

SOMMAIRE

	Pages
INTRODUCTION.....	1
PREMIERE PARTIE : RAPPELS	
I.Race Renitelo	3
I.1Création de la race Renitelo	3
I.2 Sélection au sein de la race R3	6
I.3.Caractéristiques et performance de la race R3	7
I.4 Elément de la génétique des R3.....	15
II.Analyse démographique et génétique	16
II.1.Evaluation de la dynamique d'un troupeau	16
II.2.Analyse de la généalogie.....	18
DEUXIEME PARTIE : METHODES ET RESULTATS	
I.Méthodes.....	23
I.1.Zone d'étude	23
I.2.Type d'étude	26
I.3.Durée de l'étude.....	26
I.4.Période étudiée.....	26
I.5 Population d'étude.....	26
I.6.Mode d'échantillonnage	27
I.7.Variables étudiées.....	27
I.8.Modes de collectes de données.....	30
I.9.Analyses des données	30
I.10.Analyses Statistiques	35
I.11.Limites de l'étude.....	35
II.Résultats.....	36
II.1.Structure démographique	37
II.2.Taux démographiques	39
II.3.Paramètre d'exploitation numérique du troupeau R3.	41

II.4.Variabilité génétique.....	43
II.5.Effets de la consanguinité sur les performances.....	51

TROISIEME PARTIE : DISCUSSION

DISCUSSION.....	55
------------------------	----

CONCLUSION	72
-------------------------	----

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

ANNEXES

LISTE DES TABLEAUX

		Pages
Tableau I	: Synthèse des résultats des croisements de métissages ALZ x ALZ montrant.....	5
Tableau II	: Evolution du poids des Renitelo élites et Zébus malagasy.....	10
Tableau III	: Croissance pondérales moyennes des R3.....	10
Tableau IV	: Taux de vêlage (%) des Renitelo de 1960 à 1971.....	12
Tableau V	: Taux de fécondité des troupeaux élites et troupeaux en reproduction libre.....	14
Tableau VI	: Mortalité des Renitelo à Kianjasoa de 1961 à 1970.....	14
Tableau VII	: Causes de mortalités des R3 de 1961 à 1970.....	14
Tableau VIII	: Classification des Renitelo selon le pourcentage de sang ALZ.....	15
Tableau IX	: Liste des variables explicatives.....	28
Tableau X	: Liste des variables réponses.....	29
Tableau XI	: Evolution de la structure du pourcentage de sang du troupeau R3.....	37
Tableau XII	: Mortalité globale et variation périodique chez les différentes classes d'âge.....	40
Tableau XIII	: Principales causes de mortalité des R3.....	41
Tableau XIV	: Exploitation des différentes classes d'âge et causes d'exploitation du troupeau R3.....	42

Tableau XV	:	Productivité numérique du troupeau R3 selon les périodes.....	43
Tableau XVI	:	Connaissance de la généalogie pour la population de référence et les animaux nés entre 1999 et 2006.....	44
Tableau XVII	:	Répartition des R3 selon le niveau de consanguinité moyen.....	46
Tableau XVIII	:	Comparaison de la consanguinité moyenne des R3 nés entre 1999 et 2013	46
Tableau XIX	:	Intervalle de génération des R3 nés entre 1999 à 2013.....	48
Tableau XX	:	Effectif génétique à partir de l'EqG et de l'accroissement de la consanguinité.....	48
Tableau XXI	:	Coefficient de parenté moyen femelle x femelle, mâle x femelle et mâle x mâle des R3 présents en fin 2013.....	49
Tableau XXII	:	Classification des mâles R3 selon les coefficients de parenté moyen.....	50
Tableau XXIII	:	Classification des femelles R3 selon les coefficients de parenté moyen.....	50
Tableau XXIV	:	Régression linéaire du poids à âge fixe avec le coefficient de consanguinité des mâles R3.....	51
Tableau XXV	:	Régression linéaire du poids à âge fixe avec le coefficient consanguinité des femelles R3.....	52
Tableau XXVI	:	Régression linéaire du GMQ avec le coefficient de consanguinité des mâles.....	53
Tableau XXVII	:	Régression linéaire du GMQ avec le coefficient de consanguinité des femelles.....	53
Tableau XXVIII	:	Régression linéaire de l'âge au premier vêlage avec le coefficient de consanguinité.....	54
Tableau XXIX	:	Régression linéaire de l'IVV avec le coefficient de consanguinité	54

LISTE DES FIGURES

	Pages
Figure 1 : Plan de croisement des ALZ de première génération.....	4
Figure2 : Schémas d'utilisation des taureaux.....	7
Figure 3 : Taureau R3.....	8
Figure 4 : Vache R3.....	9
Figure 5 : Taux démographiques.....	17
Figure 6 : Schéma d'obtention d'un individu consanguin	19
Figure 7 : Schématisation de l'obtention d'un individu consanguin avec plusieurs ancêtres communs éloignés.....	20
Figure 8 : Carte de la région Bongolava	23
Figure 9 : Pyramide des âges du troupeau R3.....	38
Figure 10 : Evolution du taux de fécondité (%).	39
Figure 11 : Répartition des naissances en fonction des mois.....	39
Figure 12 : Pourcentage d'ancêtre connus par générations.....	45
Figure 13 : Evolution de la consanguinité moyenne annuelle des R3 nés entre 1999 et 2013.....	47

LISTE DES ABREVIATIONS

- ALZ : Africander Limousin Zébu
- CNB : Croît numérique brut
- CNN : Croît numérique net
- DRZV : Département de Recherche et de zootechnie Vétérinaire
- EqG : Equivalent génération
- F : Consanguinité
- FAO : Food and agriculture Organization
- GMQ : Gain moyen quotidien
- GI : Génération Intervalle
- IVV : Intervalle vêlage-vêlage
- Ne : Taille efficace de la population
- R3 : Renitelo
- TEN : Taux d'exploitation numérique
- ΔF : Variation de la consanguinité

INTRODUCTION

INTRODUCTION

L'amélioration génétique des bovins est longtemps utilisée pour optimiser la production de viande, de lait ou de force pour les travaux de champs. Elle peut être induite de plusieurs façons, entre autre la sélection et le croisement.

Selon le «World Watch List for animal diversity», 255 races bovines ont déjà disparus [1]. En France, les croisements entre la race Charolaise, la Blonde d'Aquitaine, la Limousine, la Maine-Anjou et la Blanc-Bleue Belge ont donné naissance à une race à viande synthétique sous le nom « Inra 95 ». Cette race a été classée parmi les races en danger en 1994 avec un maximum de 1000 têtes [1].

En Angola, la race Damara était classée parmi les animaux domestiques en danger critique en 1994 avec un cheptel inférieur à 100 têtes. Au Bénin, la Pabli était absorbée par la race Borgou, et au Togo l'Avétonou, race composite à 25% Brown Mountain, 50% N'Dama et race locale, a disparu à cause de la sensibilité à la trypanosomiase [1]. En 1999, sur les 251 races de bovidés d'Afrique, 24 ont été disparus et 9 en danger critique [2].

Après l'introduction des nouvelles races européennes à Madagascar au début des années 1930, les recherches en matière d'amélioration de la performance des races locales se sont intensifiées jusqu'à la création d'une race appelée Renitelo. La race Renitelo est une race composite issue de croisement entre Zébu local, Limousin et Afrikander, créée depuis 1929 dans la station de recherche basée à Kianjasoa, [3].

La race Renitelo est une race à viande à croissance rapide qui pèse deux fois plus que les Zébus malagasy à six ans d'âges dans les bonnes conditions d'élevage [3]. Une vulgarisation de cette race peut freiner, à long terme, la diminution du cheptel bovin national par le raccourcissement de la durée d'élevage et par la réduction des abattages, qui ne cessent d'augmenter avec les demandes nationales et internationales en viande bovine malagasy.

Entre 1964 et 1970, la diminution de l'effectif de cette race a été due à l'échec de la vulgarisation et à la sélection, qui ont contribué à l'augmentation du coefficient moyen de consanguinité à un niveau maximal de 15,6% [4]. L'effectif était estimé à 405 animaux Renitelo de race pure en 1981 [5]. La race était classée parmi les races en

danger en 1989[2]. La connaissance exacte de la variabilité génétique, elle-même liée au rythme de croissance démographique, est peu connue chez les troupeaux de Renitelo à Kianjasoa. A notre connaissance, aucune étude de la consanguinité, par analyse de la généalogie, n'a été faite chez la race Renitelo au cours des trente dernières années.

Cette étude est nécessaire pour la définition des stratégies de conservation et de gestion de cette race, qui était une priorité nationale en 2003 pour l'élaboration des politiques de ressources génétiques animales [6]. Elle permettra de cibler les paramètres à améliorer et d'élaborer des nouveaux plans de croisements pour la conservation de la race Renitelo.

L'hypothèse posée dans cette étude est que le troupeau Renitelo de Kianjasoa est un troupeau en décroissance numérique qui subit une dépression consanguine par perte de la diversité génétique.

L'objectif général de l'étude est de connaître la situation démographique et génétique actuelle du cheptel Renitelo de la station de recherche de Kianjasoa.

Cette étude va d'abord analyser la structure et l'évolution de la croissance démographique du troupeau Renitelo, puis analyser la variabilité génétique, analyser les effets de la consanguinité et enfin identifier les reproducteurs potentiels pour les futurs croisements.

Pour atteindre ces objectifs, cette étude va comprendre les rappels en première partie, la méthodologie et les résultats en deuxième partie et va se terminer avec la discussion et les suggestions.

PREMIERE PARTIE : RAPPELS

I. Race Renitelo

I.1. Création de la race Renitelo

Le Haras de Kianjasoa fut créée en 1928 pour l'élevage des équidés. Les bovins Limousin et Afrikander, introduits en 1929, furent amenés à la station dans le but d'améliorer la performance des Zébus malagasy. Trente ans après leur introduction, une nouvelle race fut baptisée sous le nom de « Renitelo », connue sous le sigle « R3 ». Le R3 est un animal appartenant à la classe Mammalia, à la famille des Bovidae et à l'espèce *Bos taurus* [1] (Annexe I). Le terme R3 signifie « trois mères » en rapport aux trois races constitutives: Afrikander, Limousine et Zébu malagasy [4].

I.1.1. Croisement Limousin x Zébu

Des essais d'amélioration du Zébu à l'aide du Limousin, 10 taureaux et 6 vaches, furent tentés depuis 1930 par absorption jusqu'à la 4^{eme} génération puis par croisement de retrempe Zébu et croisement de retour à la race Limousine. L'effectif des Limousin-Zébu de 1^{ere} génération atteignait 550 têtes en 1940 et ils pesaient 100kg de plus que les Zébus de même âge. Plusieurs métis moururent et furent abattus à cause de leurs fortes sensibilités aux maladies à hématozoaires et à la streptothricose, surtout les animaux à haut degré de sang [3]. Ainsi il a été décidé d'arrêter les croisements d'absorptions [4].

I.1.2. Croisement Afrikander x Zébu

Le but de l'utilisation des Afrikander étaient d'obtenir des métis mieux adaptés aux conditions climatiques. Ces animaux, importés d'Afrique du sud en 1945 et 1949, sont naturellement soumis aux tiques du genre *Boophilus* et *Amblyoma*, qui transmettent les maladies à tiques comme la streptothricose. Le croisement entre Afrikander et zébus ont donné des métis de première génération très rustique en 1952. Néanmoins, la performance de croissance est inférieure à celle des métis Limousins, le long cornage n'est pas apprécié par les éleveurs et la viande était fade [4].

I.1.3. Croisement Afrikander x Limousin x Zébu (ALZ)

En 1946, des saillies accidentelles entre des femelles métisses Limousin-Zébu de première ou deuxième génération et taureaux Afrikander donnèrent des produits dont la conformation pour la boucherie était nettement supérieure à celle des métis Afrikander.

En 1952, il fut décidé de créer une race ayant une bonne qualité organoleptique, bien adaptée au pays, rustique et précoce [3].

I.1.3.1. Croisement ALZ de première génération

Les premiers ALZ ont été obtenus avec des mâles de race Afrikander, métis Afrikander-Zébu et métis Limousin-Zébu croisés avec des femelles limousin-zébu de 1^{ère} et 2^{ème} génération. Trois groupes de métis ALZ étaient obtenus par croisement d'absorption (Figure 1).

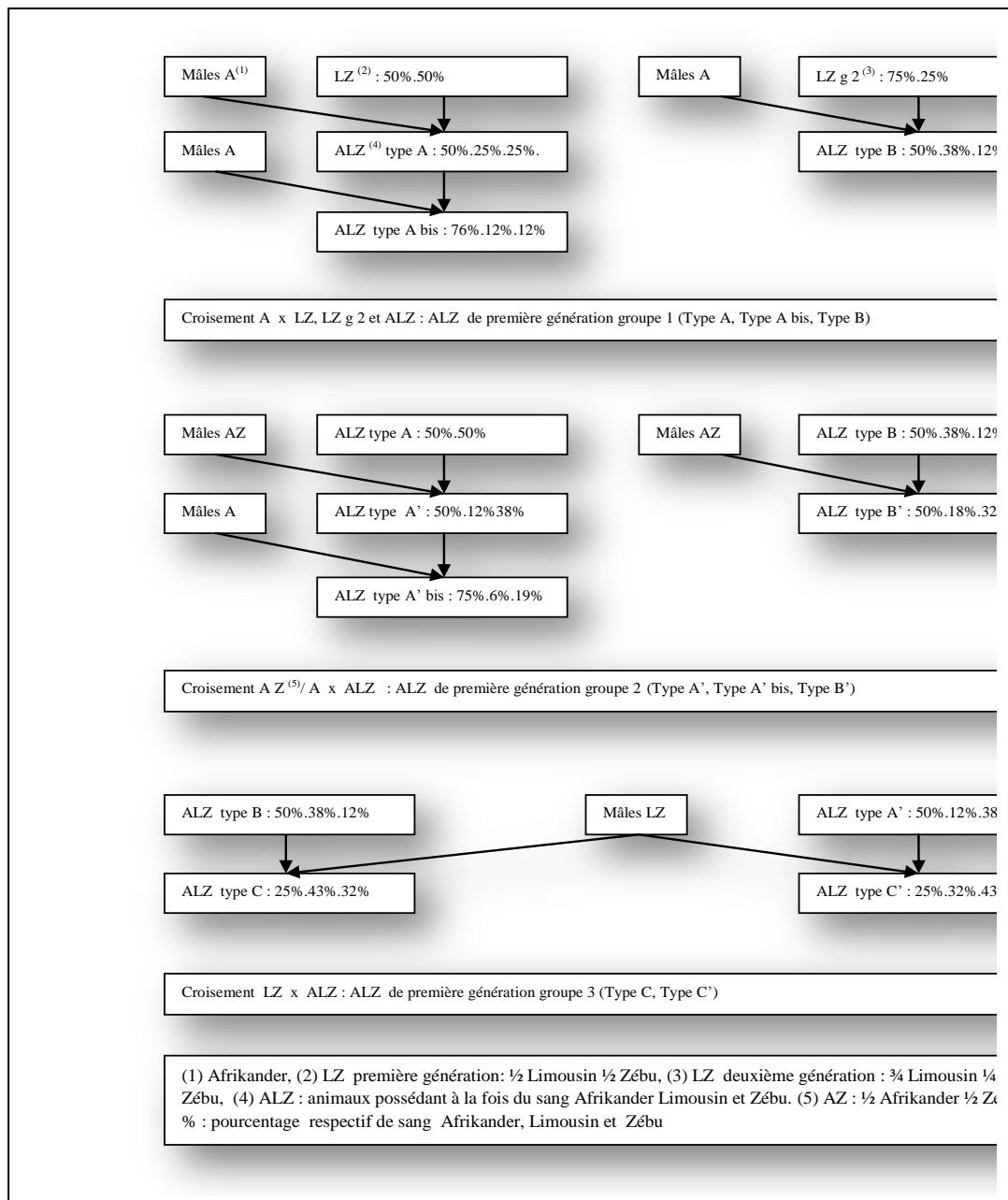


Figure 1: Plan de croisement des ALZ de première génération [3]

I.1.3.2. Croisement ALZ de deuxième génération

Les métis ALZ de première génération furent croisés entre eux de 1956 à 1962. Les mâles de types B, B', C' et les femelles de types A, A' et B étaient les plus utilisés lors du métissage ALZ x ALZ. La moyenne théorique des pourcentages de sang ALZ des animaux nés entre 1949 à 1957 était respectivement 54%, 21%, 25% et 48%, 25%, 27 % pour les animaux nés de 1958 à 1961 [3]. Les résultats des croisements entre ALZ sont présentés dans le Tableau I.

Tableau I : Synthèse des résultats des croisements de métissages ALZ x ALZ montrant les différentes formules génotypiques

		Femelle				
		Type A	Type A'	Type B	Type B'	Type a'
Mâles	Type A	2/1/1	8/3/5	8/5/3	16/7/9	10/3/3
	Type B	8/5/3	2/1/1		16/9/7	
	Type B'	16/7/9	16/5/11	16/9/7		
	Type C	12/11/9	12/9/11	12/13/7		
	Type C'	12/9/11	12/7/13	12/11/9		

Source : [3]

I.1.3.3. Croisement ALZ de troisième génération

La création des métis de troisième génération commençait à partir de 1963. Les R3 de deuxième génération avaient une formule génotypique différente bien que la majorité possédait 50% de sang Afrikander. Un plan d'homogénéisation, triage sur 580 têtes, fut appliqué de 1961 à 1965 et consistait surtout:

- au choix et croisement des animaux de formule génétique 16/5/11 et 12/11/9 pour le métissage de troisième génération,
- à l'élimination des animaux à robe noire et pie,
- à l'élimination des taureaux à cornage latéral,

- et à la vente des reproducteurs avec des formules génétiques qui s'écartaient de la moyenne.

