mâles, les dates de saillies observées ou d'insémination, et sont complétées par les informations sur la mise bas et la filiation des animaux.

Les observations de saillies n'ont pu être réalisées de manière fiable et complète sur toute la période, et certaines de ces informations sont manquantes. Aussi on ne peut réellement avoir d'informations détaillées sur le nombre de services nécessaires pour obtenir une gestation, ou sur l'apparition des premières chaleurs et la puberté des génisses ou l'établissement de la cyclicité. Cependant les données disponibles permettent de calculer certains paramètres descriptifs de la reproduction chez les vaches Créoles du Domaine de Gardel, notamment les intervalles entre événements clefs du cycle reproductif. Dans certains cas on a dû estimer les paramètres faisant référence à la saillie fécondante, selon une procédure décrite plus loin. Des données antérieures aux campagnes étudiées, concernant les dates de vêlages des vaches adultes présentes au début de la période, ont également été prises en compte.

La figure 3.2.13 présente de manière schématique la conduite de la reproduction menée au Domaine de Gardel et les paramètres permettant de décrire les performances de reproduction des vaches Créoles présentes dans ce troupeau. Ces paramètres sont fortement influencés par la conduite générale de la reproduction, avec des saisons de monte bien déterminées.

Les premiers paramètres concernent les génisses de renouvellement ; il s'agit de l'âge à l'incorporation (AGEINC), âge auquel les génisses sont mises en reproduction pour la première fois et du taux de fécondité lors de la première reproduction (FEC1, en %), ainsi que l'âge à la première fécondation (AGE1FEC) et l'âge au premier vêlage (AGE1VEL). Un deuxième ensemble de paramètres concernent les multipares ; il s'agit de l'intervalle vêlage – mise en reproduction (IVM), l'intervalle vêlage – fécondation (IVF) et l'intervalle entre vêlage (IVV).

Pour toutes les mises bas ont également été calculés l'intervalle mise en reproduction – fécondation (IMF), l'intervalle entre mise en reproduction et vêlage (DAYCALV, pour days to calving, décrit par Meyer et al., 1990) et la durée de gestation (DGEST).

Pour toutes les mises en reproduction, une variable modale fécondité (FEC) a été définie, prenant la valeur 1 en cas de vêlage, et 0 dans le cas contraire.

AGEINC et IVM ne sont pas des performances à proprement parler, mais permettent de décrire la conduite du renouvellement et de la reproduction en général. Ils ne seront pas analysés en tant que tel, mais serviront à la discussion des autres paramètres.

b. Edition des données et estimation des paramètres.

Un enregistrement du fichier de reproduction comprend toutes les informations enregistrées sur une vache adulte lors d'une campagne déterminée. Au total, 1894 enregistrements de reproduction ont été pris en compte, portant sur 1407 mises bas et 500 mises en reproduction

non suivies de mise bas. Parmi ces enregistrements, ont été éliminés dans un premier temps ceux concernant la dernière reproduction de vaches adultes sorties du troupeau en cours de campagne, et pour lesquelles on n'avait aucune certitude sur la fécondité lors de cette dernière saison de reproduction, et 7 mise bas décalées par rapport aux saisons normales. En revanche, ont été conservés les enregistrements portant sur des femelles adultes éliminées en cours de campagne après un contrôle de gestation négatif.

Compte tenu de l'absence d'observations de saillies dans certains cas, un premier dépouillement a porté uniquement sur DGEST, sur les enregistrements possédant au moins une saillie observée (1039 enregistrements, rassemblant au total 1394 saillies observées). Parmi ces enregistrements, n'ont été conservés dans un premier temps que les saillies confirmées par un contrôle de filiation (301 enregistrements) ou seule saillie observée dans un intervalle avant la mise bas compris entre 268 et 304 jours (422 enregistrements). La durée de gestation calculée sur ces saillies considérées comme saillie fécondante sûre est de $286,4 \pm 6.5$ jours ; il n'y a pas de différence entre les deux catégories d'enregistrements pris en compte. 63 saillies supplémentaires ont été validées, correspondant à la dernière saillie enregistrée dans l'intervalle entre 268 et 304 jours avant mise bas. Enfin, dans 18 cas de naissances gémellaires, DGEST a été calculée égale à 278.3 ± 5.8 jours.

Par la suite, cette durée de gestation de référence (286 jours) et la période de fécondité correspondante (268 à 304 jours avant mise bas) ont servi à rechercher les pères possibles, lorsque les saillies n'avaient pu être notées. Les paternités ont été acceptées lorsqu'un seul père possible avait été présent dans le lot dans l'intervalle considéré, ou bien lorsqu'un contrôle de filiation avait confirmé la paternité d'un seul des taureaux, dans le cas de la présence successive de différents taureaux durant la période de fécondité de la femelle. Une date de fécondation estimée a alors été calculée, comme la date moyenne de la période de fécondité de la vache pendant laquelle le père présumé était présent. 475 mises bas ont été concernées et ont pu être ainsi rajoutées, avec une paternité confirmée et une date de fécondation estimée.

Finalement, lorsque n'a pu être déterminé avec certitude le père possible (108 enregistrements), la date de fécondation a été fixée arbitrairement à 286 jours avant la date de mise bas. Pour 13 cas d'avortements, la saillie observée a été considérée comme saillie fécondante, mais la durée de gestation n'a pas été prise en compte.

On dispose ainsi au total de 1790 enregistrements individuels, dont 1400 mise bas, pour lesquels on a pu calculer les paramètres reproductifs, pour un effectif total de 312 vaches exploitées dans les lots expérimentaux du Domaine de Gardel durant les campagne de 1981 à 2000. Parmi ces enregistrements figurent 262 données portant sur la première mise en reproduction de génisses et 227 premiers vêlages, certaines génisses ayant été éliminées après deux saisons de reproduction vides. Par ailleurs pour l'analyse des paramètres génétiques sur AGE1VEL ont été prises en compte les vaches incorporées dans le troupeau entre 1975 et 1980, et regroupées en 5 classes supplémentaires pour l'effet année, en un lot uniforme, et réparties entre les deux mêmes saisons. Ainsi l'analyse des paramètres génétiques de l'âge au premier vêlage (AGE1VEL) a porté sur 269 génisses.

Les génisses et femelles adultes ont appartenus à 95 groupes de contemporaines, définis comme des lots de vaches ayant été conduites de manière identique au pâturage, pendant une saison de reproduction déterminée.

c. Analyses statistiques.

Différentes analyses préliminaires ont été menées à l'aide du logiciel SAS (SAS Institute, 2000) pour étudier la distribution des variables et leurs relations, et pour déterminer le modèle permettant de décrire au mieux les données, du fait du peu d'informations disponibles.

Compte tenu de la liaison entre les variables et des résultats des différentes analyses préliminaires, on limitera la présentation des résultats aux variables AGE1VEL, IVV, DAYCALV, IMF, DGEST et FEC. On remarquera que seule la variable FEC permet de rendre compte de l'absence de fécondation, à la différence de DAYCALV, IMF et DGEST, dont le calcul ne concerne que les vaches fécondes, alors que AGE1VEL et IVV traduisent indirectement l'infécondité, par le rallongement dû à la durée entre deux saisons de monte.

Le modèle linéaire mixte suivant a été utilisé comme modèle global pour étudier les principaux facteurs de variation et la variabilité individuelle des variables continues, à l'aide de la procédure GLM :

$$Y_{ijklmo} = \mu + C_i + HYS_j + MR_k + CIVM_l + RMB_m + RPV_n * RMB_m + e_{ijklmn}$$

où :

Y_{ijklmn} est l'observation appartenant au $i^{\text{ème}}$ individu pris en compte dans l'analyse,

μ est la moyenne générale du paramètre analysé,

C_i est l'effet individuel aléatoire lié à la répétition de la mesure sur une même vache, non corrélé aux autres, et de distribution normale $N(0, I \sigma_c^2)$, où I est la matrice identité,

HYS_j est un effet fixe lié au groupe de conduite (95 niveaux),

MR_k est un effet fixe correspondant au mode de reproduction pratiqué, à trois niveaux, suivant que la reproduction a été menée en monte naturelle exclusivement, en insémination artificielle avec succès ou en monte naturelle après une IA non réussie,

$CIVM_l$ est un effet fixe correspondant à la classe d'intervalle entre vêlage précédent et la saison de reproduction (à 6 niveaux), les niveaux 0 à 4 correspondant à des intervalles mensuels, 5 correspondant aux vêlages antérieurs de plus de 4 mois, et 6 aux génisses en première reproduction,

RMB_m est un effet fixe correspondant au rang de mise bas de la vache, à 10 niveaux (les rangs supérieurs à neuf ayant été regroupés, 0 correspondant aux génisses),

RPV_n est un effet fixe correspondant à la classe de poids vif au début de la période de reproduction, à 6 niveaux (de 250 à 500 kg, par 50 kg),

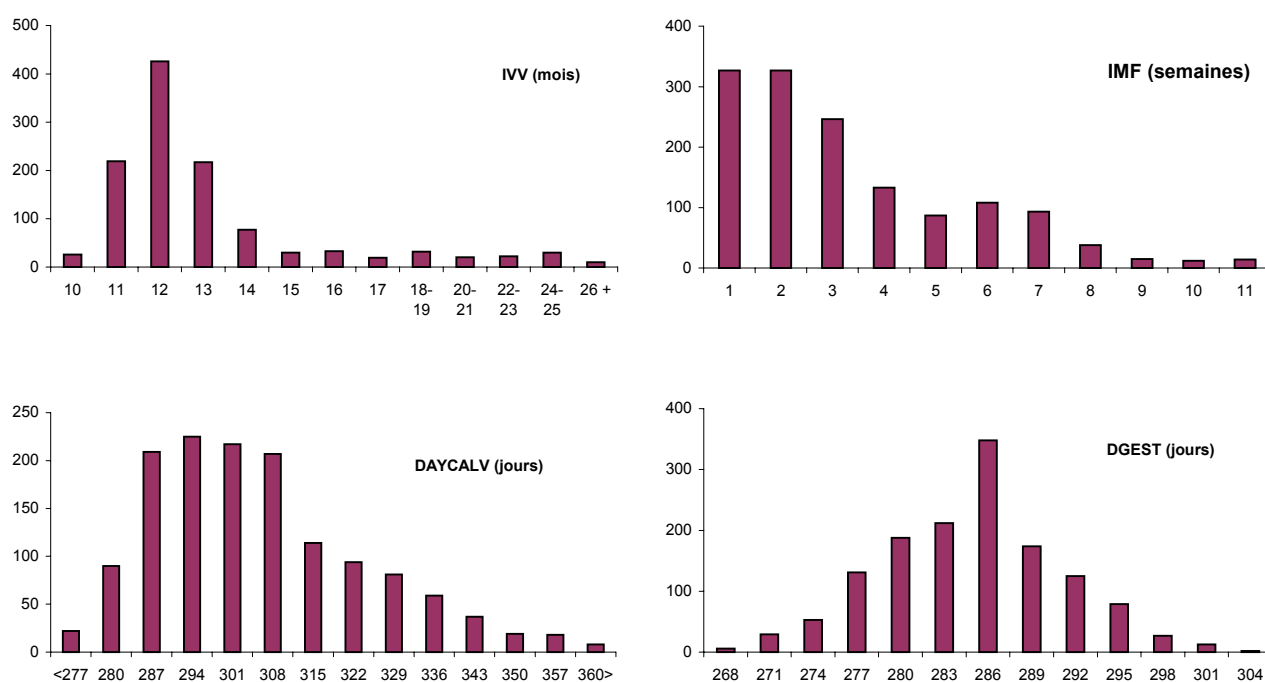
e_{ijklmn} l'effet aléatoire résiduel, supposé suivre une loi normale $N(0, \sigma_e^2)$ et non corrélé aux autres effets.

Des variantes de ce modèle global ont été appliquées suivant les variables, et on discutera des facteurs pris en compte pour chacune dans le paragraphe suivant. L'importance de la variabilité individuelle a été étudiée par la variation du coefficient de détermination R^2 du modèle global avec ou sans l'effet aléatoire C_i . Par simplification, la variable fécondité (FEC) a été analysée suivant ce même modèle, à l'aide de la procédure GLM, afin d'étudier ses principaux facteurs de variation.

Tableau 3.2.12. Statistiques élémentaires des paramètres reproductifs des vaches Créoles du Domaine de Gardel

Paramètre	Observations	Moyenne	Ecart type	CV (%)
AGEINC (j)	262	737	134	18.2
FEC1 (%)	262	70.2		
AGE1FEC (j)	227	815	171	21.0
AGE1VEL (j)	227	1099	170	15.5
FEC (%)	1790	78.2		
IVM (j)	1452	105	112	106.7
IVF (j)	1161	121	101	83.5
IVV (j)	1161	406	101	24.9
IMF (j)	1400	20	17	85.1
DAYCALV (j)	1400	305	19	6.2
DGEST (j)	1369	286	6	2.1

AGEINC = âge à l'incorporation (1^{ère} mise en reproduction des génisses) ; FEC1 et FEC : taux de réussite à la reproduction (fertilité) des génisses et des adultes, respectivement ; AGE1FEC = âge à la première fécondation ; AGE1VEL = âge au premier vêlage ; IVM = intervalle vêlage – mise en reproduction suivante ; IVF = intervalle vêlage – fécondation ; IVV = intervalle entre vêlage ; IMF = intervalle mise en reproduction – fécondation ; DAYCALV = « days to calving », intervalle entre mise en reproduction et vêlage ; DGEST = durée de gestation

Figure 3.2.14. Distribution des variables continues analysées

Pour l'étude de AGE1VEL et AGE1FEC, un modèle différent a été mis en œuvre pour décrire les sources de variations, avec comme effets fixes les facteurs année (20 niveaux), lot (5 niveaux) et saison (2 niveaux) séparément, la classe de poids vif (réduite aux 3 premiers niveaux, 250, 300 et 350 kg), la classe d'âge à l'incorporation (à 3 niveaux, 18, 24 et 30 mois) et le nombre de saisons de reproduction nécessaires pour obtenir la première gestation (à deux niveaux). Pour l'analyse de la variabilité génétique, un modèle simplifié a été utilisé. Les trois derniers facteurs, pouvant expliquer une part de cette variabilité, n'ont pas été pris en compte.

Pour DGEST, le modèle similaire au modèle global a été utilisé, mais sans l'effet de la classe de poids vif et en incluant le sexe du veau (2 niveaux). Les données concernant les naissances gémellaires (18 portées) n'ont pas été incluses.

Les paramètres génétiques ont été estimés suivant un modèle animal univarié, suivant le même principe que définit dans la section 2.2., et incluant les effets fixes étudiés dans les analyses de modèle linéaire mixte menées avec le logiciel SAS. Les analyses ont été réalisées à l'aide du logiciel ASREML (Gilmour et al., 2000).

2.3.2. Résultats et discussions.

a. Paramètres généraux de reproduction

Le tableau 3.2.12 présente les statistiques élémentaires des différents paramètres de reproduction chez les vaches Créoles du Domaine de Gardel, sur la période considérée, entre les campagnes 1981 et 2000.

Les génisses ont été mises en reproduction à un âge à l'incorporation (AGEINC) de 737 jours (24.2 mois environ), avec un taux de réussite (FEC1) de 70.2 % durant cette première saison de reproduction. En fait, AGEINC dépend à la fois de la croissance antérieure des génisses (un poids vif de 250 kg à l'âge de 18 mois étant requis pour l'introduction des génisses dans le lot des reproductrices) mais également de la conduite de la reproduction. Ainsi, les génisses ont été mises en reproduction à trois classes d'âge différentes, à environ 20 mois (n=104), 26 mois (n=101) ou plus rarement 32 mois (n=25) suivant les besoins de renouvellement et les disponibilités lors des saisons de monte. AGEINC ne semble pas influencer sur FEC1 ($\chi^2 = 1.95$, P=0.37), qui paraît en revanche dépendre du poids vif à l'incorporation, les génisses introduites aux environs de 250 kg ayant un taux de fertilité de 59.6 % vs. 76.0 % et 76.6 % pour celles pesant 300 ou 350 kg respectivement ($\chi^2 = 7.96$, P<0.05). Ce résultat n'est pas en contradiction avec les résultats de Gauthier et Thimonier (1983), qui notaient une incidence de la croissance sur l'apparition de la puberté et la cyclicité chez les génisses Créoles. On n'a cependant pas observé de relation directe avec la variation de poids, mais avec la classe de poids atteint avant la saison de reproduction.

Certaines génisses ont été éliminées précocement si elles n'étaient pas fécondes et l'âge à la première fécondation (AGE1FEC) ou au premier vêlage (AGE1VEL) figurent pour un effectif plus restreint (n=227). AGE1FEC est de 815 jours en moyenne, ce qui entraîne un âge au premier vêlage (AGE1VEL) de 36.2 mois. L'âge à l'incorporation et le nombre de saisons de reproduction nécessaires pour obtenir un vêlage sont les principaux facteurs influant sur AGE1FEC et AGE1VEL, avec notamment des coefficients de corrélation de 0.674 et 0.678 respectivement entre AGEINC et AGE1FEC d'une part et entre AGEINC et AGE1VEL.

Par ailleurs, sur l'ensemble des données, le taux de fécondation (FEC) s'établit en moyenne à 78,2 %, et l'IVV à 406 jours, avec un écart type de 101 jours. Cependant cette forte variabilité de IVV, et corrélativement de IVF, apparaît liée à la durée de l'intervalle entre le vêlage et le

Figure 3.2.15. Variations annuelles de l'intervalle entre vêlage (IVV) et de l'intervalle mise en reproduction vêlage (DAYCALV) sur le troupeau de vaches Créoles au Domaine de Gardel

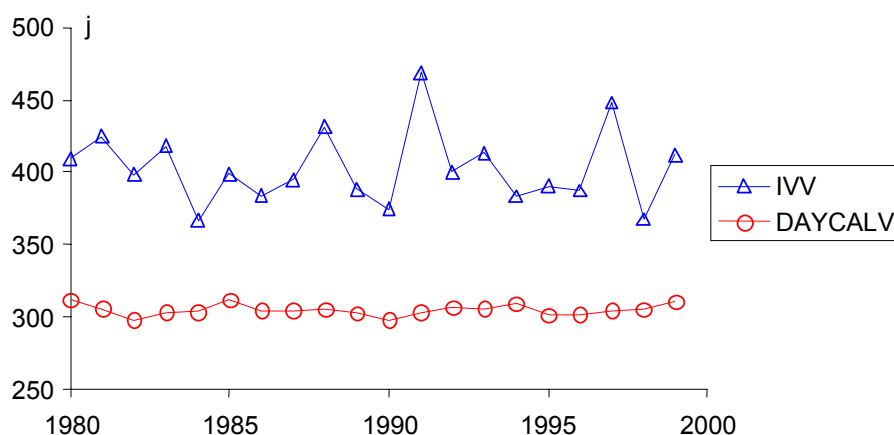
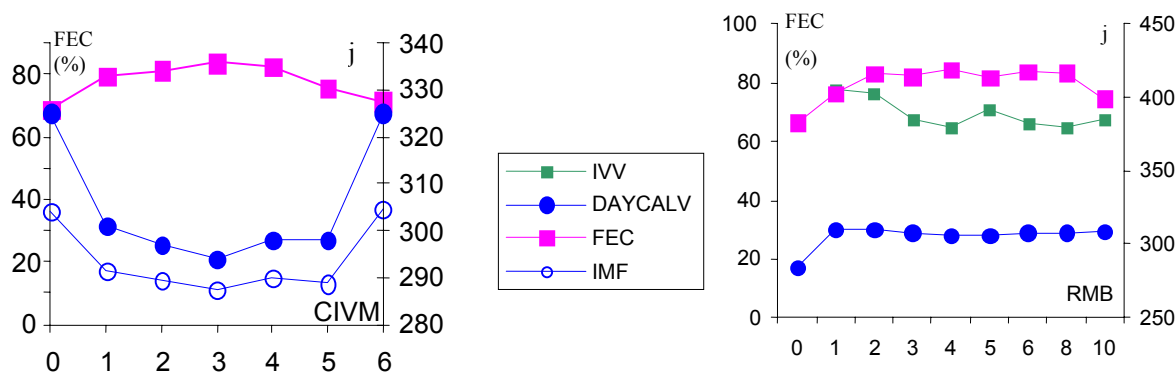


Tableau 3.2.13. Résultats des analyses de variance sur les variables de reproduction

Variable	R ² (1)	R ² (2)	RMSE (3)	HYS	MR	CIVM	RMB	RPV	SEXE
FEC	0.185	0.426	0.39	***	***	***	***	***	-
IVV	0.804	0.873	47.0	***	***	***	***	***	-
DAYCALV	0.368	0.584	16.0	***	***	***	***	ns	-
IMF	0.394	0.567	13.8	***	***	***	*	ns	-
DGEST	0.182	0.470	5.2	***	*	*	ns	ns	***

FEC : taux de réussite à la reproduction (fertilité) des adultes; IVV = intervalle entre vêlage ; IMF = intervalle mise en reproduction – fécondation ; DAYCALV = « days to calving », intervalle entre mise en reproduction et vêlage ; DGEST = durée de gestation. ⁽¹⁾Coefficient de détermination du modèle réduit, SANS effet aléatoire C_i ⁽²⁾Coefficient de détermination du modèle complet, AVEC effet aléatoire C_i ; RMSE : Ecart - type résiduel du modèle réduit ; HYS : effet groupe de conduite ; MR : Mode de reproduction ; CIVM : effet classe d'Intervalle Vêlage-mise en reproduction ; RMB : rang de mise bas ; RPV : classe de poids vif ; SEXE : effet sexe du veau Pour chaque facteur, les résultats concernent son degré de signification dans le modèle réduit ; ns : non significatif ; * : p<0.05 ; ** : p<0.01 ; *** : p<0.001

Figure 3.2.16. Influence de l'intervalle entre le vêlage et le début de la reproduction (CIVM) et du rang de mise bas (RMB) sur les paramètres de reproduction



début de la saison de reproduction (IVM). Ainsi, en se référant au début de la saison de reproduction (IMF), la fécondation intervient précocement, environ 20 ± 17 jours après l'introduction des taureaux dans les lots. La variable DAYCALV est ainsi en moyenne de 305 ± 19 jours.

Certaines des variables continues ont des distributions particulièrement déséquilibrées (Figure 3.2.14), en raison de la conduite de la reproduction avec des périodes de monte de durée limitée. Les intervalles ayant comme borne initiale le vêlage antérieur sont ainsi fortement biaisés par la courte période de présence des taureaux et l'intervalle séparant le vêlage du début de la saison de reproduction. Ainsi les intervalles IVM, IVF et IVV des vaches n'ayant pas été fécondées lors de la première saison de reproduction suivant un vêlage, sont artificiellement rallongés par la période entre deux saisons de reproduction, durant laquelle les taureaux reproducteurs sont absents des lots, et elles présentent des distributions très étalées. Par ailleurs, même pour les vaches vêlant régulièrement, les intervalles IVF et IVV seront d'autant plus longs qu'elles auront mis bas précocement avant la période de monte. Une part importante des intervalles IVF et IVV est ainsi expliquée par l'intervalle IVM, avec des coefficients de corrélation de 0.987 et 0.983 respectivement entre IVM et IVF d'une part, et entre IVM et IVV d'autre part. Les fécondations interviennent cependant précocement après l'introduction du taureau dans les lots de reproduction : 64.3 % des fécondations ont lieu dès le premier cycle après le début de la période de monte ($IMF \leq 21j$) et 87.7 % dans les deux premiers cycles ($IMF \leq 42j$). La figure 3.2.15. illustre les fortes variations inter-annuelles de IVV comparativement à DAYCALV, et qui s'expliquent par la variabilité de IVM.

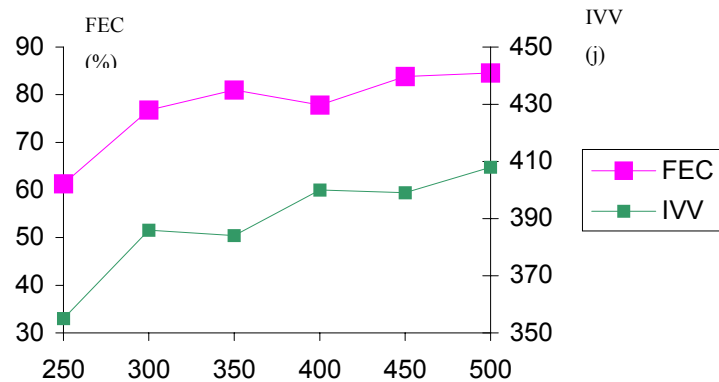
Comparés aux valeurs publiées pour des régions tropicales, les vaches Créoles présentent de meilleurs résultats. Ainsi Plasse (1989) cite des taux de natalité annuels variant de 35 à 60 % en Amérique Latine tropicale. Plus récemment, Lobo (1998) étudiant des vaches Nelore au Brésil, cite un âge au premier vêlage égal à 59 mois et un IVV égal à 577 jours, valeurs voisines de celles publiées par Rico et Planas (1995) pour le zébu de Cuba, ou par Menendez Buxadera et Planas (1996) pour le Criollo de Cuba.

Enfin, on notera que les fréquences d'avortement (0.9 %), de vêlage difficile (0.1 %) ou de mortalité des veaux en allaitement (5.5.% avant 4 mois et 7.5 % au sevrage) sont particulièrement faibles, malgré le mode de conduite en plein air intégral au pâturage.

b. Facteurs de variation

Le tableau 3.2.13. résume les résultats des analyses de modèle mixte réalisées et présente les principaux facteurs de variation. La variabilité individuelle est très importante, et l'inclusion du facteur aléatoire « animal » entraîne une amélioration du coefficient de détermination (R^2) des modèles de 17.3 à 28.8 points, à l'exception de l'IVV pour lequel l'augmentation du R^2 est de 6.9 points. Ces variations peuvent être d'origine génétique ou bien liées à un effet d'environnement permanent, dont on étudiera l'importance relative par la suite. Elles suggèrent en tout cas que l'on peut espérer une amélioration importante des performances de reproduction en effectuant un choix de femelles sur ces paramètres.

Le mode de reproduction présente un effet significatif sur toutes les variables. L'IA réussie mais aussi les retours après IA se traduisent par une amélioration de l'IVV qui s'établit à 356 j et 398 j pour ces deux modes de reproduction après synchronisation, vs. 412 j pour la monte naturelle exclusive. En revanche, les retours en IA se traduisent par une fécondation et des mises bas plus tardives comparée à l'IA réussie et la monte naturelle exclusive, avec des valeurs de IMF et de DAYCALV de respectivement de 0 j et 282 j pour les IA réussies, de 23 j et 309 j pour la monte naturelle exclusive, et de 30 j et 314 j pour les retours après IA, et par une fertilité de 79 % pour la monte naturelle exclusive, vs.. 74 % pour les retours après IA.

Figure 3.2.17. Influence du poids vif au début de la reproduction sur le taux de fécondité (FEC) et l'intervalle entre vêlage (IVV)**Tableau 3.2.14. Composantes de la variance et paramètres génétiques (et erreur standard) de quelques paramètres de reproduction chez la vache Créole**

Variable	σ^2_e	σ^2_a	σ^2_p	h^2_a	R	CVg (%)
AGE1FEC	15166	2422	-	0.138 (0.156)	-	6.1
DAYCALV	211.56	16.48	28.75	0.064 (0.029)	0.176 (0.051)	1.3
IMF	180.57	8.31	13.92	0.041 (0.024)	0.110 (0.047)	14.4
DGEST	24.234	4.384	3.382	0.137	0.242	0.7

AGE1FEC : âge à la 1^{ère} fécondation; DAYCALV = « days to calving », intervalle entre mise en reproduction et vêlage ; IMF = intervalle mise en reproduction – fécondation ; DGEST = durée de gestation

σ^2_e : variance résiduelle; σ^2_a : variance génétique additive; σ^2_p : variance d'environnement permanent;

h^2_a : héritabilité; R : répétabilité ; CVg : coefficient de variation génétique (%)

Cela peut s'expliquer par le recours à la synchronisation de manière relativement précoce après le vêlage, puisque dans la pratique les femelles peuvent être synchronisées à partir de 45 jours après la mise bas, ce qui peut raccourcir l'IVV. La synchronisation non suivie de réussite à l'IA retarde en revanche les possibilités de fécondation, ce qui peut également expliquer la plus faible fertilité, en liaison avec la durée limitée de la saison de monte.

L'intervalle entre le vêlage précédent et la saison de monte apparaît un facteur très important pour tous les paramètres de la reproduction. Il intervient évidemment de manière prépondérante sur IVV, mais détermine aussi les variations du taux de fécondité (FEC) et des paramètres DAYCALV et IMF (figure 3.2.16). Les plus faibles performances sont enregistrées pour des vêlages tardifs avant la période de reproduction (classe 0 : moins d'un mois avant la saison de monte) et pour les génisses (classe 6). En revanche, à partir de 1 mois après vêlage (classes 1 à 5), les performances apparaissent relativement stables. Le rang de mise bas (Figure 3.2.16) influence également la plupart des paramètres. Cependant l'effet est plus marqué sur les premiers vêlages, et les performances se stabilisent à partir de la 3^{ème} mise bas.

Le poids vif au début de la saison de reproduction entraîne quant à lui des variations de la fécondité (FEC) et de l'intervalle entre vêlages (IVV) seulement (Figure 3.2.17). L'augmentation du poids vif se traduit ainsi par une amélioration de la fécondité, en particulier au dessus d'un poids voisin de 300 kg. Ce résultat est probablement lié à l'état corporel des vaches et à son influence sur les performances de reproduction, comme cela a été relaté par Dechow et al. (2002) sur les vaches laitières. L'IVV augmente également avec le poids vif ; ceci peut sembler paradoxal, mais s'explique probablement encore une fois par la durée des périodes de monte. L'amélioration de la fertilité avec l'augmentation du poids vif se traduit en effet probablement par des vêlages plus précoces avant la saison de monte, entraînant un allongement de l'intervalle IVM et corrélativement de IVV.

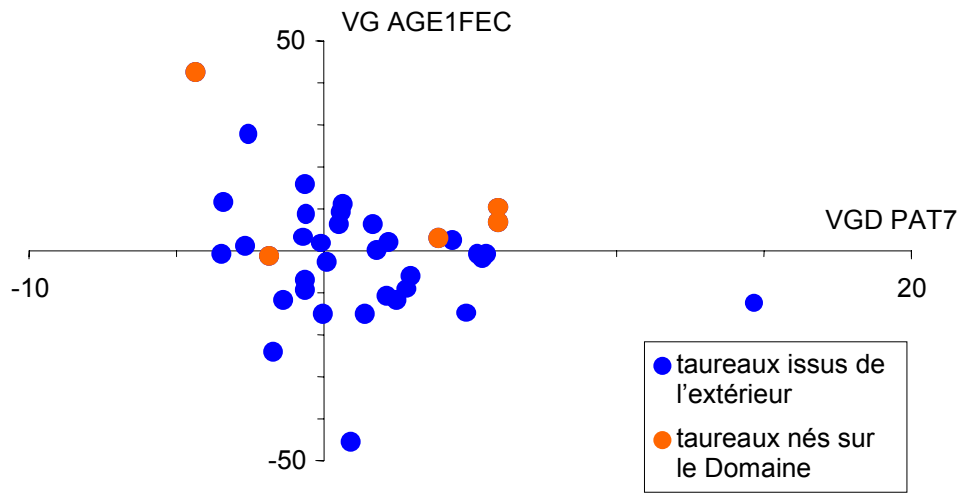
En ce qui concerne la durée de gestation (DGEST), le sexe du veau est le principal facteur de variation. Ainsi les veaux mâles naissent après environ 286.6 jours de gestation, contre 284.5 pour les femelles, avec une erreur standard de 5.2 jours. Ces résultats sont intermédiaires entre les valeurs citées, dans des conditions similaires, pour des animaux *Bos taurus* (Holstein) et *Bos indicus* (Cebu Cubano), DGEST = 281 j et 289 j, respectivement, selon Menendez et al. (1979) et Martinez et al. (1982). Ils sont proches de ceux observées chez le Criollo de Cuba ou les F1 Holstein x Zébu à Cuba pour lesquels DGEST = 287 jours (Dominguez et al., 1982 ; Menendez et al., 1979).

c. Paramètres génétiques

Malgré les possibilités de ASREML, l'analyse des paramètres génétiques des caractéristiques de reproduction a présenté quelques difficultés pour obtenir la convergence et estimer les composantes de la variance de manière adéquate. Les paramètres cités dans ce qui suit ont été obtenus après différentes itérations d'un modèle univarié, prenant en compte les effets fixés de manière similaire au modèle mixte testé sous SAS. Il n'a pas été possible d'obtenir de convergence pour des analyses multivariées.

Les principaux résultats sont présentés dans le tableau 3.2.14. Il n'a pas été possible d'obtenir de convergence pour AGE1VEL, IVV, IVF et FEC, même avec un modèle binomial pour cette dernière ; les paramètres génétiques n'ont pu être estimés pour ces caractères. Pour les autres performances présentées ici, les erreurs standards sont élevées, et traduisent le peu de précision de leur estimation et l'importance de la variabilité résiduelle. C'est le cas notamment pour AGE1FEC dont la variance génétique additive, bien qu'élevée, n'est pas

Figure 3.2.18. Relation entre les valeurs génétiques pour les effets génétiques directs sur le Poids à Age Type de 7 mois (VGDPAT7) et l'âge à la 1^{ère} fécondation (VG AGE1FEC) des taureaux reproducteurs du Domaine de Gardel



significative. Le peu d'enregistrements disponibles et la structure des données expliquent cette difficulté.