Ainsi, en 1962, la R3 est définie comme une race obtenue par croisement d'absorption et métissage dont le patrimoine héréditaire est constitué dans la majorité des cas par 37% à 62% de sang Afrikander, 12% à 41 % de sang Limousine et 7% à 46% de sang Zébu. Le type génétique le plus fréquemment rencontré était la formule 50%, 25%, et 25% respectivement pour les pourcentages de sang Afrikander, Limousine et Zébu [3]. Elle était considérée comme une race fixée en raison de l'homogénéité de la conformation et de leurs aptitudes à la traction malgré les différentes combinaisons des pourcentages de sang.

I.2. Sélection au sein de la race R3

Le plan d'homogénéisation de la race en 1961 était surtout axé sur la formule génétique et le standard phénotypique. Certains animaux éliminés présentaient de belle performance de croissance. C'était pour cela qu'en 1966, un plan de sélection détaillé a été rédigé et basé sur la vitesse de croissance de leurs descendants ou « progeny-test » pour les mâles, et sur leurs qualités laitières jugées par la croissance des veaux jusqu'à six mois pour les femelles [3].

I.2.1. Principe de la sélection des R3

I.2.1.1. Chez les femelles

Les vaches étaient réparties en quatre troupeaux de testages et deux troupeaux d'élite. Les vaches élites étaient les femelles âgées de plus de 5 ans et dont les premiers veaux montraient de belle conformation et des poids élevés à l'âge de six mois. Deux ans après leurs entrées dans le troupeau de testage, certaines vaches élites étaient ensuite éliminées et remplacées par des vaches qui se sont révélées plus performantes que les autres vaches testées [3].

I.2.1.2. Chez les mâles

Les taureaux étaient également répartis dans des troupeaux d'élite et de testage. Les Quatre plus beaux mâles, âgés de trois ans et issus du troupeau d'élite, étaient soumis chaque année au test de descendance avec quarante vaches pour donner en

moyenne trente descendants, dont quinze mâles et quinze femelles. Ensuite, ces taureaux restaient au repos en attendant le résultat de la comparaison du poids de leurs descendants âgés de deux ans pour juger la supériorité de l'un par rapport aux autres (Figure 2). Pour la reproduction, les meilleurs taureaux étaient intégrés dans le troupeau dont ils ne sont pas issus [4]. La Figure 2 illustre le plan d'utilisation des mâles lors de la sélection.

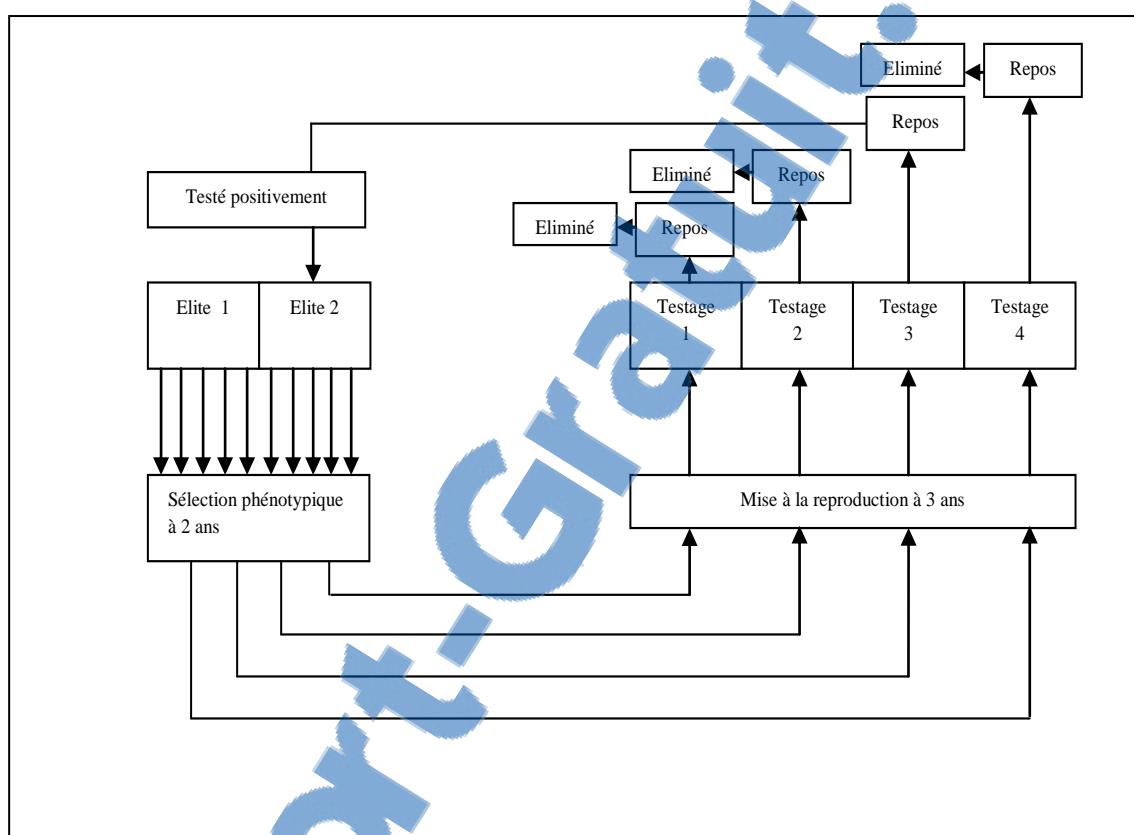


Figure 2: Schémas d'utilisation des taureaux [3]

La sélection avait augmenté légèrement le pourcentage de sang Limousine au détriment du sang Zébu malagasy.

I.3. Caractéristiques et performance de la race R3

I.3.1. Robe

La robe est rouge uniforme et varie légèrement du rouge froment au rouge foncé. Elle est un peu plus claire sous le ventre, entre les cuisses, sur le périnée et l'anus et autour du mufle et des yeux. Les poils sont courts, lisses et brillants. Les muqueuses, onglands et cornes sont clairs [3,5].

I.3.2. Conformation

Le profil de la tête est rectiligne, parfois convexe, chez le taureau. La tête et les mufles sont larges, surtout chez le mâle. Les yeux apparaissent un peu enfoncés et ovales chez les mâles. Les cornes du mâle sont épaisses et de longueur moyenne. La bosse n'est réellement présente que chez les mâles adultes, sous la forme d'une lentille placée nettement à l'avant du garrot (Figure 3).



Figure 3: Taureau R3

Le cou est relativement court et puissant, l'épaule musclé, la ligne du dos bien soutenue et la croupe rebondie. Les membres antérieurs sont puissants et les membres postérieurs très musclés. Toutes ces caractéristiques font du R3 une bonne race à viande [4].

Chez les femelles, les yeux sont arrondis et superficiels, les cornes en lyre inclinées vers l'avant et le cou est court et fin (Figure 4).



Figure 4: Vache R3

I.3.3. Croissance

La comparaison de la croissance des R3 élites par rapport à celle des Zébus montrait qu'à tous les âges, les poids moyens du R3 sont supérieurs. Aucune différence nette existe entre ces deux races tant pour les croissances relatives que pour les âges de rupture de pente dans la courbe de croissance; le R3 possède seulement un format et une vitesse de croissance beaucoup plus élevé par rapport au zébu [5] (Tableau II).

Une analyse de la croissance moyenne pondérale effectuée sur 64 mâles et 64 femelles nés entre 1964 à 1967 a révélé que les poids des deux sexes sont voisins à la naissance, 27,6 kg pour les femelles et 28,9 kg pour les mâles. Les mâles gagnent 670 g par jour et les femelles 610 g par jour pendant les trois premier mois. Entre 3 et 6 mois, les croîts sont respectivement 710 et 579 g par jour. Au sevrage le régime devient exclusivement végétal et le croît n'est plus que 253 g pour les mâles, 156 g pour les femelles qui pèsent respectivement 198 kg et 162 kg à 1 an [4] (Tableau III).

Tableau II : Evolution du poids (en kg) des Renitelo élites et Zébus malagasy, moyenne et écart type [4]

Sexe et race	Age (mois)													
	1	3	6	9	12	18	24	30	36	42	48	54	60	66
Mâles R ₃ (n=9)	56 s = 3	104 s = 10	162 s = 19	202 s = 27	227 s = 28	306 s = 20	356 s = 19	424 s = 24	470 s = 21	519 s = 23	555 s = 31	592 s = 29	620 s = 29	653 s = 33
Mâles Zébu (n=9)	36 s = 6	73 s = 8	121 s = 12	144 s = 15	158 s = 16	199 s = 18	239 s = 25	317 s = 17	331 s = 21	365 s = 24	388 s = 27	411 s = 16	429 s = 21	439 s = 20
Femelles R ₃ (n=12)	57 s = 3	98 s = 5	153 s = 8	177 s = 9	176 s = 10	220 s = 9	250 s = 7	310 s = 10	328 s = 16	383 s = 16	356 s = 15	374 s = 21	382 s = 11	417 s = 16
Femelle Zébu (n=12)	38 s = 2	70 s = 6	112 s = 8	128 s = 12	129 s = 12	173 s = 12	187 s = 11	224 s = 12	239 s = 11	281 s = 13	265 s = 19	291 s = 23	299 s = 27	321 s = 27

Tableau III : Croissance pondérale moyenne des R₃ (en kg)[4]

	Naissance	3 mois	6 mois	12 mois	18 mois	2 ans	30 mois	3 ans
Mâles	28,9	89,2	153,1	198,7	260,7	302,9	394,2	409,9
	s = 1,2	s = 5,5	s = 6,5	s = 9,9	s = 11,8	s = 1,6	s = 6,8	s = 12,7
Femelles	27,6	82,5	134,6	162,6	191,3	229,9	290,4	302,7
	s = 1,3	s = 3,2	s = 4,5	s = 5,3	s = 6,9	s = 6,7	s = 3,9	s = 8,9

I.3.4. Fécondité

La fécondité était estimée par le nombre de veaux nés vivants pour cent vaches mises à la reproduction l'année précédente et présentes pendant la saison des naissances.

En 1955, le taux moyen de fécondité atteignait 68,8%. De 1955 à 1959, période où les R3 étaient en monte libre, ce taux s'élevait à 70% et entre 1960 à 1962, les montes groupées l'avaient abaissé à 66% [3].

La pratique d'une saison de monte, à partir de 1960, avait entraîné la diminution du taux de fécondité de l'ordre de 5%. Le plan de sélection, exigeant un seul taureau par troupeau de quarante vaches, avait souvent rendu impossible la saillie de certaines vaches car plusieurs d'entre elles étaient en chaleurs au même moment; le ratio recommandé pour obtenir la fécondité maximale étant un taureau pour 25 vaches [4]. Tous ces facteurs ont contribué à réduire la fécondité moyenne à 56,0% entre 1963 à 1971 (Tableau IV). Une diminution de la fécondité jusqu'à 36,7% a été observé en 1968 dont la cause principale était l'apparition brutale de la Fasciolose en 1967. Contrairement aux élites, les troupeaux de R3 en reproduction libre affichaient un taux moyen de 72,4% entre 1974 à 1979 contre 66,6% [5] (Tableau V).

I.3.4.1. Intervalle entre deux vêlages

L'intervalle moyen entre deux vêlages pour 134 vaches était de 507 jours +/- 13 jours. La courbe des intervalles entre deux vêlages successifs n'est pas normale [3]:

- 1^{er} groupe totalisant 60% des observations, intervalle entre 300-500j, avec une moyenne de 380j.
- 2^{ème} groupe totalisant 13% des observations, intervalle comprise entre 500-625 j.
- 3^{ème} groupe totalisant 23% des observations, intervalle comprise entre 625-775j avec une moyenne de 700j.
- 4^{ème} groupe totalisant 3% des observations et comprenant les intervalles de plus de 775j.

La saison de monte avait augmenté la durée de l'intervalle entre deux vêlages.

Tableau IV : Taux de vêlage (%) des Renitelo de 1960 à 1971

	1960	1961	1962	1963	1964	1965	1966	1967	1968	1969	1970	1971	Total
Nombres de vaches	190	233	140	81	103	120	137	133	135	140	151	174	1757
Nombre de veaux	118	152	100	42	55	81	64	99	57	83	71	116	1038
Fécondité %	62,5	65,2	71,4	51 ,8	53,4	67,5	47,7	74,4	36,7	59,3	47	66,6	56,1

(Source : Gilibert J. Une nouvelle race bovine : le Renitelo, I.E.M.V.T. Octobre 1973)

Tableau V : Taux de fécondité (%), de 1974 à 1979, des troupeaux élites et troupeaux en reproduction libre

Mode de conduite	Année				
	1974-1975	1975-1976	1976-1977	1977-1978	1978-1979
Troupeaux élites en saison de monte	73,7	67,5	65	68	59
Troupeaux en reproduction libre	62,5	76	-	85	66

(Source : Ravelosoa SM, Contribution à l'étude des possibilités d'extension du Renitelo au sein du Centre de Recherches Zootechniques et Fourragères de Kianjasoa [Thèse]. Elevage : Antananarivo ; 1981.81p)

I.3.5. Morbidité et Mortalité

Une étude comparative du taux de mortalité, effectuée entre 1961 et 1971, a révélé que la mortalité était significativement élevée chez le Zébu que chez le R3 (Tableau VI), et que les R3 étaient rustiques et résistaient aussi bien et souvent mieux que les Zébus à diverses agressions du milieu [4].

Parmi les maladies à l'origine de la mortalité des R3, la Cowdriose et les abattages pour la Dermatophilose occupaient le premier rang (Tableau VII). Une autre étude confirmait la présence d'un allèle porteur de caractère de sensibilité chez 3 sur 17 sujets présentant des lésions de Dermatophilose [7].

En 1997, le faible taux de gestation des femelles est surtout dû à l'état sanitaire du troupeau chez lesquelles sévit la Dermatophilose, atteignant 60%, compliquée de tuberculose avec une fréquence de 40%[8]. Et en 1998, sur les 80 sérums prélevés à Kianjasoa, 45,6% étaient positifs à l'Anaplasmosse et 47,5% positifs à la Babésiose [9].

Tableau VI : Mortalité des Renitelo à Kianjasoa, de 1961 à 1970

Année	1961	1962	1963	1964	1965	1966	1967	1968	1969	1970	Total
	Effectif	579	586	485	368	306	318	365	381	386	393
Renitelo	Morts	12	9	12	10	8	10	21	31	2	23
	%	2,1	1,5	2,5	2,7	2,6	3,1	5,7	8,1	6,7	5,8
	Effectif	149	136	118	104	132	208	271	265	237	1845
Zébu	Morts	3	4	3	4	5	8	14	35	11	17
	%	2	2,9	2,5	3,8	3,8	3,8	5,2	13,2	4,5	7,5
											5,6

(Source : Gilibert J. Une nouvelle race bovine : le Renitelo, I.E.M.V.T. Octobre 1973)

Tableau VII : Causes de mortalités des R3, de 1961 à 1970

Causes	Effectif	Pourcentage de l'effectif	14
Accidents	41		0,9
Heart-Water	13		0,3
Babésiellose	6		0,1
Tuberculose	2		0,0
Causes inconnues	65		1,6
Maladies des jeunes	17		0,4
Abattage Dermatophilose	11		0,2
Piroplasmose	4		0,1
Divers	3		0,0
Total	162		3,8

(Source: Gilibert J. Une nouvelle race bovine : le Renitelo, I.E.M.V.T. Octobre 1973)

I.4. Elément de la génétique des R3

Selon les pourcentages de sang Afrikander-Limousin-Zébu, trois principaux types constituent le R3 après les phases de sélection [4] (Tableau VIII).

Tableau VIII : Classification des Renitelo selon le pourcentage de sang ALZ.

Types de Renitelo	Pourcentage de sang (%)		
	Afrikander	Limousin	Zébu
Type I	38	34	28
Type II	50	25	25
Type III	62	14	24

Source : [3]

Les types les plus fréquemment rencontrés étant sensiblement les animaux de formule 50%, 25%, 25%, soit 1/2 Afrikander, 1/4 Limousine, 1/4 Zébu. Malgré les différences entre formules génétiques, les R3 sont homogènes de point de vue conformation et aptitude au travail [3]. Une comparaison des poids à deux ans des R3 nés en 1965 a également démontré que les pourcentages de sang ne sont pas liés aux performances des animaux [4]. Depuis, la race R3 était considérée comme une race stable.

I.4.1. Consanguinité

De 1964 à 1970, le taux de consanguinité n'a pas augmenté. Le taux moyen de consanguinité par année de naissance était à 3,8% en 1964, et sa valeur était descendue à 1,3% en 1970 (Annexe II). Néanmoins, 13,4% des R3 ont un taux supérieur ou égale à 6,2% (Annexe III). En effet la mise en pratique du plan de sélection avait favorisé quelques accouplements consanguins vue qu'en 1965, au début du programme, la station ne disposait qu'un seul troupeau d'élite.

II. Analyse démographique et génétique

Les méthodes d'analyse démographique ont été initialement développées pour l'étude des populations humaines [10], puis adaptées au cas des populations animales. [11]. Bien décrire la structure et le fonctionnement d'une population d'animaux domestiques constitue une étape préalable à la gestion de son patrimoine génétique. Plusieurs paramètres doivent être estimés pour la description de l'état d'un troupeau et la quantification des évènements démographiques.