L'héritabilité est plus élevée pour DGEST et AGE1FEC, environ 0.14, alors qu'elle avoisine 0.06 et 0.04 pour les variables DAYCALV et IMF respectivement. En revanche la répétabilité est deux à trois fois plus élevée pour tous les caractères, et traduit l'importance des effets d'environnement permanent. Ces résultats sont dans la plage de variations généralement citée dans la littérature pour les paramètres de reproduction, rapportée par Rust et Groeneveld (2001). Bien que faibles, ils traduisent l'existence d'une variabilité génétique d'une amplitude intéressante pour la mise en œuvre d'un programme de sélection. En particulier, les coefficients de variation génétique (CV_g) voisins de 6.1 % pour AGE1FEC et de 14.4 % pour IMF sont proches voire supérieurs aux résultats obtenus dans les paragraphes précédents en ce qui concerne les performances de croissance.

2.3.3. Conclusion

Le peu de données disponibles et l'incidence du mode de conduite de la reproduction sur les résultats des femelles Créoles du Domaine de Gardel rendent délicates les interprétations sur les facteurs de variation et le déterminisme génétique des performances de reproduction. Par ailleurs, certains des paramètres étudiés sont des estimations à partir d'autres événements de reproduction observés, et n'ont pu être contrôlés de manière précise. Seules les variables IVV, DAYCALV et FEC peuvent réellement être quantifiés, et ne reflètent qu'une partie du cycle de reproduction. Par ailleurs, la distribution des variables est généralement très déséquilibrée, ainsi que les facteurs de variations étudiés, ce qui ne permet pas d'obtenir une bonne précision des modèles statistiques mis en œuvre.

On peut malgré tout remarquer que les performances apparaissent élevées pour la zone tropicale, et semblent traduire de bonnes aptitudes des femelles Créoles pour la reproduction. Malgré le peu de données, les paramètres génétiques qui ont pu être calculés sont conformes à la gamme de variation généralement citée pour les performances de reproduction et en particulier dans la zone tropicale. Ces résultats suggèrent donc qu'il est possible d'intégrer ces caractéristiques dans un schéma d'amélioration génétique.

Par ailleurs, la faible héritabilité et l'opposition généralement observée avec les performances de croissance nécessitent de prêter attention au maintien de ces performances. La figure 3.2.18, qui représente les valeurs génétiques directe pour le PAT à 7 mois et l'âge à la première fécondation (AGE1FEC) des taureaux utilisés au domaine de Gardel, illustre cette tendance.

Cependant il apparaît nécessaire de valider ces résultats sur un effectif de femelles plus important, et de poursuivre les analyses afin de préciser les paramètres les plus intéressants et leurs facteurs de variations. L'importance de la variabilité résiduelle laisse en effet penser que des facteurs environnementaux n'ont pas été pris en compte.

Bibliographie des chapitres 1 et 2 de la 3^{ème} Partie.

- Aumont G., Gauthier D., Coulaud G., Gruner L., 1991 : Gastro-intestinal parasitism of cattle in native pasture grazing system in Guadeloupe (French West Indies). *Veterinary Parasitology*, **40** : 29-46
- Barré N., Camus E., Delaporte J., 1987 : Essai de la fluméthrine pour le contrôle de la tique *Amblyomma variegatum* dans un élevage bovin en Guadeloupe. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **40** : 127-131
- Barré N., Matheron G., Rogez B., Roger F., Martinez D., Sheikboudou C., 1988 : La dermatophilose des bovins à *Dermatophilus congolensis* dans les Antilles françaises. II. Facteurs de réceptivité liés aux animaux. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **41** : 339-345
- Barré N., Garris G., 1990 : Biology, ecology and management of the tick *Amblyomma variegatum* in the Caribbean. « Cowdriosis and dermatophilosis of livestock in the Caribbean region ». Antigua, 12-14 march 1990 : 63-84
- Berbigier P., Sophie S.A., 1986. Performances de croissance et d'abattage de taurillons Limousins x Créoles et Créoles élevés au soleil et à l'ombre en Guadeloupe (Antilles Françaises). *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **39** : 81-88
- Berry D.P., Buckley F., Dillon P., Evans R.D., Rath M., Veerkamp R.F., 2003. Estimation of genotype x environment interaction in a grass-based system for milk yield, body conditions score, and body weight using random regression models. *Liv. prod. Sci.* 83:191-203.
- Bibé, B., Frebling J., Ménissier F., Vissac B., 1976. Utilisation des races rustiques en croisement avec des races à viande : exemple de la race Gasconne. *Ann. Génét. Sél. Anim.*, **8** : 233-264.
- Calus M. P. L., Groen A.F. D., de Jong G., 2002. Genotype x environment interaction for protein yield in Dutch dairy cattle as quantified by different models. *J. Anim. Sci.* 85:3115-3123.
- Camus E., Barré N., 1987 : Epidemiology of heartwater in Guadeloupe and in the Caribbean. *Onderstepoort J. vet. Res.*, **54** : 419-426.
- Casellas J., Piedrafita J., 2002. Correction factors for weight productive traits up to weaning in the Bruna dels Pirineus beef cattle breed. *Animal Res.* 51: 43-50.
- Charagu P., Petersen R., 1998. Estimates of G x E effects for economic efficiency among daughters of Canadian and New Zealand sires in Canadian and New Zealand dairy herds. *Interbull Bulletin No. 18* 105-110.
- Chase C., Hammond J.C., Olson T.A., Murphy C.N., Tewolde A., Griffin J.L., 1997. Introduction and evaluation of Romosinuano in Central Florida. XV Reunion Latinoamericana de Produccion Animal. Simposium : Utilizacion de razas y tipos bovinos creados y desarrollados en Latinoemérica y el Caribe. Maracaibo, Venezuela, noviembre 24-28, 1997 : 56-70
- Chenost M., 1971 : Le Pangola et l'élevage intensif en climat tropical humide. Colloque sur l'intensification de la production fourragère en milieu tropical humide et son utilisation par les ruminants. Guadeloupe, 24-29 mai 1971 : 52-59.
- Clement V., Bibé B., Verrier E., Elsen J.M., Manfredi E., Bouix J., E. Hanocq, 2001. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the

- estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. *Gen Sel Evol.* 33 :369-395.
- Cundiff L.V., 1972. The role of maternal effects in animal breeding: VIII. Comparative aspects of maternal effects. *Journal of Animal Science* 35 (6): 1335-1337
- Dechow, D.E., Rogers G.W., Clay J.S., 2002. Heritability and correlations among body condition scores loss, body condition score, production and reproductive performance. *J. Dairy Sci.* 85 (11):3062-3070.
- De Mattos D., Bertrand J.K., Misztal I., 2000. Investigation of genotype x environment interactions for weaning weight for Hereford in three countries. *J. Anim. Sci.* 78:2121-2126.
- Diop M., Van Vleck L. D., 1998. Estimates of genetic parameters for growth traits of Gobra cattle. *Animal Sci.* 66:349-355.
- Dodenhoff J., Van Vleck L.D., Wilson D. E., 1999. Comparison of models to estimate genetic effects for weaning weight of Angus. *J. Anim. Sci.* 77:3176-3184.
- Dominguez A., Menendez A., Ramirez A., 1982. El Criollo de Cuba. I Comportamiento reproductivo de la hembra. *Rev. Cub. Reprod. Anim.* 8 : 39-52
- Dong, M.C., Van Vleck, L.D., Wiggans, G.R. 1988. Effect of relationships on estimation of variance components with an animal model and Restricted Maximum Likelihood. *Journal of Dairy Science* 71: 3047-3052.
- Fikse W. F., Rekaya R., Weigel K.A., 2003. Assesment of environmental descriptors for studying genotype by environmental interaction. *Liv. Prod. Sci.* 82: 223-231.
- Fournet J., Monestiez P., 1987 : Essai de caractérisation phytoécologique des formations herbacées de Grande Terre (Guadeloupe). *Agronomie*, 7 : 833-851.
- Gauthier D., Thimonier J., 1982 : Variations saisonnières de la cyclicité chez la génisse Créole. Influence de la croissance, de l'âge et de l'émotivité. *Reprod. Nutr. Dévelop.*, 22 : 681-688
- Gauthier D., Coulaud G., Thimonier J., 1984 : Utilisation, en Guadeloupe, des techniques hormonales de maîtrise des cycles. *Ann. Zootech.*, 33 : 557-562.
- Gilmour A.G. , Cullis B.R., Welham S. J., Thompson R., 2002. ASReml Reference Manual. 2nd edition. Release 1.0, NSW Agriculture Biometrical Bulletin 3, NSW Agriculture, Locked Bag, Orange, NSW 2800, Australia. 186 pp.
- Gilmour A.R., Thompson R., Cullis B.R., 1995. Average Information REML, an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed model. *Biometrics* 51:1440-1450.
- Gourdine J.L. 2002. Application de modeles mixtes à la description de la croissance de vaches Créoles en Guadeloupe. DEA, Spécialisation Biostatistique. Ecole Nationale Supérieure Agronomique, Université Montpellier II. 63 pp.
- Institut de l'Élevage, INRA, 1995. Répertoire Français des méthodes et des procédures de contrôle et d'évaluation génétique des reproducteurs ovins et bovins de races allaitantes. CR 2316, 1^{ère} édition, Mai 1995. Ed. Institut de l'Élevage, Paris, France.
- Kemp R. A. 1990. Relationship among test length and absolute and relative growth rate in central bull test. *J. Anim. Sci.* 68:624-629.
- Kolmodin R., Stranberg E., Jorjani H., Danell B., 2003. Selection in the presence of a genotype by environment interaction: response in environmental sensitivity. *Anim. Sci.* 76: 375-386.

- Lee C, Pollak E. J. 1997. Influence of sire misidentification on sire x year interaction variance and direct-maternal genetic covariance for weaning weight in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 75:2858-2863.
- Liu M.F., Makarechian M., 1993. Factors influencing growth performance of beef bulls in a test station. *J. Anim Sci.* 71:1123-1127.
- Lobo R.N.B., Madalena F.E., Vieira A.R.. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. *Anim. Breed. Abst.* 68:433-462.
- Lobo R.N.B., 1998. Genetic parameters for reproductive traits of zebu cows in the semi-arid region of Brazil. *Liv. Prod. Scvi.* 55: 245-248.
- Mackinnon D., Hetzel J.S., Taylor J.F., 1989. Genetic and environmental effects on the fertility of beef cattle in a tropical environment. *Australian J. Agric. Res.* 40:1085-1097.
- Maiwashe A. N., Gradfield M.J., Theron H.E., van Wyk J.B., 2002. Genetic parameter estimates for body measurements and growth traits in South African Bonsmara cattle. *Liv. Prod. Sci.* 75: 293-300.
- Manteaux J.P., Cruz P., Naves M., Fournet J., 1991 : Gestion d'une prairie tropicale enrichie en légumineuses. Aspects agronomiques et zootechniques. *Fourrages*, 126 : 137-148.
- Mariante A. 1985. Crescimento et reproducao em gado Nelore: visao do criador e do pesquisador. Sao Paulo , ed. dos Criadores, 152 p , CDD 636.2082.
- Martinez G., Iglesias C., Solano R., Caral J., Mika J., Ricardo E., 1982: Estudio del comportamiento reproductivo de un rebaño de hembras Cebu. I. Estudio retrospectivo. *Rev. Cub. Reprod. Anim.* 8 : 53-62
- Menchaca M.A., Chase C. C., Olson T. A., Hammond A. C. 1996. Evaluation of growth curves of Brahman cattle of various frame sizes. *J. Anim. Sci.* 74:2140-2151.
- Menendez A., Sire M., Guerra D., 1979. Factores que intervienen en la duracion de la gestacion en vacas Holstein y F1 (HosteinxCebu). *Rev. Cub. Reprod. Anim.* 5 : 59-67
- Menendez Buxadera A, Planas T., 1996. El comportamiento del ganado Criollo en Cuba. Reencontres Caraïbes Rech. Agron. Dev. Rural. Utilization des Populations Bovines Locales pour la production de viande dans la Caraïbbe, 3-6 Dec 1996 Poite a Pitre Guadeloupe 23 pag.
- Menendez Buxadera A., 2003. Papel del genotipo animal en un sistema de produccion de naturaleza sustentable. Taller Internacional sobre ganaderia, desarrollo sostenible y medio ambiente. Ciudad Habana, 10-12 de marzo 2003. 13 pp
- Menendez Buxadera A., Guerra D., Planas T., Ramos F., 2003. Factores que afectan el crecimiento de machos jovenes de la raza Cebu en prueba de comportamiento en condiciones de pastoreo de Cuba. (en préparation).
- Ménissier F., Frisch J.E., 1992. Genetic improvment of beef cows. In : Jarrige R., Beranger C. (eds.), « Beef cattle production » (Vol. C5 : World Animal Series), Elsevier, Amsterdam, Netherlands, chapter 3, 55-85
- Mercadante . M.E.Z., Lobo R.B., de los Reyes A., 1995. Parametros geneticos para características de crecimiento en cebuinos de carne. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 3:45-89.
- Meyer K., 1992. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Liv. Prod. Sci.* 31:179-204.
- Meyer K. , 1995. Estimates of genetic parameters and breeding values for New Zealand and Australian Angus cattle. *Australian J. Agric. Res.* 46:1219-1229.

- Mrode R. A., 1996. Linear models for the prediction of animal breeding value. Ed CAB International, Wallingford, Oxon OX10 8DE UK, 187 pp
- Naves M., Xandé A., Kapfer O., Vallée F., 1987. Mode de conduite de troupeaux bovins Créoles allaitants au pâturage et performances zootechniques. Paturages et alimentation des ruminants en zone tropicale humide. Pointe à Pitre, Guadeloupe, 2-6 juin 1987. Ed. Xandé A., Alexandre G., INRA, Paris, 1989; 191-211
- Naves M., Xandé A., Vallée F., Coppry O., 1989. Utilisation des savanes naturelles par des troupeaux bovins allaitants en Guadeloupe. XVIth International Grassland Congress, Nice, France, 4-11 octobre 1989, 1581-1582.
- Naves M., Vallée F., 1990. Growth characteristics of "Creole" zebu cattle of Guadeloupe (FWI). 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edimburgh, United-Kingdom, July 23-27 1990, **14** : 320-323.
- Naves M., Shitalou E., 1996. Programme d'amélioration génétique du bovin créole de Guadeloupe. Rencontres Caraïbes Recherche Agronomique-Développement Rural "Utilisation des populations bovines locales pour la production de viande dans la Caraïbe", Gosier, Guadeloupe (FWI), 2-6 décembre 1996.
- Naves M., Menendez-Buxadera A., 1997. Comportamiento productivo del ganado Creole en Guadalupe. Analisis de 15 años de trabajo. In "XV Reunion ALPA", Maracaibo (Venezuela), 25-28 November 1997. *Arch. Latinoanim. Prod. Anim.*, **5**, suppl. 1 : 530-532
- Naves M., Alexandre A., Leimbacher F., Mandonnet N., Menendez-Buxadera A., 1998. Avances en los programmas de gestion de los recursos geneticos en los rumiantes del Caribe. *IV Congreso Iberoamericano de razas autoctonas y criollas*. Tampico, Mexique, 22-28 noviembre 1998, 78-93
- Naves M., Aliane P., Fleury J., Paul-Urbain-Georges C., Pensedent-Erblon J., Shitalou E., 1998. Sistemas de produccion de carne y mejoramiento animal en ganado bovino en Guadalupe. *IV Congreso Iberoamericano de razas autoctonas y criollas*. Tampico, Mexique, 22-28 noviembre 1998, 311
- Naves M., Fargetton M., Menendez-Buxadera, 1998. Caracterization y uso del ganado Creole para la produccion de carne en Guadalupe (Antillas Francesas). *IV Congreso Iberoamericano de razas autoctonas y criollas*. Tampico, Mexique, 22-28 noviembre 1998, 313
- Naves M., Menendez Buxadera A., Mandonnet N., Fargetton F., Vallée F., 2002. Variability and genetics components of some productive traits in the Creole cattle of Guadeloupe. 7th World Congress on Genet. App. Liv. Prod. Ses 02, paper 33 4 pag. August 2002, Montpellier, France
- Nobre P.R.C., Misztal I., Tsuruta S., Bertrand J.K., Silva L.O.C., Lopes P.S., 2003. Analysis of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Animal Sci.* 81: 918-926.
- Plasse D., 1989. Results from crossbreeding *B. taurus* *B. indicus* in Latin America. *Rev. Braz. J. Genet.* 12(3) 163-182.
- Plasse D., Verde O., Fossi H., Romero R., Hoogesteijn R., Bastidas P., Bastardo. J., 2002. (Co)variance components, genetic parameters and annual trends for calf weights in a pedigree Brahman herd under selection for three decades. *J. Anim. Breed. Genet* 119:141-153.
- Quintanilla R., Laloë D., Renand G., 2002. Heterogeneity of variaines across regions for weaning weight in Charolais breed. 7th World Congress on Genet. App. Liv. Prod. Ses 18, paper 10, 19-23 August 2002, Montpellier, France.

- Rico C., Planas T., Menchaca M., 1984. Preweaning growth of the Zebu breed. Cuban J. Agric. Sci. 18: 239-251.
- Rico C., Planas T., 1989. Genetic and environmental factors influencing the results of the performance test in pastures with Zebu cattle. Cuban J. Agric. Sci. 23:137-144.
- Rico C., Planas T., 1990. Genetic parameters of the reproductive performance of Zebu cattle. Cuban J. Agric. Sci. 24:37-44.
- Rico C., Planas T., 1995. Curvas de crecimiento de machos Cebú en un sistema de alimentación basado en pastos. Rev. Cubana Ciencias Agric. 29:297-302.
- Rico C., Planas T., Menchaca I., Garcia F., 1994. Parametros geneticos del crecimiento a diferentes edades en ganado Cebu. Arch. Latinoam. Prod. Anim. 2:1-8.
- Roughsedge T., Thompson R., Villanueva B., Simm G., 2001. Synthesis of direct and maternal genetics components of economically important traits from beef bred-cross evaluations. J. Anim. Sci. 79:2307-2319.
- Rust T., Groeneveld E., 2001. Variance component estimation on female fertility traits in beef cattle. South African J. Anim. Sci. 31:131-141.
- Salas M., Planchenault D., Roy F., 1986a : Etude des système d'élevage bovin traditionnel en Guadeloupe. I. Résultats d'enquêtes. Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., **39** : 197-207
- Salas M., Sheikboudou C., 1988a : Le parasitisme digestif dans les systèmes d'élevage bovin traditionnel en Guadeloupe. I. Enquête globale. Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., **41** : 171-180
- Salas M., Sheikboudou C., 1988b : Le parasitisme digestif dans les systèmes d'élevage bovin traditionnel en Guadeloupe. II. Suivi de l'infestation parmi plusieurs groupes de veaux. Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., **41** : 367-373
- Salas M., Naves M., 1990. Intérêts respectifs des bovins Créoles et des races importées dans les systèmes d'élevage en Guadeloupe. 41 Réunion annuelle FEZ, Toulouse, France, 9-12 juillet 1990
- SAS Institute Inc., 1990 : SAS Language: Reference. Version 6. First Edition. Cary, North Carolina (USA), 1088 pp
- SAS Institute Inc., 2000 : SAS/STAT User's Guide, Version 8. Volumes 1, 2, and 3. Cary, North Carolina (USA), 3884 pp.
- Schenkel F. S., Miller S.P., Jamrozik J., Wilton J. W. 2002. Two-step and random regression analysis of weight gain of station-tested beef bulls. J. Anim. Sci. 80:1497-1507.
- Stachursky F., Barré N., Camus E., 1988 : Incidence d'une infestation naturelle par la tique *Amblyomma variegatum* sur la croissance de bovins et caprins Créoles. Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., **41** : 395-405.
- Schoeman S.J., Jordan G.G., 1998. Animal x testing environment interaction on postweaning liveweight gains of young bulls. Australian J. Agric. Res. 49: 607-612.
- Sullivan P. G., Wilton J. W., Miller S. P., Banks L.R., 1999. Genetic trends and breed overlap derived from multiple-breed genetic evaluations of beef cattle for growth traits. J. Anim. Sci. 77:2019-2027.
- Tewelde A., 1998 : Genetic analyses of Romosinuano cattle : Selection possibilities for beef in the Latin American tropics. 3rd World Congress on Sheep and Beef cattle Breeding. 19-23 june 1988, Paris, France. Volume 2 : 275-291

Villalba D., Casaus I., Sanz A., Estany J., Revilla R., 2000. Preweaning growth curves in Brown Swiss and Pirineica calves with emphasis on individual variability. *J. Anim. Sci.* 78:1132-1140.

Willham R.L., 1972. The role of maternal effects in animal breeding.III Biometrical aspects of maternal effects in animals. *J. Anim. Sci.* 35:1288-1293.

Wright D. W. 1986. Growth and carcass characteristics of Senepol bulls on various energy levels over different time period under tropical conditions. MS thesis Michigan St. Univ East Lansing.

Wright D. W., Johnson Z.B., C.J. and Wildeus S. 1991. Variance and covariance estimates for weaning weight of Senepol cattle. *J. Anim. Sci.* 69:3945-3951.

Chapitre 3 : Adaptation du bovin Créole au pâturage en milieu tropical humide ¹

3.1. Introduction.

En zone tropicale et subtropicale, les contraintes environnementales sur la production animale sont d'abord d'ordre climatique : températures élevées, taux d'humidité élevés et précipitations irrégulières ou faibles. Ces contraintes influent directement sur les animaux et sur leur capacité de régulation thermique. Leurs effets se manifestent aussi, indirectement, à travers les disponibilités alimentaires, variables en quantité et en qualité et suivant les saisons, et également par une grande variété de maladies, notamment parasitaires.

La faculté des animaux indigènes à vivre et produire sous ces contraintes est communément attribuée à leur bonne adaptation. Cependant, « adaptation » est un terme très général. Il décrit la faculté d'un animal à faire face à un environnement hostile, en ajustant son fonctionnement biologique à différents niveaux (comportement, nutrition, physiologie, métabolisme...), pour maintenir son bien-être et garantir sa survie et celle de sa descendance. Si le stress est lié à une modification ponctuelle et limitée dans le temps de l'environnement d'un individu, on parle d'acclimatation. Dans le cas d'une population soumise à un stress de façon continue, des combinaisons de gènes conférant une meilleure adaptation peuvent être sélectionnées : trypanotolérance des bovins N'Dama et Baoulé, faculté à supporter la sous-nutrition des bovins zébus. On parle alors d'adaptation génétique, traduisant l'existence de mécanismes biologiques communs chez un ensemble d'individus, en réaction à une contrainte environnementale répétée.

L'expérience acquise en terme d'amélioration de l'élevage dans la plupart des régions tropicales, montre que la productivité ne pourra être augmentée durablement sans valoriser l'adaptation naturelle des races indigènes (Tizikara et al., 1985 ; Wilson, 1998) ou, du moins, prendre en compte les caractères d'adaptation dans les objectifs de sélection des races locales adaptées ou des races exotiques spécialisées (Franklin, 1986; Baker et Rege, 1994). Une première démarche consiste à s'intéresser globalement à l'amélioration de la productivité dans un milieu d'élevage contraignant. Une autre approche consiste en une démarche analytique pour comprendre les mécanismes biologiques et génétiques de l'adaptation et leurs interrelations avec la production. Ce travail est dans un premier temps plus complexe que la démarche globale. Dans un deuxième temps en revanche, il peut être plus efficace et mener à la définition précise d'objectifs et de critères de sélection. De plus, cette approche analytique permet de mettre en évidence et de mieux exploiter les interactions génotype*environnement, très fréquentes en milieu tropical (Vercoe et Frisch, 1992).

C'est dans ce contexte que s'inscrivent les différentes études menées à l'Unité de Recherches Zootechniques pour caractériser le niveau d'adaptation au milieu tropical humide du bovin Créole, population locale de la région Caraïbe, exploitées en race pure ou en croisement terminal avec des races à viande spécialisées, comme la race Limousine.

¹ (Ce chapitre reprend un projet d'article en préparation pour la revue « Production Animale » de l'INRA)

3.2. Conditions générales des essais (ou un élevage de bovins Créoles de référence)

3.2.1. Le milieu physique

Le domaine expérimental de l'INRA à Gardel est situé sur l'île de Grande-Terre, principale région d'élevage de Guadeloupe. C'est une zone sèche et calcaire. La moyenne annuelle des précipitations avoisine 1300 mm. Les températures maximales moyennes varient entre 28°C (janvier) et 31°C (août) et les minimales entre 22 et 25°C. Malgré des variations interannuelles importantes, deux saisons climatiques peuvent être identifiées : une saison sèche et fraîche de décembre à mai (50 à 70 mm/mois) et une saison humide et chaude de juin à novembre (100 à 180 mm/mois). L'humidité relative est toujours supérieure à 70 %. La durée du jour varie au cours de l'année de 11 heures fin décembre à 13 heures fin juin.

3.2.2. Le troupeau expérimental

Le troupeau bovin allaitant de Gardel fut constitué au début des années 70 à partir d'animaux de race Créole échantillonnés dans les élevages de la Guadeloupe. Il est constitué d'environ une centaine de vaches Créoles et leur suite, élevées principalement au pâturage sur des prairies naturelles à base de *Dichantium annulatum* ou des prairies plantées en *Digitaria decumbens*. Les effectifs sont répartis en différents lots de conduite suivant les expérimentations. Les prairies naturelles sont généralement conduites sans irrigation et avec une fumure limitée, alors que les prairies plantées reçoivent une irrigation et une fertilisation régulière. Le chargement pratiqué est d'environ 1500 kg/ha et 2000 kg/ha, respectivement.

Le troupeau est conduit en deux périodes de reproduction, centrées sur les mois de février et août, de 9 semaines environ chacune. Chaque lot de vaches allaitantes est affecté à une saison de reproduction et un mode de conduite déterminé. La reproduction se fait principalement en monte naturelle avec l'introduction successive de deux à quatre taureaux dans chacun des lots de femelles adultes, pendant 2 à 4 semaines chacun. Les mises bas s'échelonnent sur 3 mois, à partir du mois de décembre pour un allaitement en saison sèche, et du mois d'août pour un allaitement en saison humide respectivement.

Au sevrage, les veaux sont âgés de 7 mois environ et pèsent en moyenne 145 kg. Ils sont ensuite placés en engraissement au pâturage sur prairies de *Digitaria decumbens* pendant 12 mois environ, ou en stabulation pendant environ 8 mois. Ces derniers reçoivent une alimentation à base de fourrage de fauche distribuée à l'auge et complémenté par un aliment concentré à base de maïs et de soja, à raison de 3 à 5 kg par animal et par jour suivant la catégorie de poids vif.

Des traitements de détiage sont appliqués mensuellement à tout le troupeau. Des traitements anthelminthiques sont effectués chez les jeunes au sevrage, à un an et à 18 mois pour ceux conservés en reproduction, puis annuellement sur les femelles adultes et aux environs de la mise bas. Les cas d'avortement, dystocie ou vêlage difficile sont exceptionnels.

Les lots expérimentaux sont l'objet d'un suivi zootechnique régulier, concernant les performances de reproduction, la gestion de l'état civil et le contrôle de la croissance. Ils sont par ailleurs le cadre d'expérimentations zootechniques sur la conduite de pâturage, l'alimentation, la maîtrise du parasitisme tant interne qu'externe, et l'amélioration génétique. Les résultats présentés dans le présent article ont été rassemblés aux cours de différents protocoles, qui seront explicités au fur et à mesure.

3.3. Adaptation aux effets directs du climat tropical humide

Le stress thermique est une contrainte majeure pour le bien-être et la productivité des ruminants en zone tropicale (Finch, 1986 ; Kadzere et al., 2002). La Figure 1 schématise les relations entre la température ambiante, la température interne et la production de chaleur de l'animal. Lorsque l'animal est placé au delà de sa zone de thermoneutralité, les mécanismes de thermorégulation sont saturés. La température interne de l'animal augmente. A partir de 42°C, les fonctions du cerveau s'altèrent, entraînant un coma et la mort (Silanikove, 2000). Dans la zone de confort thermique, les pertes de chaleur s'effectuent par des mécanismes peu coûteux en énergie : il y a une augmentation de la vasodilatation périphérique, qui permet d'augmenter la conductivité des tissus et les pertes par la voie sensible, principalement par conduction. Dans la zone de thermoneutralité, mais au-delà de la zone de confort thermique, les pertes de chaleur par des voies évaporatives (respiration, sudation) s'accroissent. Ce sont des mécanismes coûteux en énergie à cause de la dépense énergétique associée à la vaporisation de l'eau. Par définition, ces pertes sont fortement dépendantes de l'hygrométrie ambiante et du différentiel de température entre l'animal et le milieu ambiant (Silanikove, 2000).

Le contrôle de l'homéothermie peut être évalué à trois niveaux. La température cutanée est la résultante des échanges thermiques par voie sensible au niveau de la peau (Berbigier, 1988). Elle participe à la régulation de la transpiration (Bianca et Hales, 1970). L'accélération du rythme respiratoire est un mécanisme de régulation par évaporation qui prévient une élévation éventuelle de la température interne (Silanikove, 2000). La température rectale est le critère de mesure le plus courant, pour la température centrale, résultante de la production thermique endogène et des échanges de chaleur de l'animal avec le milieu extérieur (Finch, 1986).

Face à un stress thermique prononcé, l'animal s'adapte en activant des mécanismes physiologiques de régulation de l'homéothermie, mais également en modifiant son comportement de manière à limiter la production de chaleur. Ainsi, en zone tropicale, le comportement alimentaire des bovins est régulé par leur appétit en relation avec leurs besoins d'entretien et de production, par la conduite d'élevage et par le stress dû à l'environnement. Ces deux voies de régulation, physiologique et comportementale, ont été étudiées séparément chez le bovin Créole.

3.3.1. Matériel et méthodes

L'adaptation au stress thermique a été comparée chez des jeunes bovins à l'engraissement de génotypes Créole (n=11) et Limousin x Créole (n=13), des deux sexes. Les animaux Créoles provenaient du Domaine de Gardel et étaient issus de 4 pères. Les croisés Limousin x Créole avaient été achetés au sevrage dans des élevages privés et étaient issus de 3 pères. En moyenne, les poids étaient voisins chez les Créoles et les croisés : 151 ± 33 kg et 157 ± 37 kg, pour un âge au sevrage de 215 et 243 j respectivement.

Le mode de conduite (stabulation ou pâturage), la saison (humide ou sèche) et la période de la journée (matin ou midi) ont été les facteurs pris en compte pour faire varier le niveau de stress thermique subi par les animaux. Les animaux à l'auge étaient abrités du soleil par un bâtiment ouvert sur les 4 faces, les animaux au pâturage ne disposaient pas d'ombrage. Ces deux modes de conduite sont par ailleurs les plus répandus dans la région. Les mesures ont été réalisées séparément aux deux saisons principales, en saison humide et chaude et en saison sèche et fraîche.

Les données météorologiques à l'auge ont été enregistrées grâce à un thermocouple installé dans le bâtiment de stabulation. La station météo de Gardel a fourni les données relatives aux

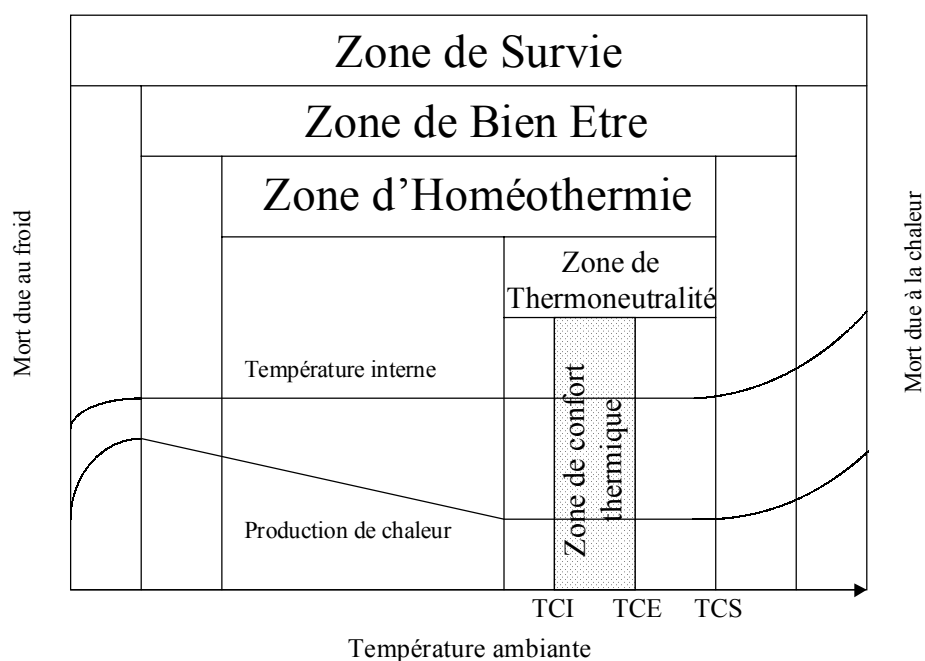


Figure 1 : Effet de la température ambiante sur les échanges thermiques et la température interne d'un animal (d'après Silanikove, 2000)

TCI = Température Critique Inférieure ; TCS = Température Critique Supérieure, TCE = Température Critique d'évaporation.

Tableau 1 : Dispositif expérimental et effectifs d'animaux

1a. Expérimentation sur la régulation thermique

Conduite		Auge		Pâturage	
Type génétique	Sexe	Créole	Croisé	Créole	Croisé
Période A (novembre 2000)	Mâle	2	2	2	2
	Femelle	2	2	2	2
Période B (avril 2001)	Mâle	1	3	2	2
	Femelle	3	1	2	2

1b. Expérimentation sur le comportement alimentaire

Conduite		Auge		Pâturage	
Type génétique	Sexe	Créole	Croisé	Créole	Croisé
Période A (septembre 2000)	Mâle	3	3	3	3
	Femelle	3	3	4	4
Période B (avril 2001)	Mâle	1	3	2	2
	Femelle	3	1	2	2

conditions de pâturage. Les contraintes climatiques subies par les animaux ont été caractérisées, dans chaque mode de conduite, par l'indice climatique THI (Temperature-Humidity Index) :

$$THI = 1.8 * Ta - (1 - HR) * (Ta - 14.3) + 32 \quad (\text{Berbigier, 1988})$$

où Ta représente la température ambiante (°C) et HR l'humidité relative (%).

L'interprétation du THI est, en toute rigueur, abusif dans le cas de bovins en croissance et de surcroît pour ceux élevés au pâturage (Berbigier, 1988). Cependant, son utilisation est très répandue dans les études de bioclimatologie, et sert quasiment de référence. Dans notre cas, le THI été utilisé principalement pour caractériser les conditions expérimentales.

Le dispositif expérimental appliqué pour les mesures sur la régulation thermique est décrit dans le Tableau 1a. Les mesures ont été effectuées en novembre 2000 (période humide et chaude), à un âge moyen de 452 j, et en avril 2001 (période sèche et fraîche), à un âge moyen de 532 j. Chaque période expérimentale s'est déroulée sur 3 semaines à raison de 1 jour de mesure par semaine suivant le sexe et 2 mesures par jour, une aux heures fraîches et une aux heures chaudes. Sept animaux furent communs aux deux périodes expérimentales.

Le rythme respiratoire des animaux au repos a été mesuré en observant le nombre de contractions de la poitrine pendant 30 secondes. Cette fréquence a ensuite été ramenée à une minute. La température radiative de la peau a été prise avec un radiothermomètre placé à une distance constante de la peau de 2 cm environ, et étalonné avant chaque série de mesure. La température rectale a été mesurée avec un thermomètre à mercure. Pendant les mesures, les animaux étaient maintenus au repos, soit au corral pour les animaux au pâturage, soit au cornadis pour les animaux en stabulation.

Un dispositif expérimental similaire au précédent a été mis en place pour étudier l'effet du stress thermique du climat tropical humide sur le comportement alimentaire des animaux, et est décrit dans le Tableau 1b. Les observations ont eu lieu en septembre 2000 (période chaude), à un âge moyen de 379 j, et en avril 2001 (période fraîche), à un âge moyen de 533 j. Neuf individus furent présents aux deux périodes expérimentales, et tous les animaux étudiés pour les mécanismes de régulation thermique ont été suivis en comportement alimentaire.

Le comportement alimentaire a été enregistré par observation visuelle des animaux par un observateur initié, situé à une distance de 3 à 6 mètres. Les animaux avaient été habitués au préalable à la présence des observateurs. Les activités de pâturage, abreuvement, repos, rumination, déplacement de chaque animal ont été notées toutes les 5 minutes. Les observations ont été réalisées en continu sur 24 heures à chaque période expérimentale. La durée (en minutes) de chaque activité a été estimée en multipliant par 5 le nombre d'occurrence par tranche horaire. Ces durées ont été sommées pour la phase diurne (8h00-18h00), pour la phase nocturne (19h00-7h00) et pour 24 heures.

Les distributions des différentes variables sont décrites dans les Tableau 2 et 3. Les données ont été analysées avec la procédure GLM du logiciel SAS (SAS Institute, 2000). Le modèle a pris en compte les effets fixes du type génétique (Créole, croisé Limousin x Créole), du sexe (mâle, femelle), du mode de conduite (auge, pâturage), de la période climatique (humide et chaude en septembre ou novembre, sèche et fraîche en avril). Dans l'analyse des variables liées la régulation thermique a également été inclus l'effet de la tranche horaire (heures fraîches 6h00-7h00, heures chaudes 11h00-13h00) et l'effet aléatoire de l'animal afin d'évaluer la variabilité individuelle. Pour les variables comportementales, les analyses ont été réalisées sur l'ensemble de la période de mesure, et séparément pour les phases diurne et

Tableau 2 : Distribution des variables de régulation thermique

Variable	Nombre d'obs.	Moyenne	Ecart Type
<i>En valeur absolue</i>			
Température rectale (°C)	191	38.89	0.46
Température de la peau (°C)	191	33.26	4.09
Rythme respiratoire (mn ⁻¹)	191	41.61	13.62
<i>En variation sur la journée</i>			
Température rectale (°C)	95	0.29	0.47
Température de la peau (°C)	95	2.79	3.76
Rythme respiratoire (mn ⁻¹)	95	4.07	7.59

Tableau 3 : Distribution des variables de comportement alimentaire

Variable (en minutes)	Nombre d'obs.	Moyenne	Ecart Type
<i>Sur 24 heures</i>			
Ingestion	42	396.6	131.5
Rumination	42	345.2	82.0
Abreuvement	42	8.09	6.4
Déplacement	42	56.6	23.3
Repos	42	631.6	185.0
<i>Sur la période fraîche</i>			
Ingestion	42	277.9	92.9
Rumination	42	123.4	31.2
Abreuvement	42	6.7	5.9
Déplacement	42	31.9	17.3
Repos	42	218.0	91.6
<i>Sur la période chaude</i>			
Ingestion	42	118.3	54.6
Rumination	42	221.8	70.2
Abreuvement	42	1.4	2.5
Déplacement	42	24.8	17.1
Repos	42	413.7	110.0

Tableau 4 : Distribution des variables climatiques par saison et par expérimentation

Variable	Nombre d'obs.	Moyenne	Intervalle
<i>En saison humide et chaude^a</i>			
Rayonnement global (mW)	12	127,17	3,00 – 286,67
Taux d'humidité moyen (%)	12	78,82	60,67 – 95,00
Température moyenne (°C)	12	26,76	23,75 – 28,90
Vitesse du vent moyenne (m/s)	12	8,46	3,00 – 14,00
Temperature-Humidity Index (THI) moyen	12	77,43	72,72 – 80,32
<i>En saison humide et chaude^b</i>			
Rayonnement global (mW)	12	169,48	19,80 – 286,10
Taux d'humidité moyen (%)	12	83,30	71,50 – 91,50
Température moyenne (°C)	12	27,24	25,30 – 29,80
Vitesse du vent moyenne (m/s)	12	5,23	2,80 – 9,00
Temperature-Humidity Index (THI) moyen	12	78,73	76,56 – 81,35
<i>En saison sèche et fraîche^{ab}</i>			
Rayonnement global (mW)	12	185,78	6,00 – 378,00
Taux d'humidité moyen (%)	12	68,92	52,67 – 92,00
Température moyenne (°C)	12	26,34	22,30 – 29,70
Vitesse du vent moyenne (m/s)	12	8,81	1,00 – 16,00
Temperature-Humidity Index (THI) moyen	12	75,30	70,76 – 78,63

^a Données relatives à l'expérimentation sur la régulation thermique (Novembre 2000 – Avril 2001)

^b Données relatives à l'expérimentation sur le comportement alimentaire (Septembre 2000 – Avril 2001)

Tableau 5 : Seuils de signification ⁽¹⁾ des effets tranche horaire, type génétique, conduite et période climatique sur les variables de régulation thermique

Variable	Température de la peau	Rythme respiratoire	Température rectale
<i>Effets</i>			
Conduite (C)	***	**	NS
Tranche horaire (H)	***	***	***
Type génétique (T)	*	**	***
Période climatique (P)	***	***	***
<i>Interactions</i>			
C x H	***	NS	**
T x P	NS	NS	**

⁽¹⁾ * $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; *** $P < 0,001$; NS : non significatif.

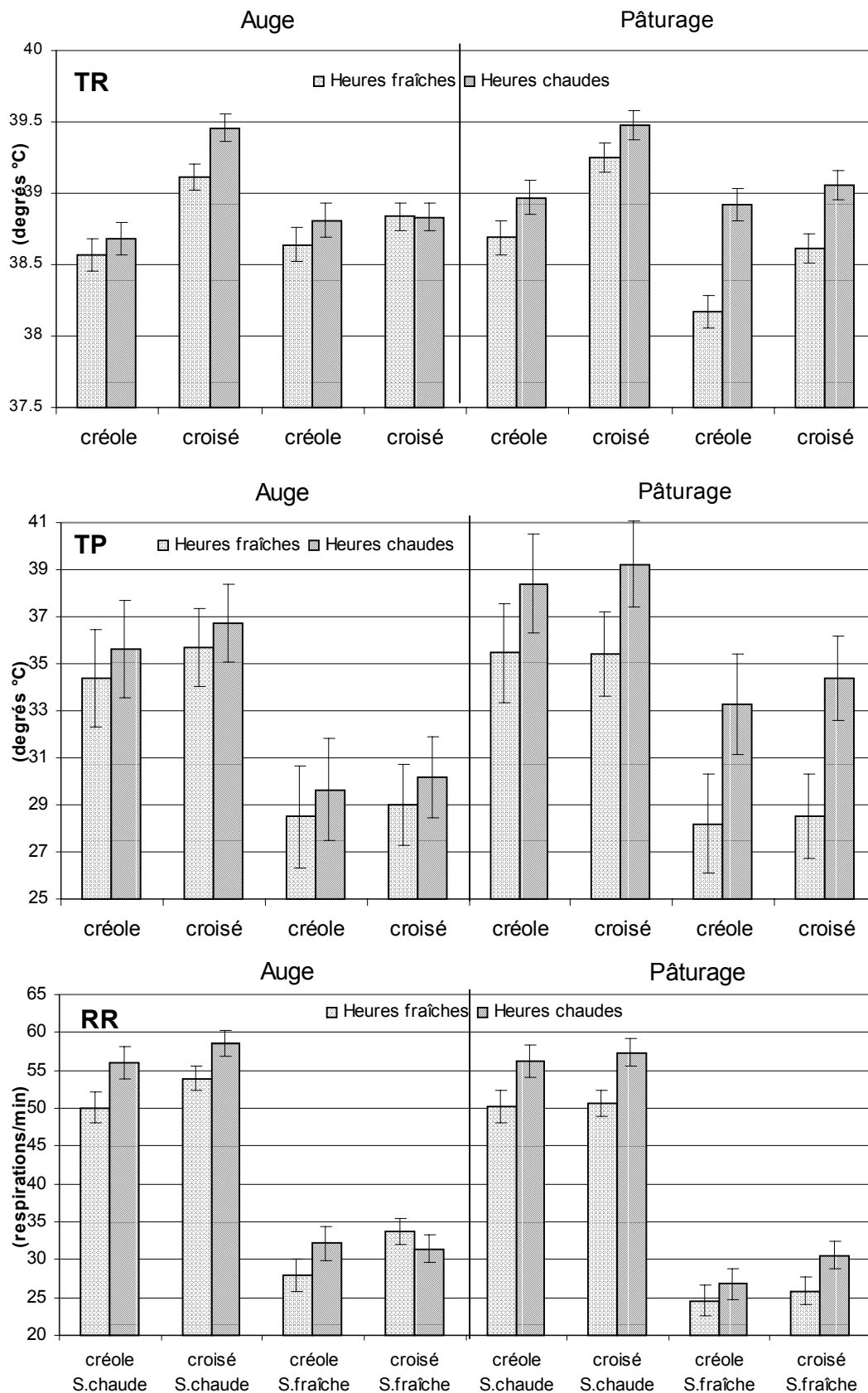


Figure 2 : Moyennes corrigées des température rectale (TR), température de la peau (TP) et rythme respiratoire (RR) en fonction de la tranche horaire, du type génétique, de la conduite et de la période climatique

nocturne. Les interactions 2 à 2 des effets fixes ont été incluses dans le modèle lorsqu'elles étaient significatives. Les variables climatiques ont été incluses en covariables pour tester leur influence sur les mesures de la régulation thermique

3.3.2. Régulation thermique

La période expérimentale dite 'humide et chaude' (novembre) s'est principalement distinguée de la seconde dite 'sèche et fraîche' (avril), par 10 points d'humidité et 2 points de THI en plus (Tableau 4). En revanche, les gammes de températures ambiantes et les températures moyennes ont été similaires. Les moyennes corrigées de températures de la peau, rythme respiratoire et température rectale sont présentées dans la Figure 2, en fonction de l'heure de mesure, du type génétique, de la conduite et de la période expérimentale. Le Tableau 5 rapporte les seuils de signification de ces effets.

La température de la peau (TP) est significativement ($P < 0,05$) inférieure de $0,73^{\circ}\text{C}$ chez les Créoles par rapport aux croisés. Cette température atteint $30,17^{\circ}\text{C} \pm 0,30$ en période climatique fraîche, contre $36,42^{\circ}\text{C} \pm 0,30$ en période climatique chaude. Aux heures fraîches de la journée, le mode de conduite n'a pas d'effet sur la température de la peau ($31,90^{\circ}\text{C} \pm 0,34$), alors qu'aux heures chaudes, les valeurs s'élèvent significativement à $33,06^{\circ}\text{C} \pm 0,34$ à l'auge et $36,33^{\circ}\text{C} \pm 0,34$ au pâturage. L'effet de la conduite est ainsi significatif sur la variation de la température de la peau au cours de la journée : $1,08^{\circ}\text{C} \pm 0,57$ à l'auge et $4,54^{\circ}\text{C} \pm 0,56$ au pâturage. La période la plus chaude de la journée a une influence significative sur la variation de température de la peau au pâturage ($3,08 \pm 1,11$; $P < 0,01$) et chez les Créoles ($2,79 \pm 1,17$; $P < 0,02$).

Le rythme respiratoire (RR) est plus lent ($P < 0,01$) chez les Créoles que chez les croisés: $40,47 \pm 0,59$ mouvements/min. vs $42,72 \pm 0,61$ mouvements/min. En période climatique fraîche, les bovins ventilent moins ($P < 0,001$) qu'en période chaude : $39,61 \pm 0,58$ mouvements/min vs $53,95 \pm 0,73$ mouvements/min. A l'échelle de la journée, un écart de $3,97$ mouvements/min est observé. A l'auge, le rythme respiratoire est plus rapide qu'au pâturage ($P < 0,01$): $42,94 \pm 0,61$ mouvements/min vs $40,25 \pm 0,60$ mouvements/min. Par ailleurs, le rythme respiratoire des Créoles n'est pas sensible au THI, dans la gamme expérimentée, contrairement aux croisés dont le rythme augmente de $1,24$ mouvements/min quand le THI diminue d'une unité ($P < 0,001$).

La température rectale (TR) des bovins Créoles ne varie pas entre la période climatique fraîche ($38,6^{\circ}\text{C} \pm 0,1$) et la période chaude ($38,7^{\circ}\text{C} \pm 0,1$). Elle est équivalente à celle mesurée chez les bovins croisés Limousins en période fraîche ($38,8^{\circ}\text{C} \pm 0,1$), mais cette dernière augmente significativement ($P < 0,001$) de $0,5^{\circ}\text{C}$ en période chaude. Les mâles ont une température supérieure à celle des femelles de $0,2^{\circ}\text{C}$ ($P < 0,001$). Aux heures fraîches de la journée, il n'y a pas de différence entre la température rectale des animaux à l'auge et celle des animaux au pâturage. Aux heures chaudes, l'élévation est faible, de $0,2^{\circ}\text{C}$ à l'auge et $0,4^{\circ}\text{C}$ au pâturage ($P < 0,02$). La variation de température rectale entre les heures fraîches et chaudes de la journée est plus importante ($P < 0,05$) chez les femelles Créoles ($0,4^{\circ}\text{C} \pm 0,1$) que chez les femelles croisées ($0,1^{\circ}\text{C} \pm 0,1$). En période climatique fraîche, la variation de température rectale dans la journée atteint $0,6^{\circ}\text{C}$ au pâturage tandis qu'elle est nulle à l'auge ($P < 0,001$). En période climatique chaude, la variation est la même dans les deux modes de conduites (environ $0,3^{\circ}\text{C}$). Le taux d'humidité atteint aux heures les plus chaudes de la journée a une influence sur la variation de température rectale chez les croisés Limousins ($+0,0225 \pm 0,0095$ C par point d'hygrométrie; $P < 0,05$), pas chez les Créoles.

A l'auge, aucune relation (corrélations de Pearson non significativement différentes de zéro) n'a été mise en évidence entre les 3 paramètres d'adaptation au chaud, quels que soient le type

Tableau 6 : Effet du type génétique sur le comportement alimentaire des bovins, exprimé en minutes pour chaque activité, dans les 2 modes de conduite et au cours de 24 heures, au cours de la période fraîche du nyctémère et au cours de la période chaude du nyctémère.

Conduite Type génétique	Variables	Auge				Pâturage			
		Créoles		Croisés		Créoles		Croisés	
		m	seuil	m	s.e.	m	seuil	m	s.e.
<i>Pour 24 heures</i>									
	Ingestion	250.4	*	336.0	26.63	462.9	<i>ns</i>	502.9	25.31
	Rumination	318.6	<i>ns</i>	342.5	21.15	390.5	<i>ns</i>	369.5	20.09
	Abreuvement	3.1	<i>ns</i>	4.8	1.51	13.7	<i>ns</i>	11.4	1.43
	Déplacement	60.5	**	31.6	6.06	71.3	<i>ns</i>	62.2	5.76
	Repos	815.2	<i>ns</i>	729.3	38.20	487.0	<i>ns</i>	479.5	36.61
<i>Pour la période fraîche (1)</i>									
	Ingestion	174.0	<i>ns</i>	213.4	15.80	334.0	<i>ns</i>	342.6	14.97
	Rumination	138.1	<i>ns</i>	128.2	9.71	114.7	<i>ns</i>	125.1	9.21
	Abreuvement	1.5	<i>ns</i>	3.1	1.11	12.1	<i>ns</i>	10.0	1.05
	Déplacement	26.1	<i>ns</i>	20.7	3.93	49.8	**	35.4	3.73
	Repos	318.1	<i>ns</i>	292.3	14.50	145.9	<i>ns</i>	143.4	13.74
<i>Pour la période chaude (2)</i>									
	Ingestion	66.3	*	112.5	13.98	131.0	*	167.2	13.25
	Rumination	175.1	<i>ns</i>	208.9	16.57	279.9	<i>ns</i>	249.5	15.71
	Abreuvement	1.4	<i>ns</i>	1.4	0.85	1.5	<i>ns</i>	1.6	0.81
	Déplacement	33.7	***	10.2	4.53	28.0	<i>ns</i>	23.0	4.29
	Repos	503.5	<i>ns</i>	447.1	27.00	344.6	<i>ns</i>	333.7	25.60

⁽¹⁾ correspond à la tranche horaire 19H00-7H00 - ⁽²⁾ correspond à la tranche horaire 8H00-18H00

m : moyenne ; seuil : *ns*= non significatif, * P<0,05, ** : P<0,01, *** : P<0,001

génétique et la période. Au pâturage, les corrélations entre rythme respiratoire et température de la peau ont atteint respectivement 0,64 chez les Créoles et 0,52 chez les croisés Limousins en période chaude. Aux deux périodes, les corrélations entre la température de la peau et la température rectale ont été significatives (entre 0,47 et 0,64), sauf pour les croisés Limousins en période chaude.

3.3.3. Régulation par le comportement alimentaire

Les conditions climatiques sont décrites dans le Tableau 4. Des valeurs plus élevées du taux d'humidité (+14%), des températures minimales (+3°C) et du THI (+3,5 points) ont été relevées entre la période fraîche (avril) et la période chaude (septembre).

A l'auge, les bovins Créoles ont passé significativement moins de temps que les croisés limousins à l'ingestion de fourrages et de concentré sur 24 heures, en raison d'une moindre activité durant la période chaude du nyctémère (Tableau 6). Dans le même temps, les Créoles se sont déplacés plus que les Croisés. Pour les autres activités, aucune différence significative n'a été mise en évidence entre les 2 types génétiques. Au pâturage, les temps consacrés aux différentes activités n'ont pas différé globalement entre les bovins Créoles et les Bovins Croisés (Tableau 6). Cependant, durant la période fraîche du nyctémère, les Créoles ont effectué de plus longs déplacements. Durant la période chaude, ils ont ingéré ½ heure de moins que les Croisés.

La période expérimentale a principalement influé sur les temps de rumination et de repos. Les animaux ont ruminé plus longtemps en période climatique fraîche (395 min, durée supérieure de 25% à celle de la période chaude, $P<0,001$) quel que soit le mode de conduite. En période expérimentale chaude, les animaux au pâturage se sont reposés plus longtemps ($P<0,001$, +155 min, principalement le jour) qu'en période fraîche. Une diminution du temps d'ingestion nocturne à l'auge (- 85 min) et une augmentation de la durée de déplacement nocturne au pâturage (+ 25 min) ont été observées entre la période chaude et la période fraîche ($P<0,001$). Le temps d'abreuvement n'a pas varié entre les 2 périodes.

La conduite à l'auge se traduit par un repos quotidien supérieur de 20% (+289 min, $P<0,001$) à celui au pâturage (Figure 3). Inversement, les durées quotidiennes d'abreuvement, de déplacement, d'ingestion et de rumination sont significativement ($P<0,001$) réduites respectivement de 68, 31, 39, 13%, entre le pâturage et l'auge.

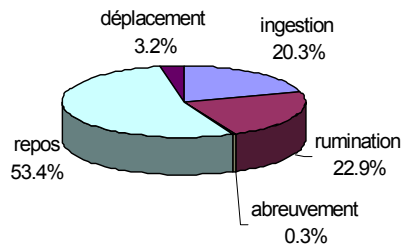
Les génisses et les taurillons ont montré le même comportement alimentaire à l'auge (Figure 4), avec des répartitions d'activité identiques entre les périodes fraîche et chaude du nyctémère. Par ailleurs, les femelles ont ingéré plus longtemps globalement sur 24 heures, du fait d'un temps d'ingestion nocturne supérieur de 71 min à celui des mâles. Elles ont ruminé significativement moins longtemps que les mâles (72 min). Elles se sont abreuvées moins en raison d'un abreuvement réduit de 6 min durant les heures fraîches. Les taurillons se sont reposés 44 min de moins pendant la nuit ($P<0,05$) et se sont déplacés 14 min de moins durant le jour ($P<0,05$) mais cela ne s'est pas traduit par des différences significatives sur la période de 24 heures.

Par ailleurs, aucune différence individuelle n'a été mise en évidence sur les variables.

3.3.4. Discussion

Nos conditions expérimentales ont permis de mesurer les paramètres d'adaptation à la chaleur dans des situations climatiques suffisamment contrastées, du moins en ce qui concerne l'effet de l'humidité relative. Ainsi, des variations significatives de température rectale, de

Répartition moyenne sur 24 heures du comportement alimentaire de bovins à l'auge



Répartition moyenne sur 24 heures du comportement alimentaire de bovins au pâturage

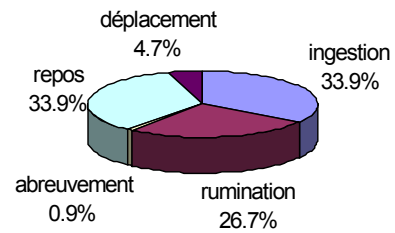


Figure 3 : Répartition moyenne sur 24 heures du comportement alimentaire des bovins conduits à l'auge ou au pâturage.

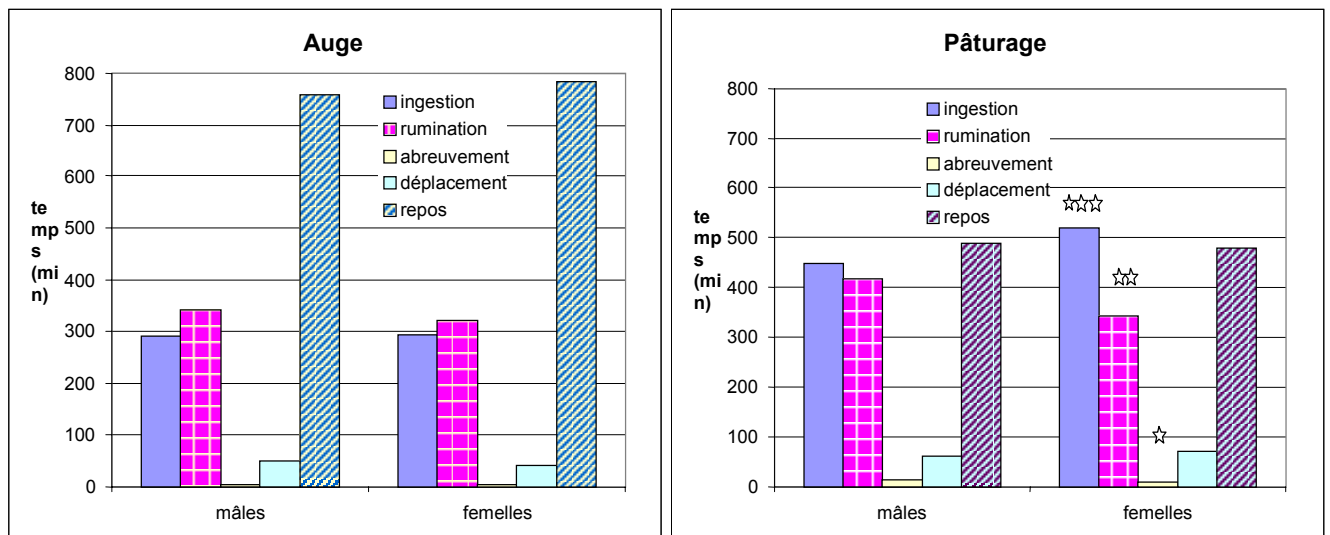


Figure 4 : Répartition moyenne sur 24 heures du comportement alimentaire des bovins mâles et femelles, conduits à l'auge ou au pâturage.

(Le seuil de signification de l'effet du sexe est indiqué par *** si $P < 0,001$, par ** si $P < 0,01$ et par * si $P < 0,05$.)

température de la peau et de rythme respiratoire ont été observées sur la journée ou entre saisons, en interaction ou non avec la conduite d'élevage et la race. Les niveaux moyens de température rectale et rythme respiratoire sont cohérents avec les études antérieures comparant la thermorégulation des bovins Créoles à celle des croisés Limousin x Créole (Berbigier et al., 1987 ; Bru et al., 1987).

Le rythme respiratoire et la température de la peau des Créoles restent inférieurs à ceux des animaux croisés, quelle que soit la saison. Ceci tend à prouver qu'ils supportent des températures plus élevées avant de mettre en action des mécanismes de régulation. Les bovins Créoles ont été plus efficaces dans la régulation de leur température interne que les croisés Limousins. Leur température rectale ne varie pas avec la saison contrairement à celle des croisés qui augmente en saison chaude. Bianca et Hales (1970) et Berbigier (1988) interprètent une corrélation élevée entre rythme respiratoire et température de la peau comme signe de la mise en place d'une régulation thermique quand le confort thermique des animaux n'est plus réalisé. Ainsi, les mécanismes de régulation (ventilation, transpiration,..) se seraient déclenchés dans les 2 génotypes en période chaude uniquement. Ils aboutissent à une stabilisation chez les Créoles tandis que chez les Croisés la température interne augmente et n'est plus corrélée à la température de la peau. La variation du taux d'humidité relative pourrait être le facteur déclenchant de l'inconfort thermique en saison chaude car c'est le principal facteur climatique qui différencie les deux saisons. De plus, l'élévation de la température rectale des bovins croisés est proportionnelle à l'humidité mesurée aux heures les plus chaudes de la journée.

Par ailleurs, la variation de température interne plus importante observée chez les femelles Créoles au cours de la journée traduit une meilleure thermolabilité, faculté à baisser la température interne aux heures fraîches de la journée. La même tendance, mais plus faible, est observée chez les mâles. Aux heures chaudes, la température des femelles Créoles n'est pas significativement différente de celle des croisées. Finch (1986), Berbigier (1988) et Brosh et al. (1998) citent ce phénomène comme une stratégie physiologique d'adaptation à la chaleur, économe en eau, déjà observée dans l'espèce *Bos indicus* et plus encore chez le chameau (*Camelus dromedarius*).

Cependant, les variations de températures observées pour les bovins croisés restent inférieures à 1°C. Dans cette limite, elles ne traduisent pas un stress thermique important (Blight, 1973 ; Wilson, 1998 ; Finch, 1986). Bien que contrastées, les conditions climatiques rencontrées durant les périodes expérimentales ne correspondent pas aux extrêmes que l'on peut observer dans nos conditions. Il aurait été intéressant de contrôler ces mêmes paramètres sous l'influence de températures plus divergentes.

En conduite à l'auge, les animaux sont restés à l'intérieur de leur zone de confort thermique. Aucune corrélation n'est mise en évidence entre les 3 paramètres d'adaptation à la chaleur, quelle que soit la saison. Cela signe l'absence de régulation de la température interne. De plus, la température rectale n'a pas varié sur la journée en saison fraîche. Aux heures les plus chaudes, l'élévation de température rectale par rapport aux heures fraîches n'est que de 0,2°C contre 0,4°C au pâturage. En revanche, le rythme respiratoire plus rapide à l'auge qu'au pâturage paraît contradictoire avec les éléments précédents. Cependant, l'interprétation de cet effet mode de conduite est délicate car le microclimat n'a pas été le seul facteur de variation. Les animaux à l'auge ont en effet reçu un apport de concentré important (entre 3 et 6 kg par jour), qui peut être à l'origine d'une extra chaleur élevée, modérant ainsi l'effet bénéfique lié à l'ombrage.

Au pâturage, la prise de nourriture s'est effectuée majoritairement de jour (à environ 70%) et la rumination, la nuit (à 70% également), comme observé par Doreau (1979). A l'auge, les

activités ont été un peu plus équilibrées entre le jour et la nuit. L'ingestion fut diurne à 66% et la rumination nocturne à 58%. Les durées de pâturage et de rumination relevées pour les bovins Créoles à l'extérieur (463 min et 390 min respectivement) sont comparables à celles observées pour des génisses Créoles à l'attache, par Boval et al. (1996) (430 min et 410 min) et Doreau (1979) (500 min et 450 min). Ces comparaisons sont cependant limitées car la répartition des activités alimentaires serait largement influencée par le format des animaux, le mode de conduite, le type et la disponibilité du fourrage. L'absence de différences entre les individus que nous observons est également rapportée par Doreau (1979) et Coulon (1984). Elle peut être liée à la synchronisation induite par le groupe décrite par Ingrand (2000).

Les femelles ont pâturé plus longtemps que les mâles. Une première hypothèse serait que le fourrage était moins préhensible sur les parcelles des génisses (repousse plus lente, espèce différente). Leur temps de rumination au pâturage inférieur à celui des taurillons, va dans le sens de quantités ingérées moindres chez les femelles, ces deux variables étant proportionnelles (Hancock, 1953). De plus, à l'auge où les rations étaient accessibles de la même façon dans les deux sexes, les comportements ont été strictement identiques. Une seconde hypothèse serait que les mâles ont limité leur ingestion en raison de leur sensibilité plus grande à la chaleur. Ainsi, l'effet du sexe s'est manifesté par une température rectale supérieure de 0,2°C chez les mâles. Il est probablement à relier à un métabolisme de base supérieur chez les taurillons par rapport aux génisses. En effet une différence de plus de 250g/j est observée entre le GMQ 9-14 mois des mâles et celui des femelles, dans les mêmes conditions expérimentales (voir chapitre 4).

Les animaux se sont adaptés aux conditions climatiques plus contraignantes de la saison chaude en limitant leur temps de rumination, en se reposant plus ou en se déplaçant moins au pâturage, en augmentant le temps d'ingestion nocturne à l'auge. La production de chaleur interne a ainsi été limitée (Wilson, 1998). Ces comportements sont souvent rapportés pour des génotypes sensibles à la chaleur (Salas et al., 1990 ; Langbein et al., 1993 ; Hammond et al., 1994). Nos résultats tendent à prouver qu'ils constituent une adaptation au climat à part entière et qu'ils ne sont pas « réservés » aux génotypes sensibles. En revanche, la consommation d'eau ne semble pas intervenir dans la régulation thermique des animaux (Coulon, 1984b), bien que dans l'expérimentation présente cette consommation n'ait pas été mesurée directement, seulement estimée par le temps d'abreuvement.

Dans nos conditions, au pâturage ou en engraissement intensif en bâtiment, les bovins croisés n'ont pas montré de comportement particulier en saison chaude, comparativement aux Créoles. Cependant les taurillons croisés activent leurs mécanismes de thermorégulation de façon plus intense que les Créoles, traduisant une sensibilité accrue aux températures et humidités élevées. Malgré cela, la régulation thermique n'a provoqué ni réduction d'appétit, ni diminution des déplacements, comme décrit par Coulon (1984a) pour des bovins croisés Charolais en milieu tropical humide. Par ailleurs, les durées d'ingestion à l'auge et au pâturage ont été plus longues que celles des Créoles (notamment pendant les heures chaudes de la journée), pour couvrir des besoins d'entretien et de production plus importants. Les gains de poids entre 9 et 14 mois à l'auge et au pâturage sont en effet supérieurs chez les croisés (voir chapitre 4). Ce résultat concorde avec les observations de Berbigier et Sophie (1986) qui notaient des quantités ingérées supérieures chez les croisés limousin que chez les Créoles, pour obtenir un niveau de GMQ plus élevé. Par ailleurs l'effort énergétique fourni par les bovins croisés pour maintenir leur homéothermie lors d'une exposition au soleil ne semble pas affecter leur croissance. Dans le même temps, les bovins Créoles ont modifié leur ingestion en la diminuant pendant les heures chaudes, sans pour autant que l'on observe de répercussion sur l'ensemble du nyctémère. Cette observation rejoint en partie les résultats de Berbigier et Sophie (1986), qui observaient une diminution de l'ingestion chez des taurillons Créoles exposés au soleil comparativement à des croisés Limousins, sans noter de

répercussion sur la croissance. Cette caractéristique semble être un mécanisme d'adaptation particulier chez les bovins Créoles, la diminution de l'ingestion leur permettant de limiter les pertes liées à l'utilisation digestive et métabolique des aliments sans altérer leurs performances, grâce à une meilleure efficacité digestive.