II.1. Evaluation de la dynamique d'un troupeau

II.1.1. Structure du troupeau

Les variables sexe, âge et types génétiques permettent de mettre en évidence la composition d'un troupeau, reflètent la fonction et l'évolution du troupeau dans le temps, et peuvent être représentées sous forme de pyramide des âges [12].

II.1.2. Taux démographiques

La vie d'un troupeau est marquée par une succession d'évènements contribuant à l'évolution permanente de sa structure. Le modèle démographique sexe-âge, un des deux grands types de modèles utilisés dans les élevages tropicaux, contient deux types de taux démographiques: taux naturels (Figure5) et taux de gestion (Annexe IV) [13,14].

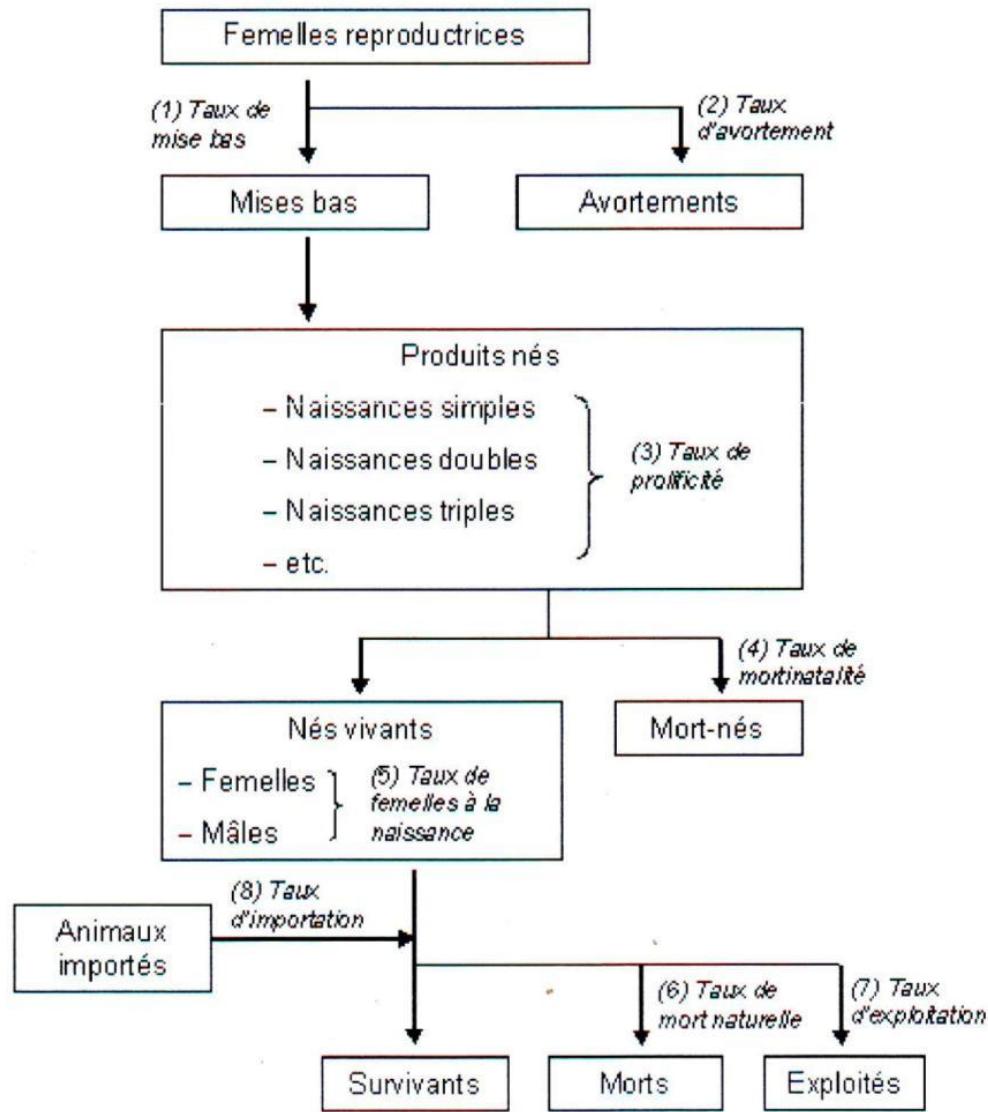


Figure 5: Les taux démographiques [13]

II.1.3. Paramètres d'exploitation numérique

II.1.3.1. Taux d'exploitation

C'est la proportion, par rapport à l'effectif moyen, d'animaux prélevés par l'éleveur dans le troupeau pour la vente et l'autoconsommation [12].

II.1.3.2. Croît numérique

C'est la variation d'effectif du troupeau d'une année à l'autre, généralement déterminé à l'occasion d'inventaire annuel. Le croît net est calculé en ne tenant pas compte des apports extérieurs (achat, don, héritage) [12].

II.1.3.3.Rendement numérique

C'est la somme des taux d'exploitations et le croit numérique net [12].

II.2. Analyse de la généalogie

II.2.1. Description de la variabilité génétique par l'analyse des généalogies.

La notion de parenté et de consanguinité fournissent des indicateurs de l'évolution de variabilité génétique d'une population.

II.2.1.1. Consanguinité et parenté

Deux individus sont apparentés s'ils ont au moins un ancêtre commun et un individu est consanguin si ses deux parents sont apparentés. Par définition, le coefficient de consanguinité (F) d'un individu est égal à la probabilité pour qu'en un locus quelconque de cet individu, les deux gènes qui s'y trouvent soient identiques, issu d'un même gène d'un ancêtre [15-17].

Le coefficient de parenté (Φ) entre deux individus est égal à la probabilité pour qu'un gène pris au hasard chez un des individus en un locus quelconque soit identiques à un gène pris au hasard en ce même locus chez l'autre individu [15].

Comme ces gènes proviennent l'un du père, l'autre de la mère, et qu'ils y sont tirés au hasard, le coefficient de consanguinité de l'individu est égal au coefficient de parenté de ses parents [15,16, 18].

II.2.1.2.Cas d'un seul ancêtre commun

Le schéma de l'obtention d'un individu consanguin est illustré dans la figure 6.

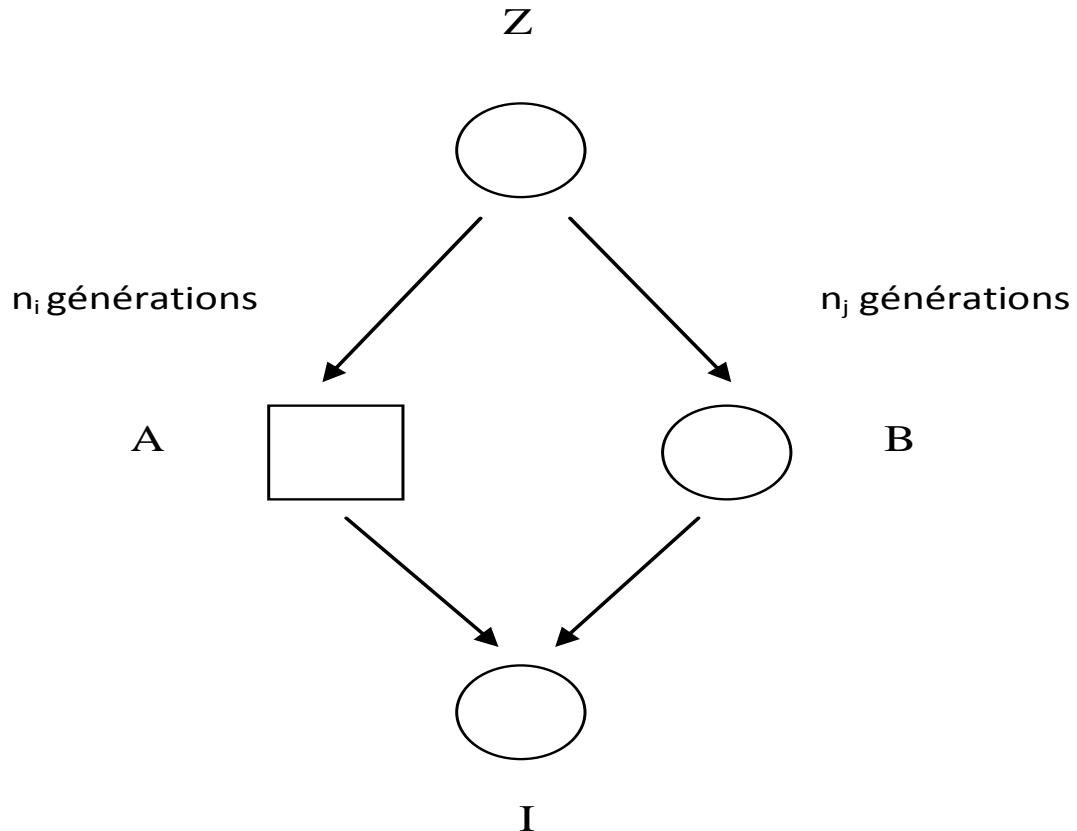


Figure 6: Schéma d'obtention d'un individu consanguin [17]

Comme le coefficient de consanguinité d'un individu est égal au coefficient de parenté de ses parents:

$$\Phi_{A, B} = F_I = (1/2)^{n_i + n_j + 1} \times (1 + F_Z) [19]$$

Avec :

- $\Phi_{A, B}$, coefficient de parenté entre A et B
- F_I , coefficient de consanguinité de l'individu I
- n_i , nombre de génération séparant A de Z
- n_j , nombre de génération séparant B de Z
- et F_Z , coefficient de consanguinité de l'ancêtre commun Z.

II.2.1.3.Cas d'ancêtres communs multiples

Quand l'ancêtre commun est éloigné, il peut exister différents chemins généalogiques reliant l'individu « x » et son ancêtre. Ces chemins sont appelés « chaînes de parentés » (Figure 7). C'est un trajet qui part d'un des parents pour arriver

à l'autre. Elle ne passe qu'une seule fois par un même individu et ne comporte qu'un seul changement de chemin au niveau de l'ancêtre commun [16,17].

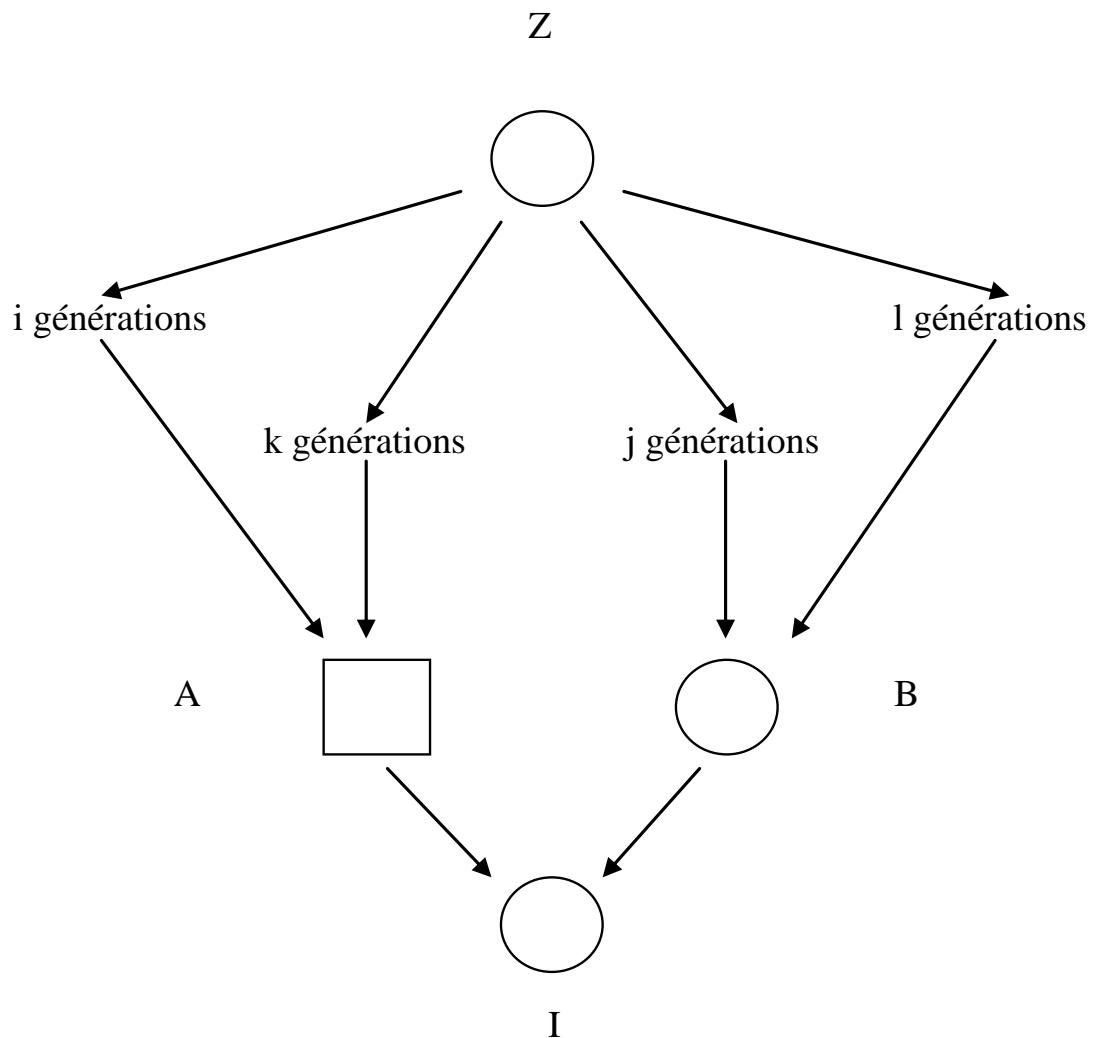


Figure 7: Schématisation de l'obtention d'un individu consanguin avec plusieurs ancêtres communs éloignés [20]

Dans ce cas:

$$\Phi_{AB} = F_I = \left[\left(\frac{1}{2}\right)^{i+j} + \left(\frac{1}{2}\right)^{i+l} + \left(\frac{1}{2}\right)^{k+j} + \left(\frac{1}{2}\right)^{k+l} \right] \left(\frac{1}{2} + \frac{1}{2} \times F_Z \right).$$

II.2.2. Estimation de la connaissance de la généalogie.

L'information généalogique est un outil d'évaluation de la variabilité génétique, mais sa fiabilité dépend de la rigueur d'enregistrement des généalogies [16]. Elle

s'évalue par le nombre moyen d'ancêtre et parents connus, par le nombre d'équivalent génération connus ou par le nombre maximal de générations remontées [21-23].

II.2.2.1. Equivalent Génération

Son estimation est indispensable pour l'interprétation des indicateurs de la variabilité génétique, de la consanguinité et parenté, car l'information généalogique est variable suivant l'année considérée [24].

II.2.2.2. Nombre moyen d'ancêtre connus

Il permet de voir rapidement si une race est connue sur un nombre limité ou élevé de génération. Une valeur d'équivalent génération connu (EqG) égale à 4 peut être obtenue à partir de généalogies composées de trente ancêtres connus, en remontant sur quatre générations. La même valeur peut être obtenue en remontant sur 6 générations ou plus, à partir des généalogies incomplètes.

II.2.2.3. Nombre maximal de générations remontées

Il est défini comme le nombre de génération entre un individu et son ancêtre le plus éloigné dans la généalogie [25].

II.2.3. Effectif génétique ou Taille efficace

C'est la taille N d'une population idéale qui aurait la même augmentation de consanguinité entre deux générations successives que la population réelle [19]. Elle permet de caractériser l'évolution de la variabilité génétique d'une population [26].

II.2.4. Effets de la consanguinité sur la performance

La consanguinité augmente rapidement et se cumule au cours des générations notamment au sein d'une population d'effectif limité en raison du nombre insuffisant de reproducteurs qui à un certain moment vont s'accoupler avec des individus proche.

Elle modifie la structure génétique d'une population en augmentant l'homozygotie [17], et parallèlement entraîne une réduction du polymorphisme et donc la variabilité génétique. L'élévation de la consanguinité a à la fois des répercussions sur les caractères qualitatifs et quantitatifs et tous ces effets sont appelés « dépression de la consanguinité ».

II.2.4.1.Dépression de consanguinité

La consanguinité se traduit en moyenne par une baisse de performance. La dépression est maximale pour les caractères sur lesquels les croisements ont les effets les plus bénéfiques (reproduction, viabilité) [17].

Deux types de méthodes sont utilisés pour étudier les effets de la consanguinité. La première méthode consiste à l'étude simultanée des performances et de l'évolution de la consanguinité d'un troupeau fermé sur une période de temps donnée. La deuxième compare les performances de races ou groupes d'animaux consanguins avec d'autres groupes non consanguins, ou une comparaison des performances intra-races de lignées plus ou moins consanguines.

DEUXIEME PARTIE : METHODES ET RESULTATS

I. Méthodes

I.1. Zone d'étude

I.1.1. Description physique du site d'étude

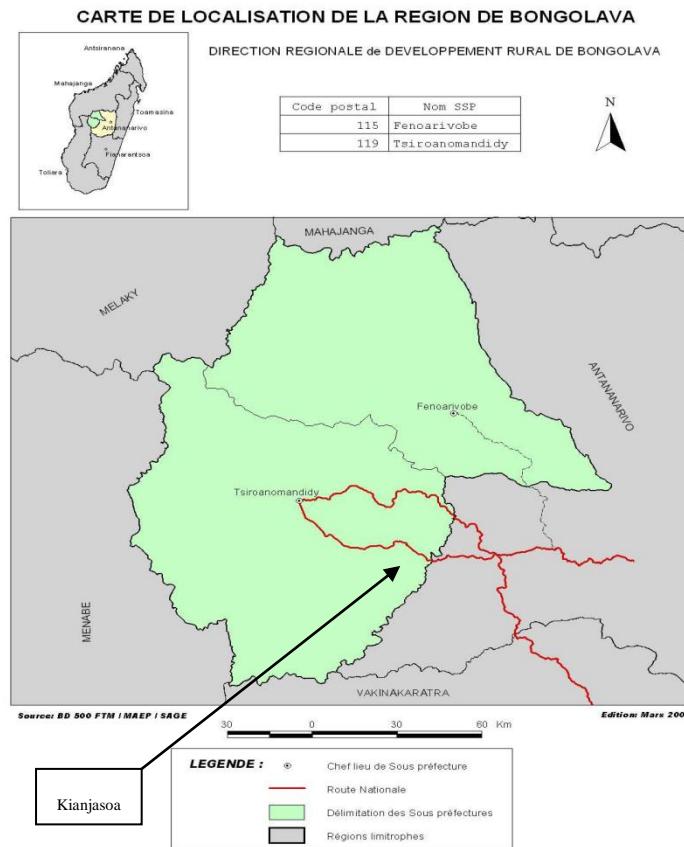


Figure 8 : Carte de la région Bongolava [27]

La station de recherche de Kianjasoa est située dans la commune de Mahasolo, district de Tsiroanomandidy, région de Bongolava.

La station de recherche est située à 180 km d'Antananarivo au cœur du moyen ouest, 46°22 Est et 19°05 Sud, emplacement choisi par Randriambeloma Jean Baptiste. C'est une pénéplaine primaire recueuse comportant 30% de plateaux de moins de 10% de pente, 27% de terre basses plus ou moins marécageuses et 40% de pente de productivité faible. Kianjasoa culmine à 1000 m d'altitude [27].

I.1.1.1. Température

La région Bongolava a un régime climatique tropical d'altitude. La température moyenne annuelle tourne autour de 22°C, avec une moyenne de 23,9°C pendant le mois le plus chaud et 18,6°C pendant le mois le plus froid [27].

I.1.1.2. Pluviométrie

Les précipitations annuelles varient entre 1400mm et 1800mm. L'année comporte une saison pluvieuse allant de Novembre à Mars, et une saison sèche de mi-avril à mi-octobre [27].

I.1.1.3. Sol et végétation

La région Bongolava est marquée par la dominance des sols ferralitiques couverts par de faible couverture végétale. Les sols ferralitiques couvrent une grande partie de la région, les sols alluviaux sont concentrés dans les cuvettes qui sont généralement destinées à la riziculture. Les sols du bas fond sont de type hydromorphes minéraux à moyennement organiques aptes aux cultures de légumineuses, cultures maraîchères et aux cultures fourragères. Les plateaux sont dominés par les graminées telles que *Heteropogon contortus*. La région est caractérisée par des formations graminéennes ou savanes dominées surtout par les savanes herbeuses à *Hyparhenia ruffa* et *Heteropogon contortus*.

I.1.2. Mode d'élevage bovin dans la station

I.1.2.1. Conduite des troupeaux

Le mode et le type d'élevage des R3 ont beaucoup varié entre les années 1999 et 2013. En 1999, les animaux sont conduits dans les pâturages propres à chaque troupeau, et la nuit, ils étaient logés dans des parcs de nuit aux alentours de la station. Actuellement, les R3 sont logées à l'étable, et séparées selon leur troupeau d'appartenance (Annexe V). Entre 8h à 17h, les animaux sont conduits aux pâturages artificiels et naturels (Annexe VI).

I.1.2.2. Troupeau

Avant, les R3 étaient repartis en plusieurs troupeaux selon leur pourcentage de sang, leurs âges et leurs sexes. Actuellement, le cheptel est divisé en trois troupeaux R3 I, R3 II et le troupeau des taureaux, regroupant à la fois les races laitières Frisons et les R3. Le critère de séparation est basé surtout sur le pourcentage de sang. Le R3 I est composé d'animaux à faible degré de sang (3/4 et 7/8^{eme}), et le troupeau R3 II, composé d'animaux ayant plus de 90% de sang R3.

I.1.2.3. Pâturages et points d'eau

La station de recherche s'étend théoriquement sur 4020 ha. Actuellement, moins de 400 ha de terrain exploitable sont divisés et attribués aux différents départements de la station. Les surfaces destinées à l'élevage sont divisées en plusieurs zones de pâturages (Annexe VII). La station possède 4 bas fonds, très exploités durant la saison sèche. La végétation des pentes est constituée par les graminées telles que *Heteropogon contortus*. Les plateaux sont occupés par les *Brachiaria brizantha*. Quelques surfaces sont recouvertes par *Hyparhenia rufa*. A ces graminées sont associées des les *Stylosanthes*, les Siratro et les Kudzu. Pendant les mois sec, les animaux bénéficient des foins de *Brachiaria* sp, des ensilages de maïs, et des ensilages de *Stylosanthes* sp. Ces compléments sont distribués au retour des animaux à l'étable.

I.1.2.4. Santé

Les R3 suivent un programme de prophylaxie médicale et sanitaire stricte. Les animaux sont vaccinés contre le charbon symptomatique et bactérien. Les traitements antiparasitaires et les apports vitaminiques sont effectués tous les trois mois. Les pulvérisations de solution à bases d'acaricides sont effectuées tous les trois mois en saisons sèches et tous les mois en saison de pluie, lors du pesage mensuel (Annexe VIII). Les nettoyages de l'étable sont faits chaque matinée après la sortie des animaux aux pâturages (Annexe IX). Les animaux malades sont rapidement traités. L'isolement à l'infirmerie dépend de la sévérité de la maladie et l'état général de l'animal. Les bouviers sont équipés de téléphone cellulaire pour faciliter la communication avec les techniciens.

I.1.2.5. Reproduction

La reproduction se fait par la monte naturelle. Les mâles reproducteurs sont présents en permanence dans le troupeau toute l'année. Chaque troupeau dispose d'un mâle reproducteur à haut pourcentage de sang R3. Les mâles reproducteurs malades sont retirés de leur troupeau d'appartenance pour être remplacés par des mâles remplaçants, entretenus dans les troupeaux de taureaux. Les veaux sont sevrés une fois qu'ils atteignent un poids de vente, fixé à 150kg.

I.1.3. Choix du site d'étude

En 1970, la sensibilité des R3 et le faible niveau de protection sanitaire dans les fermes privés ont conduit à l'échec du programme de vulgarisation de la race. Depuis, il a été décidé de fournir aux éleveurs uniquement des métis demi-sang ou 3/4 de sang R3. Il est donc possible de ne trouver que des animaux R3 croisés avec des Zébus dans les élevages environnant. Le choix de la station de Kianjasoa comme site d'étude s'impose vue que c'est le berceau même des R3 et la seule ferme apte à fournir des reproducteurs de race pure.

I.2. Type d'étude

Il s'agissait d'une étude descriptive rétrospective.

I.3. Durée de l'étude

La durée de l'étude s'étendait du mois de Juillet 2013 à Décembre 2015.

I.4. Période étudiée

La période étudiée s'étend de janvier 1999 à décembre 2013. Il a été nécessaire de remonter jusqu'en 1999, année à partir de laquelle les données sont fiables, pour connaître l'évolution des paramètres étudiés.

I.5. Population d'étude

La population d'étude était présentée par tous les R3 vivants pendant la période étudiée et leurs descendants.

I.5.1. Critères d'inclusion

Seuls les R3 vivants, inscrits dans le registre depuis 1999 et ayant des données disponibles durant la période étudiée, sont inclus dans l'étude.

I.5.2. Critères d'exclusion

Les animaux dont les identités sont retrouvées dans moins de trois sources de données et avec un nombre d'EqG inférieur à 3, ayant moins de 5 arrières grands parents connus, sont également exclus.

Les animaux R3 croisés avec les Frisonnes ne sont pas considérés.

Les animaux sujets d'expérimentation (alimentation et santé animale) ou ayant bénéficié des traitements spécifiques (concentré lors des trois premiers mois de vie) sont exclus.

Les animaux ayant des poids trop éloignés de ceux des autres (erreur au cours de l'enregistrement) sont aussi exclus.

I.6. Mode d'échantillonnage

L'étude était exhaustive. Tous les R3 vivants remplissant les critères de la population d'étude.

I.7. Variables étudiées

La liste des variables étudiées est présentée dans les tableaux IX et X.

Tableau IX: Liste des variables explicatives

Variable	Modalité	Type	Explication
Degré de sang	75%	Qualitative	Animaux à 75% de sang R3.
	87,5%		Animaux à 87,5% de sang R3
	Plus de 90%		Animaux à 90% de sang R3 et plus
Période	P1	Qualitative	P1 :1999-2003
	P2		P2 :2004-2008
	P3		P3 :2009-2013
Consanguinité	Toutes les valeurs possibles	Quantitative continue	Coefficient moyen de consanguinité
Sous-population	Population de référence	Qualitative	Animaux nés au cours d'une période correspondant à une génération intervalle
	R3 nés entre 1999 et 2006		

Tableau X: Listes des variables réponses

Variables	Modalité	Type	Explication
Age	Petit: 0 à 1 an Jeune: 1 à 3 ans Adulte: >à 3 ans	Qualitative	Age des animaux de la naissance à la période considéré.
Sexe	Mâle Femelle	Qualitative dichotomique	Mâle Femelle
Degré de sang	75% de sang 87,5% de sang Plus de 90% de sang.	Qualitative ordinaire	75% de sang 87,5% de sang > à 90%.
Poids		Quantitative continue	Poids des animaux à un âge donné
GMQ		Quantitative continue	Pour le Gain de poids des animaux.
Nombre de parité des femelles	Primipare Multipare	Qualitative	Nombre de vêlage effectué par chaque femelle.

I.8. Modes de collectes de données

La méthode utilisée pendant l'étude est la consultation des sources de données disponibles et enregistrement dans des fiches d'enquêtes appropriées selon les paramètres étudiés (Annexe X)

Les arbres généalogiques sont reconstitués après recouplement des informations fournies par les registres administratifs, les fiches techniques des vaches, les cahiers de carrière des vaches, les déclarations de naissances et mortalités, les fiches d'autopsies, les fiches d'abattages sanitaires puis enregistrés dans des fiches généalogiques en commençant par les individus avec des parents inconnus. Les informations généalogiques ne sont prises en compte que si au moins trois des documents cités ci-dessus les confirment.

Les naissances pour chaque vache sont enregistrées dans des fiches de carrières des vaches pour la classification des vaches selon leurs performances de reproduction.

I.9. Analyses des données

I.9.1. Indicateurs démographiques

I.9.1.1. Le sexe ratio:

C'est le rapport entre l'effectif (N) des mâles par rapport à celui des femelles:

- Sexe ratio=N mâle /N femelle.

I.9.1.2. Structure par degré de sang R3

C'est la proportion des animaux ayant les trois pourcentages de sang R3 (75%, 87,5% et plus de 90% de sang R3):

- Structure par degré de sang= (Nombre d'animaux de la catégorie*100/Effectif final).

I.9.1.3. Pyramide des âges

La pyramide des âges montre l'effectif ou la proportion des différentes classes d'âge des animaux vivants en fin d'année selon le sexe.

I.9.2. Taux démographiques

I.9.2.1. Taux de fécondité

C'est le nombre moyen de veaux nés vivants par femelle reproductrice [12] :

- Taux de fécondité= Produits nés vivants*100/Femelles Reproductrices.

Les femelles R3 reproductrices considérées sont celles âgées de plus de trois ans. Les répartitions des naissances et de la fécondité sont estimées par le nombre de naissance enregistré dans chaque mois et la part de fécondité par mois.

I.9.2.2. Taux et causes de mortalité

Le taux de mortalité globale est la proportion d'animaux morts de cause naturelle par rapport à l'effectif moyen [12] :

- Taux de mortalité globale= Nombre total de mort*100/Effectif moyen.

L'effectif moyen est calculé de la manière suivante :

- Effectif moyen= (Effectif Initial+Effectif final)/2.

La mortalité par catégories d'âge est également calculée à partir de cette formule. Les causes de mortalité sont exprimées en proportion des cas de mortalité selon la période, le degré de sang ou le sexe et l'âge.

I.9.3. Paramètre d'exploitation numérique

I.9.3.1. Taux d'exploitation

C'est la proportion, par rapport à l'effectif moyen, d'animaux prélevés par l'éleveur dans le troupeau pour la vente, l'autoconsommation [12] :

- Taux d'exploitation numérique (TEN)= (Nombre d'animaux exploités*100/Effectif moyen).

Dans la présente étude, les taux d'exploitation des différentes catégories d'âge et sexe, ainsi que les causes d'exploitation sont calculés suivant cette formule.

I.9.3.2. Taux de croît numérique

La différence entre les deux inventaires annuels successifs donne le croît brut. Le croît net est le bilan de l'accroissement naturel et de l'exploitation du troupeau [12]:

- Croît numérique brut (CNB)= (Effectif final – Effectif initial)*100/Effectif moyen,
- Croît numérique net (CNN)= Croît numérique brut – (Immigration*100/Effectif moyen).

I.9.3.3. Rendement numérique

C'est la somme des taux d'exploitation et de croît numérique net [12] :

- Rendement numérique (RN) = TEN+ CNN.

I.9.4. Indicateurs de la qualité de l'information généalogique

La qualité des informations généalogiques a été étudiée en remontant les ascendances des animaux nés de 1999 à 2013, période où les qualités des informations sont jugées fiables.

I.9.4.1. Nombre d'équivalent génération connus

Pour un individu, le nombre d'équivalent génération est obtenu en sommant les coefficients $(1/2)^n$ sur tous les ancêtres connus, « n » étant le rang d'ascendance de l'ancêtre. Un parent compte 0,5 et un grand parent 0,25.

I.9.4.2. Nombre moyen d'ancêtres connus.

C'est la moyenne du nombre des ancêtres identifiés dans la généalogie de chaque individu.

I.9.4.3. Pourcentage d'ancêtres connus par génération.

Ce paramètre est calculé à partir de l'effectif des parents connus par génération dans la généalogie de chaque R3 recensée entre 1999 et 2013.

I.9.4.4. Nombre maximal de générations

C'est le nombre de génération séparant un individu et son ancêtre le plus ancien [25].

I.9.5. Indicateurs de la variabilité génétique

I.9.5.1. Consanguinité.

Les coefficients de consanguinité sont calculés par la méthode de Wrigth et Mc fee [28]. Les coefficients de parenté relatifs à chacun des ancêtres communs s'additionnent pour donner la parenté totale du couple considéré :

$$F_I = \sum [(1/2)^{ni + nj + 1} x (1 + F_Z)] [28].$$

L'évolution du niveau moyen de la consanguinité est étudiée selon les années de naissances des R3. Les pourcentages d'animaux consanguins, la valeur moyenne de leurs consanguinités, et la moyenne de la consanguinité selon le pourcentage de sang R3 sont également traités dans cette partie.

I.9.5.2. Parenté

Le coefficient de parenté des R3 est calculé à partir de la formule de Wright et Mc Fee. Le coefficient de parenté entre deux individus A et B, ayant respectivement comme parents I, J K et L, est donné par la formule suivante:

$$\Phi_{AB} = [(1/2)^{i+j} + (1/2)^{i+l} + (1/2)^{k+j} + (1/2)^{k+l}] (1/2 + 1/2 x F_Z) [28].$$

I.9.5.3. Effectif génétique ou Taille efficace

L'effectif génétique ou « Ne » est calculé par l'accroissement de la consanguinité par génération ou « ΔF_g » et à partir du nombre d'équivalent génération. L'accroissement de la consanguinité par génération est calculé à partir de l'intervalle de générations et l'accroissement annuel de la consanguinité:

$$N_e = 1/2 \Delta F_g [21],$$

Avec :

- $\Delta F_g = \Delta F * \text{intervalle de génération}$ [29],

où ΔF est la variation moyenne annuelle du taux moyen de consanguinité.

L'accroissement de la consanguinité par génération peut se calculer à partir du le nombre d'équivalent génération ou de l'intervalle de générations.

- $\Delta F_i = 1 - \sqrt[1-t]{1-F_i}$, où F_i est le coefficient de consanguinité individuel et t le nombre d'équivalent génération connu.
- $\Delta F_g = \Delta F * \text{intervalle de génération}$, où ΔF est la variation moyenne annuelle du taux moyen de consanguinité.

Plus l'effectif génétique est petit plus la consanguinité augmente vite, et plus la variabilité génétique décroît rapidement. Ainsi la vitesse d'évolution de la consanguinité est un bon indicateur pour l'évaluation de la perte de la variabilité génétique et non le niveau de la consanguinité atteint à un instant t.

L'intervalle de générations est l'âge moyen des parents à la naissance de leurs produits [30]. L'estimation de sa valeur se fait suivant 4 voies :

- Père-fils, âge du père à la naissance des mâles futurs reproducteurs
- Père-fille, âge du père à la naissance des futures reproductrices
- Mère-fils, âge de la mère à la naissance des mâles futurs reproducteurs
- Mère-fille, âge de la mère à la naissance des futures reproductrices

I.9.6. Performance des R3.

- **Poids à âge fixe** : poids des R3 à un âge donné,
- **GMQ** : gain moyen quotidien des R3 correspondant à des intervalles d'âge,
- **Age au premier vêlage** : âge des femelles au vêlage,
- **IVV** : intervalle entre deux vêlages successifs.