3.3.5. Conclusion

La comparaison de bovins Créoles et de Bovins croisés Limousin x Créole sur leur adaptation aux effets directs du climat tropical permet la description des mécanismes d'adaptation du génotype Créole à son milieu et l'évaluation de l'intérêt du génotype croisé dans ce milieu contraignant. Les deux niveaux étudiés donnent des informations complémentaires sur les mécanismes de régulation et d'adaptation comportementale mise en œuvre par chaque génotype.

L'adaptation des bovins Créoles au climat réside dans le fait qu'ils supportent des températures ambiantes plus élevées avant de mettre en action des mécanismes de régulation thermique. Leur zone de confort thermique serait décalée de quelques degrés vers les températures supérieures par rapport au génotype croisé. De plus, leur régulation par évaporation cutanée et respiratoire est plus efficace pour maintenir la température interne stable. Ceci est couplé avec la faculté de baisser leur température interne aux heures les plus fraîches de la journée. Enfin, en période de stress thermique, ils réduisent la production de chaleur interne en se reposant plus et en décalant leur activité d'ingestion aux heures fraîches de la journée.

En comparaison, les bovins croisés Limousins x Créoles sont moins efficaces pour maintenir stable leur température interne en période de stress thermique. L'inconfort apparaîtrait principalement avec l'augmentation du taux d'humidité ambiante. Cependant, les variations de température interne restent minimes et ne modifient pas leur comportement alimentaire. Les bovins croisés maintiennent des temps d'ingestion supérieurs à ceux des Créoles, y compris pendant la journée, pour couvrir leurs besoins d'entretien et de production.

Finalement, malgré une sensibilité physiologique plus importante, la conduite de bovins croisés limousins x Créoles, dans les conditions habituelles de la région au pâturage ou en stabulation, ne semble pas poser de difficultés majeures. Nous rejoignons en cela les conclusions de Bru et al. (1987) et Berbigier et al. (1987) sur l'utilisation des bovins croisés F1. Il apparaît cependant nécessaire de veiller, en engraissement intensif, au maintien de conditions abritées, afin de limiter l'incidence directe du climat sur les animaux, couplée à une alimentation plus énergétique.

Par ailleurs, ce résultats ne préjuge pas de l'incidence du climat tropical sur d'autres génotypes, ni sur d'autres niveaux de croisements. En effet, Berbigier (1987) notait la moindre sensibilité de taurillons demi-sang Limousin comparativement aux croisés Charolais ou aux Frisons.

3.4. Adaptation aux effets indirects du climat tropical humide

Les principaux effets indirects rencontrés dans la zone Caraïbe sont les variations saisonnières de disponibilités alimentaires, qui ne sont pas abordées dans cette révision, et les problèmes pathologiques, notamment d'origine parasitaire. Parmi celles d'importance économique, nous avons étudié l'infestation par les tiques et le parasitisme par les strongles gastro-intestinaux.

3.4.1. Résistance au parasitisme externe

La tique *Amblyomma variegatum* fut introduite en Guadeloupe, depuis l'Afrique de l'Ouest au milieu du 19^e siècle. En piquant les animaux, elle inocule à leur hôte des pathogènes pouvant causer des pertes importantes, comme par exemple *Cowdria ruminantium*, parasite sanguin très infectieux (Morel, 1967). Elle serait également un des facteurs favorisant l'apparition de la dermatophilose à *Dermatophilus congolensis*, cause de lésions sévères de la peau (Barré et al., 1988). Le troupeau Créole de Guadeloupe, issu de croisements de taurins ibériques et zébus africains, présente une très bonne résistance à ces pathogènes. En revanche, les bovins de races importées, comme les races européennes, utilisés en croisement pour augmenter le niveau de production des troupeaux autochtones, sont connus pour leur grande sensibilité à ces parasites. En 1987, dans le seul département de la Guadeloupe, les pertes annuelles directes et indirectes, ajoutées au coût de la lutte contre le parasite, furent estimées à 1,5 millions de dollars (Barré, 1989), pour un total de 80.000 têtes de bovins et 25.000 de caprins.

De nombreux travaux ont démontré l'existence d'une variabilité de la sensibilité aux tiques entre races bovines (Pegram et al., 1993) mais peu rapportent une variabilité intra-race. D'un autre côté, les travaux concernent en majorité la résistance à la tique *Boophilus microplus*, dont la biologie et les conséquences sur les troupeaux diffèrent sensiblement de celles d'*Amblyomma variegatum* (Seifert, 1971, 1984). Notre objectif a été d'analyser la variabilité du niveau individuel d'infestation par *Amblyomma variegatum* chez le bovin Créole, d'estimer l'héritabilité et la répétabilité de ce caractère et d'apprécier sa pertinence en tant que critère de sélection (Naves et al., 1997, 2001).

a. Matériels et Méthodes

Dans le cadre des recherches menées en Guadeloupe sur l'utilisation d'acaricides pour lutter contre les infestations par les tiques (Barré et al., 1993), des dénombrements réguliers de tiques ont été réalisés sur les bovins Créoles du troupeau expérimental de l'INRA Gardel. Chaque lot comprend 18 têtes environ. Les comptages de tiques ont été réalisés dans un corral, par observation attentive des parties du corps où s'accumulent habituellement les tiques. Le nombre total de tiques *Amblyomma variegatum*, mâles et femelles, dénombré sur chaque bovin, a été enregistré.

Seuls les bovins ayant reçu un traitement acaricide peu rémanent et utilisé à intervalles mensuels ont été observés car ils présentaient un niveau d'infestation conséquent. Ces données furent rassemblées dans une base de données mensuelles issues de différents lots. Un second fichier contenant les comptages trimestriels fut construit de façon similaire, tandis qu'un troisième contenait les résultats de comptages annuels. Notre objectif était, sur la base de ces différents fichiers, d'évaluer la pertinence de ces différentes fréquences de comptages pour évaluer le niveau individuel de sensibilité à l'infestation par *Amblyomma*

Par ailleurs, les données de poids vif enregistrées le même jour que le comptage ou à une date proche, le statut physiologique (début de gestation, fin de gestation, lactation, vache sans veau, mâle). La date de contrôle a été ajoutée pour l'analyse du facteur saison dans les comptages mensuels et trimestriels.

Comptages mensuels :

Entre 1990 et 1995, 1195 dénombrements de tiques furent recueillis dont 844 provenant de 98 vaches dans 7 lots, et 351 de 42 taureaux dans 3 lots. Ces données correspondaient à des périodes continues de 5 à 12 mois selon les lots. Tous les mois de l'année furent représentés

bien que la majorité des données ait été enregistrée entre avril et septembre. En moyenne, il y avait 8,5 données par animal (entre 4 et 11 pour les mâles, entre 1 et 24 pour les femelles). Les animaux étaient issus de 13 pères, soit en moyenne 10,8 descendants par père (entre 1 et 22 descendants).

Comptages trimestriels

Entre janvier 1995 et août 1996, 530 données furent recueillies sur 95 vaches. Aucun animal n'a changé de lot durant cette période. En moyenne, 5,6 données ont été recueillies pour chaque vache. Les 4 stades physiologiques étaient représentés durant cette période de 20 mois consécutifs et chaque vache est passée par les différents stades. Les vaches étaient issues de 14 pères soit 6,8 descendantes par père en moyenne.

Comptages annuels

Un total de 757 données était disponible pour 215 vaches. Le nombre moyen de données par animal était de 3,5 (entre 1 et 10 comptages). Les différents stades physiologiques furent observés mais chaque vache fut contrôlée au même stade physiologique chaque année. Dans ce groupe de données, 26 pères étaient représentés avec en moyenne 7,3 descendants (entre 1 et 19).

Analyses statistiques

Une transformation logarithme $\text{Ln}(\text{TMF}+1)$ a permis de normaliser la variance de la variable « nombre total de tiques mâles ou femelles par bovin » (TMF). Une analyse de variance-covariance a été réalisée sur cette variable transformée, avec la procédure GLM du logiciel SAS (SAS Institute, 2000). Les facteurs suivants ont été pris en compte :

- les effets fixés du lot (L), de la date de contrôle (C), de l'interaction (LxC) et du stade physiologique (S),
- la covariable poids vif (PV),
- les effets aléatoires de l'animal (A), du père (P) et de l'erreur résiduelle.

b. Résultats et discussion

Les résultats des analyses de variance sont présentés dans le tableau 7, suivant la fréquence de comptages.

L'effet du lot (L), de la date de contrôle (C) et de l'interaction (LxC) ont été hautement significatifs, illustrant l'importance des conditions de milieu, comme la période de l'année, mais aussi les conditions propres de chaque groupe, modulant cet effet. Ces variations peuvent être expliquées par des facteurs environnementaux non contrôlés dans cette étude, comme la végétation, le micro-climat régnant dans chaque groupe, efficacité variable des traitements, présence d'autres animaux, etc.

L'effet du stade physiologique est plus discutable. La distribution des données dans les ensembles de données mensuelles et annuelles n'ont probablement pas permis de mettre en évidence cet effet car les animaux ont été testés pratiquement au même stade physiologique à chaque passage. L'effet du stade physiologique a été plus manifeste dans la conjoncture des données trimestrielles. Les vaches en allaitement ont présenté un niveau d'infestation moindre

Tableau 7 : Facteurs de variation des comptages suivant la fréquence des observations

Modèle	R ²	CME	L	C	LxC	S	PV	A	P
<i>Comptages mensuels</i>									
(1)	0.39	0.80	**	**	**	ns	*		
(2)	0.61	0.58	**	**	**	ns	ns	**	
(3)	0.44	0.79	**	ns	**	ns	ns	**	**
<i>Comptages trimestriels</i>									
(1)	0.48	0.76	**	**	**	*	ns		
(2)	0.66	0.62	ns	**	**	**	ns	**	
(3)	0.66	0.61	ns	**	**	**	ns	**	**
<i>Comptages annuels</i>									
(1)	0.62	0.69	**	**	**	ns	*		
(2)	0.75	0.65	**	**	**	ns	ns	*	
(3)	0.75	0.65	**	**	**	ns	ns	*	

R² : coefficient de détermination du modèle; CME : carré moyen de l'erreur ; L : effet lot ; C : effet date de contrôle ; LxC interaction ; S : stade physiologique ; PV : covariable poids vif ; A : effet aléatoire de l'animal ; P effet aléatoire père

* $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, ns : non significatif

Tableau 8 : Répétabilité (R) et héritabilité (h²) de la variable ln (TMF + 1) (TMF : nombre total de tiques mâles et femelles)

Modèle		σ^2_e	σ^2_a	σ^2_p	R	h ²
Mesures mensuelles	(2)	0,582	0,235		0,288 +/- 0.037	
	(3)	0,582	0,199	0,065	0,312 +/- 0.050	0,307 +/- 0.229
Mesures trimestrielles	(2)	0,627	0,14		0,183 +/- 0.046	
	(3)	0,613	0,107	0,03	0,183 +/- 0.051	0,160 +/- 0.157
Mesures annuelles	(2)	0,657	0,04		0,057 +/- 0.035	

σ^2_a : variance de l'effet aléatoire individu ; σ^2_p : variance de l'effet aléatoire père ; σ^2_e : variance résiduelle ; R : répétabilité ; h² : héritabilité

Tableau 9 : Sensibilité des bovins des Antilles Françaises aux tiques et aux maladies associées (d'après Barré, 1997)

Tique	Maladie associée	Races bovines		
		Créole	Européennes	Brahman
<i>Boophilus microplus</i>		+	+++	+
	Babésiose	--	+++	--
	Anaplasmose	--	++	--
<i>Amblyomma variegatum</i>		++	++	++
	Cowdriose	--	++	--
	Dermatophilose	Guad. -- Mart. +++	+++	+++

que les autres, en raison de l'action mécanique du veau qui décroche les tiques de la mamelle ou qui perturbe leur fixation.

Les effets liés à la répétition des comptages sur le même animal et au père de cet animal ont été significatifs sur les données de comptage mensuel et trimestriel. Des effets génétiques influencent donc la variabilité du niveau d'infestation chez les bovins Créoles, comme déjà rapporté dans d'autres génotypes (de Castro, 1991 ; Davis, 1993). Sur les comptages annuels, seul persiste l'effet permanent individuel.

Les répétabilités estimées sur les différents groupes de données sont élevées compte tenu du caractère étudié, mais diminuent quand l'intervalle de temps entre les mesures augmente (Tableau 8). Les répétabilité et héritabilité du niveau d'infestation estimé à une fréquence mensuelle sont probablement surestimées du fait de la persistance d'une population résiduelle de tiques entre 2 contrôles (Barré et al., 1998). Cependant, ces 2 paramètres demeurent significatifs pour les comptages trimestriels pour lesquels l'utilisation d'un traitement acaricide entre 2 passages a limité le risque de population résiduelle. Pour les comptages annuels, le nombre restreint d'observations par animal explique la valeur très faible de la répétabilité estimée.

c. Conclusion

Les résultats de cette étude confirment que les facteurs environnementaux ont un effet important sur l'infestation par la tique *Amblyomma variegatum* (Barré, 1989). Cependant, les analyses ont permis d'estimer une variabilité d'origine génétique significative, bien qu'inférieure à celle observée sur des tiques monoxènes comme *Boophilus* (Davis, 1993). Les comptages trimestriels semblent les plus fiables car moins influencés par la biologie de la tique.

Ces résultats sont prometteurs quant à la possibilité de sélectionner les bovins Créoles sur leur résistance à *Amblyomma variegatum* en condition d'infestation, ce qui pourrait s'avérer utile en cas d'échec du plan d'éradication (POSEIDOM Vétérinaire) (Camus et Barré, 1990). L'efficacité d'une telle démarche reste cependant à évaluer, compte tenu des faibles effectifs étudiés jusqu'à présent. En particulier, il est nécessaire d'estimer avec plus de précision l'héritabilité de ce caractère et sa liaison éventuelle avec les paramètres de production, avant d'envisager une mise en œuvre en pratique.

Par ailleurs, le bovin Créole est en contact avec *Amblyomma variegatum* depuis plus d'un siècle et présente une très bonne résistance aux maladies qui lui sont associées (Tableau 9). La sélection naturelle et ses origines africaines semblent lui avoir apporté cette faculté (Maillard et al., 1993). Notamment il présente une très bonne résistance à la dermatophilose, de faible incidence également chez les zébus d'Afrique de l'Ouest élevés dans des zones endémiques (Barré et Woodman, 1990). Ainsi, aucun cas de dermatophilose n'a été observé dans un lot mixte de bovins Créoles et de Brahman, alors qu'une épidémie sévère se développait chez ces derniers (Naves et al., 1993). On peut également remarquer que malgré l'existence chez le bovin Créole d'un allèle BoLA-DRB3 déjà identifié chez les Brahman comme lié à la sensibilité à cette maladie (Maillard, 2001), son incidence reste faible même chez les animaux porteurs de ce marqueur. Ainsi, au Domaine de Gardel, seulement 4,4 % des descendants d'un père porteur de ce marqueur ont dû recevoir un traitement répété contre cette maladie, alors que 65,2 % n'ont jamais présenté de lésions, et que les autres 30,4 % ne recevaient qu'un traitement isolé ou manifestaient une rémission spontanée, sur une période de 18 mois à 4 ans de présence dans les lots au pâturage dans une zone endémique.

Tableau 10 : Effectifs du dispositif d'analyse de la résistance aux strongles gastro-intestinaux

Type génétique Sexe	Créoles		Croisés	
	mâles	femelles	mâles	Femelles
<i>Bande d'élevage</i> 99-1	14	8		
99-2		11		8
2000	8	7	5	4

3.4.2. Résistance au parasitisme interne

Les strongles gastro-intestinaux sont responsables de pertes de production importantes (Fabiyl, 1987) notamment dans la zone tropicale humide et les systèmes de production intensifs, où les parasites trouvent des conditions favorables à leur développement (Aumont et al., 1991). En Guadeloupe, cette pathologie touche indifféremment les animaux de race locale ou de races importées en race pure ou en croisement (Salas et Sheikboudou, 1988a ; Esterre et Maitre, 1985). La plupart des résultats cités dans la littérature ont concerné des veaux sous la mère ; une étude a été mise en place afin de vérifier l'importance des strongyloses gastro-intestinales après sevrage et de comparer les génotypes Créoles et croisés Limousin sur ce caractère.

a. Matériels et méthodes

L'expérimentation s'est déroulée sur 2 années au domaine de Gardel. Le dispositif est décrit dans le Tableau 10. Le niveau d'infestation par les strongles gastro-intestinaux après sevrage, a été mesuré sur 65 bovins appartenant à 3 bandes d'élevage 99-1, 99-2, et 2000. Taurillons et génisses ont été conduits sur 6 parcelles (3 pour les mâles, 3 pour les femelles). Les types génétiques Créoles et croisés Limousins ont été comparés. Les prélèvements de fèces ont été répétés à des âges différents sur chaque animal (en moyenne 4,3 données par individu). L'âge a varié de 9 mois à 20 mois. Un traitement anthelmintique (Ivomec ® bovin injectable) a été administré au sevrage.

Le nombre d'œufs de strongles par gramme de fèces (OPG) a été déterminé par la méthode MacMaster, modifiée par Aumont et al. (1997) pour détermination rapide.

La variable OPG a été transformée en $LOPG = \ln(OPG+1)$ afin de normaliser la variance de sa distribution. Un total de 279 données a été rassemblé. Il a été tenu compte des corrélations entre les mesures d'un même individu en réalisant une analyse de données répétées à l'aide de la procédure PROC MIXED du logiciel SAS (SAS Institute, 2000). Le modèle retenu prend en compte les facteurs cohorte, sexe intra cohorte, race intra cohorte, la covariable poids au sevrage, la covariable âge de l'animal au jour du prélèvement et les interactions entre l'âge et le sexe intra cohorte, l'âge et la race intra cohorte. Les corrélations entre résidus d'un même animal sont décrites par une structure autorégressive.

b. Résultats et discussion

Le niveau moyen d'infestation est très faible : 5,05 opg +/- 8,84 (après transformation inverse). Il a varié suivant les prélèvements entre 0 et 395. Les strongles gastro-intestinaux ne constituent donc pas un stress important après le sevrage, contrairement à ce qui est rapporté par Aumont et al. (1991) avant le sevrage. L'immunité contre les strongles semble donc bien établie à partir de 9 mois.

Globalement, l'âge des animaux n'a pas eu d'effet significatif. Aucune diminution ou augmentation au cours du temps n'est intervenue. La relation entre le poids au sevrage et LOPG est significative : -0,01 unité/kg ($P < 0,05$). Plus le poids au sevrage est élevé, moins les veaux seront infestés au cours de la période d'engraissement.

L'effet de la bande d'élevage a significativement influé sur le niveau d'infestation moyen ($P < 0,05$) et son évolution avec l'âge de l'animal ($P < 0,05$). L'écart entre la bande 99-2 et la bande 2000 (sevrées respectivement en septembre 1999 et février 2000) est de 1,23 unités +/- 1,06. L'écart entre la bande 99-2 et la bande 99-1 (sevrée en février 1999) est de 3,70 unités

+/- 1,02. Cet effet traduit un effet saisonnier, lié à une saison sèche particulièrement prononcée en 2000.

L'effet du sexe intra-bande a été significatif sur la moyenne de l'infestation ($P < 0,001$) mais mâles et femelles ont eu la même évolution au cours du temps. Dans la bande 99-1, les mâles ont une valeur de LOPG supérieure de 4,01 (55 opg) à celle des femelles ($P < 0,001$). Dans la bande 2000, l'écart n'est pas significativement différent de zéro (0,42 opg +/-1,22).

Les Créoles et les croisés Limousins ont montré le même niveau d'infestation moyen et la même absence d'évolution au cours du temps. Après sevrage, les strongyloses gastrointestinales ne constituent donc pas une pathologie notable pour les bovins allaitants en Guadeloupe et ne nécessitent pas d'attention particulière de la part du sélectionneur. La réalisation de drogages espacés suffit ainsi à maîtriser l'incidence de ces parasitoses, aussi bien sur des Créoles purs que sur des croisés Limousin x Créole.

c. Conclusion

Comme observé par Aumont et al. (1991) en station expérimentale sur des veaux avant sevrage, et par Salas et Sheikboudou (1988b) sur des animaux d'âge variable en élevage, l'infestation par les strongles digestifs ne semble pas être un problème pathologique majeur pour l'élevage bovin en Guadeloupe. Il faut cependant signaler que selon Aumont et al. (1991), il existerait une susceptibilité plus élevée des jeunes veaux au parasitisme, en particulier vis à vis de *Toxocara vitulorum*.

Par ailleurs, la susceptibilité aux strongles apparaît moindre chez les veaux Créoles que chez d'autres génotypes (Aumont et al., 1991), mais cette différence reste minime. Elle se traduit seulement par un degré d'infestation plus élevé, mais le niveau d'infestation est facilement maîtrisable, dans les conditions habituelles d'élevage (Salas et Sheiboudou, 1988b).

3.5. Conclusion – Implications en termes d'amélioration génétique

Production et adaptation sont souvent décrites comme des fonctions génétiquement antagonistes (Finch et al., 1982 ; Turner, 1982; Davis, 1993). Ces relations défavorables peuvent être induites par des déséquilibres de liaison ou être le résultat de véritables effets pléiotropiques (Mackinnon et al., 1991). Ainsi, le choix d'une politique d'amélioration génétique devra tenir compte de la nature de cet antagonisme.

Un déséquilibre de liaison (association de gènes dû au hasard) apparaît dans une population, par exemple, quand l'amélioration génétique de la production s'est faite dans un milieu non contraignant (Hetzl et Seifert, 1986). Ainsi, les races bovines à viande ont un métabolisme d'entretien et de croissance qui dissipe beaucoup de chaleur et nécessite des apports alimentaires très riches. L'antagonisme génétique serait apparu en sélectionnant fortuitement des voies métaboliques particulièrement peu économes en énergie. En l'absence de stress thermique, ce « linkage » n'est pas exprimé par le phénotype. Dans d'autres populations, il pourrait ne pas exister naturellement (Gomes, 1973). Une sélection intra-race, dans une population locale adaptée, avec des objectifs combinés de production et d'adaptation préviendrait l'apparition de tels déséquilibres dus au hasard.

Dans le cas d'un effet pléiotropique, un même gène (ou groupe de gènes) peut réguler de manière contradictoire un caractère de production et l'adaptation de sorte que la maximisation simultanée des deux objectifs s'avère impossible. Il y aurait ainsi incompatibilité physiologique entre des niveaux élevés d'adaptation et de production, une productivité faible devenant elle-même une caractéristique d'adaptation. Les croisements permettent de

contourner ce type d'effet. On privilégie alors la complémentarité entre races et l'hétérosis pour parvenir à une amélioration génétique.

Les connaissances actuelles du contrôle génétique de la croissance, de la résistance aux parasites et de la tolérance à la chaleur sont insuffisantes. Le plus délicat reste de bien définir les objectifs et les critères de sélection: choix du stress auquel il faut résister, définition des critères permettant de le décrire et de mesurer l'adaptation des individus, antagonisme entre les mécanismes de résistance à différentes maladies, ou entre caractères d'adaptation et de production ... Les recherches de génomique fonctionnelle peuvent donner des éléments pour identifier des mécanismes physiologiques sur lesquels la sélection pourra s'appuyer. Mais il reste beaucoup à faire pour identifier les mécanismes génétiques contrôlant leur expression.

Les résultats acquis sur les facultés d'adaptation du bovin Créole et du croisement Limousin x Créole, permettent d'orienter le choix de la politique d'amélioration génétique de la production bovine en Guadeloupe. D'une part, le bovin Créole présente des aptitudes d'adaptation au milieu tropical, aussi bien vis à vis de l'action directe que des effets indirects du climat. La mise en œuvre d'une démarche globale, misant sur la sélection du bovin Créole dans son milieu d'élevage permettrait de mieux valoriser ses caractères d'adaptation, tout en améliorant ses performances de production. Par ailleurs, ces qualités d'adaptation au climat apparaissent bien valorisées en croisement industriel, comme dans le cas de croisement Limousin x Créole. Enfin, certaines de ces aptitudes paraissent originales et mériteraient d'être plus étudiées, en vue éventuellement de les intégrer dans un schéma de sélection, comme la régulation de l'ingestion et de l'efficacité de l'utilisation des fourrages en présence d'un stress thermique, ou la résistance à *Amblyomma variegatum* et aux maladies associées.

Références bibliographiques

- Aumont G., Pouillot R., Simon R., Hostache G., Barré N., Varo H. 1997. Les strongyloses digestives des petits ruminants dans les Antilles françaises. *Inra Prod. Anim.* 10 (1), 79-90.
- Aumont G., Gauthier D., Coulaud G., Gruner L., 1991. Gastro-intestinal parasitism of cattle in native pasture grazing system in Guadeloupe (French West Indies). *Veterinary Parasitology* 40, 29-46.
- Baker R.L., Rege J.E.O., 1994. Genetic resistance to diseases and other stresses in improvement of ruminant livestock in the tropics. In proceeding of the 5th WCGALP, University of Guelph, Ontario, Canada, 7-12 August 1994. 20 : 405-412.
- Barré N., Matheron G., Rogez B., Roger F., Martinez D., Sheikboudou C., 1988 : La dermatophilose des bovins à *Dermatophilus congolensis* dans les Antilles françaises. II. Facteurs de réceptivité liés aux animaux. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **41** : 339-345
- Barré N., 1989. Biologie et écologie de la tique *Amblyomma variegatum* Acarina: Ixodina en Guadeloupe Antilles Françaises. Thèse Doctorat, Paris-Sud, 267 pp.
- Barré N. 1997. Les tiques des ruminants dans les Petites Antilles: biologie, importance économique, principes de lutte. *INRA Prod. Anim.*, 10, 111-119.
- Barré N., Naves, M., Aprelon, R., Fargetton M., L'Hostis M., 1998: Attractivity of cattle infested by *Amblyomma variegatum* Acari : Ixodidae for conspecific adult ticks from the field in Guadeloupe. *Experimental & Applied Acarology*, 22, 297-308.
- Barré, N., G.I. Garris, R. Aprelon. 1993. Acaricides for eradication of the tick *Amblyomma variegatum* in the Caribbean. *Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop.* 46:349-354
- Barré, N., Woodman S. 1990. Advances in Veterinary Dermatology, 1, 407-417.

- Berbigier P., 1987. Performances de croissance et d'abattage de différents génotypes de taurillons exposés ou non à la chaleur. Bull. Agron. Antilles Guyane, 6, 14-20
- Berbigier P., 1988. Bioclimatologie des ruminants domestiques en zone tropicale. INRA Publications 237p
- Berbigier P., Sophie S.A., 1986. Performances de croissance et d'abattage de taurillons Limousins x Créoles et Créoles élevés au soleil et à l'ombre en Guadeloupe (Antilles Françaises). Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., 39 (1), 81-88
- Berbigier P., Sergent D., Sophie S.A., Barlet J.P., Decoux G., 1987. Effect of humid tropical climate on the thermoregulatory response of Limousin x Creole and Creole growing bulls in Guadeloupe (French West Indies). Int. J. Biometeor. 31 (1), 65-76.
- Bianca W., Hales J.R.S., 1970. Sweating, panting and body temperatures of newborn and one-year old calves at high environmental temperatures. Br.Vet. J. 126, 45-53.
- Bligh J., 1973. Temperature regulation in mammals and other vertebrates. Elsevier Publ., Amsterdam, 436p.
- Boval M., Peyraud J.L., Xandé A., 1996. Influence du parcage nocturne et du fractionnement de la surface à pâturer sur l'ingestion chez les génisses Créoles conduites à l'attache. Ann. Zootech. 45, 219-231.
- Brosh A., Y. Aharoni, A.A. Degen, D. Wright, B.A. Young, 1998. Effects of solar radiation, dietary energy and time of feeding on thermoregulatory responses and energy balance in cattle in a hot environment. J. Anim. Sci., 76 : 2671-2677.
- Bru J.C., Berbigier P., Sophie S.A., 1987. Estimation of sweat rate and thermal tolerance of pure Creole and Limousin x Creole crossbred growing bulls in Guadeloupe (French West Indies). Int. J. Biometeor. 31 (1) ,77-84.
- Camus E., Barré N., 1990. *Amblyomma variegatum* and associated diseases in the Caribbean : Strategies for control and eradication in Guadeloupe. Parasitologia, 32, 185-193
- Castro (de) J.J., 1991. In Breeding for disease resistance in farm animals. Eds Owen, J.B. and Axford R.F.E. CAB International, Wallingford, U.K., 244-262.
- Coulon J.B., 1984. Comportement alimentaire de bovins croisés Charolais en milieu tropical humide. Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop. 37 (2), 185-190.
- Coulon J.B., 1984. Consommation d'eau de boisson par des bovins d'origine européenne en milieu tropical humide. Rev Elev. Méd. vét. Pays trop. 37 (2), 191-196.
- Davis G.P., 1993. Genetic parameters for tropical beef cattle in Northern Australia : a review. Australian Journal of Agricultural Research. 44 :179-198.
- Doreau M., 1979. Comportement alimentaire au pâturage du bovin "Créole" en Guadeloupe. Rev Elev. Méd.vét. Pays trop. 32 (1), 85-92.
- Esterre P., Maitre J.M., 1985. Les affections parasitaires des ruminants en Guadeloupe. Rev Elev. Méd.vét. Pays trop. 38, 49-53.
- Fabiyi J.P., 1987. Production losses and control of helminths in ruminants of tropical regions. Int. J. Parasitol., 17, 435-442.
- Finch V.A., 1986. Body temperature in beef cattle : its control and relevance to production in the Tropics. J.Anim. Sci. 62, 531-542.
- Finch V.A., Bennett I.L., Holmes C.R., 1982. Sweating response in cattle and its relation to rectal temperature tolerance of sun and metabolic rate. J. agric.Sci.Camb., 99 :479-487.

- Franklin I.R., 1986. Breeding ruminants for the tropics. In proceeding of the 3rd WCGALP, Lincoln, Nebraska, USA, July 16-22 1986. IX Breeding programs for dairy and beef cattle, water buffalo, sheep and goats, 451-461.
- Gomes da Silva R., 1973. Improving tropical beef cattle by simultaneous selection for weight and heat tolerance. Heritabilities and correlations of the traits. *Journal of Animal Science*, 37 : 635-642.
- Hammond A.C., Olson T.A., 1994. Rectal temperature and grazing time in selected beef cattle breeds under tropical summer conditions in subtropical Florida. *Trop. Agric.* 71, 128-134.
- Hancock J., 1953. Grazing behaviour of cattle. *Anim. Breed. Abstr.* 21, 1-13.
- Hetzel D.J.S., Seifert G.W., 1986. Breeding objectives and selection traits for extensive beef cattle production in the tropics. In proceeding of the 3rd WCGALP, Lincoln, Nebraska, USA, July 16-22 1986. IX Breeding programs for dairy and beef cattle, water buffalo, sheep and goats, 244-258.
- Ingrand S., 2000. Comportement alimentaire, quantités ingérées et performances des bovins conduits en groupe. *INRA Prod. Anim.*, 13 (3), 151-163.
- Kadzere C.T., Murphy M.R., Silanikove N., Maltz E., 2002. Heat stress in lactating dairy cows: a review. *Livestock Production Science*. 77, 59-91.
- Langbein J., Nichelmann M., 1993. Differences in behaviour of free-ranging cattle in the tropical climate. *Applied Animal Behaviour Science* 37, 197-209.
- Mackinnon M.J., Meyer K., Hetzel D.J.S., 1991. Genetic variation and covariation for growth, parasite resistance and heat tolerance in tropical cattle. *Livestock Production Science*. 27 : 105-122.
- Maillard J.C., 1991. Immunogénétique moléculaire de la sensibilité et de la résistance à la dermatophilose bovine. Thèse Doctorat, Montpellier II, 351 pp
- Maillard J.C., Kemp S.J., Naves M., Palin C., Demangel C., Accipe A., Maillard N., Bensaid A., 1993: An Attempt to correlate cattle breed origins and diseases associated with or transmitted by the tick *Amblyomma variegatum* in the French West Indies. *Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop.*, 46 (1-2), 283-290.
- Morel P.C., 1967. Etude sur les tiques du bétail en Guadeloupe et Martinique. II. Agents pathogènes transmis par les tiques. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, 20 (2), 291-299
- Naves M., Barré N., Fargetton M., Aprelon R., 1997. Repeatability of the level of infestation by *Amblyomma variegatum* ticks on creole cattle. *Society of Tropical veterinary Medicine*, Montpellier, France, may 5-9 1997
- Naves M., Barré N., Menendez-Buxadera A., Fréjaville Y., 2001. Variabilidad individual de la infestación por la garrapata *Amblyomma variegatum* en vacuno Créole de Guadeloupe. *XVII Reunión Latinoamericana de Producción Animal*. Ciudad Havana, Cuba, 20-23 noviembre 2001. G58, 300
- Naves M., Vallée F., Barré N., 1993: Observations on a dermatophilosis outbreak in Brahman cattle in Guadeloupe. Description, epidemiological and economical aspects. *Rev. Elev. Méd. vét. Pays trop.*, 46 (1-2), 297-302.
- Pegram R.G., Tatchell R.J., de Castro J.J., Chizyuka H.G.B., Creek M.J. McCosker P.J., Mora M.C., Nigarura G., 1993. Tick control : new concepts. *World Animal Rev.* 74-75 : 2-14
- Salas M., Biessy G., Magne E., 1990. Effet du mode de conduite au pâturage et de la complémentation sur le comportement alimentaire des bovins en Guadeloupe. *Rev Elev. Méd.vét. Pays trop.* 43 (3), 381-386.