I.9.7. Matériels de traitement et d'analyse des données

Les données étaient saisies, triées et traitées sous le Microsoft Excel 2007 et le logiciel statistique SPSS 20.0. Le logiciel Pedigree Assistant est utilisé pour le calcul des coefficients de consanguinité et de parenté.

I.10. Analyses Statistiques

Un test ANOVA a été utilisé pour la comparaison des moyennes des proportions, des taux démographiques, de la consanguinité et de la valeur de Ne en fonction des périodes. Le seuil de signification choisi a été de 0,05 ($p \leq 0,05$).

- Hypothèse nulle (Ho) : aucune différence significative n'est constatée entre les moyennes calculées pour les différents groupes (périodes, sous population, groupes de reproducteurs mâle et femelles), avec $p > 0,05$.
- Hypothèse alternative (Ha) : les différences des moyennes sont significatives, avec $p \leq 0,05$.

Une régression linéaire a été effectuée pour l'analyse de la relation entre les performances (croissance et reproduction) et la consanguinité individuelle.

- Hypothèse nulle (Ho) : les performances ne varient pas significativement avec la consanguinité, avec un $p > 0,05$, signifiant une faible corrélation entre les variables.
- Hypothèse alternative (Ha) : les performances varient significativement avec l'augmentation de la consanguinité, $p \leq 0,05$, signifiant une moyenne ou forte corrélation positive ou négative entre les variables.

I.11. Limites de l'étude

Les retards des déclarations des naissances et de décès ont une répercussion sur la catégorisation des animaux. Les indicateurs démographiques sont donc biaiser par ces erreurs d'enregistrements.

Les degrés de sang pouvaient être erronés car les généalogies n'étaient pas bien connues. Ces erreurs mettaient en cause la catégorisation des animaux selon le pourcentage de sang R3.

L'âge de la mise à la reproduction varie surtout selon la précocité des vaches. Dans cette étude, les femelles sont considérées comme reproductrice à l'âge de trois ans. Comme la race R3 est réputée précoce, des femelles vêlant avant 36 mois pouvaient être comptabilisées parmi les femelles non mises à la reproduction. Ce qui pouvait modifier le taux de fécondité, limiter l'interprétation de la structure du troupeau, et les motifs d'exploitation.

Le calcul des taux démographiques dépend de la date d'inventaire qui est parfois réalisé soit en fin d'année soit en début d'année. Les animaux nés en fin d'année sont parfois comptabilisés pour la prochaine année. Les résultats ne sont pas donc exacts pour les deux années consécutives.

Certaines femelles reproductrices ont bénéficié de traitement de faveur ou étaient témoins des expériences en alimentation, variant suivant l'année. Ces expérimentations pouvaient influencer la fécondité.

Des cas de mortalité naturelles sont exploités (vendus) et des cas d'abattages sanitaires ne sont pas exploitable (saisie totale). Les définitions des termes exploitations, dans ces deux conditions, sont contradictoires aux classifications des sorties des animaux car les vrais exploités ne le sont pas et les morts sont exploités.

La valeur du poids des animaux dépend de la précision de la bascule et de son entretien. Ainsi certaines données pondérales sont surestimées ou sous-estimées selon l'état de la bascule.

Le logiciel Pedigree Assistant développé par Tensem technologies Ltd est plutôt utilisé par les éleveurs pour gérer les croisements, et rarement dans les recherches. Néanmoins, ce logiciel permet de calculer les coefficients de consanguinité.

Les paramètres de l'estimation de la variabilité génétique sont obtenus à partir de l'arbre généalogique des R3. La reconstitution de l'arbre a été effectuée à partir des données disponibles dans la station de Kianjasoa et non à partir d'un fichier généalogique national. Les résultats peuvent donc être remis en cause. Les coefficients de consanguinité et de parenté des R3 sont basés sur l'arbre généalogique et calculés par une approche probabiliste. Toutes ses valeurs sont sous-estimées en raison de l'insuffisance des données. La méthode utilisée pour le calcul de la consanguinité ne tient pas en compte les relations existant entre les individus. Les résultats obtenus sont sous-estimés. L'utilisation de ΔF n'est pas adaptée pour une population où les croisements ne sont pas faits de manières aléatoires. Les valeurs de N_e pouvait être surestimées ou sous-estimées.

II. Résultats

II.1. Structure démographique

II.1.1. Structure selon le pourcentage de sang

L'analyse de la structure en fonction du degré de sang du troupeau R3 est effectuée chez les animaux vivants entre 1999 et 2013. Le ratio mâle/femelle a connu une augmentation significative entre la première et les deux dernières périodes ($p=0,002$), avec une proportion des femelles supérieure à 70%. La proportion des animaux ayant un pourcentage de sang supérieur à 90% de sang R3 a augmenté entre les périodes ($p=0,000$), alors que celles des animaux à 75% et 50% ont diminué ($p=0,000$) (Tableau XI).

Tableau XI: Evolution de la structure du pourcentage de sang du troupeau R3 selon les périodes

	P1 (n=256)	P2 (n=117)	P3 (n=65)	P
Ratio mâle/femelle	0,2(0,0)	0,3(0,0)	0,3(0,0)	0,002**
Pourcentage de sang (%)				
90% et plus	9,6(0,9)	23,2(12,3)	50,9(5,1)	0,000***
87,5%	20,3(6,2)	33,9(3,9)	26,2(2,5)	0,005**
75%	47,2(2,2)	32,3(8,6)	15,6(1,6)	0,000***
50%	22,7(3,4)	10,4(2,3)	7,1(2,2)	0,000***

**: $p \leq 0,01$

***: $p \leq 0,001$

II.1.2. Pyramide des âges du troupeau pour l'année 2013.

La pyramide des âges des R3 est asymétrique, avec des irrégularités de pente chez les femelles (Figure 8).

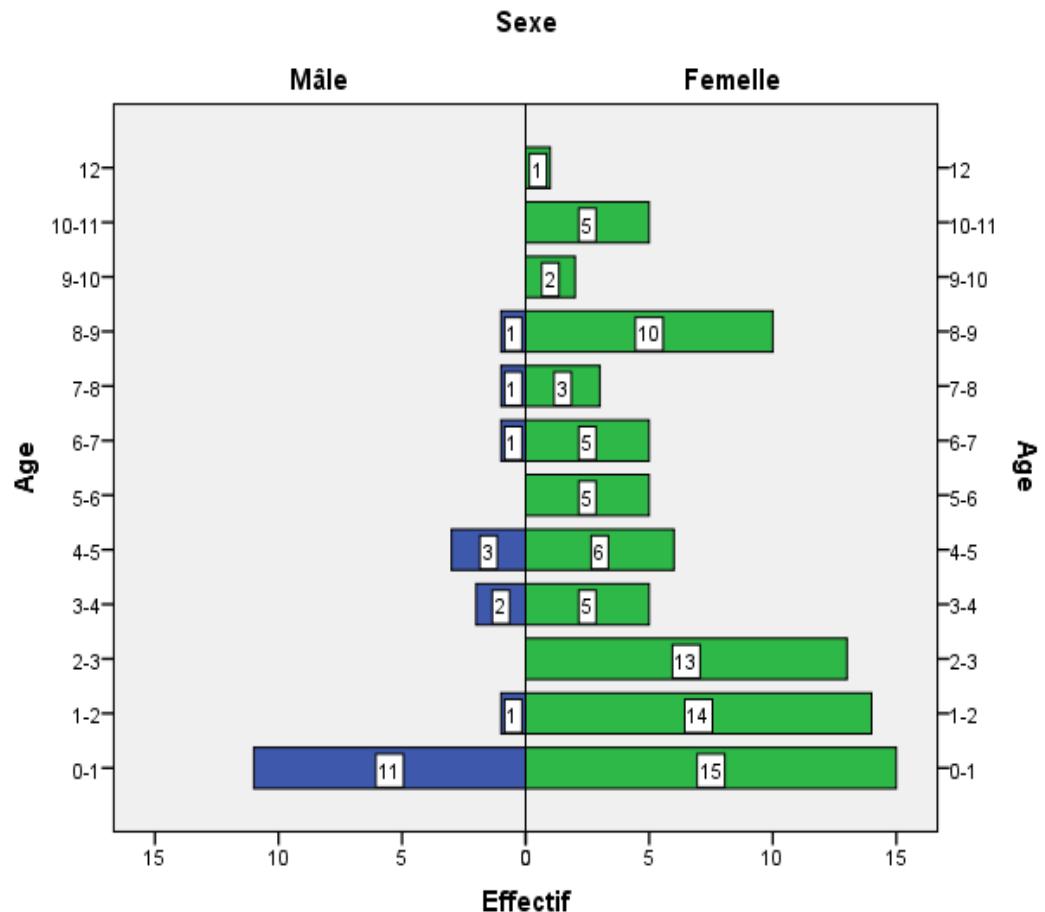


Figure 9: Pyramide des âges du troupeau R3 (Année 2013).

L'âge des animaux variait entre 0 et 12 ans. Les femelles représentaient 80,7% du cheptel avec 40,3% chacune pour les femelles de moins de trois ans et les femelles reproductrices. Les mâles âgés de plus de trois ans occupaient 7,6% de l'effectif total et les veaux 11,5%.

II.2. Taux démographiques

II.2.1. Taux de fécondité et répartition des naissances.

Une diminution a été observée pour le taux de fécondité entre les années 1999 et 2013, en passant par le niveau le plus bas en 2007, soit 33,3% (Figure 9)

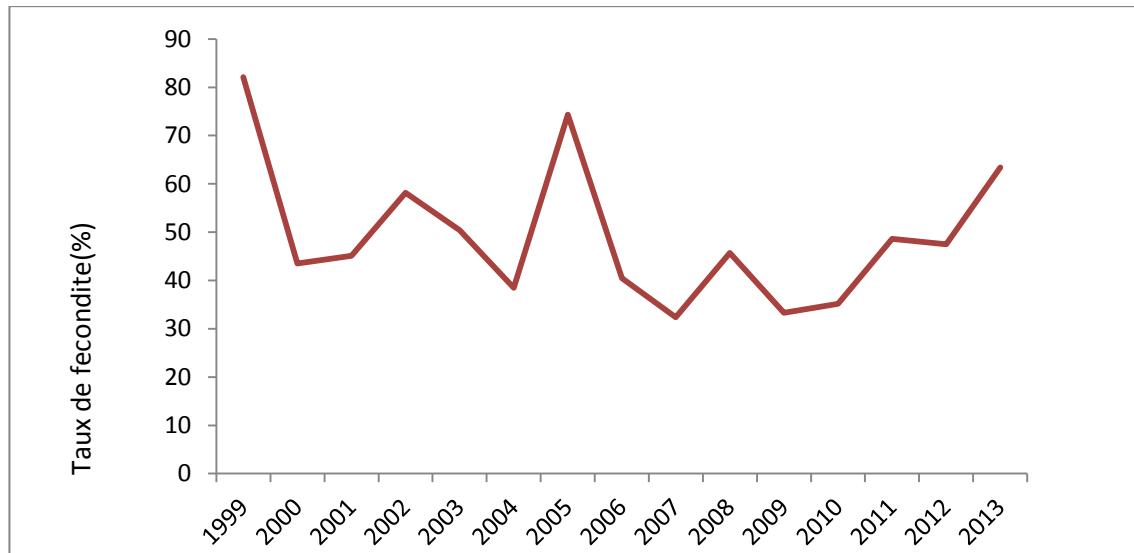


Figure 10 : Evolution du taux de fécondité des R3 entre 1999-2013

Selon les saisons, 51,2% des vêlages ont eu lieu en saison sèche (mois de mai à octobre), et 48,8% en saison pluvieuse (mois de novembre à avril) (Figure10).

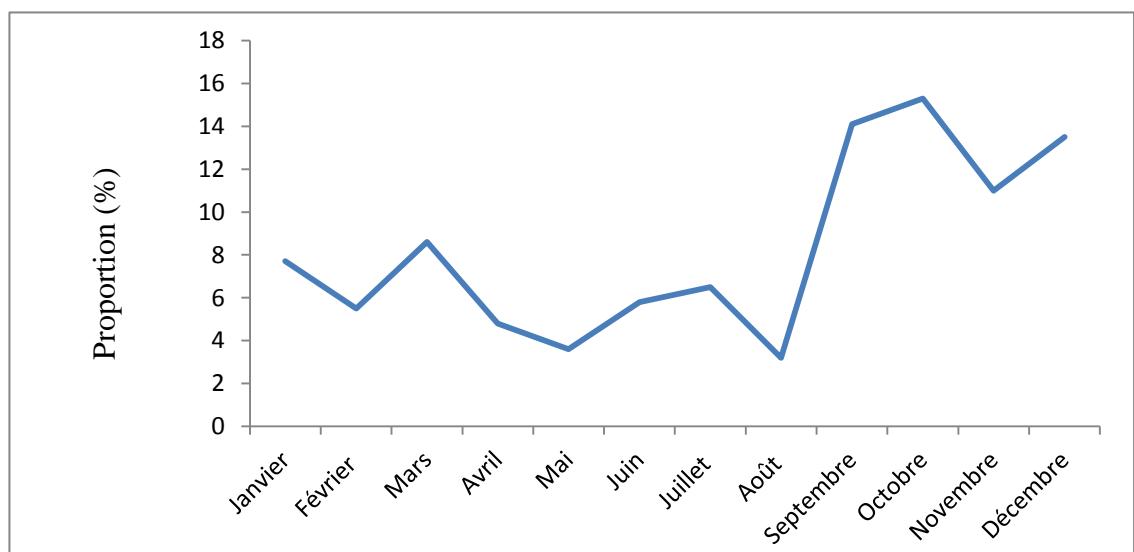


Figure 8 : Répartition des naissances (%) entre 1999 et 2013

II.2.2. Mortalité

II.2.2.1. Taux de mortalité globale

L'analyse de la variation inter périodique montrait une diminution significative du taux de mortalité globale entre la période P1 et les deux autres ($p=0,003$). La différence des moyennes périodiques des taux de mortalité était moyennement significatif pour les mâles moins de un an ($p= 0,003$) et les jeunes femelles ($p=0,002$) (Tableau XII).

Tableau XII: Mortalité (moyenne et écarts type) chez les différentes classes d'âge des mâles et femelles selon les périodes et mortalité globale des R3.

Sexe	Classe d'âge	Mortalité(%)			P
		P1(n=289)	P2(n=34)	P3(n=12)	
Mâle	Petit (n=82)	46,3(29,6)	3,3(2,1)	3,0(2,8)	0,003**
	Jeune (n=22)	35,9(26,3)	2,0(1,4)	4,4(2,9)	0,012*
	Adulte (n=17)	25,3(10,3)	12,3(7,1)	0	0,016*
Femelle	Petit (n=74)	31,6(21,8)	11,2(7,7)	6,1(3,7)	0,054
	Jeune (n=45)	11,2(6,3)	2,9(2,7)	0	0,002**
	Adulte (n=95)	11,2(5,1)	5,9(3,2)	4,1(2,2)	0,023*
Mortalité globale		19,3(10,6)	5,3(0,6)	2,8(2,4)	0,003**

* : $p \leq 0,05$

** : $p \leq 0,01$

II.2.2.2.Causes de Mortalité

Les principales causes de mortalité des R3 sont la tuberculose (29%), la dermatophylose (13,7%) et la cowdriose et la piroplasmose (11,9%). Plus de 50% des cas étaient recensé pendant la période P1, avec aucun cas de mortalité causé par la dermatophylose, piroplasmose et cowdriose en périodes P2 et P3 (Tableau XIII).

Tableau XIII: Principales causes de mortalité des R3 (en % des cas de mortalité) selon les périodes

Causes	Proportion(%)			Total(%)
	P1(n=289)	P2(n=34)	P3(n=12)	
Tuberculose	23,6	5,1	0,6	29,0
Dermatophylose	13,7	0	0	13,7
Cowdriose et Piroplasmose	11,9	0	0	11,9
Pathologie digestive	8,1	0	0,3	8,4
Charbon symptomatique	5,4	0	0	5,4
Accident	2,4	1,8	0,6	4,8
Diverses*	7,5	1,5	0	9,0
Inconnue	13,7	1,8	2,1	17,6

* : Les causes « diverses » regroupent les cas de mortalités dus aux complications microbiennes, aux malformations, aux difficultés de vêlages et aux intoxications.

II.3. Paramètres d'exploitation numérique du troupeau R3.

II.3.1. Taux et causes d'exploitation

Des taux d'exploitation élevés de 80,2% et 63,7% ont été enregistrés chez les jeunes mâles, respectivement pour les périodes P1 et P2. Les femelles adultes étaient les plus exploitées chez les femelles, avec un maximum de 33,1% en période P2. La vente

représentait la principale cause d'exploitation chez les mâles, et les réformes et abattages pour les femelles (Tableau XIV).

Tableau XIV: Exploitation des différentes classes d'âge et causes d'exploitation (moyenne et écarts type) du troupeau R3

Paramètre	Classe d'âge	Proportion(%)			Signification
		P1(n=267)	P2(n=212)	P3(n=49)	
Exploitation					
	Petit	46,4(33,7)	22,7(16)	11,7(26,3)	0,161
Mâle	Jeune	80,2(19,3)	63,7(35,2)	42,0(32,5)	0,288
	Adulte	29,4(20,6)	37,1(32,3)	33,1(21,5)	0,933
	Petit	1,1(0,5)	3,9(3,1)	0	0,235
Femelle	Jeune	11,0(8,9)	25,9(24,1)	4,0(3,1)	0,150
	Adulte	18,9(14,1)	33,1(30,1)	8,0(5,6)	0,195
Cause					
	Vente	43,4(17,7)	40,8(30)	19,3(13,8)	0,199
Mâle	Réforme	4,1(3,2)	3,5(3,2)	3,6(3,1)	0,970
	Abattage	3,4(2,5)	3,0(1,1)	6,2(3,1)	0,372
	Vente	1,2(0,5)	6,0(5,2)	0	0,109
Femelle	Réforme	6,9(6,2)	10,9(6,2)	2,3(1,8)	0,432
	Abattage	5,5(3,5)	9,8(3,9)	3,6(1,4)	0,112

Aucune différence significative n'a été constatée pour tous les paramètres.