- Salas M., Sheikboudou C., 1988a : Le parasitisme digestif dans les systèmes d'élevage bovin traditionnel en Guadeloupe. I. Enquête globale. Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., 41 (2), 171-180
- Salas M., Sheikboudou C., 1988b : Le parasitisme digestif dans les systèmes d'élevage bovin traditionnel en Guadeloupe. II. Suivi de l'infestation parmi plusieurs groupes de veaux. Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop., 41 (4), 367-373
- SAS Institute Inc., 2000 : SAS/STAT User's Guide, Version 8. Volumes 1, 2, and 3. Cary, North Carolina (USA), 3884 pp
- Seifert G.W., 1971. Variations between and within breeds of cattle in resistance to field infestations of the cattle ticks. *Boophilus microplus* . Aust. J. Agric. Res. 22, 159-168.
- Seifert G.W., 1984. Selection of beef cattle in Northern Australia for resistance to the cattle tick *Boophilus microplus* Research and applications. Impact of diseases on livestock production in the tropics. H.P. Riemann, M.J. Burridge Ed. Elsevier, 553-558.
- Silanikove N., 2000. Effects of stress on the welfare of extensively managed domestic ruminants. Livestock Production Science. 67, 1-18.
- Tizikara C., Akinokun O., Chiboka O., 1985. A review of factors limiting productivity and evolutionary adaptation of tropical livestock. World review of Animal Production, XXI, 4 :41-46.
- Turner H.G., 1982. Genetic variation of rectal temperature in cows and its relationship to fertility. Animal Production. 35 : 401-412.
- Vercoe J.E., Frisch J.E., 1992. Genotype (breed) and environment interaction with particular reference to cattle in the Tropics. Asian-Australian J.Anim.Sci. 5 : 401-409.
- Wilson P.N., 1986. Observations on the grazing behaviour of crossbred Zebu x Holstein cattle managed on Pangola pasture in Trinidad. Turrialba, 11, 57-71.
- Wilson P.N., 1998. Adaptation of livestock to tropical environments. In Agriculture in the Tropics, by Webster C.C. and Wilson P.N., Blackwell Science Ltd, Oxford, UK. Ed, 3rd edition, 371-390.

Chapitre 4 : Croissance et caractéristiques de carcasses de jeunes bovins Créoles et croisés Limousin - Créole en Guadeloupe.

Le croisement entre races locales et races spécialisées pour la production de viande est une des voies très répandue d'amélioration de la productivité en élevages bovin viande, aussi bien en région tempérée qu'en zone tropicale (Bibé et al., 1976).

En Guadeloupe, le croisement entre taureaux Limousin et vaches Créoles, en insémination artificielle ou monte naturelle, est ainsi largement pratiqué. Il vise à améliorer les performances de croissance et d'abattages des produits obtenus. Cependant, en élevages privés, les animaux croisés sont le plus souvent mieux entretenus et bénéficient de conditions plus favorables (Salas et Naves, 1990). Ainsi, une confusion existe entre les améliorations techniques apportées dans la conduite d'élevage et le type génétique des animaux élevés. Il existe en revanche peu de résultats explicitant les différences de production obtenues en ayant recours au croisement Limousin x Créole, en comparaison au bovin Créole en race pure, dans des conditions identiques d'élevage.

En conditions intensives, à l'âge, il a été montré que les performances de croissance et les caractéristiques de carcasse apparaissent plus intéressantes chez les animaux croisés que chez les Créoles, en liaison avec des quantités ingérées plus importantes (Berbigier et Sophie, 1986). Leur sensibilité plus élevée aux effets directs du climat n'entraîne cependant pas d'effet dépressif sur leur appétit ni sur leurs résultats de production. (voir chapitre 3). En revanche, aucun résultat n'a été jusqu'à présent rapporté en ce qui concerne les résultats obtenus au pâturage avec ce type d'animaux, ni les différences existant entre les deux modes de conduite. De même, aucun résultat n'est disponible sur les caractéristiques de croissance et d'abattage des génisses, qui constituent pourtant une voie importante de valorisation en boucherie des croisements industriels

Le but de l'étude rapportée ici est de comparer les performances de croissance et d'abattage de jeunes bovins Créoles et croisés Limousin x Créole des deux sexes, dans deux systèmes d'engraissement contrastés en Guadeloupe.

Ces résultats constituent un projet d'article à soumettre à Asian Australasian Journal of Animal Science.

Growth and carcass characteristics of Creole and Limousin - Creole crossbred beef cattle in Guadeloupe (FWI).

ABSTRACT : Growth performances and carcass characteristic of Creole of Guadeloupe cattle and Creole x Limousin crosses had been compared in pasture conditions before weaning and in both grazing and penned feeding systems from weaning to slaughter. The Average Daily Gain from birth to weaning was higher for the crossbred calves (705 ± 13 and 667 ± 12 vs 653 ± 12 and 578 ± 11 g/d, for males and females, crossbred vs Creole, respectively). The 7-month weight was also significantly higher for the crossbred than for the Creole calves (179 ± 3.3 and 170 ± 3.1 vs 155 ± 2.9 and 138 ± 2.5 kg, for males and females, crossbred vs Creole, respectively). The Average Daily Gain from 9 to 14 months was significantly higher for the crossbred penned males than for the Creole penned males, but not for the females. However, both the grazing crossbred males and females gained more from 14 to 17 months than the Creole ones did. The main source of variation on carcass composition was always the Empty Live Weight, whatever the breed, sex or feeding system. Significant Breed effects were shown on Fat indices and Carcass Fat weight, and on the Fat deposit rate, which was higher for the Creole female, especially for the penned feeding system. The Muscle deposit rate was higher for the Creole males and crossbred than for the Creole females. For a same Empty Live Weight, the dressing percentage was higher for the crosses.

Key words : Creole cattle, crossbreeding, fattening, grazing, penned, growth, carcass measurements

Introduction

In the Caribbean, like in most of tropical developing countries, the main policy to develop cattle production has been based on importation of exotic animal (*Bos taurus*) whereas local breeds were neglected. In some cases, there was evident failure of this policy illustrated by high mortality of exotic breed due to various diseases. Moreover, low level of production has been observed due to insufficient adaptation of the exotic breeds to tropical environment (Tizikara et al., 1985).

The adaptation to the tropical environment has to take into account the resistance to heat stress, the resistance to external and internal parasites and other diseases, and the ability to use forage of low quality (Wilson, 1998). Several parameters could be taken into account to compare adaptation of local and exotic breeds. Commercially valuable traits such as growth rate and fertility in *Bos taurus* cattle selected for production are depressed by poor adaptation to tropical environments, but it is not equally clear if degree of environmental adaptation in *Bos indicus* cattle can be measured using these short term indices (Kennedy, 1995). An animal is considered as being adapted to a particular environment if it can maintain and reproduce over the long term.

Different cattle breeds have been tested in Guadeloupe, such as Limousin, Charolais, Friesian, Brahman, purebred or crossbred. Among them, Limousin crosses received higher interest, as they exhibit low susceptibility to climate (Berbigier, 1987) or to strongyles (Aumont et al, 1991) in our conditions.

The Creole of Guadeloupe is a local breed which is a fixed pool of *Bos taurus* and *Bos indicus*. Former agricultural policies tried to eliminate Creole accused to be a low productive breed ; however the beef production remains to be based on this local breed as purebred or

terminal crossbred with *Bos taurus* breeds. Today, farmers, technicians and butchers agree together to declare that crossbred animals with "improved" breeds perform better than the Creole for beef production. However, few data are available to support this opinion and to assess the real potential benefits of crossbreeding.

Creole is actually a well adapted breed and its production can be high under tropical environment. In fact, there are few comparisons of growth and carcass performances of Creole and exotic genotypes in similar conditions. Generally, local rearing practices for local and exotic animals are different (Salas and Naves, 1990). Low cares are practised with local animal, contrary to exotic genotypes. Consequently, growth of Creole cattle is low, and the carcasses are light or too fatty. Moreover, most of the grazing systems don't allow high growth rates, due to seasonal forage shortage, as well as to unsuitable management practices.

This paper aims to compare growth and quality of carcasses of both Creole and crossbred Limousin x Creole in similar production environments. Pure breed exotic cattle have been eliminated a priori because of their poor adaptation to the tropical environment. Limousin, as a crossbred, has been chosen because of some advantages comparatively to others exotic breeds. It is widespread in the tropical area, the calf birth size of Limousin is close to the Creole one. Artificial insemination with Limousin semen is widely practised in Guadeloupe. Calf growth was analysed on pasture from birth to weaning. Post weaning growth of both grazing and penned cattle was studied, and the carcass characteristics were analysed.

Materials and methods

Localisation

The data sets were obtained from experiments carried out at the experimental station of Gardel, belonging to the National Institute for Agricultural Research (INRA), in Guadeloupe, French West Indies (16°16N and 61°30W). Temperature ranged from 21 to 31°C and annual rainfall average 1300 mm. The dry season last an average 6 months per year, between december and may.

Animals and production systems

Pre-weaning growth, post weaning growth and carcass characteristics of purebred Creole (Cr) and Limousin x Creole (xLim) crossbred calves were compared, at pasture before weaning and either at pasture or in feed lot for the post weaning period and carcass traits. The database design is presented Table 1.

The growth from birth to weaning was measured for 24 xLim male, 29 xLim female, 33 Cr male and 51 Cr female calves, born in the INRA Creole herd. The crossbred calves were born from artificial insemination (4 sires) and the purebred Creole from natural mating (4 sires).

The fattened animals were either produced from the INRA herd (the Creole and most of the crossbred males) or purchased from neighbouring cattle farms (34 crossbreds).

Before weaning, the calves were reared by their dams, either on native *Dichantium annulatum* pastures or on improved *Digitaria decumbens* pastures. After weaning, the calves were divided into two fattening groups, either at pasture, or penned.

The grazing animals were fattened on *Digitaria decumbens* irrigated pasture, with a 200 kg nitrogen yearly fertilisation. The stocking rate was of 6.5 cattle per hectare, without supplementation. The penned animals diet was designed to obtain high growth performances

Table 1: Growth data set design

		Males		Females	
		Creole	Limousin*Creole	Creole	Limousin*Creole
Pre-weaning	(at birth)	33	24	51	29
Post-weaning (9 to 14 months)	Grazing	46	21	27	12
	Penned	23	5	17	18

without excessive fat deposit. The animals were daily fed with grass harvested on a *Digitaria decumbens* irrigated and fertilised meadow (200 kg nitrogen yearly), and with concentrate (crude protein: at least 150 g/kg DM, energy: at least 1.2 UFL/kg DM). The concentrate, planned to represent 60% of the total intake, was delivered by a computerised feeder allowing 10 meals a day, each one after a 120 min delay. The daily concentrate allowance (kg) was $0.6 * 0.095 * LW^{0.75}$, with an upper limit of 4.6 kg/day for the heavier animals (LW = 300 kg or more). The allowance was adjusted to Live Weight fortnightly, after each weighing. Grass was supplied *ad libitum*.

Water and minerals were given *ad libitum* for both penned and grazed treatments.

The average slaughter age varied from 14 to 17 months, for penned animals, and from 17 to 21 months for grazing animals. These ranges were determined in order to obtain a carcass weight ranging approximately from 150 to 320 kg, varying around and over the common carcass weight on the local beef market (200-220 kg). The slaughter dates were fixed according to practical considerations, the calves being balanced in each breed and feeding system in the different slaughter age class according to their weight and age at weaning.

Experimental measurements

Measurements during the pre-weaning period

The calves were weighed at birth and monthly until weaning. The weights at 7 months of age were calculated by interpolation. The weaning was done at 201 ± 17.5 days.

Measurements during the post-weaning period

Weight records from 176 beef cattle (Table 1) were collected monthly from weaning to slaughter.

As a consequence, the Average Daily Gain from 9 to 14 months (ADG_{9-14mo}) was calculated for all the animals, whereas the ADG from 14 to 17 months ($ADG_{14-17mo}$) was calculated for grazing animals only.

Measurements on the carcasses

The animals were fasted for 24 hours and slaughtered in an experiment abattoir following the European Union rules. The carcass characteristics were assessed according to the methods described by De Boer et al (1974). The animals were weighed just before slaughter (pre-slaughter shrunk Live Weight, SLW). Some weight measurements were done immediately for each carcass: hot carcass (HCW); offal; empty digestive track (DT); digestive track contents (DTC); kidneys' fat (KF); the four cannon bones, and the hide (for 84 animals only). The empty Live Weight (ELW) was defined as SLW-DTC. Others measurements were done after chilling 48 hours in a cooler at 2°C: chilled carcass weight (CCW); muscle, fat and bone weight of the 11th ribs (M11, F11, B11); carcass length (CL), length and thickness of the hip (HL and HT). The carcasses were divided into fore and hindquarters (HQ) by cutting between the 5th and 6th ribs, the plate being attached to the fore quarter (cut passing across the ribs at right angles to the first cut at a point slightly below (ventral to) the centre of the rib cage). The quarters were weighed separately.

The following ratios were calculated, as indicator of carcass conformation and fat content :

True Dressing percentage (tDP) as $100 * HCW / ELW$,
Hindquarter to carcass ratio (HR), as $100 * HQ / CCW$,

Compactness indices (CI)	as CCW/CL,
Hip thickness indices (HTI)	as HT/HL,
Fat indices (FI)	as KF/CCW.

The total carcass composition was also estimated by using the Robelin and Geay (1975) equations, cited by these others as convenient across breeds :

$$\begin{aligned} \text{Muscle weight of the carcass (kg)} = & - 6.223 \\ & + 0.7675 * \text{CCW (kg)} \\ & - 96.13 * \text{F11 (kg)} \\ & + 37.24 * \text{M11 (kg)} \\ & - 94.64 * \text{B11 (kg)} \\ & - 0.7707 * \text{KF (kg)} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{Fat weight of the carcass (kg)} = & - 19.98 \\ & + 0.1266 * \text{CCW (kg)} \\ & + 95.37 * \text{F11 (kg)} \\ & - 26.52 * \text{M11 (kg)} \\ & + 0.8195 * \text{KF (kg)} \\ & + 60.84 * \text{HT/HL} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{Bone weight of the carcass (kg)} = & + 13.90 \\ & + .07166 * \text{CCW (kg)} \\ & - 3.343 * \text{M11 (kg)} \\ & + 31.26 \text{ B11 (kg)} \\ & - 40.45 * \text{HT/HL} \\ & + 9.045 \text{ Cannon bones weight (kg)} \end{aligned}$$

Statistical analyses

Pre-weaning growth

The birth-weight, 7-month weight and the pre-weaning growth were analysed using the GLM procedure (SAS Institute, 2000). The breed of the calf (Cr vs xLim), sex (male vs female), the parity of the dam (5 levels), year (4 levels), and the interaction breed*year were taken into account in the model. Results are given as Least Square Means \pm Standard Error of the Mean (LSMeans \pm SEM).

Post-Weaning growth

Only growths rates from 270 to 420 days (ADG_{9-14mo}) and from 420 to 510 days (ADG_{14-17mo}) were taken into account in the analyses. The effects of breed (Cr vs xLim), sex (male vs female), feeding system (penned vs grazed), their interactions, and the weaning weight as a covariable, within (breed * sex * feeding system) combination were included in the GLM statistical model. Results are given as LSMMeans \pm SEM.

Carcass components

The analyses of the data base was done using the GLM procedure (SAS Institute, 2000). The model took into account the following factors

- The sex (male vs female)

- The feeding system (penned *vs* grazed)
- The breed (Creole *vs* Limousin-Creole crossbred)
- The Empty Live Weight (ELW) was used as covariable within each animal group (breed*sex*feeding system)

Results are given as LSMMeans±SEM. The estimates of the ELW were compared by contrast.

Results

Pre-weaning Growth

One hundred and thirty five calves were taken into account for the birth-weight analysis. Twelve calves died during the pre-weaning period. No statistical difference between breeds was found for the death rate. No interaction effect between breed and year was observed.

The xLim calves were significantly heavier at birth than the Cr ones (30.6 ± 0.47 and 29.0 ± 0.45 for the xLim males and females, *vs* 27.6 ± 0.43 and 25.9 ± 0.40 kg for the Cr males and females, respectively).

The Average Daily Gain from birth to weaning was also higher for the xLim calves (705 ± 13 and 667 ± 12 *vs* 653 ± 12 and 578 ± 11 g/d, for males and females, xLim *vs* Cr, respectively).

The 7-month weight was also significantly higher for the xLim than for the Cr calves (179 ± 3.3 and 170 ± 3.1 *vs* 155 ± 2.9 and 138 ± 2.5 kg, for males and females, xLim *vs* Cr, respectively).

Post-weaning growth

Results related to post-weaning growth rate are given Tables 2. The ADG_{9-14mo} was significantly higher for the xLim penned males than for the Cr penned males (1040 ± 64 *vs* 882 ± 30 g/d, respectively), but not for the females (683 ± 35 g/d). On the opposite, the grazing crossbreed females gained more than the Cr ones (451 ± 42 *vs* 307 ± 25 g/d, respectively), as well as the males did (647 ± 37 *vs* 534 ± 21 g/d, respectively).

Due to the experimental design, penned animals were slaughtered after 14 months of age, so the ADG_{14-17mo} comparison was done only for grazing animals. No difference ($P<0.05$) was found for females (Table 2) whereas the growth rate of xLim males was significantly higher than the Cr one.

Carcass characteristics

The carcass characteristics are reported in Tables 5, according to the breed, sex and feeding management. The ELW LSMMeans were indicated as references in regard of other carcass characteristics, as it showed a high variability among and between breed, sex and feeding system (Table 3).

The main source of variation on carcass composition was always the ELW, whatever the breed, sex or feeding system (Table 4). The LSMMeans differences of the carcass characteristics showed in Table 5 were linked to ELW differences between (breed*sex*feeding system) categories. Consequently, the dynamics of the deposit rates of the different tissues in relation with the variation of ELW are reported in Table 6,.

Table 2a: Effects of Breed and Sex on Post weaning Growth performances

Variable	Breed type	Males		Females	
		LSMeans	SEM	LSMeans	SEM
9 to 14 months ADG (g/d)	Creole	708 ^a	18	499 ^c	24
	Crossbred	843 ^b	37	550 ^c	28

Data within row with different superscript letters differs (P<0.05)

For each variable, data within column with different superscript letters differs (P<0.05)

Table 2b: Effects of Breed and Feeding system on Post weaning Growth performances

Variable	Breed type	Grazing		Penned	
		LSMeans	SEM	LSMeans	SEM
9 to 14 months ADG (g/d)	Creole	420 ^a	17	787 ^c	24
	Crossbred	546 ^b	29	847 ^c	36
14 to 17 months ADG (g/d)	Creole	546 ^a	22	-	-
	Crossbred	633 ^b	39	-	-

Data within row with different superscript letters differs (P<0.05)

For each variable, data within column with different superscript letters differs (P<0.05)

Table 3: Empty Live Weight. Data base design and ELW range

Breed type	Sex	Feeding system	# animals	ELW Mean (kg)	ELW s.d. (kg)	Minimum ELW (kg)	Maximum ELW (kg)
Creole	male	grazing	37	284.1	28.25	225.5	325.3
		penned	19	299.4	44.47	219.5	419.8
	female	grazing	7	234.0	14.89	204.9	253.6
		penned	11	242.9	26.05	194.2	292.0
Crossbreed	male	grazing	25	331.8	58.74	204.4	470.7
		penned	5	338.0	55.15	269.7	422.7
	female	grazing	12	236.0	30.48	190.8	300.5
		penned	17	268.3	34.60	210.3	343.8

Table 4: Variance Analysis for the estimated carcass composition:

Variable	Source	Effect	Partial R ²	R ² of the model
True dressing percent.	Breed	NS	-	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.481	0.556
Hide (N=84)	Breed	NS	-	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.808	0.814
Hindquarter ratio	Breed	NS	-	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.461	0.593
Compactness Indices	Breed	NS	-	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.901	0.904
Hip thickness indices	Breed	NS	-	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.559	0.583
Fat Indices	Breed	*	0.129	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.495	0.711
Carcass Muscle weight	Breed	NS	-	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.912	0.923
Carcass Fat weight	Breed	*	0.025	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.632	0.693
Carcass bone weight	Breed	NS	-	
	ELW (S. Breed, Sex, Feed. S.)	***	0.858	0.879

The effects Sex, Feeding system, and their interaction with the Breed effect (Sex*Feeding system, Breed*Sex, Breed*Feeding system, and Breed*Sex*Feeding system) were included in the model for all the variables, but they were never significant.

Table 5a: Effects of Breed and Sex on Carcass characteristics

Variable	Breed type	Males		Females	
		LSMeans	SEM	LSMeans	SEM
Empty Live Weight (kg)	Creole	291.8 ^a	5.6	238.4 ^c	9.6
	Crossbreed	334.9 ^c	9.7	252.1 ^c	7.5
True dressing percent. (%)	Creole	61.7 ^a	0.38	59.2 ^a	1.55
	Crossbreed	63.8 ^b	0.81	63.7 ^b	0.76
Hide* (kg)	Creole	25.1 ^a	0.52	22.2 ^b	1.04
	Crossbreed	21.1 ^c	0.90	19.8 ^c	0.54
Hindquarter ratio (%)	Creole	47.7 ^a	0.23	50.0 ^b	0.93
	Crossbreed	50.1 ^b	0.49	51.2 ^b	0.46
Compactness Indices (kg/cm)	Creole	1.51 ^a	0.013	1.49 ^a	0.024
	Crossbreed	1.55 ^a	0.022	1.57 ^a	0.019
Hip thickness indices (cm/cm)	Creole	0.283 ^a	0.0023	0.299 ^a	0.0097
	Crossbreed	0.296 ^b	0.0050	0.311 ^c	0.0048
Fat Indices FI (g/kg CCW)	Creole	13.8 ^a	0.82	30.1 ^b	3.40
	Crossbreed	16.3 ^a	1.77	24.8 ^c	1.68
Carcass Muscle weight (kg)	Creole	114.7 ^a	1.36	92.1 ^c	5.61
	Crossbreed	121.0 ^b	2.92	117.6 ^b	2.76
Carcass Fat weight (kg)	Creole	21.9 ^a	0.78	42.0 ^b	3.24
	Crossbreed	21.5 ^a	1.69	28.5 ^c	1.60
Carcass Bone weight (kg)	Creole	33.8 ^a	0.30	28.9 ^c	1.25
	Crossbreed	35.3 ^b	0.65	31.1 ^c	0.62

Data within row with different superscript letters differs (P<0.05)

For each variable, data within column with different superscript letters differs (P<0.05)

*N=84 individuals

Table 5b: Effects of Breed and Feeding system on Carcass characteristics

Variable	Breed type	Grazing		Penned	
		LSMeans	SEM	LSMeans	SEM
Empty Live Weight (kg)	Creole	259.0 ^a	8.2	271.2 ^a	7.5
	Crossbreed	283.9 ^b	7.0	303.1 ^b	10.1
True Dressing percent. (%)	Creole	61.9 ^a	1.08	59.0 ^c	0.78
	Crossbreed	64.8 ^b	0.71	62.7 ^d	0.75
Hide* (kg)	Creole	23.8 ^a	0.94	23.5 ^a	0.56
	Crossbreed	20.6 ^b	0.76	20.3 ^b	0.83
Hindquarter ratio (%)	Creole	50.1 ^a	0.65	47.6 ^c	0.47
	Crossbreed	50.7 ^b	0.43	50.6 ^b	0.45
Compactness (kg/cm)	Creole	1.52 ^a	0.038	1.48 ^a	0.027
	Crossbreed	1.58 ^a	0.025	1.55 ^a	0.026
Hip thickness indice (cm/cm)	Creole	0.286 ^a	0.0030	0.296 ^{ab}	0.0031
	Crossbreed	0.298 ^a	0.0028	0.309 ^b	0.0038
Fat Indice FI (g/kg CCW)	Creole	1.59 ^a	0.24	2.80 ^b	0.17
	Crossbreed	1.39 ^a	0.16	2.72 ^b	0.16
Carcass Muscle weight (kg)	Creole	111.6 ^a	3.93	95.3 ^c	2.80
	Crossbreed	126.4 ^b	2.56	112.2 ^d	2.70
Carcass Fat weight (kg)	Creole	27.2 ^a	2.27	36.6 ^c	1.62
	Crossbreed	20.8 ^b	1.48	29.2 ^d	1.56
Carcass Bone weight (kg)	Creole	32.7 ^a	0.88	30.1 ^b	0.63
	Crossbreed	34.4 ^a	0.57	32.1 ^c	0.60

Data within row with different superscript letters differs (P<0.05)

For each variable, data within column with different superscript letters differs (P<0.05)

*N=84 individuals

Table 6a: Dynamics of tissue deposits (g of deposit for a 1 kg ELW gain)

Variable	Breed type	Grazing		Penned	
		Rate (g/ELW kg)	SEM	Rate (g/ELW kg)	SEM
Carcass Muscle weight (g/kg ELW gain)	Creole	433.7 ^a	79.2	340.5 ^a	59.2
	Crossbreed	528.7 ^a	44.6	438.8 ^a	52.0
Carcass Fat weight (g/kg ELW gain)	Creole	208.7 ^a	45.8	208.4 ^a	34.3
	Crossbreed	92.6 ^b	25.8	135.7 ^{ab}	30.1
Carcass Bone weight (g/ELW gain)	Creole	56.4 ^a	1.7	48.9 ^{ab}	13.1
	Crossbreed	79.3 ^a	9.9	43.9 ^b	11.5

Data within row with different superscript letters differs (P<0.05)

For each variable, data within column with different superscript letters differs (P<0.05)

Table 6b: Dynamics of tissue deposits (g of deposit for a 1 kg ELW gain)

Variable	Breed type	male		female	
		Rate (g/ELW kg)	SEM	Rate (g/ELW kg)	SEM
Carcass Muscle weight (g/kg ELW gain)	Creole	534.2 ^a	36.9	240.0 ^b	108.6
	Crossbreed	493.3 ^a	37.9	474.2 ^a	56.2
Carcass Fat weight (g/kg ELW gain)	Creole	116.2 ^a	21.3	300.7 ^b	62.8
	Crossbreed	102.0 ^a	21.9	126.3 ^a	32.5
Carcass Bone weight (g/ELW gain)	Creole	79.2 ^a	8.2	26.1 ^b	24.2
	Crossbreed	66.7 ^a	8.4	56.6 ^a	12.5

Data within row with different superscript letters differs (P<0.05)

For each variable, data within column with different superscript letters differs (P<0.05)

Significant Breed effects were shown on Fat indices and Carcass Fat weight, and on the fat deposit rate. The fat deposit rate was higher for the Cr female, especially in the penned feeding system. The muscle deposit rate was higher for the xLim females than for the Cr females, whereas no difference was found for the males. The muscle deposit rate was higher with the Cr males compared to the Cr females whereas no difference was observed for the crossbred. For a same ELW, the dressing percentage was higher, when the hide weight was lower for the crossbred.

Discussion

Growth performances recorded in this study are consistent with those previously published (Xandé, 1984; Gauthier et al, 1984, Berbigier and Sophie, 1986, Naves and Vallée, 1990, Salas and Naves, 1990). Consequently, our results could be considered as representative of the Créole population in Guadeloupe and its crosses with Limousin.

The main results of this study are:

1. Créole bulls calves can exhibit a high growth rate when they receive a good level of nutrition;
2. the growth performances of xLim crossbreeds are higher than the Créole one, however differences are quite slight with regard to the lack of selection for meat production in the Créole cattle;
3. carcass conformation of xLim is similar to the Créole one, but with a lower fat content, within the same range of slaughter weight;
4. high feeding level tend to fatter carcasses, especially for the Créole female one;
5. and highest Créole carcass weight are correlated with highest fat deposits, especially for the females.

Before weaning, heat has low direct effect on ruminant whatever the breed. The calves growth is mainly dependent on the milk production of the dams and secondary with the quality of forage for which the intake increases after 3 months (Berbigier, 1988). In the current experiment, the low difference of growth (Cr vs xLim) observed before weaning could be partly explained by the birth-weight differences. However, the average milk production of Creole cows is lower than 5 kg/d and there is a good correlation between Creole calves growth and the milk production (Gauthier et al, 1984). This level of production allows a calf growth rate lower than 700 g/day. Considering the growth rate level of Cr and xLim calves it can be hypothesised that the cow milk production was sufficient to allow a convenient Cr calves growth rate, unlike the xLim ones. Moreover, the intake of forage by calves was probably not sufficient to meet the xLim calves protein and energy requirements for growth.

The high post weaning growth rate of the Cr in our study indicates that the poor performances recorded in farms are not representative of the potential of this breed but the consequence of inadequate management, in comparison to more cared crossbred animals (Salas et Naves, 1990). Undernutrition during the dry season (2 to 4 months without grass production, with only poor nutritive value forage supply, like sugarcane tops) could partially explain these discrepancy (Salas and Sheikboudou., 1988). Moreover, unlike the Limousin cattle, no selection has been done for growth performance in the Cr breed. Thus, high variation could be observed in this population. Nevertheless, the high adaptation of tropical cattle to heat is correlated with low thermogenesis (Berbigier, 1988). Therefore, their growth potential is

lower than the temperate animal ones. On the opposite exotic pure breed animal can not maximise their potential of growth in tropical conditions, as they must reduce their intake of nutrient to fight against heat.

In this context, crossbreeding and heterosis utilisation could appear as a good strategy to produce meat under the tropics (Frisch, 1987). Our results concerning Limousin crossbreds are consistent with previous results of the literature dealing with comparable crossbreedings (Plasse et al. 1995 ab). However, though higher growth are obtained with crosses, the growth relative advantage of crossbred do not exceed 10%.

On pasture, heat and indirect effect of the climate (high parasitism, medium quality forage and seasonal shortage) can affect post weaning growth performances. Previous results indicated that rectal temperature and respiratory rate of xLim increase under the sun whereas no variation are observed with Cr, relatively to the shade (Berbigier *et al.* 1986). There is no evidence that indirect effect like parasitism and forage quality could depress xLim growth on pasture, as the Cr vs xLim differences of growth between both feeding systems are almost similar, whereas parasitism and forage effect are limited in the penned system. In addition, Aumont et al. (1991) have observed little effect of parasitism on either Cr or xLim calves after 3 month of age.

The True Dressing percentage (tDP) of Cr and xLim are also consistent with some results on carcass measurement obtained with penned young bulls (Berbigier et Sophie, 1986). These authors recorded tDP values of 63.2 and 59.1 % with xLim and Cr respectively. The heavier hide of the Cr could at least explain a part of the difference. It could also be linked to either the lack of selection for beef production or may be to an adaptation to constraints like tick biting, or draught injuries.

Globally the carcass composition of the xLim is better than the Cr one. The carcass fat deposits of Creole, especially the female ones, were more precocious than those of the crosses. This ability to store energetic tissues, which was not dependant of the age or Live Weight in the limits of the study, could represent a high level of adaptation to forage availability fluctuations. Nurse cows are known to use body reserves of energy to face their needs during the lactation (Jarrige, 1974). It seems that the same adaptive mechanism works for growing Cr heifers so fewer losses should be expected during the seasonal shortage than with the xLim cattle. Considering the carcass quality, this precocious deposit of fat with Cr could be an advantage as the local market requests light to medium carcasses.

Hindquarter to carcass ratio differences seems to be due almost only to Cr males. That could be related to the hump added to an earlier puberal development of the neck in pure breed Cr bulls. Moreover, many studies cited by Berg and Butterfield (1976), dealing with the relative size of high priced and low priced muscles, showed very little differences, if any, between breeds (excepted "culard" animals) as different as dairy cattle, French and British beef cattle, or Brahman zebu. Thus, the Cr breed could be as efficient as xLim to produce high priced cuts, whether the slaughter weight is small enough to avoid excessive fat on the carcass. Thus, policies only designed to increase the carcass weight seem to be not suitable for the Creole cattle development. Efficient policies have to take into account the feeding system improvement as well as the selection for growth rate from birth to slaughter, in order to obtain heavy carcass before excessive fat deposit. Genetic improvement should work very well as the Cr cattle was only considered as draught bulls during the last centuries, so the population remains very heterogeneous for growth characteristics. Crossbreeding can be used to produce heavier carcasses either until Creole cattle selection allows similar performances.

Conclusions

Crossbreeding with Limousin can improve the carcass conformation and growth rate of beef cattle. In the Guadeloupe context, crossbreeding could be a temporary strategy to produce meat using Creole nurse cows. However this strategy involve the management of two herds, the one for meat production and the other for heifers replacement. This kind of management is very difficult for the small herds, as we found in the Caribbean Islands. Moreover, other criterions, as stocking rate, acreage meat production, resistance to diseases, system of production, should be taken into account for meat production. The better adaptation of the Creole cattle to climate and diseases limits the input consumption (i.e. tick control), as well as its capacity to face seasonal shortage. Taking into account the difference of body size between the two breeds, the stocking rate (beast/ha) will be higher with Creole, so the acreage meat production should be similar. Finally, taking into account the advantages of Creole cattle, and difficulties of crossbreeding management, the genetic improvement of Creole cattle is fully justified for the future.

References

- Aumont G., Gauthier D., Coulaud G., Gruner L., 1991 : Gastro-intestinal parasitism of cattle in native pasture grazing system in Guadeloupe (French West Indies). *Veterinary Parasitology*, **40** : 29-46
- Berbigier, P., 1987. Performances de croissance et d'abattage de différents génotypes de taurillons exposés ou non à la chaleur. *Bull. Agron. Antilles Guyane*, **6**, 14-20
- Berbigier, P., 1988. Bioclimatologie des ruminants domestiques en zone tropicale. INRA publication. 78000, Versailles, France, 237 p.
- Berbigier, P., Sophie, S.A.1986. Performances de croissance et d'abattage de taurillons Lomousin x Créoles et Créoles élevés au soleil et à l'ombre en Guadeloupe (Antilles françaises). *Rev. Elev. Méd. Vet. Pays trop.*, **37** : 318-325.
- Berg, R. T., Butterfield, R. M., 1976. *New Concepts of Cattle Growth*, Sydney University Press, pp130-137
- De Boer, H., Dumont, B.L., Pomeroy, R.W., Weniger, J.H., 1974. Manual on E.A.A.P. reference methods for the assessment of carcass characteristics in cattle. *Livestock Production Science*, **1** : 151-164.
- Frish, J.E. 1987. Physiological reasons for heterosis in growth of *Bos indicus x Bos taurus*. *J. agric Sci., Camb.* **109** : 213-230.
- Gauthier, D., Aumont, G., Barré N., Berbigier, P., Camus., Lafortune, E., Popescou, P., Rulquin, H., Xandé, A. and Thimonier J., 1984. Le bovin Créole en Guadeloupe: Caractéristiques et performances zootechniques. *Rev. Elev. Méd. Vet. Pays trop.*, **39** : 82-89
- Jarrige R., 1974. In "L'exploitation des troupeaux de vaches allaitantes", IVèmes Journées d'information du "Grenier de Theix", *Suppl. Bull. Techn. C. R. Z. V. – I. N. R. A. Theix*, octobre 1974, : 323-345.
- Kennedy, P.M.,1995. Comparative adaptability of herbivores to tropical environments. In: M. Journet, E. Grenet, M.-H. Farce, M. Thériez, C. Demarquilly (eds), *Recent developments in the Nutrition of Herbivores, Proceedings of the IVth International Symposium on the Nutrition of Herbivores*, INRA-Editions, Paris. : 309-328
- Naves M., Vallée F., 1990. Growth characteristics of "Creole" zebu cattle of Guadeloupe (FWI). 4 th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Edimburgh, United-Kingdom, July 23-27 1990, **14** : 320-323.

- Plasse, D., Fossi, H., Hoogesteijn, R., Verde, O., Rodriguez M, C., Rodriguez, R. and Bastidas, P., 1995a. Growth of F₁ *Bos taurus* x *Bos indicus* cattle in Venezuela. Initial, final, and carcass weights of bulls, and breeding weight of heifers. *J. Anim. Breed. Genet.* **112** : 133-145
- Plasse, D., Fossi, H., Hoogesteijn, R., Verde, O., Rodriguez, R., Rodriguez M, C. and Bastidas, P. 1995b. Growth of F₁ *Bos taurus* x *Bos indicus* cattle in Venezuela. Weights at birth, weaning and 18 month. *J. Anim. Breed. Genet.* **112** : 117-132.
- Robelin J., Geay Y., 1975. Estimation de la composition des carcasses de jeunes bovins à partir de la composition d'un morceau monocostal prélevé au niveau de la 11^{ème} côte. I. – Composition anatomique de la carcasse. *Ann. Zootech.* **24** (3) : 391-402
- Salas M., Naves M., 1990. Intérêts respectifs des bovins Créoles et des races importées dans les systèmes d'élevage en Guadeloupe. 41 Réunion annuelle FEZ, Toulouse, France, 9-12 juillet 1990
- Salas M., Sheikboudou C., 1988. Alimentation des bovins en saison sèche dans les systèmes d'élevage guadeloupéen: analyse des pratiques paysannes. Cahier Rech.Dev. 17, 54-63.
- SAS Institute Inc., 2000 : SAS/STAT User's Guide, Version 8. Volumes 1, 2, and 3. Cary, North Carolina (USA), 3884 pp
- Tizikara C., Akinokun O., Chiboka O., 1985. A review of factors limiting productivity and evolutionary adaptation of tropical livestock. *World review of Animal Production*, XXI, 4 :41-46.
- Wilson P.N., 1998. Adaptation of livestock to tropical environments. In *Agriculture in the Tropics*, by Webster C.C. and Wilson P.N., Blackwell Science Ltd, Oxford, UK. Ed, 3rd edition, 371-390.
- Xandé, A. 1984. Evolution du gain de poids vif et composition corporelle de taurillons Créoles abattus à 3 poids différents. *Rev. Elev. Méd. Vet. Pays trop.*, **37** : 318-325.

Synthèse et discussion générale

Synthèse et discussion générale

Les travaux présentés dans le cadre de cette thèse apportent des enseignements à la fois sur la population bovine locale en Guadeloupe, sur ses aptitudes et sur le fonctionnement des systèmes d'élevage de l'île. Ils permettent ainsi d'aborder de manière plus générale la question de l'utilisation des ressources génétiques locales pour l'amélioration de la production bovine en zone tropicale.

Le bovin Créole de Guadeloupe constitue une ressource originale.

Le bovin Créole de Guadeloupe, considéré quelquefois comme une population indéfinie, apparaît bien d'après l'étude des marqueurs génétiques que nous avons réalisée comme une population homogène, possédant par ailleurs des caractéristiques génétiques originales.

Cette originalité est liée en partie à la fréquence de marqueurs particuliers (allèles originaux de microsatellites de l'ADN nucléaire ; séquence particulière de l'ADN mitochondrial), mais plus encore à la combinaison de ces différents allèles en des génotypes multilocus particuliers. Le bovin Créole se distingue ainsi fortement d'autres populations, y compris de celles dont il serait issu.

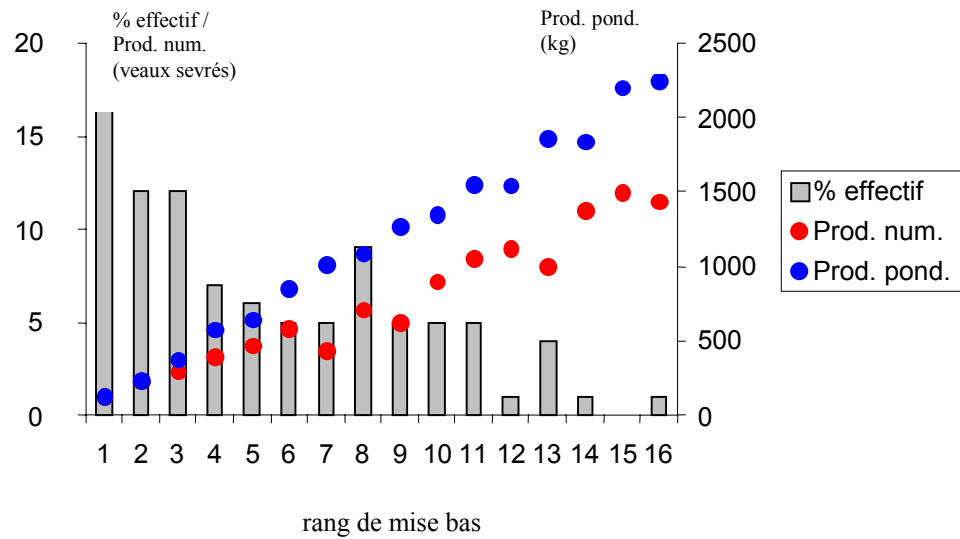
Les populations Créoles d'Amérique Latine sont connues pour avoir des origines ancestrales ibériques, et sont considérées comme les reliques directes des importations postérieures à la découverte du Nouveau Monde. A la différence de celles ci, le bovin Créole de Guadeloupe a connu également des apports de bovins issus d'Afrique de l'Ouest, aussi bien de taurins que de zébus. L'apport de zébus d'Afrique de l'Ouest a probablement été très conséquent, si l'on en croit le rapprochement du bovin Créole avec ces races dans les analyses réalisées sur les marqueurs biochimiques ou moléculaires, où les observations des caryotypes. Mais la séquence de l'ADN mitochondrial traduit également de manière indéniable ses origines ibériques. Ce métissage constitue une originalité très importante du bovin Créole, qui en fait une ressource génétique unique.

L'étude réalisée est à notre connaissance la plus complète en ce qui concerne une race locale d'Amérique Latine, mais elle reste à poursuivre. Il reste notamment à compléter des analyses de marqueurs microsatellites par un nombre plus important de marqueurs, afin de permettre une comparaison plus robuste avec différentes populations. Ce travail pourrait ainsi servir de base à des programmes plus conséquents d'études de la diversité génétique dans la région, à travers le renforcement des collaborations qu'il a permis d'amorcer.

Par ailleurs, la comparaison et la combinaison des informations apportées par des données de nature différente n'ont pu être réalisées, en particulier entre celles provenant de l'utilisation des marqueurs génétiques (biochimiques ou moléculaires) et les caractéristiques zootechniques (morphologiques ou physiques). Enfin, il serait intéressant d'aborder l'apport des différentes informations pour la définition de priorité de conservation, dans le but de maintenir la diversité existant au sein de la population.

Figure 4.1. Evolution de la productivité des vaches Créoles du Domaine de Gardel suivant le rang de mise bas

% effectif, Productivité numérique (Prod. num.) et pondérale (Prod. pond.)



Le bovin Créole possède des aptitudes favorables pour l'élevage en zone tropicale

La base de données du Domaine de Gardel a permis d'aborder en détail un ensemble très complet de paramètres zootechniques, qui concourent les uns et les autres à la productivité de l'élevage bovin viande en zone tropicale humide.

Ces références zootechniques sont dans la gamme des résultats généralement cités dans la littérature, et traduisent un niveau de performances satisfaisant. En effet les performances du bovin Créole sont comparables, voire dans certains cas supérieures, à ce qui est observé généralement dans d'autres races de la région, y compris dans des races sélectionnées, alors qu'aucun travail de sélection concertée n'a encore été mis en œuvre chez le bovin Créole.

Ce niveau de performances se traduit par une productivité élevée des femelles Créoles. La figure 4.1. illustre l'évolution de la productivité numérique et pondérale des vaches Créoles au cours de leur carrière. La durée moyenne de carrière productive des femelles Créoles est de 5.7 mise bas, durant lesquelles la productivité numérique et pondérale au sevrage atteint 5.1 veaux et 750 kg de poids vif. Cependant 22 % des vaches atteignent ou dépassent 9 mises bas, et produisent en moyenne au sevrage 11.2 veaux et 1550 kg de poids vif. Pour parvenir à ce résultat, les qualités maternelles (fertilité, allaitement du veau) apparaissent fondamentales, comme cela est bien connu dans les races rustiques.

On observe bien sûr une variabilité importante des performances zootechniques, compte tenu de la variabilité induite par les facteurs environnementaux, mais aussi de l'absence de sélection antérieure. Cette variabilité comporte ainsi une part importante d'origine génétique, et traduit une gamme de variations très importante (environ 50 kg séparent les 10 % extrêmes de valeur génétique pour le poids à 18 mois, par exemple). Cette variabilité génétique importante permet d'augurer de bons résultats de la mise en œuvre d'un programme de sélection dans la race. Les paramètres génétiques calculés au sein du troupeau de Gardel sont cohérents avec ceux cités dans la littérature, et constituent donc une bonne référence pour la mise en œuvre d'une indexation au sein de la population.

Ainsi, les références obtenues au Domaine de Gardel laissent entrevoir des perspectives favorables pour la mise en œuvre d'un schéma de sélection du bovin Créole, visant à améliorer les performances de croissance des veaux, tout en maintenant les qualités maternelles et les capacités d'adaptation à l'environnement tropical. Un travail de sélection a déjà été amorcé au sein du troupeau du Domaine ; bien qu'il n'ait été jusqu'à présent qu'empirique, on a pu observer une évolution du niveau génétique du troupeau. Un protocole a d'ores et déjà été mis en place pour valider les résultats obtenus sur des jeunes taurillons issus du Domaine d'après les performances de leurs descendants. Les résultats obtenus dans le cadre de cette thèse, et les prolongements en cours, permettent d'envisager à court terme la mise en œuvre d'une sélection raisonnée sur la base de valeurs génétiques précises.

Certains résultats méritent cependant d'être approfondis, notamment concernant les performances de reproduction ou la longévité des femelles et le déroulement de la carrière des reproductrices (non abordées dans cette étude). Par ailleurs, les données de croissance qui sont enregistrées sont relativement nombreuses (compte tenu de la taille du troupeau) et devraient permettre d'approfondir la description des paramètres de la courbe de croissance et sa variabilité génétique. Un travail méthodologique a déjà été engagé sur ce thème sur un fichier restreint, et sera poursuivi sur la base de données complète. Enfin, des données sur la variabilité du développement morphologique et des résultats d'abattages enregistrés sur un effectif conséquent n'ont pu être analysés dans le cadre de cette thèse et permettraient de compléter l'analyse des aptitudes de production bouchère.

Tableau 4.1. Systèmes d'élevage bovin et choix génétiques des éleveurs en Guadeloupe.**Enquêtes chez 324 éleveurs. (source: Naves et al, 1998).**

Description des systèmes de production		Choix génétique et objectifs		
Type	Caracteristiques	Objectifs	Qualité recherchée	Choix génétique
1 – Petits éleveurs	Pluriactifs ou retraités Petite taille et cheptel (2 ha; 6.5 têtes); interventions réduites.	Coûts et risques minimales	Rusticité et qualités maternelles	Créole seulement
2 - Eleveurs traditionnels âgés	56 ans; retraités; taille moyenne (12 têtes); interventions réduites; faible engagement agricole	Elevage "épargne"		
3- Jeunes éleveurs traditionnels	45 ans; t Taille moyenne (15-20 têtes); Polyculture-élevage; reproduction contrôlée; fertilisation; concentrés; suivi sanitaire	Production de viande	Rusticité, croissance et conformation	Créole et croisements limités
4 – Eleveurs moyens spécialisés	taille moyenne (12 têtes); intensification des techniques, incluant quelquefois l'IA avec des races exotiques.	Production + réduction des risques		
5 – Eleveurs modernes spécialisés	Taille élevée (11 ha , 26 têtes); autres productions; élevage intensif, techniques améliorées, réguliers.	Revenu élevé Risques acceptés	Croissance et conformation	et Croisements intensifs

Un résultat original, et nouveau pour la zone tropicale, est la faible corrélation génétique entre performances de croissance au pâturage et en engraissement intensif, traduisant l'existence d'une interaction génotype x milieu. Cette observation est de première importance pour l'orientation d'un programme de sélection pour l'amélioration de la croissance en zone tropicale. Cela confirme l'importance qu'il y a à tenir compte des conditions réelles d'exploitation des animaux dans les systèmes d'élevage pratiqués localement pour le choix des critères de sélection et pour leurs conditions d'évaluation. La poursuite des enregistrements zootechniques tenant compte de ces deux modes de conduites devrait permettre de confirmer sur un effectif plus important et de manière plus précise cette observation.

De manière plus générale, ce constat montre l'intérêt qu'il y a de poursuivre des investigations sur les qualités d'adaptation au milieu tropical. Le bovin Créole présente à l'évidence de très bonnes qualités dans ce domaine, qui méritent d'être mieux valorisées, aussi bien en race pure qu'en croisement. Plusieurs pistes ont été abordées, sur lesquelles des approfondissements pourraient être engagés : adaptation au pâturage et valorisation d'une alimentation à base de fourrages ; adaptation physiologique et comportementale à la chaleur, en particulier pour guider le choix de différents types de croisements et de leur conditions d'entretien ; résistance aux tiques et aux maladies transmises.

Enfin, l'expérience acquise sur le bovin Créole en station expérimentale constitue un modèle pour la mise en œuvre de contrôles de performances dans la région, dans cette race ou dans d'autres populations exploitées pour la production de viande dans des conditions similaires. Les outils à mettre en œuvre dans le cadre de programme d'amélioration génétique pourraient ainsi s'inspirer des résultats obtenus chez le bovin Créole au domaine de Gardel.

Le bovin Créole remplit des fonctions importantes dans les systèmes d'élevage bovins en Guadeloupe, bien qu'il soit décrié.

La première partie de la thèse a permis de décrire la diversité des systèmes d'élevage bovin en Guadeloupe, à la fois sur la base des modes de conduite et des pratiques des éleveurs, de leur orientation et de l'organisation de la filière, permettant d'introduire la problématique des programmes de développement de l'élevage dans la région.

Le bovin Créole est omniprésent dans les différents systèmes d'élevage rencontrés. Grâce à une enquête large menée sur la question il est possible de mettre en parallèle les conditions et le fonctionnement des élevages avec la politique génétique suivie par les éleveurs (Tableau 4.1). Les petits détenteurs d'animaux ou non agriculteurs pour lesquels la fonction principale est l'épargne, élèvent et souhaitent élever la race Créole pour sa rusticité et ses qualités maternelles. Dans les élevages de plus grosse taille, souvent spécialisés, où la fonction productive est primordiale, les éleveurs ont recours aux croisements et recherchent des qualités de croissance et de conformation chez leurs animaux. Entre ces deux pôles, des éleveurs pratiquant une agriculture diversifiée ont dans leur troupeau les deux types génétiques pour leurs qualités respectives et il existe un gradient dans la composition de leur troupeau qui révèle leurs objectifs et la fonction attribuée à l'activité d'élevage. Ainsi, l'utilisation du bovin Créole aussi bien en race pure qu'en croisement semble bien répondre aux objectifs des différentes catégories d'éleveurs. Si la race Créole semble primordiale pour les petits éleveurs de type « patrimonial », elle ne l'est pas moins pour les élevages plus « productivistes » où elle sert de race maternelle support de croisements.

Cependant, le bovin Créole est souvent décrié. Qualifié de passéiste ou encore de peu productif et non rentable, il est considéré incompatible avec des formes « modernes » d'élevage, tant il est souvent associé aux modes de conduite les moins « techniques ». De plus,

le bovin Créole élevé en race pure est rarement considéré comme un produit final pour la boucherie, compte tenu de la dépréciation dont il est victime auprès des bouchers et des maquignons. Ces différentes considérations ne résistent cependant pas à l'analyse.

Les résultats obtenus tant en ferme qu'en station montrent que la productivité du bovin Créole est loin d'être mauvaise. D'une part, l'amalgame est souvent fait entre le mode d'élevage pratiqué et le type d'animal utilisé. Or, du fait même de sa rusticité, le bovin Créole est le plus souvent peu entretenu, et dans ces conditions il montre de piètres performances. L'argument vaut également dans l'autre sens : un veau issu de croisement charolais, chétif du fait d'une sensibilité plus importante au parasitisme et de l'absence de traitements, se verra qualifié de « Créole », car on ne peut imaginer un animal d'origine exotique ayant une faible croissance. Mais généralement, compte tenu de la valeur supposée des animaux de races exotiques ou croisés, les éleveurs sont bien évidemment enclins à leur apporter plus de soins. Les résultats obtenus avec le bovin Créole au domaine de Gardel traduisent cependant un potentiel important, tant sur le plan des qualités maternelles et d'adaptation que sur la croissance et les qualités bouchères.

Les professionnels observent ces derniers temps un accroissement notable de la demande de viande produite localement, suite aux crises de santé animale touchant à la sécurité alimentaire, ayant affecté récemment l'élevage en Europe notamment. A ce titre, les filières traditionnelles jouissent d'une image *ad hoc* d'authenticité, d'innocuité, de traçabilité certainement nourrie par l'étroitesse spatiale et le poids de la culture dans ce territoire insulaire de petite taille. A l'image des races rustiques ou races locales européennes, bien valorisées dans le cadre de filières commerciales « niches », le bovin Créole de Guadeloupe pourrait ainsi représenter une ressource authentique pour la mise en place de nouveaux schémas de développement en Guadeloupe. Le bovin Créole bénéficie de nombreux atouts pour répondre à une telle demande, du fait de son adaptation aux conditions d'élevage en plein air et à sa capacité à valoriser les fourrages grossiers, ainsi qu'à sa résistance aux maladies, permettant de limiter les traitements vétérinaires. Il bénéficie également d'une dimension culturelle forte, du fait de ses origines et de son ancrage dans la tradition agricole Guadeloupéenne. L'analyse des qualités de carcasses, déjà évoquée précédemment, pourrait également s'inscrire dans une telle dynamique, à l'image de ce qui est abordé chez les petits ruminants et les porcs à l'Unité de Recherches Zootechniques. Cela permettrait de préciser les aptitudes pour la production de viande produites localement, à partir d'animaux Créoles ou croisés, et leur possibilité de valorisation dans une filière « labellisée », autour d'un cahier des charges et en conformité avec les attentes et les préférences des consommateurs.

Ainsi, les différents types d'éleveurs pourront certainement être intéressés et tirer profit d'un programme d'amélioration génétique du bovin Créole. D'une part, l'amélioration des aptitudes de croissance et de production de viande du bovin Créole permettra d'améliorer la valorisation des produits de race locale, à condition qu'elle soit couplée avec une conduite d'élevage adéquate. D'autre part, sa rusticité et de ses qualités maternelles sont des atouts majeurs pour toutes les catégories d'éleveurs, y compris pour ceux pratiquant le plus de croisements avec des races spécialisées.

Quelles stratégies d'amélioration génétique promouvoir ?

Compte tenu des caractéristiques des systèmes en place et des ressources génétiques disponibles, une politique génétique basée sur le maintien de la population Créole, son amélioration génétique par la voie de la sélection, et son exploitation en croisements commerciaux semble la meilleure voie possible.

Le maintien d'un effectif suffisant au sein de la race Créole pour assurer le renouvellement apparaît indispensable, y compris pour la poursuite de la politique de croisements prônés par les organisations professionnelles les plus modernistes. En effet, à terme risque de se poser le problème du renouvellement de la souche maternelle support des croisements. A ce titre, un effort « pédagogique » reste encore à faire pour mieux expliquer aux éleveurs et plus généralement aux professionnels de la filière, l'intérêt réel et les conditions de réalisations de ces croisements. Il n'est pas rare en effet d'entendre dire que la qualité des reproducteurs ou des semences importés se dégrade, par des éleveurs ayant comme habitude de conserver des génisses de renouvellement croisées. Ils observent en effet souvent une dégradation des qualités d'adaptation, voire même des performances d'allaitement ou de croissance, qui doit probablement être attribuée à la part croissance de sang exotique, et, dans une moindre mesure, à une réduction de l'effet d'hétérosis.

La mise en place d'un programme de sélection du bovin Créole est présentée par certains comme une solution à l'encadrement et l'organisation des petits éleveurs, qui exploitent quasi exclusivement ce type d'animal. Les petits éleveurs ayant recours au mode d'élevage patrimonial ne peuvent cependant être les seuls garants du maintien de la population Créole. En effet leur production s'appuie sur un petit troupeau pouvant difficilement garantir le renouvellement ; leur effectif est également trop faible et éclaté pour permettre de mettre en place des contrôles zootechniques efficaces. Par ailleurs, ils ont accès de plus en plus au marché des animaux croisés "tout venant" qui commence à s'étendre. Dans ces conditions, on ne peut qu'être inquiet de l'évolution de leurs résultats, et du maintien de la population Créole. Ainsi, les vétérinaires observent-ils fréquemment des problèmes sanitaires chez des petits éleveurs proches d'ateliers spécialisés de grande taille, auprès desquels ils s'approvisionnent. Dès lors il n'est pas étonnant de voir la proportion de bovins Créoles diminuer, au profit de croisements « tout venant ».

Un programme de sélection devrait donc s'appuyer sur un effectif conséquent d'éleveurs possédant un cheptel de taille plus importante, techniquement compétents et bien encadrés. D'après les enquêtes réalisées, de tels élevages peuvent se rencontrer dans des catégories intermédiaires, mais sont encore trop peu organisés. Pour ces élevages là, la mise en place d'un programme d'amélioration génétique basé sur le bovin Créole peut représenter un atout indispensable, et leur donner l'accès à un encadrement technique et des soutiens publics dont ils sont pour l'instant tenu à l'écart.

L'organisation d'un tel programme n'est cependant pas sans poser problèmes, dans la mesure où beaucoup de ces rouages n'existent pas encore concrètement et sont méconnus, et où les options possibles n'ont pas été totalement évaluées. Ainsi un programme basé uniquement sur l'organisation collective des éleveurs semble difficile à mettre en œuvre sans une implication forte des organismes publics, notamment leur investissement dans l'encadrement technique et scientifique. Il pourrait également être bon de considérer un niveau intermédiaire dans le programme de sélection du bovin Créole, fondé sur un petit nombre d'élevages de taille relativement importante, constituant un noyau de sélection, tout en restant ouvert sur le reste de la population. Le troupeau INRA de Gardel peut constituer un modèle de troupeau "élite", mais ne peut remplir à lui seul une fonction de diffusion suffisamment large. Par ailleurs, il est intéressant de maintenir une ouverture sur la masse de la population non organisée pour conserver une variabilité suffisante, représentative de la diversité de la population.

Le développement de l'élevage dans les « régions ultra-périphériques » de l'Europe passe inévitablement par un respect minimal d'une réglementation inspirée par des systèmes "socio-économiques" métropolitains de nature différente. Cela est particulièrement le cas pour l'organisation de l'amélioration génétique dont la réglementation très rigide en France prévaut dans la mise en place des schémas d'amélioration génétique dans les DOM. Dans le cas de la

population Créole, il apparaît cependant qu'une lecture stricte de cette législation peut constituer un frein. L'UPRA Créole, malgré sa création en 1998, a beaucoup tatonné, avec notamment un investissement important dans la mise en place de ses outils statutaires (Statuts, règlements intérieur et technique, définition des procédures d'inscription des animaux et de la grille de qualification,...). Cela s'est passé au détriment des actions de terrain, du suivi de la base de sélection ou de l'encadrement des éleveurs qui viennent à peine de se mettre en place avec le recrutement d'un technicien. Il faut toutefois remarquer que cette lecture n'est pas toujours aussi rigoureuse ; par exemple en ce qui concerne l'utilisation de reproducteurs importés de race spécialisée, le fait d'avoir un certificat d'inscription est considéré par certains comme une garantie génétique suffisante, même si l'index porté est négatif. De même, la diffusion locale de paillettes d'IA de taureaux Créoles se heurte à la réglementation sanitaire concernant la monte publique, alors que ne sont pas contrôlées les opérations de monte naturelle dans le cas de prêt de taureaux, ou la diffusion de taureaux de race spécialisée dits de 'race pure' nés sur place, qui est réalisée hors de tout contrôle des UPRA des berceaux de race.

La cohérence avec les règlements nationaux ou communautaires ne devrait pas constituer un obstacle pour la mise en œuvre de programme d'amélioration génétique fondé sur les ressources génétiques locales. Au contraire, il semble nécessaire de soutenir les efforts locaux pour la mise en œuvre d'une politique génétique cohérente avec les conditions d'élevage, et d'accompagner cette dynamique. Les récentes directives de l'ODEADOM, visant à aider la promotion de reproducteurs produits sur place, dans le cadre de programmes d'amélioration génétiques collectifs, constituent une réelle avancée dans ce sens. On observera d'ailleurs que des programmes génétiques ont récemment vu le jour sur le zébu Brahman en Martinique et en Guyane, grâce à cette impulsion. Malheureusement, le bovin Créole de Guadeloupe, qui est jusqu'à présent la seule population bovine des Départements d'Outre Mer à posséder un programme génétique agréé par le Ministère de l'Agriculture, n'a pour l'instant pas pu totalement bénéficier des soutiens publics en matière d'amélioration génétique, tout comme le mouton « Martinik », sur lequel un programme de sélection faisant figure de pionnier a été initié en 1993. La désaffection pour des programmes d'encadrement collectif en Guadeloupe semble en partie expliquer la lenteur dans la mise en place de schémas d'amélioration génétiques. La méconnaissance des mécanismes et du fonctionnement des programmes de sélection, ainsi que l'éloignement des rouages de représentation et de décision, peuvent aussi expliquer les difficultés à initier de tels programmes, qui constituent une réelle nouveauté dans la région.

Cependant, il y a beaucoup à espérer d'un encadrement technique, notamment en matière de contrôle des performances, dans la race bovine Créole, comme généralement dans les races locales. Les niveaux de performances possibles dans la région, et leur variabilité d'origine environnementale ou génétique, ont été mesurés sur le troupeau de bovin Créole de Gardel pour un ensemble de paramètres qui participent chacun pour leur part à la productivité du cheptel en zone tropicale. Un programme de sélection basé sur ces références pourrait être rapidement opérationnel sur le terrain, dès lors que des informations suffisantes de contrôle de performances seront enregistrées. Nul besoin pour cela d'un suivi aussi complexe que celui mené au Domaine de Gardel, mais un protocole simplifié fondé sur quelques performances de bases (suivi de la reproduction, poids à âge type de 4, 7 et 15 mois), obtenus dans des modes de conduite les plus conformes au milieu d'élevage, au pâturage, paraissent déjà suffisants.

Dans un échantillon de 18 éleveurs, choisi au sein des 62 éleveurs participant à la création de l'UPRA Créole, les pratiques de renouvellement suivantes ont pu être relevées. Les qualités recherchées sont, dans des proportions égales, la rusticité et la facilité d'élevage d'une part (5 éleveurs), et la croissance et les qualités bouchères d'autres part (4 éleveurs), la majorité des éleveurs recherchant les deux types d'aptitudes. Généralement (60%) le choix des mâles est

réalisé sur l'aspect extérieur (conformation). Peu de sélection est opérée sur les femelles, ou elle s'appuie sur des caractères très variables (reproduction, qualités maternelles, conformation). Les réformes sont généralement dues à l'âge (90%), mais quelquefois aussi pour un problème de reproduction (difficulté de vêlage, mauvais état). Ces différents paramètres, bien qu'ils soient cités de manière intuitive par la plupart des éleveurs, semblent cohérents à la fois avec la situation de ces élevages, leurs objectifs et les caractéristiques du cheptel qu'ils exploitent. Ils définissent bien les différentes orientations qui semblent devoir s'articuler au sein du programme de sélection : amélioration de la croissance et des aptitudes bouchères, maintien voire amélioration des aptitudes maternelles (allaitement, reproduction), maintien des qualités d'adaptation.

Cependant, pour que les résultats obtenus sur le troupeau expérimental soient généralisables, il apparaît nécessaire de poursuivre la quantification de certaines de ces caractéristiques, notamment celles en relation avec le déroulement de la carrière des vaches reproductrices (reproduction, longévité) ou encore la conformation et les aptitudes bouchères. Par ailleurs, pour permettre une amélioration conséquente de la production bovine dans la région, il est nécessaire de préciser les relations entre ces paramètres, et de quantifier leur contribution à la productivité des troupeaux et leur poids économique respectif. Cela permettrait de déterminer plus précisément des objectifs de sélection en relation avec les conditions du milieu et les caractéristiques des ressources génétiques disponibles. Les résultats présentés dans cette thèse n'en constituent qu'un élément, mais représentent autant d'acquis pour la mise en œuvre de programmes de sélection adaptés à la zone tropicale.