II.3.2. Productivité numériques

Des taux d'exploitation numérique (TEN) élevés ont été enregistrés, avec un taux d'exploitation maximale de 31,7% pour la période P2. Des croûts numériques négatifs sont enregistrés pour les deux périodes P1 et P2 et une tendance à l'augmentation a été constatée pour le rendement numérique (Tableau XV).

Tableau XV: Productivité numérique (moyenne et écartype) du troupeau R3 selon les périodes.

Paramètres	P1	P2	P3	Moyenne	P
TEN	20,2(9,1)	31,7(23)	11,7(1,9)	21,2	0,130
Croît Brut(%)	-13,5(14,9)	-18,4(27)	6,0(6,9)	-8,6	0,131
Croît Net	-13,5(14,9)	-18,4(27)	6,0(6,9)	-8,6	0,131
Rendement numérique	6,8(13,7)	13,2(7,4)	17,7(5,3)	12,5	0,277

Aucune différence significative n'a été constatée pour tous les paramètres.

II.4. Variabilité génétique

II.4.1. Connaissance de la généalogie

II.4.1.1. Equivalent génération

La qualité de la généalogie de la population de référence (n=115), soit en moyenne 6,9 générations connus, est supérieure à celle enregistrée chez les R3 nés entre 1999 et 2006 (n=464), avec 5,3 générations. La généalogie comprenait des ancêtres connus jusqu'à la 18^{eme} et 19^{eme} génération (Tableau XVI).

Tableau XVI: Connaissance de la généalogie pour la population de référence et les animaux nés entre 1999 et 2006.

	Population de référence (n=115)	R3 né entre 1999 et 2006 (n=464)
EqG	6,9	5,3
Max	8,4	9,1
Min	2	1,2
Génération maximale	19	18
Nombre moyen d'ancêtre connus	1987	799

Les animaux nés récemment ont un peu moins de 2000 ancêtres connus dans leur arbre généalogique, soit deux fois plus que les animaux nés entre 1999 et 2006.

II.4.1.2.Ancêtres connus

La qualité de l'information génétique des R3 nés entre 2007 et 2013 (population de référence) est bonne jusqu'à la troisième génération, acceptable et stabilisée entre 57,8% à 53,5% d'ancêtres connus respectivement pour la cinquième et la huitième génération (Figure 11).

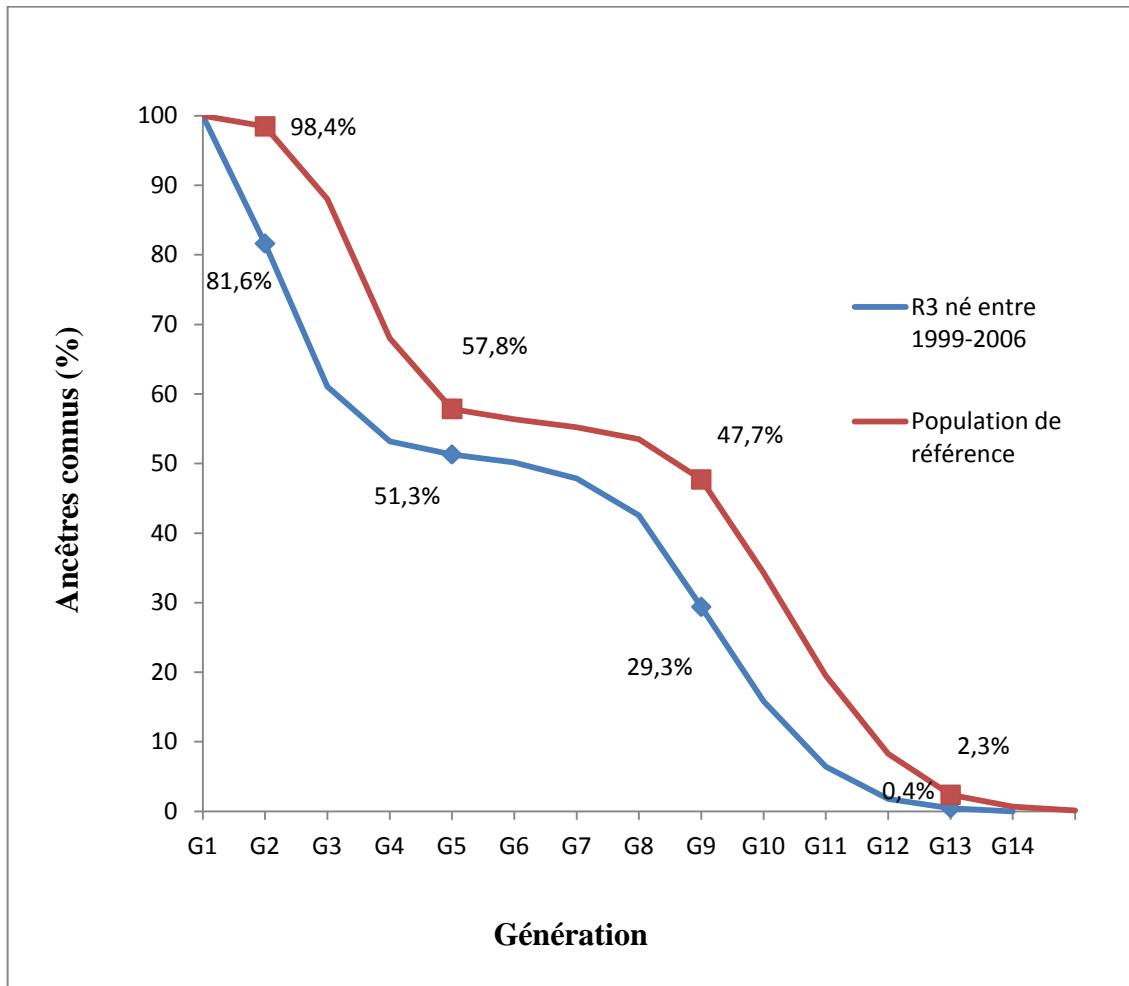


Figure 12: Pourcentage d'ancêtre connus par générations

La moitié des ancêtres de la population de référence sont connus jusqu'à la neuvième génération alors que chez ceux nés entre 1999 et 2006, seul le tiers sont connus.

II.4.2. Consanguinité

II.4.2.1. Coefficient de consanguinité (F)

Plus de 90% des animaux nés entre 2007 et 2013 sont consanguins et le dixième de la population de référence a une consanguinité supérieure ou égale à 25% (Tableau XVII). La moyenne du coefficient de consanguinité des R3 est de 12,1% pour la population de référence et 1,5% pour les animaux nés entre 1999 et 2006 (Tableau XVIII).

Tableau XVII: Répartition des R3 selon le niveau de consanguinité moyen.

Classe de Consanguinité	Population de référence (%)	R3 né entre 1999 et 2006 (%)
F=0	7,9	64,7
1<F<6,25	24,4	28,8
6,25<F<12,5	10,4	5,1
12,5<F<25	46,9	1,1
F>25	10,4	0,4

Tableau XVIII: Comparaison de la consanguinité moyenne (moyenne et écartype) des R3 nés entre 1999 et 2013.

	Population de référence	R3 né entre 1999 et 2006	Signification
Consanguinité moyen (%)	12,1(8,9)	1,5(3,1)	0,000***
Consanguinité moyen des consanguins (%)	13,1(7,6)	4,2(3,9)	0,000***

*** p≤0,001.

II.4.2.2.Evolution de la consanguinité

La figure montre un accroissement de 1,1% par an du niveau moyen de la consanguinité. La consanguinité enregistrée en 2008 a été 4 fois supérieure à celle de l'année 2006 (Figure12).

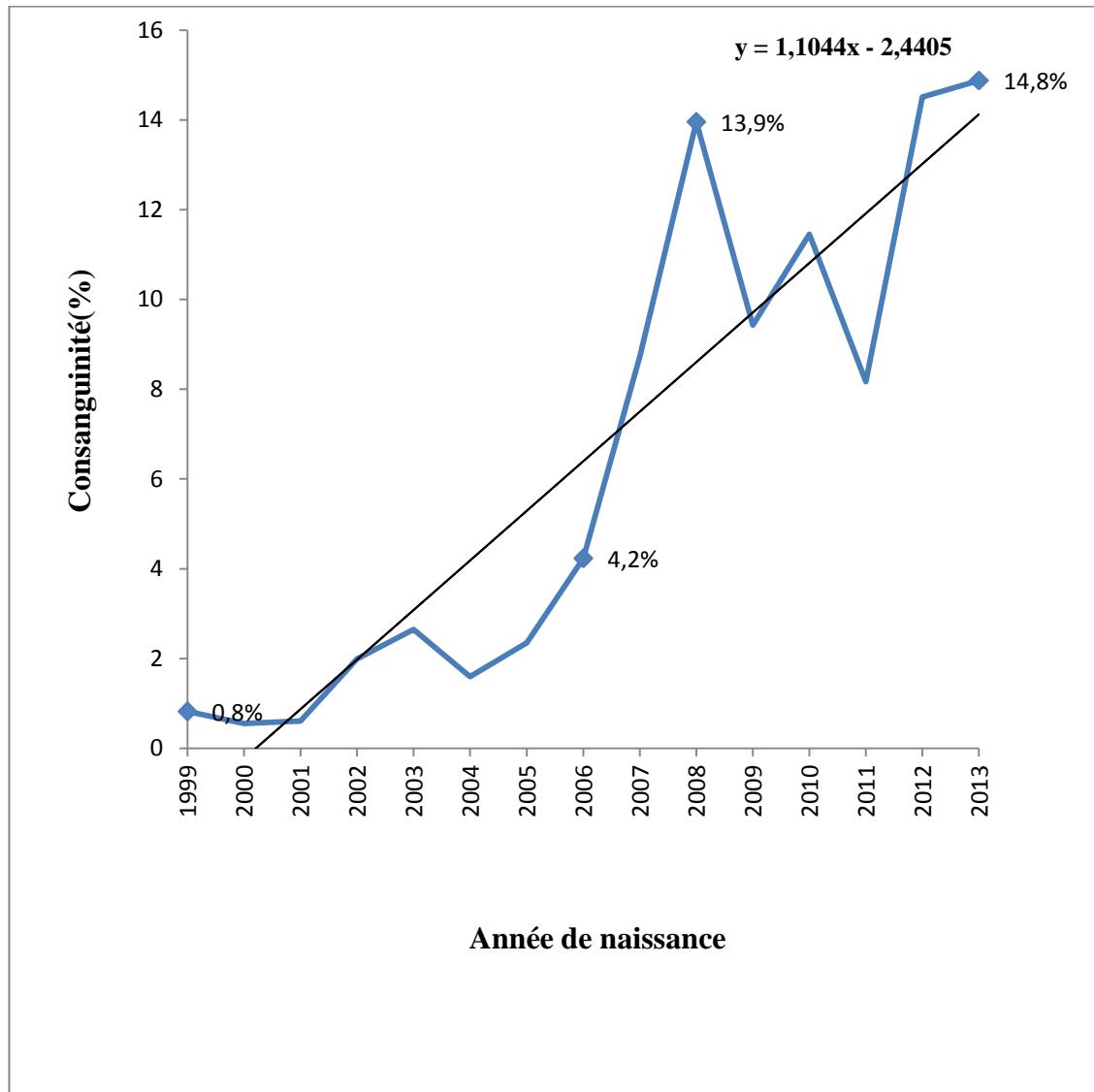


Figure 13: Evolution de la consanguinité moyenne annuelle des R3 nés entre 1999 et 2013

Le taux moyen de la consanguinité a eu un accroissement rapide entre 1999 et 2008, notamment à partir de l'année 2006.

II.4.3. Effectif génétique et intervalle de génération.

II.4.3.1. Génération intervalle

L'intervalle de génération moyenne des R3 est de 7 ans, avec le plus long intervalle pour les voies mâles (Tableau XIX).

Tableau XIX: Intervalle de génération des R3 nés entre 1999 à 2013 (an)

	Père-fils (n=4)	Père-fille (n=75)	Mère-fils (n=4)	Mère-Fille (n=75)	Moyenne
GI des R3	7,9 ans	8,2 ans	5,4 ans	6,6 ans	7ans

Père-fils : âge du père à la naissance des mâles futurs reproducteurs. **Père-fille** : âge du père à la naissance des femelles futures reproductrices. **Mère-fils** : âge de la mère à la naissance des mâles futurs reproducteurs. **Mère-fille** : âge de la mère à la naissance des femelles futures reproductrices.

II.4.3.2. Effectif génétique ou taille efficace de la population

Le troupeau R3 a un accroissement de la consanguinité par génération de 7,7%, correspondant à une diminution significative de la population effective ($p=0,003$), estimée à 1,7 en période P3, à partir des valeurs de l'EqG des R3 (Tableau XX).

Tableau XX: Effectif génétique (moyenne et écartype) à partir de l'EqG et de l'accroissement de la consanguinité.

	P1	P2	P3	P
Ne (selon EqG)	26,3(11,7)	6,3(4,4)	1,7(0,5)	0,003**
Ne (selon ΔFg)		6,4		

** $p \leq 0,01$

La valeur de l'effectif génétique a diminué significativement entre la période P1 et les deux autres périodes ($p \leq 0,01$).

II.4.4. Etude de la parenté des R3.

II.4.4.1. Coefficient de parenté moyen des R3.

L’analyse de la parenté des femelles présentes en 2013 montre un niveau élevé du coefficient de parenté moyen avec un maximum à 41,8% (Tableau XXI). En moyenne, il existe 19,7% de parenté entre tous les mâles vivants en 2013.

Tableau XXI: Coefficient de parenté moyen (moyenne et écartype) femelle x femelle, mâle x femelle et mâle x mâle des R3 présents en fin de l’année 2013

Coefficient moyen de parenté (%)			
	Moyenne et écartype	Min	Max
Femelle x femelle*	13,7(3,7)	0	41,8
Mâle x femelle**	16,5(1,9)	0	38,9
Mâle x Mâle***	19,7(2,8)	0	39,5

*: parenté moyenne entre les femelles présentes.

**: parenté moyenne entre les mâles présents et les femelles présentes

***: parenté moyenne entre les mâles présents.

II.4.4.2. Groupage des R3 selon leurs parentés moyen.

L’estimation des coefficients de parentés a permis de repartir les animaux en plusieurs groupes. Chez les mâles, le groupe 1 présentait le plus faible coefficient de parenté moyen (Tableau XXII). Chez les femelles, les groupes 1 et 2 ont les coefficients de parenté moyen le plus faible (Tableau XXIII).

Tableau XXII: Classification des mâles R3 (en groupe) selon les coefficients de parenté moyens mâle x femelle (moyenne et écarts type).

	Parenté moyen(%)			Signification
	Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	
Groupe mâle x Femelle	12,5 (6,1)	16,2 (6,4)	18,5 (7,4)	0,000***

*** p≤0,001

Tableau XXIII: Classification des femelles R3 (en groupe) selon les coefficients de parenté moyens mâle x femelle (moyenne et écarts type).

	Parenté moyen(%)					Signification
	Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	Groupe 4	Groupe 5	
Groupe femelle x mâle	5,5 (4,9)	11,4 (4,0)	14,2 (3,7)	17,5 (5,0)	21,0 (7,4)	0,000***

*** p≤0,001

II.5. Effets de la consanguinité sur les performances.

II.5.1. Poids à âge fixe

II.5.1.1.Chez le mâle

Les poids des mâles, ayant un pourcentage de sang supérieur à 93,7%, à 6 mois diminue avec la consanguinité (Tableau XXIV).

Tableau XXIV : Régression linéaire du poids (kg) à âge fixe (moyenne, écartype et coefficient de régression) avec le coefficient de consanguinité, chez les mâles des différents pourcentage de sang R3.

Age (mois)	Degré de sang		
	3/4	7/8	≥15/16
3	73,2 ± 18,9 -0,041	68,8 ± 21,0 0,036	75,7 ± 21,3 -0,018
6	103,2 ± 24,4 -0,006	95,6 ± 26,4 0,18	103,5 ± 34,2 -0,601**(-3,15)
9	125,6 ± 27,6 0,042	117,2 ± 30,4 0,006	142,1 ± 25,6 0,039
12	146,5 ± 30,6 0,021	135,3 ± 31,8 0,071	157,3 ± 28,9 0,098
18	167,0 ± 47,2 0,195	188,7 ± 45,7 -0,095	185,4 ± 37,2 0,010

** p ≤ 0,01

() : Coefficient non standardisée.

II.5.1.2.Chez les femelles

Les poids des femelles, ayant un pourcentage de sang supérieur à 93,7%, à 6, 9, 12 et 18 mois diminuaient avec le niveau de la consanguinité (Tableau XXV).

Tableau XXV : Régression linéaire du poids (kg) à âge fixe (moyenne, écartype et coefficient de régression) avec le coefficient de consanguinité, chez femelles des différents pourcentage de sang R3.