Annexes

COLORATION

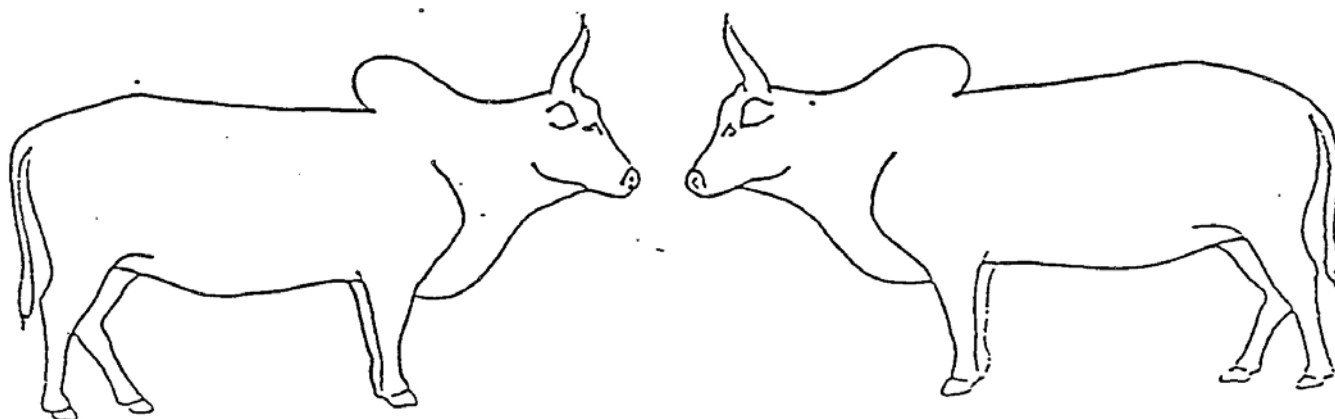
Aspect général de la robe: Uniforme / Zonée / Composée

Couleur:	dominante	secondaire
Noir	•	•
Brun	•	•
Rouge	•	•
Fauve	•	•
Sable	•	•
Gris	•	•
Blanc	•	•

Panachures blanches : Blason / Pie / Ceinture blanche / Flancs colorés

Particularités :

Raie de mulet	:	Inversée / Sombre
Ceinture plus claire	:	Abdominale / Plus étendue
Avant-main	:	Plus sombre / Plus claire
Extrémités	:	Charbonnées / Délavées
Couleur du chignon	:	
Lunettes	:	Sombres / Claires
Couleur du tour du mufle	:	
Muqueuses	:	Claire / Foncée / Marbrée / Ladre
Ventre décoloré	:	Oui / Non
Tache en tête	:	Oui / Non
Bringeures / Mouchetures	:	



Annexe 2. Fréquences alléliques aux systèmes de groupes sanguins complexes B, C et S chez le bovin Créole de Guadeloupe

Système (N)	Allèle	Fréquence
Système B (175)	G1	0.0202
	I1	0.0998
	K	0.0590
	P1	0.0422
	P2T	0.0518
	T	0.1228
	J''	0.0328
	null	0.5714
Système C (174)	C1	0.2161
	C2	0.1930
	C''1	0.4876
	C''2	0.0859
	C1-	0.0000
	null	0.0174
Système S (165)	SH'	0.0578
	SS''H'	0.0987
	UH'	0.0569
	UH''H'	0.1894
	H'	0.3405
	H''H'	0.0148
	S''H'	0.0812
	U'	0.1025
	U'2	0.0342
	null	0.0241

Annexe 3. Phénogroupes de groupes sanguins complexes déterminés sur le bovin Créole de Guadeloupe (Debus, 1993)

Phénogroupes du système B des groupes sanguins déterminés sur des Bovins créoles

(classés suivant l'organisation linéaire des déterminants antigéniques, selon la carte génétique du système B - GROSCLAUDE *et al.*, 1979)

YD'E ₃ G'Y'G	BG ₂ O ₁ P'B''
YD'E ₃ G''F18	BG ₂ O ₁ I ₂ P'B''I''
YD'E ₃ I' ₂ G''I''(F18) ¹	BI' ₂ O'P'Q'I''
BO ₁ YD'E ₃ I' ₂ P'Q'G''I''	BA'B'I' ₁ P'Q'I''F4
G ₃ O ₁ TYE' ₃ G'K'G''	BI ₁ TA'I' ₂ I''F4
BG ₃ O ₁ QTE' ₃ K'Q'G''	BI ₁ TA'I' ₂ (I'')F4 ³
O ₃ QE' ₂ G'I' ₂ K'G''I''(F18) ¹	BO ₁ I' ₁
I ₁ O ₃ QA'E' ₂ I' ₂ K'Q'I''F4	I ₁ O ₁ Q'
O ₃ QJ' ₁ K'O'P'A''B''(F4F7) ¹	A'I' ₂ I''F4
BG ₂ O ₁ QQ'	P ₁ E' ₄ II'I''
BG ₂ O ₁ QQ'(A'') ²	O ₄ P ₁ A'G'I' ₁ A''F4
BG ₂ QTD'I' ₂ P'A''B''I''	O ₄ P ₁ YA'E' ₃ F4
BO ₄ E' ₃ G'I' ₂ O'P'G''I''F4	YA'Q'(F18) ¹
O ₁ A'E' ₃ G'G''F4	O ₃ E' ₂ I' ₂ J' ₂ I''J''
(B)O ₁ A'E' ₃ G'G''F4 ²	

¹ Les réactifs spécifiquement français dont l'assignation au phénogroupe n'a pu être déterminée avec certitude sont indiqués entre parenthèses

² et ³ Les réactions entre parenthèses traduisent la possibilité d'une recombinaison, non vérifiée, ayant entraînée l'introduction (2) ou la perte (3) du facteur considéré

Phénogroupes du système C des groupes sanguins déterminés sur des Bovins créoles

(classés suivant la présence des facteurs C₁, C₂, C''₁, C''₂, selon la carte génétique du système C - GUERIN *et al.*, 1981)

C ₁ ER ₂ F6F15	R ₂ WC'' ₁
C ₁ ER ₂ XIF6	WX ₂ C'' ₁
C ₁ ER ₂ XIF6F15	WL'C'' ₁
C ₁ ER ₂ X ₂ F6F15	WL'C'' ₁ F6
C ₂ R ₂ W	R ₁ WL'C'' ₁ F10
C ₂ ER ₂ F6F10F15	EC'' ₁ F6F15
	ER ₂ L'C'' ₁ F6F15
	C'' ₂
	EC'' ₂ F6
	R ₂ C'' ₂ F6F10

Allèles du système S des groupes sanguins déterminés sur des Bovins créoles

- (allèle nul)	SS''H'
H'	SH''H'
U'	S''H'
UH''H'	S''U''H'

Annexe 4. Liste de races présentant un intérêt pour l'étude des relations phylogénétiques avec les bovins Créoles de la Caraïbe et de l'Amérique Latine

Région	Races intéressantes
Péninsule ibérique	
Andalousie	Retinta, Berrenda, Andalusia Negra
Galice, Asturies et Extremadure	Rubia Gallega, Asturianas de los Valles et Asturiana de las Montañas, les races locales appartenant au groupe des « Morenas Gallegas » (Cachena, Caldelana, Sayaguesa, Vianesa, Alistana-Sanabresa, Limiana, Frieiresa), Morucha, Avilena Negra
Sud Portugal	Alentejana, Mertolenga bien que d'origine récente
Nord Portugal	Mirandesa, Arouquesa, Barrosa, Maronesa
Canaries, Madère	Canaria, Madeira, Menorquina, Palmera
Autres races ibériques	race de taureaux de combat de Lidia races de montagnes (Pirenaica, Bruna de Pireneus, Betizu, Alberes)
France et Nord Ouest de l'Europe	
Nord ouest	Normande, Jersey, Bretonne Pie Noire, Holstein
Sud ouest	Parthenaise, Blonde d'Aquitaine, Bazadaise
Centre ouest	Limousine, Salers, Aubrac, Gasconne
Autres races françaises	Charolaise, Montbéliarde, Brune
Races britanniques	Angus, Red Poll, Shorthorn, Hereford, Devon, Maine Anjou
Afrique	
Taurins d'Afrique l'Ouest	de N'Dama, Baoulé (Mali, Burkina Faso, Côte d'Ivoire), Lobi, Lagune (Côte d'Ivoire), Somba (Bénin), Muturu, Kapsiki (Nigéria), Bakosi, Namchi, Bakwiri (Cameroun) et croisement avec le zébu Fulani : Méré, Borgou, Keteku
Zébus d'Afrique l'Ouest et du Sahel	de à cornes courtes Maure (Mauritanie), Azaouak (Mali, Burkina), Gudali (Nigeria), Shuwa (Tchad, Nigeria, Cameroun) à cornes en lyre : Gobra (Sénégal), Fulani ou Peul Soudanais (Mali), White Fulani, Red Bororo ou M'Bororo, Foulbé (Cameroun)
Autres races africaines	Kouri (Tchad), Boran (Kenya), Madagascar, races de Sanga (Ethiopie à Afrique du Sud)

Sous - Continent Indien

Nord et Ouest de l'Inde et Pakistan	grand format, tête convexe : Sahiwal, Gir, Red Sindhi, Deoni blanc – gris à courtes cornes : Hariana, Rathi, Bagnari corne en lyre : Kankrej ou Guzerat, Tharparkar, Hissari, Kherigarh
Anciens comptoirs français des Indes et régions avoisinantes	zébu blanc gris à courtes cornes de l'Andhra Pradesh : Ongole ou Nellore zébus à grandes cornes du Tamil Nadu : Kangayam, Alambadi, Bargur zébus de petite taille du Bengale occidental : Bengali, Pabna zébus de petite taille du Sud de l'Inde, d'effectifs restreints : Malabar, Jellicut, Bihar, Kerala, Punganur

Races Créoles

USA et Canada	Texas Longhorn, Florida Crakers, Canadienne
Caraïbe	Cuba, Haiti, Porto Rico, Romana Red (Santo Domingo), Petites Antilles (Guadeloupe, Martinique, ...)
Mexique et Amérique Centrale	Criollo (Corriente), Criollo Lechero (Turrialba), Romosinuano, Guatemala, Honduras, Salvador
Colombie	Lucerna, Costeno con cuernos, Chino Santandereano, Casanareno, San Martinero, Harton, Blanco Orejinegro
Vénézuela	Carora, Rio Limon
Bolivie	Saavedreno, Yacumeno, Chaqueno
Brésil	Pantaneiro, Caracu, Caldeano, Mocho Nacional, Crioulo Lageano
Argentine et Uruguay	Criollo Argentino, Criollo Patagonico, Criollo Uruguayo

Races synthétiques tropicales

Taurines	Senepol, Santa Gertrudis,
Zébus	Brahman (Kankrej, Gir, Ongole),
Métisses	Taino, Siboney, Jamaica Red, Jamaica Black, Afrikander

Annexe 5. Liste des références utilisées dans la comparaison entre populations pour les marqueurs biochimiques

- Bangham A.D., 1957 : Distribution of electrophoretically different Haemoglobins among cattle breeds of Great Britain, *Nature*, **179** : 467-468
- Bangham A.D., Blumberg B.S., 1958 : Distribution of electrophoretically different Haemoglobins among some cattle breeds of Europe and Africa, *Nature*, **181** : 1551-1552.
- Blott SC., Williams JL., Haley CS., 1998 : Genetic relationships among European cattle breeds, *Anim. Genet.*, **29** : 273-282.
- Braend M., , 1979 : Blood groups of Nigerian cattle. Comparative aspects, *Anim. Blood Grps. Biochim. Genet.*, **10** : 49-56.
- Ceriotti G., Caroli A., Rizzi R., Crimella C., 2003 : Genetic relationships among taurine (*Bos taurus*) and zebu (*Bos indicus*) populations as revealed by blood groups and blood proteins, *J. Anim. Breed. Genet.*, **120** : 57-67.
- Grosclaude F., Aupetit R., Lefebvre J., Mériaux J.C., 1990 : Essai d'analyse des relations génétiques entre les races bovines françaises à l'aide du polymorphisme biochimique. *Genet. Sel. Evol.*, **22** : 317-338
- Hernandez MH., Granado A., Perez-Beato Y., 1983 : Polimorfismo de seis sistemas sanguíneos y cinco lacteos en vacas de la raza Criollo de Cuba, *Rev. Cub. Cienc. Vét.*, **14** : 253-260.
- Khanna ND., Singh H., 1971 : Studies on L and M blood group systems in eight Indian cattle breeds, *Indian J. Anim. Sci.*, **41** : 222-225.
- Kidd K., Stone W., Crimella C., Carenzi C., Casati M., Rognoni G., 1980 : Immunogenetics and population genetics analysis of Iberian cattle. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, **11** : 21-38
- Larsen B., Gruchy C.L., Moustgaard J., 1974 : Studies on blood groups and polymorphic protein systems in Jersey cattle on the Isle of Jersey, *Acta Agriculturae Scandinavica*, **24** : 99-110.
- Miller WJ., , 1966 : Blood groups in Longhorn cattle, *Genetics*, **54** : 391-404.
- Mitat J., , 1971 : Estado actual de las investigaciones de los marcadores genéticos y sus aplicaciones zootécnicas en Cuba, *Rev. Cub. Cienc. Vét.*, **2** : 7-14.
- Moazami-Goudarzi K., Belemsaga D.M.A., Ceriotti G., Laloë D., Fagbohoun F., Kouagou N'T, Sidibé I., Codjia V., Crimella M.C., Grosclaude G., Touré S.M., 2001 : Caractérisation de la race bovine Somba à l'aide de marqueurs moléculaires. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **54** : 129-138
- Mortari N., , 1991 : Blood types in Gyr cattle raised in Brasil, *Anim. Genet.*, **22 (s1)** : 9-10.
- Pascual C., Perez Beato O., 1985 : Caracterizacion del cebu cubano en la region occidental de Cuba mediante el polimorfismo genético bioquímico, *Rev. Cub. Cienc. Vét.*, **16** : 285-291.
- Petit J.P., , 1968 : Détermination de la nature des hémoglobines chez 982 bovins africains et malgaches (taurins et zébus) par électrophorèse sur acétate de cellulose, *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **21** : 405-413.
- Prasad SK., Nair PG., 1982 : Immunogenetic profile of some erythrocyte antigens in cattle, *Indian J. Exp. Biol.*, **20** : 805-807.

- Prasad SK., Nair PG., 1983 : Immunogenetic profile of some erythrocyte antigens in cattle: part II. Genetic architecture of complex blood groups of indian cattle, *Indian J. Exp. Biol.*, **21** : 168-172.
- Queval R., Petit J.P., 1982 : Polymorphisme biochimique de l'hémoglobine de populations bovines trypanosensibles, trypanotolérantes et de leur croisement dans l'Ouest africain. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **35** : 137-146
- Queval R., Bambara L., 1984 : Le polymorphisme de l'albumine dans la race Baoulé et une population de zébu de type soudanien. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **37** (n° spécial) : 288-296
- Queval R., Moazami-Goudarzi K., Laloë D., Mériaux J.C., Grosclaude F., 1998 : Relations génétiques entre populations de taurins ou zébus d'Afrique de l'Ouest et taurins européens. *Genet. Sel. Evol.*, **30** : 367-383
- Ramirez G., Miller W.J., Bittle P.A., Hidalgo A., Santacruz R., Colice G., 1992 : Blood types in cattle of Iberian ancestry and in Hosteins at various altitudes, *Am. J. Vet. Res.*, **53** : 1248-1252
- Rodriguez A., Mitat J., 1972 : Estudio comparativo de las frecuencias génicas en cinco sistemas de grupos sanguíneos entre bovinos Cebu, Santa Gertrudis y Criollo, *Rev. Cub. Cienc. Vét.*, **3** : 155-157.
- Singh H., Bhat PN, 1980a : Genetic studies on albumin polymorphism in the blood of Indian cattle, *Indian J. Anim. Sci.*, **50** : 224-233.
- Singh H., Bhat PN, 1980b : Genetic studies on serum transferrin polymorphism in the blood of Indian cattle, *Indian J. Anim. Sci.*, **50** : 297-310.
- Singh H., Bhat PN, 1980c : Studies on haemoglobin polymorphism in the blood of indigenous cattle, *Indian J. Anim. Sci.*, **50** : 459-467
- Singh H., Bhat PN, 1981b : Current status of blood groups and biochemical polymorphism studies in zebu cattle, *Indian Journal of Animal Genetics and Breeding*, **3** : 8-24.
- Soares M., Gomes R., Leite, FG., 1982 : Haemoglobin polymorphism in brazilian Nelore cattle, *Rev. Brasil. Genet.*, **V** : 345-352.
- Souvenir Zafindrajaona P., Zeuh V., Moazami-Goudarzi K., Laloë D., Bourzat D., Idriss A., Grosclaude F., 1999 : Etude du statut phylogénétique du bovin Kouri du lac Tchad à l'aide de marqueurs moléculaires. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **52** : 155-162
- Suzuki S., Amano T., 1973 : Serological observations on Brazilian zebu cattle, *Anim. Blood Grps. Biochim. Genet.*, **4** : 233-235.
- Theodoro Caminhas MM., Bortolozzi J., Chamma OJ., Curi PR., 1992 : Grupos sanguíneos de bovinos, *Pesq. Agropec. Bras.*, **27** : 1195-1200.

Annexe 6. Distances de Cavalli Sforza entre races

a. à partir de marqueurs biochimiques

Race	GU CRG	CR CUB	CR VEZ	CR LON	CR FLO	CR COL	CR BRA	GB SHO	GB ANG	GB HER	FR MAI	FR JER	FR BPN	FR NOR	FR BLA	FR LIM	FR PAR
CR CUB	0.025																
CR VEZ	0.112	0.081															
CR LON	0.072	0.039	0.091														
CR FLO	0.138	0.132	0.175	0.161													
CR COL	0.093	0.068	0.157	0.100	0.214												
CR BRA	0.087	0.109	0.157	0.121	0.184	0.189											
GB SHO	0.184	0.124	0.078	0.124	0.214	0.217	0.192										
GB ANG	0.157	0.100	0.057	0.109	0.174	0.183	0.201	0.042									
GB HER	0.151	0.102	0.072	0.096	0.181	0.203	0.232	0.051	0.052								
FR MAI	0.094	0.073	0.046	0.071	0.155	0.182	0.113	0.058	0.070	0.064							
FR JER	0.142	0.132	0.142	0.103	0.307	0.139	0.267	0.245	0.213	0.196	0.152						
FR BPN	0.079	0.058	0.054	0.094	0.184	0.149	0.180	0.141	0.089	0.103	0.065	0.134					
FR NOR	0.065	0.039	0.058	0.078	0.137	0.112	0.175	0.127	0.079	0.096	0.062	0.127	0.023				
FR BLA	0.067	0.063	0.050	0.096	0.174	0.108	0.141	0.138	0.096	0.110	0.080	0.110	0.074	0.071			
FR LIM	0.095	0.071	0.046	0.075	0.194	0.109	0.154	0.105	0.082	0.093	0.066	0.104	0.082	0.079	0.024		
FR PAR	0.042	0.027	0.058	0.079	0.166	0.107	0.108	0.103	0.073	0.103	0.055	0.141	0.031	0.035	0.045	0.054	
SP DLI	0.094	0.072	0.078	0.078	0.176	0.111	0.174	0.118	0.075	0.114	0.106	0.123	0.094	0.097	0.062	0.070	0.071
SP RET	0.086	0.067	0.081	0.074	0.179	0.117	0.142	0.127	0.077	0.130	0.094	0.108	0.087	0.094	0.065	0.072	0.054
POMER	0.047	0.029	0.091	0.039	0.144	0.090	0.099	0.107	0.079	0.110	0.070	0.122	0.083	0.072	0.061	0.053	0.033
POALE	0.078	0.046	0.071	0.037	0.185	0.116	0.119	0.088	0.068	0.103	0.077	0.132	0.085	0.077	0.080	0.057	0.049
AF NDA	0.143	0.093	0.152	0.050	0.241	0.127	0.195	0.155	0.162	0.173	0.146	0.145	0.164	0.158	0.149	0.102	0.128
AF BAO	0.093	0.057	0.125	0.038	0.162	0.142	0.144	0.112	0.126	0.118	0.090	0.180	0.117	0.094	0.148	0.121	0.095
AF LAG	0.190	0.164	0.169	0.144	0.216	0.221	0.233	0.142	0.172	0.161	0.172	0.240	0.242	0.194	0.192	0.167	0.187
AF SOM	0.090	0.067	0.121	0.066	0.147	0.132	0.113	0.102	0.137	0.131	0.102	0.180	0.164	0.132	0.117	0.103	0.094
AF BOR	0.029	0.023	0.111	0.066	0.128	0.077	0.116	0.146	0.137	0.135	0.101	0.168	0.093	0.058	0.095	0.109	0.056
AF ZBF	0.062	0.079	0.184	0.118	0.176	0.117	0.137	0.223	0.205	0.212	0.144	0.208	0.138	0.107	0.167	0.183	0.113
AF ZCM	0.091	0.094	0.216	0.129	0.231	0.115	0.190	0.270	0.251	0.268	0.200	0.182	0.168	0.131	0.191	0.225	0.146
AF ZNG	0.096	0.129	0.277	0.214	0.232	0.158	0.214	0.348	0.322	0.330	0.261	0.287	0.205	0.164	0.239	0.277	0.171
AF ZET	0.048	0.070	0.209	0.113	0.205	0.108	0.161	0.272	0.258	0.227	0.179	0.196	0.145	0.121	0.170	0.197	0.125
AF ZMA	0.065	0.109	0.131	0.154	0.162	0.160	0.157	0.208	0.207	0.180	0.119	0.209	0.137	0.119	0.117	0.149	0.123
IN SAH	0.126	0.158	0.306	0.239	0.271	0.149	0.258	0.386	0.318	0.332	0.320	0.312	0.236	0.199	0.248	0.281	0.204
IN THA	0.179	0.214	0.414	0.291	0.334	0.256	0.331	0.459	0.425	0.398	0.371	0.356	0.312	0.259	0.355	0.397	0.284
IN CCU	0.069	0.097	0.222	0.167	0.191	0.144	0.184	0.315	0.291	0.277	0.211	0.269	0.171	0.131	0.201	0.232	0.148
IN GYB	0.149	0.144	0.306	0.211	0.274	0.186	0.265	0.373	0.341	0.334	0.270	0.295	0.218	0.174	0.291	0.287	0.202
IN NEL	0.045	0.044	0.123	0.082	0.150	0.065	0.122	0.210	0.182	0.177	0.123	0.144	0.111	0.072	0.101	0.123	0.083

Distances de Cavalli Sforza entre races

a. à partir de marqueurs biochimiques (suite)

Race	SPDLI	SPRET	POMER	POALE	AFNDA	AFBAO	AFLAG	AFSOM	AFBOR	AFZBF	AFZCM	AFZNG	AFZET	AFZMA	INSAH	INTHA	INCCU	INGYB
SPRET	0.017																	
POMER	0.042	0.027																
POALE	0.050	0.041	0.019															
AFNDA	0.091	0.098	0.061	0.046														
AFBAO	0.111	0.116	0.061	0.048	0.060													
AFLAG	0.162	0.170	0.132	0.109	0.147	0.088												
AFSOM	0.093	0.089	0.046	0.047	0.063	0.056	0.078											
AFBOR	0.086	0.097	0.055	0.074	0.123	0.068	0.167	0.071										
AFZBF	0.147	0.153	0.113	0.141	0.194	0.104	0.220	0.161	0.056									
AFZCM	0.141	0.153	0.135	0.151	0.170	0.136	0.269	0.164	0.073	0.061								
AFZNG	0.241	0.244	0.195	0.232	0.285	0.207	0.352	0.232	0.090	0.056	0.079							
AFZET	0.159	0.172	0.122	0.150	0.177	0.123	0.260	0.157	0.055	0.038	0.037	0.052						
AFZMA	0.137	0.165	0.138	0.164	0.230	0.164	0.215	0.161	0.087	0.091	0.146	0.159	0.095					
INSAH	0.226	0.244	0.207	0.235	0.306	0.254	0.346	0.279	0.134	0.096	0.132	0.090	0.083	0.161				
INTHA	0.332	0.346	0.287	0.324	0.374	0.287	0.427	0.338	0.175	0.101	0.122	0.067	0.086	0.233	0.081			
INCCU	0.209	0.220	0.166	0.201	0.254	0.171	0.297	0.196	0.053	0.075	0.103	0.058	0.053	0.102	0.107	0.134		
INGYB	0.271	0.264	0.208	0.243	0.283	0.191	0.329	0.262	0.123	0.107	0.156	0.129	0.116	0.226	0.133	0.164	0.088	
INNEL	0.116	0.111	0.086	0.112	0.159	0.119	0.227	0.113	0.037	0.070	0.066	0.098	0.057	0.110	0.140	0.192	0.077	0.116

Distances de Cavalli Sforza entre races

b. à partir de microsattellites

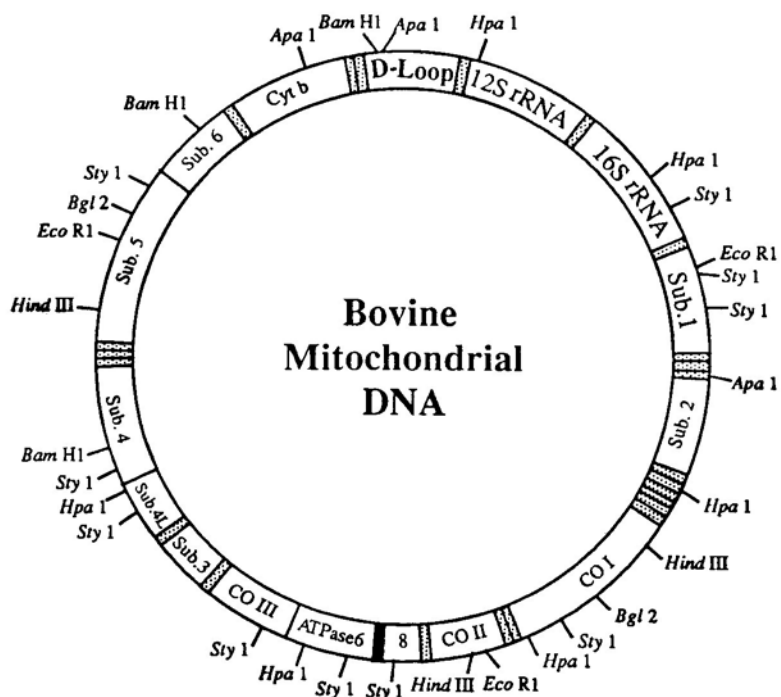
Race	GU CRG	AF BOR	AF ZEB	AF LAG	AF NDA	AF SOM	FR AUB	FR BAZ	FR BLA	FR BPN	FR CHA	FR GAS	FR LIM	FR MAI	FR MON	FR NOR	FR SAL	SP ALI	SP ASM	SP ASV	SP BRP	SP MOR	SP PIR	SP RET	SP RUB	SP SAY	
AFBOR	0.027																										
AFZEB	0.034	0.020																									
AFLAG	0.091	0.087	0.101																								
AFNDA	0.082	0.065	0.093	0.074																							
AFSOM	0.058	0.044	0.072	0.044	0.044																						
FRAUB	0.072	0.069	0.097	0.080	0.067	0.056																					
FRBAZ	0.085	0.088	0.117	0.104	0.075	0.074	0.028																				
FRBLA	0.077	0.073	0.102	0.074	0.065	0.061	0.017	0.026																			
FRBPN	0.078	0.087	0.112	0.094	0.066	0.068	0.043	0.042	0.036																		
FRCHA	0.087	0.092	0.114	0.098	0.079	0.079	0.036	0.043	0.026	0.042																	
FRGAS	0.079	0.083	0.104	0.096	0.077	0.073	0.030	0.047	0.027	0.055	0.054																
FRLIM	0.087	0.084	0.112	0.088	0.060	0.065	0.024	0.025	0.018	0.030	0.032	0.040															
FRMAI	0.101	0.107	0.132	0.111	0.092	0.101	0.056	0.043	0.041	0.042	0.040	0.066	0.045														
FRMON	0.080	0.083	0.104	0.090	0.068	0.071	0.028	0.040	0.031	0.033	0.024	0.054	0.035	0.046													
FRNOR	0.082	0.089	0.129	0.113	0.086	0.076	0.052	0.060	0.047	0.040	0.044	0.062	0.054	0.059	0.048												
FRSAL	0.081	0.084	0.113	0.100	0.088	0.070	0.018	0.025	0.019	0.042	0.043	0.028	0.027	0.052	0.039	0.045											
SPALI	0.083	0.086	0.117	0.103	0.084	0.075	0.050	0.054	0.045	0.028	0.064	0.058	0.048	0.056	0.051	0.049	0.041										
SPASM	0.084	0.087	0.119	0.096	0.099	0.073	0.052	0.065	0.050	0.051	0.064	0.067	0.063	0.058	0.052	0.047	0.049	0.038									
SPASV	0.079	0.086	0.107	0.109	0.085	0.086	0.046	0.049	0.040	0.031	0.054	0.049	0.043	0.046	0.051	0.044	0.040	0.030	0.030								
SPBRP	0.079	0.082	0.112	0.096	0.083	0.069	0.044	0.048	0.035	0.042	0.050	0.045	0.047	0.057	0.049	0.036	0.043	0.047	0.039	0.039							
SPMOR	0.072	0.076	0.102	0.097	0.071	0.062	0.039	0.041	0.033	0.039	0.043	0.042	0.047	0.047	0.037	0.045	0.040	0.045	0.038	0.032	0.023						
SPPIR	0.076	0.082	0.102	0.085	0.066	0.060	0.033	0.034	0.019	0.024	0.039	0.032	0.021	0.046	0.039	0.052	0.031	0.038	0.053	0.029	0.034	0.031					
SPRET	0.072	0.074	0.100	0.093	0.065	0.068	0.039	0.040	0.029	0.029	0.044	0.037	0.040	0.039	0.044	0.047	0.034	0.030	0.046	0.024	0.040	0.033	0.026				
SPRUB	0.064	0.078	0.100	0.096	0.068	0.063	0.039	0.039	0.037	0.034	0.036	0.054	0.043	0.043	0.034	0.037	0.037	0.040	0.037	0.034	0.028	0.024	0.037	0.030			
SPSAY	0.079	0.078	0.102	0.097	0.086	0.074	0.048	0.052	0.045	0.055	0.061	0.064	0.055	0.067	0.059	0.062	0.047	0.055	0.047	0.041	0.058	0.049	0.050	0.037	0.047		
SPTUD	0.077	0.080	0.105	0.093	0.079	0.076	0.040	0.051	0.044	0.050	0.064	0.052	0.063	0.060	0.047	0.055	0.038	0.044	0.037	0.036	0.049	0.035	0.052	0.046	0.040	0.053	

Annexe 7. Fréquences géniques des antigène du système BoLA class 1 chez le bovin Créole de Guadeloupe (Debus, 1993)

LE BOLA CLASSE I CHEZ LE BOVIN CREOLE DE GUADELOUPE
(Fréquences géniques en %)

TYPES DE SPECIFICITES											
INTERNATIONALES		EUROPEENNES		INRA J.E.J FRANCE		ABRO- EDINBURGH		ILRAD NAIROBI		CRTA BURKINA F.	
W1	4.0	EU2	11.5	FJD1-G	4.0	EDI	7.1	MAP3	5.9	BF1	11.8
A2	15.6	EU22	11.5	FJI 14	7.2	ED11	4.0	ILA4-KK4	0.9	BF2	8.8
W4	0.6	EU28	14.9	FJ442	12.8	ED13	30.8	ILA9	4.6	BF3	4.9
A6	3.1					ED74	14.9	ILA10	2.7	BF5	0.6
W17	0.6					ED81	0.6	ILA34	4.9	BF6	15.6
A7	3.7					ED94	27.6	ILA37	15.7	BF7	6.8
A8	4.0					ED99	4.0	ILA39	17.5	BF9	1.8
A10	6.5							KK2	2.7	BF10	7.9
A12	2.1							KK3	4.6	BF11	2.4
A13	11.1							KM2	4.0	BF12	0.3
W16	3.7							KM12	1.8		
A21	2.7							KM38	2.4		
W25	3.4							KN4-KM4	2.7		
A30	6.2							KN8	7.8		
								KN17	6.5		
								KN18	14.8		

Annexe 8. Organisation de l'ADN mitochondrial, et position relative de différents sites de restrictions



Annexe 9. Représentation suivant la méthode de Reduced Median Network des clusters de séquences d'ADN mitochondrial rencontrées en Europe, Afrique et Moyen Orient (Troy et al. ; 2001)

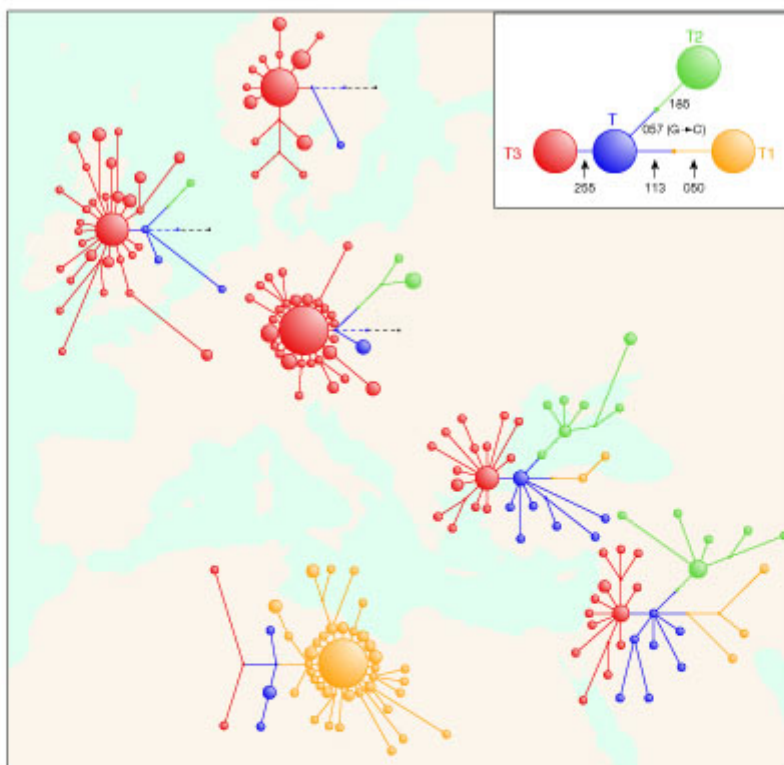


Figure 2. *B. taurus* mtDNA reduced median networks constructed from six regional haplotype groups. Inset, The relationships of the four central, primary *B. taurus* haplotypes, T, T1, T2 and T3. T is defined by a transition at position 16,255 from the reference sequence¹⁵; T1 by transitions at 16,050, 16,113 and 16,255; T2 by transitions at 16,185 and 16,255 plus a G to C transversion at 16,057; and T3 is identical to the reference sequence. The spatial arrangement of the skeleton network and the colour codes are preserved in the full data networks (placed in the region of origin on the background map). The samples are grouped as originating in the Middle East, Anatolia, mainland Europe, Britain, western-fringe Europe and Africa. Reduced median phylogenetic networks were constructed manually. Haplotypes encountered in each region (coloured circles) and unsampled intermediate nodes or unsampled primary haplotypes (small points) are shown. Circle areas are proportional to haplotype

frequencies and colour coding indicates which of the four skeleton network haplotypes they root to. Most (71%) sites that were reduced correspond to the hypermutable sites identified above, and are underlined below. Networks were reduced at the following positions: Anatolian sequences, 16,050, 16,057, 16,074, 16,110, 16,113, 16,138, 16,247 and 16,248; Middle-Eastern sequences, 16,049, 16,050, 16,058, 16,074, 16,085, 16,109, 16,113, 16,121, 16,122, 16,200, 16,231, 16,247 and 16,260; Continental Europe sequences, 16,110, 16,164 and 16,260; British sequences, 16,049, 16,050, 16,057, 16,074, 16,109, 16,113, 16,122, 16,127 and 16,138. The Western Europe network did not require resolving. Geographical distribution of the four haplogroups is clear. T3 predominates in Europe and along with T and T2 comprises almost all Near-Eastern variation. Haplogroup T1 dominates African diversity but is scarcely represented elsewhere.

Annexe 10. Protocole de synchronisation des chaleurs sur vaches allaitantes Créoles

La méthode principale consiste en l'utilisation de la méthode CRESTAR®, applicable sur tout type de femelles. Une alternative peut être le recours à l'injection de prostaglandines chez les femelles cycliques. Enfin il peut être intéressant de prendre en compte l'effet d'un retrait temporaire du veau sur l'apparition des chaleurs (effet « Shang » ; Gauthier et al., 1983), dans la mesure où des manipulations des lots se traduisent par cet événement (contrôle laitier).

1. Méthode CRESTAR® (INTERVET – INRA)

Elle s'applique indifféremment aux femelles en activité sexuelle ou non. Elle se traduit par l'apparition de chaleurs synchronisées sur les femelles d'un même lot de traitement. Son principe est de simuler la présence d'un corps jaune (implant délivrant un analogue de la progestérone), puis l'effet lutéolytique de la PMSG (injectée en même temps que le retrait de l'implant source de progestagène). L'apparition des chaleurs intervient environ 48 h après le retrait de l'implant + injection de PMSG.

Mode d'utilisation :

Ne pas poser d'implant sur des vaches moins de 45 j après vélage.

La durée de présence de l'implant peut être comprise entre 9 et 11 j.

Après le retrait, les implants Crestar doivent être brûlés et enterrés.

La dose de PMSG à employer (en injection I.M.) a été fixée arbitrairement, d'après la notice d'emploi de la méthode et les résultats observés à Gardel, à :

400 UI pour les vaches créoles adultes,

300 UI pour les génisses créoles.

Le moment d'insémination a été déterminé empiriquement, d'après la notice d'emploi de la méthode et des essais menés à Gardel.

Une IA (unique) peut intervenir entre 48 h et 72 h après retrait d'implant.

Pour une meilleure réussite il peut être utile de pratiquer une double IA, à 48 h et 72 h.

Le calendrier appliqué à Gardel tient compte des jours ouvrés :

Pose d'implant	(J0)	Lundi	Jeudi	Vendredi	Vendredi
Retrait PMSG	+	Mercredi (J9)	Lundi (J11)	Lundi (J10)	Mardi (J11)
Insémination	+48h +72h	Vendredi	Mercredi Jeudi	Mercredi Jeudi	Jeudi Vendredi

Les retours éventuels peuvent être observés à partir du 15^{ème} jour après IA.

2. Injection de prostaglandines

Le produit utilisé est un analogue de la PgF2 α , commercialisé sous le nom commercial de PROSOLVIN ® (INTERVET). Son administration entraîne la disparition d'un corps jaune fonctionnel. Il peut donc être utilisé pour l'induction des chaleurs sur des génisses ou des vaches adultes cycliques, en phase lutéale. Pour une synchronisation de chaleur dans un lot, deux injections à un intervalle de 11 j environ sont nécessaires. Les chaleurs interviennent dans les 3 à 4 jours après la deuxième injection.

Mode d'emploi :

Appliquer Prosolvin sur des femelles cycliques ou supposées telles :
 femelles ayant été vues en chaleurs récemment ;
 génisses ayant un poids et un gain de poids suffisant ;
 vaches au delà de 45 j après vélage et en état corporel suffisant.

Appliquer Prosolvin sur des femelles dont on est sûr qu'elles ne sont pas gestantes.

Sur des femelles gestantes, PROSOLVIN peut entraîner un avortement et des complications (rétention placentaire, métrite).

La dose à employer (en injection I.M.) est fixée par la notice d'emploi à :

vache : 2 ml (15 mg)

génisse : 1 ml (7,5 mg)

Les inséminations sont à réaliser dès les premières manifestations des chaleurs.

En l'absence de détection des chaleurs, il faut pratiquer deux inséminations 72 et 96 h après la deuxième injection.

Une seule insémination à 72 h après la deuxième injection est possible mais donne une moins bonne réussite.

Le calendrier suivant peut être appliqué à Gardel :

1° injection	(J0)	Lundi	Mardi	Mercredi	Jeudi	Jeudi	vendredi	Vendredi
2° injection		Vendredi (J11)	Vendredi (J10)	Lundi (J12)	Lundi (J11)	Mardi (J12)	Lundi (J10)	Mardi (J11)
Insémination	+72h +96h	Lundi Mardi	Lundi Mardi	Jeudi Vendredi	Jeudi Vendredi	Vendredi	Jeudi vendredi	Vendredi

Annexe 11. Structure et Dictionnaire des fichiers de données zootechniques

Fichier « Reproduction »

NUM	numéro de la vache
RR	rang de reproduction (numéro de reproduction de la vache))
CP	campagne de reproduction (année - trimestre)
AV	note d'état corporel avant
AR	note d'état corporel arrière
DATE	date de référence (date de mise bas ou date de sortie, suivant le code remarque; en absence de mise bas, le champ DATE est vide et RMQ = 'VD')
RV	rang de vêlage (numéro de mise bas de la vache)
RMQ	remarque: si rien = la variable 'date' est celle de la mise bas; AV = Avortement, CE = Césarienne , MT = morte, RF = Réforme, VE = Vente
MALE1	nom du taureau 1
R1	race du taureau 1
M1	mode de reproduction 1 (MN = Monte Naturelle; IA = Insémination Articielle)
L1	lot 1
ENTREE	date d'entrée du taureau 1
SORTIE	date de sortie du taureau 1
MALE2	nom du taureau 2
R2	race du taureau 2
M2	mode de reproduction 2 (MN = Monte Naturelle; IA = Insémination Articielle)
L2	lot 2
ENTREE	date d'entrée du taureau 2
SORTIE	date de sortie du taureau 2
MALE3	nom du taureau 3
R3	race du taureau 3
M3	mode de reproduction 3 (MN = Monte Naturelle; IA = Insémination Articielle)
L3	lot 3
ENTREE	date d'entrée du taureau 3
SORTIE	date de sortie du taureau 3
MALE4	nom du taureau 4
R4	race du taureau 4
M4	mode de reproduction 4 (MN = Monte Naturelle; IA = Insémination Articielle)
L4	lot 4
ENTREE	date d'entrée du taureau 4
SORTIE	date de sortie du taureau 4
SAILLIE1	date de saillie 1
SAILLIE2	date de saillie 2
SAILLIE3	date de saillie 3
SAILLIE4	date de saillie 4
RETOUR	date de retour en chaleur (hors de campagne de reproduction normale)
DG	date de diagnostic de gestation
M	mode de diagnostic de gestation
R	résultat du diagnostic de gestation

Fichier « Etat-Civil »

NUM	numero de travail
IPG	numero national
S	sexe (1=male, 2=femelle)
R	race (55=créole, 39=croisé, 34=limousin, 38=charolais, 79=blonde, 81=brahman)
PERE	nom ou numero de travail du père
NPERE	numéro national du père
RACEP	race du père
MERE	nom ou numero de travail de la mère
NMERE	numéro national de la mère
RACEM	race de la mère
ORIG	origine (N=né, A=acheté, E=echange, P=prêt, I=IA, F= père fictif)
ENTREE	date d'entrée (si origine différente de N)
NAISSANCE	date de naissance si connue
PDS NAIS.	poids de naissance
RANG	rang de vêlage de la mère
JUM	jumeau (J)
SORTIE	date de sortie
CAUSE	cause de sortie (MN=mort né, MT=mort, AB=abattu, VE=vente, ...)
LOTINV	lot d'inventaire (si présent actuellement)
GS	numéro de dossier groupe sanguin
ADN	numéro de dossier filiation par analyses ADN

Fichier « Croissance en allaitement »

NUM	numero de travail du veau
LOT	lot d'allaitement
DN	date de naissance
PN	poids de naissance
D2	date de pesée 2
P2	poids 2
....	
D9	date de pesée 9
P9	poids 9
DS	date de sevrage
PS	poids de sevrage

Fichier « Croissance post-sevrage »

NUM	numero de travail
LOT	lot d'engraissement
D1	date 1
P1	poids1
...	
D20	date 20
P20	poids20
DFIN	date de fin
DEST	destination

Annexe 12. Protocole de mesures à l'abattage et sur les carcasses de bovins Créoles

Des abattages sont généralement programmés à la fin des différents lots d'engraissement au Domaine de Gardel. Le présent mode opératoire a pour but de préciser l'enchaînement des opérations dans le cadre de l'abattage et des mesures sur les carcasses réalisées à l'abattoir. Il est accompagné de figures illustrant les mesures effectuées et des fiches standard d'enregistrement.

Ces mesures, intéressant la production de viande, concernent les caractéristiques pondérales et qualitatives des carcasses (conformation, composition). Elles peuvent être accompagnées d'observations, de mesures ou de prélèvements complémentaires, qui seront décrits dans d'autres modes opératoires.

Préparation de l'abattage.

Au Domaine de Gardel.

Une pesée du lot d'animaux permet de fixer la fin de l'engraissement, et de prévoir un planning d'abattage. Cette planification est effectuée en liaison avec le responsable du protocole, le directeur du Domaine de Gardel et le responsable des troupeaux bovins, le directeur de l'UEPSA et le responsable de l'abattoir.

Des mensurations en vif peuvent être programmées sur l'ensemble d'un lot en fin d'engraissement, suivant un mode opératoire séparé.

Les animaux à abattre dans la semaine sont isolés et pesés le plus près possible de leur envoi à l'abattoir. Ce poids détermine le poids fin d'engraissement de chaque animal.

Plusieurs séries d'animaux à abattre la même semaine peuvent être regroupées pour simplifier le transport (par exemple : transport le lundi des animaux à abattre le mardi et le jeudi).

Transport et réception des animaux.

Les animaux à abattre sont transportés à Duclos après avoir été isolés et pesés, le plus près possible du jour d'abattage.

Plusieurs séries d'animaux à abattre peuvent être amenés à Duclos simultanément, pour être abattus la même semaine. Ils sont placés en parc d'attente à proximité de l'abattoir.

Les animaux sont mis à jeun la veille de l'abattage.

Dans le cas où les animaux de plusieurs séries d'abattage sont convoyés le même jour, on veillera à mettre à jeun chaque série séparément (par exemple : le lundi pour ceux à abattre le mardi, le mercredi pour ceux à abattre le jeudi).

Les animaux conservés pour un abattage ultérieur seront alimentés et abreuvés dans le parc d'attente, jusqu'à leur mise à jeun.

A l'abattoir.

Les installations (Abattoir, chambre froide, salle de découpe) et le matériel pour l'abattage (cordes, couteaux, scie, crochets, seaux, bassines, poubelles, balances 60 kg et 10 kg, mètre, aiguille, pied à coulisse...) doivent être vérifiés et préparés à l'avance, sous la responsabilité du responsable de l'abattoir, pour être fonctionnel le matin de l'abattage.

Abattage et mesures « à chaud » (1^{er} jour – voir fiche abattage)

Pesée de l'animal vif, à jeun, juste avant l'abattage

Abattage, saignée et dépeçage

Pesée des éléments du 5^{ème} quartier² :

Sang, tête (langue et cornes incluses), cuir, pattes (les 4)

Os canon avant et arrière gauche

Organes, pesés séparément : testicules, poumons, cœur, rate, foie, rognons

Eventuellement : mamelle, tractus génital femelle (fœtus + enveloppes inclus)

Tube Digestif plein

Différents compartiments vidés et lavés : Panse + réseau, feuillet, caillette, intestins

Tissus adipeux : cœur, rognons, péritoine, mésentère

(Conserver le gras de rognon en chambre froide jusqu'au lendemain)

Autres organes et déchets, pesés ensembles : nerf, vessie, fiel, émoussage, autres déchets

Découpe en demi carcasses droite et gauche (coté gauche = coté queue)

Mensurations sur les ½ carcasses, droite et gauche³

(voir schéma et repères anatomiques en annexe)

Longueur totale (B-E)

Profondeur de poitrine interne (F-G) et externe (F₂-G₂)

Découpe en pan avant (5 côtes) et pan traité à 8 côtes (pan arrière)

Pesée des demi carcasses chaudes, droite et gauche (pans avant + arrière ensembles)

Mesures sur les carcasses froides (2^{ème} jour – voir fiche carcasse)

Pesée des demis carcasses froides (pans avant + arrière ensembles)

Découpe et pesées séparées :

queue, onglet, hampes (les 2), gras de panoufle (les 2)

pan avant et pan traité du côté gauche (côté queue)

Pesée du gras de rognon froid

Mensurations sur chacune des ½ carcasses (droite et gauche)

(voir schéma et repères anatomiques en annexe)

Longueur Jarret Symphyse (A-B)

Longueur des reins (LR1 = B-R ; LR2 = R-D ; LR3 = B-D)

Epaisseur des faux filets (4 mesures, FF1, FF2, FF3, FF4, aux points I, I', H, H')

Epaisseur de cuisse (CU au niveau du point C)

Prélèvement et dissection des 6^{ème} et 11^{ème} côtes (coté gauche) :

pesée des côtes entières, puis des tissus séparés (os, gras, long dorsal, autres muscles)

Eventuellement en vue d'analyses de qualité des viandes (suivant protocole séparé) :

prélèvements de morceaux de muscles, conditionnés individuellement sous film plastique, puis placés en sachet individuel et stockés au congélateur.

² Le protocole standard appliqué à Theix prévoit la pesée séparée des éléments suivants du 5^{ème} quartier, qui ont été regroupés pour simplifier les mesures :

pieds avant, pieds arrière	-> pesés ensemble ;
cornes, langue	-> pesés avec la tête ;
nerf, fiel, vessie, émoussage	-> pesés avec les déchets ;
fœtus et enveloppes	-> pesés avec le tractus génital femelle (le cas échéant).

³ L'abattage s'achève normalement à ce stade, avec la pesée des demi carcasses entières. Compte tenu de la disposition du rail de transport des carcasses et de la balance, chaque demi carcasse doit être découpée en quartiers avant et arrière, et certaines mensurations doivent être réalisées à ce stade.

Saisie et vérification des données

Saisie sous Excel des différentes variables brutes enregistrées sur les fiches d'abattage et de carcasse (voir annexes : dictionnaire des variables).

Calcul et validation de différents paramètres :

Ces calculs permettent :

d'une part de vérifier les valeurs enregistrées à l'abattoir et de détecter d'éventuelles erreurs de mesures ou de notation,

d'autre part d'évaluer des paramètres techniques sur la production de viande obtenue.

Un modèle de classeur Excel (abat.xlt) a été constitué pour faciliter la saisie et les calculs de paramètres techniques.

Paramètres	Mode de calcul	Résultat
Tube digestif vide (TD vide)	= (panse & réseau) + feuillet + caillette + intestins + gras de mésentère + gras de péritoine	
Contenu du tube digestif	= Tube digestif plein - TD vide	~ 15 % PV*
Poids vif vide	= poids vif – contenu du tube digestif	~ 85 % PV*
Poids de carcasse chaude	= ½ carcasse chaude G. + ½ carcasse chaude D.	55 – 60 %
Rendement « vrai »	= Poids de carcasse chaude / poids vif vide * 100	
Poids de 5 ^{ème} quartier	= Somme des éléments du 5 ^{ème} quartier (voir fiche) (dont TD vide et non TD plein)	~ 25 % PV
Poids vif vide reconstitué	= poids de carcasse chaude + 5 ^{ème} quartier	PVV +/- 3 %
Poids vif reconstitué	= poids de carcasse chaude + 5 ^{ème} quartier + contenu du tube digestif	Poids vif +/- 3 %
½ carcasse froide G. reconstituée	= Pan avant + Pan arrière + queue + onglet + ½ hampe + ½ gras de panoufle	½ carcasse froide G +/- 3 %
Poids de carcasse froide	= ½ carcasse froide G. + ½ carcasse froide D.	~ 98% PCC*
Rendement « commercial »	= Poids de carcasse froide / poids vif * 100	45 – 50 %
Mensurations moyennes	= Moyenne des deux mesures séparées G. et D. pour LT, PPE, PPI, LR1, LR2, LR3, EC, JS = moyenne des 8 mesures FF1 à FF4 (D. et G.) pour épaisseur de Faux Filet (FF)	
Ecart relatif entre mesures	= écart entre les deux mesures G. et D. en % de leur moyenne	< 5%
Poids de 6 ^{ème} ou 11 ^{ème} côte reconstituée	= Long dorsal + autres muscles + gras + os (pour chacune)	Poids total +/- 3%
Composition des côtes % muscle % gras % os	(pour 6 ^{ème} ou 11 ^{ème} côte séparément) = (Long Dorsal + autres muscles) / poids reconstitué = gras / poids reconstitué = os / poids reconstitué	
Indice de gras	= gras de rognon froid / poids de carcasse froide * 100	
Indices de développement musculaire	1. = poids de carcasse froide / (LT + JS) 2. = (somme des FF) / (LT + JS) 3. = Epaisseur Cuisse / Jarret-Symphyse	
Indice d'os	= Poids de carcasse / canon AV G	

* PV = poids vif avant abattage / PCC = poids de carcasse chaude

FICHE ABATTAGE DE BOVINS

<u>N° ANIMAL</u>	:	POIDS VIF	:
SEXE	:	RACE	:
DATE D'ABATTAGE	:	HEURE	:

5^{ème} QUARTIER

SANG	:	TETE	:
PATTES (LES 4)	:	CUIR	:
CANON AV. G	:		
CANON AR. G	:	GRAS CŒUR	:
		GRAS ROGNONS	:
CŒUR	:		
POUMONS	:	GRAS PERITOINE	:
RATE	:	GRAS MESENTERE	:
FOIE	:		
ROGNONS	:	T. DIGESTIF PLEIN	:
TESTICULES	:	PANSE + RESEAU	:
MAMELLE	:	FEUILLET	:
TRACTUS GENITAL	:	CAILLETTE	:
DECHETS	:	INTESTINS	:

POIDS CARCASSE CHAUDE
GAUCHE (coté queue) :
DROITE :

MENSURATIONS

LONGUEUR TOTALE (LT)	G. :	D. :
PROFONDEUR POITRINE		
INTERNE (PPI)	G. :	D. :
EXTERNE (PPE)	G. :	D. :

FICHE CARCASSE DE BOVINS

N° ANIMAL :**DATE DE MESURE** : **HEURE** :**POIDS CARCASSE FROIDE**

GAUCHE (coté : **DROITE** :
queue)

DECOUPE DE CARCASSE (côté gauche)

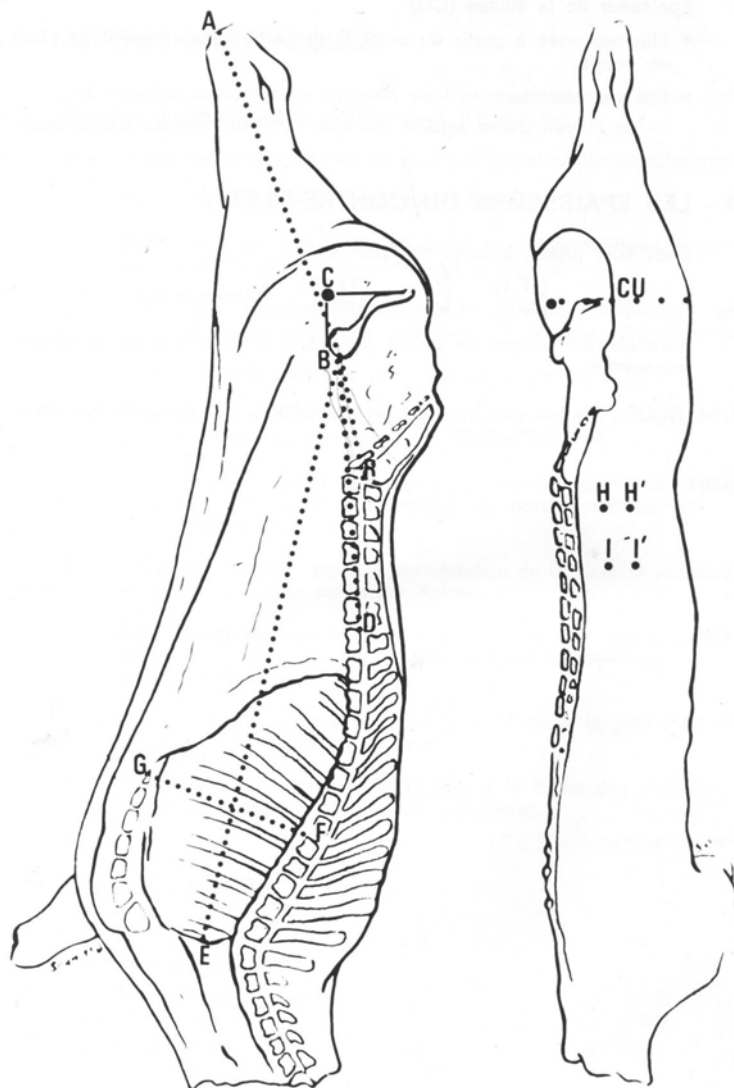
PAN AVANT (5 :
côtes)

PAN TRAITE (8 :
côtes)

QUEUE :**ONGLET** :**HAMPE (les 2)** :**GRAS** de : **GRAS de ROGNON** :**PANOUFLE****MENSURATIONS****LONGUEUR REIN**Symphyse - 6° lombaire = **LR1** **G. :** **D. :**1° - 6° vertèbre lombaire = **LR2** **G. :** **D. :**Symphyse - 1° lombaire = **LR3** **G. :** **D. :****(FF1** **G. :** **D. :****EPAISSEURS DE (FF2** **G. :** **D. :****FAUX- FILET(FF3** **G. :** **D. :****(FF4** **G. :** **D. :****EPAISSEUR CUISSE (EC)** **G. :** **D. :****JARRET SYMPHYSE (JS)** **G. :** **D. :****EPAISSEUR GRAS DORSAL** **G. :** **D. :****DISSECTION****11^{ème} côte****6^{ème} côte****POIDS TOTAL****LONG DORSAL****AUTRES MUSCLES****GRAS****OS**

SCHEMA DE MENSURATIONS SUR LES CARCASSES DE BOVIN

(d'après Legras P. et Schmitt O., 1973 : La viande bovine ; ITEB Paris, 104 pp)



Longueur totale (LT) : E.B.

Profondeur interne (PI) : F.G.

Longueur jarret-symphyse (JS) : A.B.

Longueur du rein :

Abréviations (LR1) : B.R.

(LR2) : R.D.

(LR3) : B.D.

Epaisseur de la cuisse (CU) : en C

Epaisseurs du contre-filet :

I (FF1) H (FF3)

I' (FF2) H' (FF4)

REPERES ANATOMIQUES POUR LES MENSURATIONS

(d'après Legras P. et Schmitt O., 1973 : La viande bovine ; ITEB Paris, 104 pp)

A - REPERES ANATOMIQUES

Les repères anatomiques suivants sont proposés comme bases des diverses mensurations de longueur et d'épaisseur :

- A - Milieu de la face interne du plan d'articulation tarse-métatarse.
 - B - Bord antérieur de la symphyse pubienne.
 - C - Sommet du triangle rectangle ayant pour hypoténuse la plus grande dimension de la symphyse pubienne.
 - D - Limite des vertèbres lombaires et dorsales considérée au centre du canal médullaire rachidien (13^{ème} dorsale, 1^{ère} lombaire).
 - E - Milieu du bord antérieur apparent de la première côte.
 - F - Bord inférieur du canal rachidien, au niveau de l'articulation des 5e et 6e vertèbres dorsales.
 - G - Intersection du bord inférieur du cartilage sternal et d'une ligne passant par F et parallèle au bord postérieur de la cinquième côte.
 - H - Point externe défini dans le ~n médian de la sixième vertèbre lombaire (corps + apophyse épineuse).
 - H' - Point défini tel que H précédemment, mais à une distance égale à l'épaisseur de la sixième vertèbre lombaire (corps + apophyse épineuse).
 - I, I' - Points externes définis tels que H et H' dans le plan médian de la troisième vertèbre lombaire.
 - R - Milieu du canal rachidien considéré à la limite des vertèbres lombaires (sixième) et sacrées (première).
- I.T.E.B. - P. Le Guelte (14)

B - LES LONGUEURS

- Longueur totale (LT) : E.B.
- Profondeur interne (PI) : F.G.
- Longueur jarret-symphyse (JS) : A.B.
- Longueur du rein :
- Abréviations (LR1) : B.R.
- (LR2) : R.D.
- (LR3) : B.D.

C - LES EPAISSEURS

Épaisseur de la cuisse (CU)

- Elle est prise à partir du point C et perpendiculairement au plan de coupe.
 - Elle est réalisée :
- au moyen d'une aiguille, ou bien avec un compas d'épaisseur.

D - LES EPAISSEURS DU CONTRE-FILET

Elles sont prises à partir des points (abréviations):

- I (FF1) H (FF3)
- I' (FF2) H' (FF4)

parallèlement à l'axe de coupe, jusqu'à la rencontre avec l'apophyse transverse.

REMARQUE : Toutes ces mesures sont répétées sur chacune des deux demi-carcasses.

DICTIONNAIRE DES VARIABLES (1/2)

Nom de variable	unité	Format	Signification
Informations générales			
Animal		libre	Numéro animal porté sur la boucle d'identification
Poids vif	kg	----, --	Poids de l'animal vif, à jeun, juste avant abattage
Sexe			1 = mâle / 2 = femelle
Race			55 = créole / 39 = croisé / 34 = limousin
Date		jj/mm/aaaa	Date de l'abattage
Eléments du 5^{ème} quartier			
Sang	kg	---, ---	Tête entière (cornes et langue incluses) Les 4, si pesées séparément ; sinon, incluses avec poids de la tête
Tête	kg	---, ---	
Pattes	kg	---, ---	
Cuir	kg	---, ---	
C.AV gauche	g	-----	Canon Avant gauche
C.AR gauche	g	-----	Canon arrière gauche
Coeur	g	-----	
Poumons	g	-----	
Rate	g	-----	
Foie	g	-----	
Rognons	g	-----	
Testicules	g	-----	
Mamelle	g	-----	Le cas échéant
Tractus génital	g	-----	Y compris fœtus et enveloppes (le cas échéant)
Gr. cœur	g	-----	Gras de cœur
Gr. Rognon	g	-----	Gras de rognon chaud
Gr. Péritoine	g	-----	Gras de péritoine
Gr. Mésentère	g	-----	Gras de mésentère
TD plein	kg	---, ---	Tube Digestif plein
Panse + réseau	g	-----	Panse + réseau vidés et lavés
Feuillet	g	-----	Feuillet vidé et lavé
Caillette	g	-----	Caillette vidée et lavée
Intestins	g	-----	Intestins vidés et lavés
Déchets	g	-----	Déchets divers (y compris vessie, fiel, nerf, émoussage)
Poids de carcasse			
PCC	kg	----, --	Poids de carcasse <i>chaude</i> , côté gauche (queue) et droit
PCF	kg	----, --	Poids de carcasse <i>froide</i> , côté gauche (queue) et droit

DICTIONNAIRE DES VARIABLES (2/2)

Nom de variable	Unité	Format	Signification
Découpe (côté gauche)			
Pan Avant	kg	----,--	
Pan Traité (arr.)	kg	----,--	
queue	g	-----	
onglet	g	-----	
hampe	g	-----	
panoufle	g	-----	
Gr. rognon froid	g	-----	
Mensurations (mesurées de chaque côté)			
LT	cm	----,--	Longueur totale
PP int.	cm	----,--	Profondeur de poitrine interne
PP ext.	cm	----,--	Profondeur de poitrine externe
LR1	cm	----,--	Longueur de rein (BR)
LR2	cm	----,--	Longueur de rein (RD)
LR3	cm	----,--	Longueur de rein (BD)
FF1 à FF4	cm	--,--	4 mesures d'épaisseur du contre-filet (de chaque côté)
EC	cm	----,--	Epaisseur cuisse
JS	cm	----,--	Longueur jarret symphyse pubienne
Gras Dorsal	cm	--,--	Epaisseur de gras dorsal
Dissection de la 11^{ème} côte (gauche)			
11ème côte	g	-----	Poids total de la côte
Long Dorsal	g	-----	Muscle long dorsal isolé
Autres Muscles	g	-----	Autres muscles
Gras	g	-----	Gras
Os	g	-----	Os
Dissection de la 6^{ème} côte (gauche)			
6ème côte	g	-----	Poids total de la côte
Long Dorsal	g	-----	Muscle long dorsal isolé
Autres Muscles	g	-----	Autres muscles
Gras	g	-----	Gras
Os	g	-----	Os

Annexe 13 : Liste de publications

Publications en relation avec le thème de la thèse :

Miretti, M.M., Dunner S., Naves M., Contel E.P., Ferro J.A., 2003 : African-derived mtDNA in Spanish cattle (*Bos taurus*) is identical to the Central and South American most frequent haplotype. *Journal of Heredity* (soumis)

Naves M., Alexandre G., Leimbacher F., Mandonnet N., Menendez Buxadera A., 2001. Le point sur les programmes de gestion des ressources génétiques chez les espèces de ruminants dans la Caraïbe. *INRA Production Animale*, **14 (3)**: 181-192

Diman J.L., Marquis K., Naves M., 2001. La crianza bovina : caracterización de su diversidad técnico-económica, un reto para contribuir a su desarrollo sostenible en un territorio insular del Caribe. *XVII Reunión Latinoamericana de Producción Animal*. Ciudad Havana, Cuba, 20-23 noviembre 2001, TT14, 135

Diman J.L., Naves M., Marquis K., Alexandre G., Zebus M.F., 2002. Différenciation technico-économique des conduites d'élevage bovin viande en Guadeloupe. *9^{ème} Rencontres Recherche Ruminants*, 4-5 décembre 2002, Paris (France), 126

Diman J.L., Naves M., Alexandre G., Zébus M.F., 2003. The diversity of ruminant rearing systems in Guadeloupe - a strength or a weakness for local meat production ? *6th International Livestock Farming Systems Symposium*, Benevento, Italy, 26 - 29 August 2003

Miretti M.M., Pereira H.A., Ferro J.A., Contel E.P.B., Lara M.A., Poli M.A., Naves M.J., 2000. Mitochondrial D-loop nucleotide sequence variation in central and south american creole cattle breeds. *27th International Conference on Animal Genetics*, Minneapolis (USA), July 22-26, 2000

Miretti, MM; Poli, M; Martínez, G; Naves, M; Reynoso, G; Womack, J; de Carvalho, JH; Ferro, JA; Contel, EPB, 2002. Origin and distribution of mitochondrial haplotypes in american native cattle breeds (*Bos taurus*): phylogenetic network analysis. *48o Congresso Nacional de Genética*. Aguas de Lindoia, SP (Brésil), 17 - 20 de setembro de 2002, 57

Naves M., Leimbacher F., Alexandre G., Mandonnet N., 2000. Development of animal breeding strategies for the local breeds of ruminants in the French West Indies. *Workshop on Developing Breeding Strategies for Lower Input Animal Production Environments*. Bella, Italy, September 22-25, 1999 ; ICAR Technical Series n°3, Eds S. Galal, J Boyazoglu, K. Hammond, 379-385

Naves M., Menendez-Buxadera A., Shitalou E., 2000. Caracterización y mejora genética del bovino creole de Guadeloupe. *V Congreso Iberoamericano de Razas Autoctonas y Criollas*. Ciudad Habana, Cuba, 28 noviembre- 1 diciembre 2000

Naves M., Welcker C., 1999. Gestion et exploitation des ressources génétiques. *Table Ronde sur l'Agriculture Raisonnée, Cinquantenaire de l'INRA-CRAG*. Petit Bourg, Guadeloupe, 13 et 14 décembre 1999

Naves M., Welcker C., 2000. Les ressources génétiques locales: un atout pour une agriculture durable. *Colloque "l'Agriculture autrement: la qualité reconnue*. Ste Luce, Martinique, 18-20 octobre 2000. Chambre d'Agriculture de la Martinique Ed., 197-202

Naves M., N. Barré, A. Menendez-Buxadera, Y. Fréjaville, 2001. Variabilidad individual de la infestación por la garrapata *Amblyomma variegatum* en vacuno Créole de Guadeloupe.

XVII Reunión Latinoamericana de Producción Animal. Ciudad Havana, Cuba, 20-23 noviembre 2001. G58, 300

Naves M., Menendez Buxadera A., Mandonnet N., Fargetton M., Vallée F. 2002. Variability and genetic components of some productive traits in the creole cattle of Guadeloupe. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 19-23 August 2002, Montpellier (France), 2-40

Autres publications :

Alexandre G., Aumont G., Mainaud J.C., Fleury J., Naves M. 1999. Productive performances of guadeloupean Creole goats during the suckling period. *Small Ruminants Research*, **34 (2)**, 157-162

Alexandre G., Aumont G., Mandonnet N., Fleury J., Naves M., 1999. La chèvre Créole de Guadeloupe (F.W.I.) : une ressource génétique importante pour les Tropiques humides. *Bulletin d'Information sur les Ressources Génétiques Animales*. **26**, 45-55

Naves M., Menendez Buxadera A., Alexandre G., Mandonnet N. 2001. Etude comparative sur la méthodologie d'estimation des poids à age type avant sevrage appliquée aux caprins Créoles producteurs de viande. *Rev Elev. Méd. Vét. Pays trop.*, **54 (1)**: 81-87

Alexandre G., Gau D., Coppry O., Aurore P., Naves M., Shitalou E., 2000: Pratiques de commercialisation des caprins sur le marché de la viande par les éleveurs et les bouchers en Guadeloupe. *7ème Conférence Internationale sur la Chèvre*, Tours - Poitiers, France, 15-21 Mai 2000, **2**, 522-524

Gau D., Naves M., Alexandre G., Shitalou E., Mandonnet N., 2000. Systèmes de production et orientations génétiques en élevage caprin en Guadeloupe. *7th International Conference on goats*, Tours, France, 14-20 Mai 2000, **1**, 367-370

Mandonnet N., Alexandre G., Aumont G., Menendez-Buxadera A., Naves M., Shitalou E., 2000. Promoción de la selección de la cabra creole de guadeloupe para mejorar su comportamiento. *V Congreso Iberoamericano de Razas Autoctonas y Criollas*. Ciudad Habana, Cuba, 28 noviembre- 1 diciembre 2000, 85-87

Menendez-Buxadera A., Alexandre G., Mandonnet N., Naves M., Aumont G., 2000. Kidding day in creole goats of Guadeloupe : character related to production efficiency, is it a new selection criterion ? *7ème Conférence Internationale sur la Chèvre*, Tours - Poitiers, France, 15-21 Mai 2000, **1**, 253-255

Menendez Buxadera A., Alexandre G., Mandonnet N., Naves M., Aumont G., 2000. The genetic variability of some reproduction traits in dairy cattle and goats under tropical conditions in Cuba and Guadeloupe. *7th International Conference on goats*, Tours-Poitiers, France, 15-21 Mai 2000. Symposium satellite 5 (2) Reproduction in the tropics and sub-tropics, **2**, 1041

Menendez Buxadera A., Alexandre G., Mandonnet N., Naves M. and Aumont. G. 2002. Genetic components in individual economical characters related to partial and lifetime production level in creole meat goats. *7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 19-23 August 2002, Montpellier (France), 2-33