Age (mois)	Degré de sang		
	3/4	7/8	≥15/16
3	$68,1 \pm 18,1$ 0,116	$68,5 \pm 19,7$ 0,004	$70,1 \pm 15,8$ 0,057
6	$100,9 \pm 24,9$ 0,129	$101,3 \pm 29,04$ 0,124	$95,8 \pm 20,7$ -0,365*(-1,08)
9	$119,7 \pm 27,6$ 0,049	$122,9 \pm 34,2$ 0,048	$108,7 \pm 21,3$ -0,604**(-1,28)
12	$137,8 \pm 33,6$ 0,046	$133,5 \pm 31,1$ 0,094	$138,0 \pm 39,9$ -0,492**(-2,57)
18	$169,5 \pm 34,9$ -0,134	$174,3 \pm 28,6$ -0,096	$173,9 \pm 33,6$ -0,371*(-1,6)

* $p \leq 0,05$

** $p \leq 0,01$,

() : Coefficient non standardisée.

II.5.2. Gain moyen quotidien

II.5.2.1.Chez les mâles

Le GMQ des mâles à haut pourcentage de sang R3, entre le troisième et sixième mois, diminuait avec le niveau de la consanguinité (Tableau XXVI).

Tableau XXVI : Régression linéaire du GMQ (moyenne, écartype et coefficient de régression) avec le coefficient de consanguinité, chez les mâles des différents pourcentage de sang R3.

Intervalle d'âges (mois)	Degré de sang		
	3/4	7/8	$\geq 15/16$
3-6	$355,7 \pm 164,7$ -0,013	$279,6 \pm 168,4$ 0,080	$335,6 \pm 211,7$ -0,527*(-15,3)
6-12	$255,9 \pm 118,5$ -0,080	$239,2 \pm 130,2$ 0,256	$247,1 \pm 127,1$ -0,274

* $p \leq 0,05$

() : Coefficient non standardisée.

II.5.2.2.Chez les femelles

Le GMQ des femelles R3 diminuait avec la consanguinité, notamment chez celle à haut pourcentage de sang R3 (Tableau XXVII)

Tableau XXVII: Régression linéaire du GMQ (moyenne, écartype et coefficient de régression) avec le coefficient de consanguinité, chez les femelles des différents pourcentage de sang R3.

Intervalle d'âges (mois)	Degré de sang		
	3/4	7/8	$\geq 15/16$
3-6	$343,3 \pm 161,6$ -0,012	$354,6 \pm 163,9$ -0,06	$301,5 \pm 113,1$ -0,580**(-8,072)
6-12	$189,0 \pm 130,0$ 0,004	$219,2 \pm 118,6$ 0,057	$172,4 \pm 142,6$ -0,438*(-7,5)
12-18	$143,5 \pm 99,5$ -0,158	$153,1 \pm 102,2$ -0,458*(-8,0)	$179,6 \pm 140,7$ -0,506*(-8,6)

* $p \leq 0,05$

** $p \leq 0,01$

II.5.3. Age au premier vêlage

L'âge moyen au premier vêlage des femelles à 87,5% de sang R3 augmentait avec la consanguinité (Tableau XXVIII).

Tableau XXVIII : Régression linéaire de l'âge au premier vêlage (moyenne, écartype et coefficient de régression) avec le coefficient de consanguinité, chez les femelles des différents pourcentage de sang R3.

Pourcentage de sang	N	Age au premier vêlage (j)
3/4	21	$1337,2 \pm 422,8$ 0,168
7/8	25	$1449,1 \pm 284,1$ 0,406* (22,6)
$\geq 15/16$	17	$1387,7 \pm 345,9$ -0,305

* $p \leq 0,05$

II.5.4. Intervalle entre deux vêlages

L'intervalle entre deux vêlages successifs chez les multipares augmentait avec la consanguinité (tableau XXIX).

Tableau XXIX : Régression linéaire de l'IVV (moyenne, écartype et coefficient de régression) avec le coefficient de consanguinité, chez les femelles primipares et multipares.

Catégorie	N	IVV
Primipare	68	$679,0 \pm 245,9$ 0,116
Multipare	134	$525,6 \pm 123,4$ 0,528*** (30,2)

*** $p \leq 0,001$

TROISIEME PARTIE : DISCUSSION

➤ Sexe ratio et pourcentage de sang

L'effectif des R3 a varié de 366 têtes à 104 têtes entre les années 1999 et 2013. Une augmentation significative ($p \leq 0,05$) de la proportion des animaux à haut pourcentage de sang R3, passant de 9,3% à 50,9%, a été constatée entre les périodes, et une diminution de la proportion des animaux à faible pourcentage de sang R3. Cette variation témoignait que le troupeau ne bénéficiait pas d'apport extérieur de nouvel animal, R3 ou Zébu malagasy entre 1999 et 2013.

La proportion élevée des femelles est liée aux objectifs d'élevage des R3 qui est destinée à la production de jeunes animaux, nécessitant la conservation de toutes les femelles en âge de reproduction. Selon la littérature, un rapport mâle/femelle faible avec une proportion de femelle entre 70 et 75% est commun dans les élevages extensifs en zone tropicale [31].

Le sexe ratio du cheptel R3 était identique à celui décrit par Alkoiret [32], qui était dû au maintient des génisses du deuxième âge et des femelles âgées. Cependant, Rege [33] a constaté une forte proportion des mâles (46,8%) et une faible proportion des femelles adultes (29%), qui reflétait l'utilisation du troupeau pour l'activité agricole. Au Sahel nigérien, la forte proportion des mâles adultes (25% au minimum) enregistrée par Djaby [34] est surtout liée à l'utilisation des animaux pour l'embouche bovine et la traction animale. Même si la R3 est une race destinée à l'embouche et à la traction animale, dans la présente étude elle était considéré comme un seul troupeau par manque de données. Ce qui expliquait la différence avec la structure du troupeau observée par Djaby [34]. La connaissance exacte des différents troupeaux (destinés à l'embouche et autres) aurait pu montrer plusieurs structures, dont certaines seraient proche de celle des troupeaux destinés à l'embouche. La structure selon les degrés de sang pouvait être faussée car certaines classifications étaient basées sur les caractères phénotypiques. Néanmoins, les animaux à degré de sang inconnus étaient retirés, et les douteux rectifiés.

La variation significative du sexe ratio et des degrés de sang entre les périodes témoignait l'existence d'un changement de gestion du troupeau, menant à un changement de rythme de croissance.

➤ Pyramides des âges

Cette pyramide est large à la base, avec 25% d'animaux de moins de un an, effilée au sommet et présente des irrégularités de la pente qui est brisée au niveau de la tranche d'âge 3 à 4 ans et 7 à 8 ans chez les femelles; et 1 à 3 ans chez les mâles.

La proportion élevée des moins de un an traduisait une belle performance de reproduction et une réduction des sorties avant le sevrage pour l'année 2013. La proportion élevée des jeunes et des veaux, 40,3% de femelles et 11,5% de mâles, était un signe de rajeunissement du troupeau. La proportion élevée des génisses (1 à 3 ans) constatée à partir de l'année 2012 était probablement due au maintien pour la reconstitution du troupeau. Selon la littérature, les irrégularités des pentes sont les signes d'un régime démographique instable [12]. Chez les mâles R3, cette rupture de la pente s'expliquait par l'exploitation des veaux et taurillons au cours des années 2011 et 2012, probablement pour couvrir les dépenses nécessaires à l'entretien du troupeau. Chez les femelles, ces ruptures correspondaient à la sortie (mortalité et exploitation), probablement associée aux faible taux de fécondité entre les années 2006 et 2010. L'importance des femelles âgées de 8 à 9 ans (9,6%) pour le troupeau pouvait être dû à leur maintien.

Ces constats concordent avec les résultats enregistrés par Youssao [35], avec 31% à 35% de génisses et velles, et 36% à 44,9 % de femelles reproductrices. L'irrégularité de la pyramide est liée à ancienne politique de repeuplement. Lesnoff [36] a trouvé une structure de la pyramide des âges identique qui était due à une diminution de la fécondité et à une forte mortalité des veaux. Des proportions différentes de celles des R3 ont été enregistrées par Dehoux [37], avec 18,2% de vaches âgées de plus de 9 ans, 14,7% âgées de plus de 10 ans et seulement 24% âgées entre 3 et 9 ans. La conservation des vieilles vaches non productives était une pratique courante pour ne pas diminuer l'effectif du troupeau, signe de richesse et de fierté pour les éleveurs traditionnels [37]. La différence entre ces résultats peut être expliquée par les changements de mode de gestion de la ferme d'état de Kianjasoa, qui est en fonction des situations (politique, financière, technique).

La pyramide des âges est un outil qui dépend de la qualité des enregistrements des données. Une mauvaise catégorisation de la tranche d'âge, conséquence des retards

d'enregistrements des entrées et sorties des animaux, pouvait créer des décalages par rapport à l'âge réel et modifier la structure de cette pyramide. Cependant, ces erreurs n'excèdent pas un mois, pour les cas des R3.

La pyramide des âges permettait de prévoir le devenir d'un troupeau, et offrait une vision globale sur l'historique des événements démographiques, analysés à partir des taux démographiques et des exploitations.

➤ La fécondité

En moyenne, 76% des vêlages étaient enregistrés entre les mois de septembre à mars, correspondant aux fécondations des mois de janvier à juillet. Cette situation est commune dans les élevages tropicaux, avec des maximums de gestations et de chaleurs enregistrés en période d'abondance de nourriture et de prise de poids des animaux [3,38]. L'observation des vêlages durant les mois sec de l'année montrait la présence permanente des taureaux au sein du troupeau de femelle reproductrice. Ces vêlages en mois sec influençaient la fécondité d'une année à l'autre.

Les diminutions des fécondités des années 2000 (43,5%), 2003 (50,4%) et 2006 (40,4%) pouvaient être dues aux maladies, et à un faible niveau de la ration pendant la saison sèche des années précédentes, entraînant ainsi une perte considérable de poids des reproductrices. La faible fécondité est aussi liée à la réduction des effectifs des femelles reproductrices qui passaient de 151 à 42 têtes entre 1999 et 2006, notamment l'effectif des vaches. Dans la littérature, les femelles qui perdent leurs poids ont un anoestrus post-partum plus longue [39-41] et une mauvaise fertilité [42]. Outre, les multipares ont une fertilité supérieure aux primipares [43], et un plus court intervalle de vêlages [44, 45].

Ces résultats sont comparables à ceux enregistrés en 1968 et 1970 par Gilibert [4], respectivement 47,4% et 47,0%, qui étaient attribués à l'apparition brutale de la fasciolose. Kibwana [46] a enregistré un taux de 41,3% au Congo due à un sevrage tardif, à l'insuffisance de mâles reproducteurs et à la faible valeur alimentaire des fourrages une partie de l'année. Cependant, les taux de fécondité des R3 sont inférieurs aux taux enregistrés par Achar [44] dans la station de Toukounous chez les bovins Azaouak (78%) et par Adjou [47] dans la station de l'Okpara chez les vaches Borgou (81,5%). Pour les bovins Azaouak, ce taux fécondité est obtenu grâce à une bonne

gestion des charges de pâturages et à une alimentation équilibrée des vaches en lactation pendant la saison sèche [44]. La fécondité dépend de l'estimation de l'âge de la mise à la reproduction des femelles. Dans cette étude, les femelles reproductrices considérées sont les femelles âgées de plus de trois ans, identique à la méthode de catégorisation utilisée par De Leeuw [48]. La fécondité pouvait être surestimée ou sous-estimée selon l'âge réel individuel de mise à la reproduction. Néanmoins, l'âge de la mise à la reproduction des femelles R3, dans cette étude, a été calculé à partir de la moyenne de l'âge au premier vêlage, limitant ainsi ces écarts.

Ces faibles taux de fécondité du troupeau R3 indiquaient une faible croissance naturelle, pouvant ainsi freiner la croissance numérique.

➤ Mortalité

Ces taux très élevés en P1 sont attribués à aux maladies, entre autres le charbon symptomatique, la cowdriose, la piroplasmose, la dermatophylose, la fasciolose, et les pathologies digestives. La tuberculose (29%) a surtout causée la mortalité des animaux âgés. Selon la littérature, cette maladie est mortelle chez les animaux plus âgés et affaiblis [48]. La réduction des cas de mortalité causés par la tuberculose, est en partie due à l'abattage des animaux affaiblis, suspects de cette maladie.

Ces taux élevés de mortalité pouvaient être dus aux changements de mode d'élevage, à un faible niveau de prophylaxie sanitaire et médicale, et à une mauvaise alimentation notamment en saison sèche. Les taux de mortalité des veaux en P1 (46,3% mâles et 31,6% femelles) sont en partie attribués aux pathologies digestives (8,1%), qui reflétaient une mauvaise alimentation et état sanitaire des femelles allaitantes. Une rupture ou un retard du programme de lutte a déjà entraîné une explosion brutale des infestations par les tiques et la survenue des maladies à tiques [49]. Environ 66% du cheptel (R3 et Brahman) de la ferme d'Etat Omby était décimé par la dermatophylose, dont 118 têtes de R3 [49]. La diminution des cas de mortalité en période P3 a entraîné une meilleure croissance du cheptel, montrée par l'augmentation de l'effectif du troupeau en passant de 75 à 104 têtes entre 2009 et 2013.

Ces résultats concordent avec les constats faits par Dehoux [37] mentionnant une forte mortalité des veaux pendant les premières semaines de vie (55%) et lors du sevrage (30%). Wagenaar [50] a également trouvé 36,5% de mortalité chez les veaux,

similaire aux taux moyens en P1, dû à la faible production laitière des vaches allaitantes et à la survenue des maladies. Cependant, des faibles taux (2,5%) ont été enregistrés par Youssao [35] en élevage en station grâce à un programme de regroupement des naissances, à une bonne alimentation, à un bon sevrage et à un suivi sanitaire constant. Les taux de mortalité des R3 sont également supérieurs à ceux enregistrés par Tawah [51] dans la station de Wakwa au Cameroun, avec 1,6 à 3,6% de mortalité globale et 3,5% chez les veaux. Le retard de déclaration de mortalité pouvait limiter le taux de mortalité des autres catégories d'âges. Des erreurs lors de la détermination et classification des causes de mortalité pouvaient aussi biaiser les résultats, car certaines causes étaient associées. La forte proportion des cas de mortalité d'origine inconnue limitait la valeur de celle des autres causes. Toutefois, toutes les maladies étaient considérées dans la présente étude, et permettaient d'évaluer le faible niveau de protection sanitaire du troupeau R3 en P1.

Ces taux de mortalité élevées des veaux et velles en P1 avait certainement une répercussion sur la croissance numérique du troupeau dans les années suivantes.

➤ **Exploitation**

La forte exploitation des petits et jeunes mâles en P1, soit respectivement 46,4% et 80,2%, était surtout due aux ventes (43,4%) pour les besoins financiers de la station. Les mêmes constats ont été observés par Alkoiret [32] avec une plus forte exploitation des mâles par rapport aux femelles, attribués aux ventes d'animaux très jeunes.

L'exploitation des génisses et des vaches en P2, 25,9% et 33,1% respectivement, étaient dues aux abattages (9,8%) et réformes (10,9%) probablement liés au programme d'assainissement des troupeaux vis-à-vis de la tuberculose durant cette période. La forte exploitation des génisses (69,0% en 2006), associée au faible taux de fécondité et à un taux de mortalité élevé des femelles âgées, ne permettaient pas de remplacer les femelles adultes réformées (89,5% en 2006). Selon la littérature, un maintien de 67% des génisses sevrées est nécessaire pour le renouvellement, si 20% des vaches étaient réformées chez un troupeau ayant un taux de sevrage de 80% et un taux de réforme après sevrage de 25% [52]. Ces exploitations femelles en P2 se sont traduites par une diminution du taux de fécondité à son niveau le plus bas en 2007.

Un taux d'exploitation élevé chez les adultes enregistré par Muma [53] était attribué à la survenue de la Pleuropneumonie contagieuse bovine (PPCB), des maladies à tiques et à l'insuffisance de ration alimentaire en saison sèche. Cependant, Ba [54] a enregistré des résultats différents dans la zone cotonnière du Mali-Sud. Les mâles adultes étaient surtout vendus pour l'embouche et les travaux (20%), les veaux peu exploités (1%), alors que les génisses étaient peu exploitées (7%), gardées pour la reproduction, afin de fournir des jeunes mâles pour la traction. L'estimation des paramètres d'exploitation numérique dépend de la qualité des données enregistrées [55]. Le résultat pouvait être biaisé par la confusion entre abattage et mortalité, car certains animaux abattus n'étaient pas valorisés. Bien que la différence entre les moyennes des exploitations des différentes catégories d'âge n'aient pas été significatives, les R3 étaient surexploitées. Ces surexploitations, associées à la mortalité élevée en P1 et à la faible fécondité, avaient entraîné la décroissance numérique du troupeau.

➤ Croît et rendement numérique

Le rendement numérique a augmenté de 6,6% à 17,7% entre P1 et P3. L'augmentation du rendement numérique a été permise par la réduction des cas de mortalité entre les périodes. En P1 et P2, la surexploitation du troupeau a conduit à la décroissance du troupeau avec -13,5% et -18,4% respectivement pour P1 et P2, et se traduisait par la baisse de l'effectif entre 1999 et 2007. Le taux d'exploitation globale du troupeau R3 estimé à 21,3% ($n=528$) est largement supérieur à 9,9%, la moyenne enregistré dans les systèmes d'élevage traditionnels [56].

Le croît de 6% en P3 a été permis par la diminution de la vente des jeunes (mâles et femelles) et notamment la diminution des réformes des femelles en P3, avec une exploitation globale de 11,7%, et une faible mortalité. Ceci expliquait l'accroissement observé à partir de l'année 2009. Les mêmes valeurs calculées pour les exploitations nettes et globales, et les croûts brut et net montraient que le troupeau R3 ne bénéficiait d'aucune importation d'animaux. Pour les R3, le rendement numérique est surtout influencé par la mortalité. Des résultats identiques ont été observés par Alkoiret [32] chez la Borgou, avec un rendement numérique de 15,2% et un taux d'exploitation globale de 23,9%. Les animaux prélevés n'étaient pas tous remplacés et l'effectif du troupeau a été réduit, avec un croit brut de -8,7%. Cependant, le constat fait par Ba [54]

était différent. Dans la zone cotonnière du Mali, la productivité du troupeau était surtout dépendante du taux de fécondité et non de la mortalité. Chez les troupeaux ayant entre 1 et 5 vaches, un taux de croit de 8% a été enregistré, correspondant à une productivité de 10,1% et à une exploitation nette faible de 3%.

Le croît moyen du cheptel R3 a montré une valeur moyenne -8%, signifiant généralement une décroissance numérique. Mais la variation périodique des croîts n'est pas significative, rejetant l'hypothèse alternative. Dans les analyses démographiques des bovins en élevages extensifs, les paramètres d'exploitation numérique dépendent de la qualité des données enregistrées. Plusieurs erreurs sur l'attribution des âges et des motifs de sorties pouvaient influencer les taux calculés dans la présente étude. Les résultats pouvaient être biaisés par les confusions sur les motifs des sorties. Néanmoins, la classification des causes de sorties dans la présente étude suit une méthode qui est largement utilisée dans les troupeaux domestiques en zone tropicale pratiquant l'élevage extensif, et dans les élevages en station en Afrique. Le système d'enregistrement dans les stations est également meilleur que dans les élevages traditionnels. Les résultats obtenus sont par conséquents fiables.

La surexploitation des mâles pouvait entraîner un déficit des mâles de remplacements. En outre, l'augmentation du pourcentage de sang R3 témoignait du mode d'élevage effectué, fermé ou élevage en race pure. Ce type de reproduction aboutit souvent à une augmentation des animaux apparentés, rendant inévitable les croisements consanguins.

➤ Connaissance de la généalogie

La qualité des informations généalogique est moyenne pour les R3 nés entre les années 1999 et 2006, et bonne pour la population de référence avec un nombre d'EqG moyen de 6,9 générations et un pourcentage d'ancêtres connus supérieur à 85% pour les trois premières générations. La perte des informations généalogiques est attribuée à la destruction des données techniques au début des années 1990, période correspondant à la crise politique. Les montes incontrôlées et le non enregistrement de l'identité des mâles (père) dans le registre de naissance étaient l'une des causes de pertes des informations généalogiques. En 1982, 53 nouveaux nés sur un total de 70 enregistrés (26 mâles et 27 femelles) étaient issus des croisements entre des femelles R3 et des

pères inconnus. L'utilisation de ces animaux au sein du troupeau d'élite, du troupeau en monte libre et pour les croisements d'absorption (mâles) [57, 58], est une des causes de trou dans la généalogie. La connaissance des animaux appartenant aux générations 5 à 9 s'expliquait par les résultats du progeny-test mis en ouvre à partir de 1961 [3]. L'augmentation de la qualité de la généalogie pour la population de référence, 6,3 à 7,6 générations respectivement pour les années 2007 et 2013, pouvait être attribuée à l'amélioration des enregistrements, en mentionnant l'identité du père et de la mère des animaux dans le registre de naissance et administratif à partir de l'année 1998. Le faible effectif des R3 et la récente création de la race est l'une des raisons de la bonne connaissance de la généalogie.

Ces résultats sont comparables à ceux enregistrés par Piccoli [59], avec un EqG faible de 3,2 générations trouvé chez la race Hereford, dû à la perte des données des animaux nés entre 1971 et 1974. Santana [60] a trouvé une valeur d'EqG faible de 2,1 générations chez la race Bonsmara. Les bovins Bonsmara, considérés comme race pure, étaient en réalité des animaux issus des croisements d'absorption des femelles de race Nellore, ayant elles mêmes des généalogies incomplètes et issues de montes non contrôlées [60]. Muasya [61] a cependant trouvé au Kenya un EqG faible malgré l'existence des données du programme de progeny-test appliqué depuis 40 ans. Les lacunes de la généalogie étaient surtout attribuées à l'utilisation des semences non accompagnées de fichier généalogique [61]. Des valeurs d'EqG inférieures à celui des R3 ont été également enregistrées par Pienaar [62] chez la race Afrikaner (2,8 générations) et par Martinez [63] chez la race Blanco Orijinegro (3,1 générations). Dans les études citées ci dessus, les informations généalogiques étaient obtenues à partir des fichiers généalogiques nationaux. Bien que non issu de fichier national, la méthode utilisée pour l'inclusion d'un animal dans l'arbre généalogique des R3 était basée sur la présence de l'identité de l'animal sur au moins trois sources de données.

La bonne connaissance de la généalogie de la population de référence des R3 assurera la précision des calculs de la consanguinité et de la parenté et une meilleure interprétation de ces derniers.

➤ **La consanguinité**

Le taux de consanguinité moyen du troupeau R3 est estimé à 1,5% et 12,0% respectivement pour les R3 nés entre 1999 à 2006 et pour la population de référence ($p \leq 0,001$). L'augmentation du niveau moyen de la consanguinité entre 1999 et 2013 est liée à la qualité de la généalogie, qui est meilleure pour la population de référence ($\text{EqG}=6,9$). L'accroissement de la consanguinité de 1,1% par an est principalement attribué à l'utilisation d'un faible nombre de mâle reproducteur, accentuée par la surexploitation en P1.

Vingt-six (26) taureaux étaient mis en reproduction pour l'année 1985 [58], 9 taureaux en début des années 1999, et 1 seul en 2006. La sélection et le choix phénotypique de certains mâles, est une des causes probable de la réduction de l'effectif des mâles reproducteurs. Le taureau portant le numéro d'identité « 4712 » était le seul mâle reproducteur utilisé entre 2006 et 2008. Vue le faible effectif du troupeau à partir de 2006, les croisements entre animaux fortement apparentés étaient inévitables. Ce qui expliquait la proportion de 46,9% d'animaux ayant un taux de consanguinité compris entre 12,5% et 25%. Pour la population de référence, la forte proportion des animaux consanguins (91,3%), notamment ceux ayant une consanguinité supérieure à 12,5% (57,3%) montrait que plus de 50% des R3 étaient au moins demi-frères et sœurs. L'augmentation de la consanguinité des R3 est ainsi due à la consanguinité des récentes générations. Depuis la fin du dernier croisement de retrempe en 1986 [58], le troupeau R3 est considéré comme un troupeau fermé, élevé en race pure. L'accroissement de la consanguinité est un phénomène naturel dans les élevages fermés [24].

Les effets de la consanguinité sont bien connus et diminuent la performance des races à viandes [64]. Ces effets sont sévères dans une population où la consanguinité augmente rapidement, notamment chez les animaux avec une consanguinité supérieure ou égale à 20% [65]. Seul 13% des R3 ont une consanguinité supérieure à 20%. Mais en absence d'un programme de conservation de la variabilité génétique, le taux moyen de la consanguinité dépassera ce niveau en moins de 10 ans.

Ces résultats sont comparables à ceux observés par Gutierrez [66], chez les races Sayaguesa (13,5%) et Avilena-Negra Ibérica (7,8%) en Espagne où l'augmentation de la consanguinité est due aux récentes générations. Chez la Sayaguesa, le faible effectif de la population a entraîné une augmentation de la parenté entre les individus, rendant

les croisements consanguins inévitables. Chez la Avilegna-Negra Ibérica, les futurs taureaux reproducteurs d'un troupeau sont des veaux issus du même troupeau [66]. Danchin [24] a constaté que la consanguinité (8,6%) et la forte proportion d'animaux consanguins (98,1%) de la race Lourdaise sont dues à la disponibilité d'un seul mâles au démarrage des inventaires pour le programme de conservation.

Barbosa [67] a pourtant constaté chez la race Nellore un coefficient de relation qui augmentait et une consanguinité qui diminuait grâce à des croisements maîtrisés entre les mâles et femelles les plus apparentés. Le faible taux enregistré par Boichard [21] chez la Pie Rouge des Plaines (0,1%) et la Simmental (0,5%) étaient liées à la connaissance de la généalogie et grâce à leurs ouvertures aux diverses races d'origine étrangères. L'estimation de la valeur de la consanguinité par l'analyse du pedigree dépend de la connaissance de la généalogie [21,22]. Les lacunes dans la généalogie du troupeau R3 sous-estimait encore la valeur obtenue dans cette étude. La méthode utilisée n'est pas très adaptée à l'analyse de pedigree avec des lacunes de la généalogie car elle ne prenait pas compte des coefficients de relations entre les animaux de ce pedigree. Néanmoins, les résultats obtenus étaient suffisamment élevés pour signaler l'importance de la mise en place d'une stratégie de gestion et de conservation de la variabilité génétique de la race R3.

➤ Taille efficace de la population

Le troupeau R3 de Kianjasoa avait un intervalle moyen entre génération estimé à 7,08 ans, avec des moyennes de 7,9, 8,2, 5,4 et 6,6 ans respectivement pour les voies Père-fils, Père-fille, Mère-fils et Mère-fille. Ce plus long intervalle des voies mâles est dû au maintien d'un mâle reproducteur mis en reproduction entre 2002 et 2006, lié à la surexploitation des petits et jeunes mâles retardant son remplacement. Ce long intervalle de génération chez les R3, associé à la consanguinité, correspond à un accroissement de la consanguinité par génération de 7,7%. L'effectif génétique obtenu à partir de l'accroissement de la consanguinité par génération est estimé à 6,4. Cette Ne correspondrait à un effectif de 3 mâles et 3 femelles reproducteurs, et confirme que le troupeau actuelle est issu d'un petit nombre de mâle reproducteur. Celle obtenue par la méthode de Gutierrez [66] a révélé une diminution significative passant de 26,3 à 1,7 ($p=0,003$), signifiant une augmentation de la consanguinité ou plutôt une perte de la

diversité génétique. L'effectif génétique est le facteur de risque le plus fréquemment utilisé pour estimer et classifier le niveau de risque d'extinction d'une race [68]. Elle traduit la relation entre l'accroissement de la consanguinité et la diminution de l'hétérozygotie pour un locus donnée dans une population idéale [19].

Dans la littérature, une valeur de N_e estimé à 50 animaux est recommandée comme minimum viable pour la conservation des espèces en danger [69-70]. Meuwissen [71] l'ont estimé entre 30 et 250, et Goddard [72] à 40. La valeur de N_e de la présente étude est largement inférieure au minimum recommandée. La R3 risque ainsi un danger d'extinction en absence de plan de gestion et de conservation de la race. Selon Primack [73], un faible niveau de N_e chez une population à faible effectif, comme la R3, pouvait interagir avec des facteurs environnementaux pour aboutir à l'extinction d'une race, par le mécanisme appelée « Extinction Vortex ».

Nomora [74] a trouvé des résultats similaire chez la race Japanese Black avec un N_e moyen de 17,2 (1993-1997) et un GI moyenne de 10 ans pour l'année 1997. La supériorité des intervalles des voies mâles par rapport aux voies femelles étaient attribué à l'utilisation des mâles reproducteurs issus du progeny-test. La diminution de N_e est due à la réduction de l'effectif des mâles reproducteurs et de l'utilisation intensive d'un petit nombre d'entre eux. Au Brésil, Vercesi [75] a enregistré une GI longue de 7,2ans et un N_e de 55 chez la race Tabaqua, et Faria [76], une N_e estimée à 9 chez la race Red sindhi et une de N_e 24 chez la race Gir [77]. Chez la Red sindhi et la Gir, la diminution du nombre de mâle reproducteur, l'utilisation intensive des mâles performants et la subdivision de la population sont les causes de la réduction de N_e [76,77]. Des valeurs de N_e inférieurs au minimum recommandées ont été également constatées par Gutierrez [66] chez 5 races locales à viandes en Espagne, et par Boichard [22] chez la Normande ($N_e=47$) et la Tarentaise ($N_e=27$) en France [21].

Cependant, Picolli [59] a enregistré des valeurs de N_e allant de 245 à 92 chez 4 races britanniques (Angus, Devon, Hereford et Shorthorn) au Brésil. Malgré le faible effectif de la race Shorthorn au Brésil, la valeur de N_e est compris entre 118 et 303 grâce à l'utilisation de semences de Shorthorn croisées avec la « Red Holstein » ou « Swedish Red » [59]. Des résultats différents de ceux du troupeau R3 a été observé par Pienaar chez la race Afrikaner [62]. Une N_e de 167,8 est obtenue grâce aux montes

aléatoires au sein des troupeaux et/ou aux croisements avec la Bonsmara. Le projet de croisement entre mâles reproducteurs Bonsmara et femelles Afrikaner a contribué au maintient du niveau de la consanguinité.

La valeur de N_e change avec le niveau de la consanguinité, de l'intervalle de génération et du nombre de descendant par mâle reproducteur [16, 18, 62]. La N_e du troupeau R3 est sous-estimé car son estimation à partir de ΔF est limité par la connaissance de la généalogie [21]. En outre, la ΔF ne semble pas être le meilleur paramètre pour estimer la valeur de N_e au sein d'une race divisée en sous population. Chez une race divisée en plusieurs sous-population, les croisements ne sont pas aléatoires [78]. La R3 de Kianjasoa est en réalité une des sous-populations existantes de la race R3. La valeur de N_e peut ainsi augmenter dans les cas où les sous-populations contribuent de façon égale à la prochaine génération [78], ou diminuer en cas d'inégalité de la réussite de la reproduction entre les différentes sous-populations [79]. Ce résultat montre ainsi la nécessité d'une application de plan de conservation d'urgence et à long terme de la race R3 pour sa conservation.

➤ La parenté

La parenté entre les mâles est estimée à 19,7%, avec des extrêmes allant de 9,3 à 39,5%. En moyenne, ces mâles sont apparentés à 16,5% avec toutes les femelles et les femelles sont apparentées à 13,7% entre elles.

Le niveau élevé de la parenté chez les R3 vivants en 2013 est la conséquence d'un croisement entre parent étroitement apparentées dans les générations précédente, entraînant l'augmentation du niveau moyen de la consanguinité. La parenté peut prévoir le niveau moyen de consanguinité des produits à la génération suivante [24]. Les résultats montrent qu'au moins 16% de consanguinité moyenne serait observé chez la prochaine génération. La différence entre la moyenne des coefficients moyens de parenté entre les groupes de mâles et l'ensemble des femelles est très significative ($p \leq 0,001$). Les mâles actuellement en reproduction ont une parenté le plus élevé avec les femelles (mâle gp3). Les prochaines générations issues de ces mâles gp3 auront en moyenne 18,5% de consanguinité. À part les mâles reproducteurs actuels, huit (8) autres étaient identifiés comme exploitables pour la reproduction. Ces mâles du groupe 1 sont les animaux ayant la moyenne de coefficient de parenté la plus faible avec les femelles

(12,5%). Il est impossible d'obtenir à l'avenir des animaux non consanguins issus des croisements entre les reproducteurs actuels de la station, mais en utilisant les mâles gp1, cette consanguinité serait réduite à 12,5%. En utilisant les mâles du groupe1, la parenté moyenne du troupeau serait réduite de -4% de la valeur de la parenté obtenue en utilisant des croisements aléatoire (en considérant les parentés mâles-femelles comme le niveau de la consanguinité du troupeau suite à des croisements aléatoires). Elle serait réduite de 6% de la valeur obtenus en utilisant les mâles actuels.

Chez les femelles, cinq groupes ont pu être identifié avec une différence très significative entre les moyennes ($p \leq 0,001$). Le premier groupe de femelle est constitué de onze (11) femelles ayant un coefficient de parenté moyenne de 5,5% avec les mâles, et le cinquième groupe est constitué par des femelles avec 21,0% de parenté avec les mâles. Les croisements des mâles avec les groupes de femelle 1, 2 et 3 engendreront des animaux moins consanguins, ayant en moyenne entre 5,5% et 14,2% de consanguinité. L'utilisation des femelles du groupe 4 et 5 augmenterait le niveau de la consanguinité. Les descendants de ces groupes pourrait être vendus mais inutiles pour la conservation de la race.

La différence très significative entre la moyenne des coefficients moyens de parenté entre les groupes de mâles et femelles confirme l'hypothèse alternative. Elle affirme ainsi l'existence de sous groupe d'animaux, pouvant être utilisés comme futurs reproducteurs, pour la conservation de la variabilité génétique du troupeau R3, par la minimisation de la consanguinité moyenne.

La gestion par groupe de famille ralentira l'accroissement de la consanguinité à court terme, mais vue le nombre de mâles reproducteurs et leurs apparentement avec les femelles, la consanguinité augmenterait de nouveaux une fois que tous les mâles aient fini leur rotations.

Danchin [24] ont enregistré un coefficient de parenté des taureaux d'insémination artificiel inférieur à celui des R3 chez la Lourdaise (8,1%). Ce taux de parenté de la Lourdaise est dû à l'utilisation d'un seul taureau au début des inventaires. La conservation par l'utilisation d'un schéma rotatif chez la Villard de Lans avait prévu une diminution du niveau de consanguinité de 3,9% à 1,7% en 100 ans à partir 27 taureaux d'insémination artificiel ayant un apparentement moyen de 3,9%.

Les résultats sont limités par les lacunes de l'arbre généalogique et la méthode classique du calcul du coefficient de parenté [15]. Les critères de regroupement étaient uniquement basés sur leurs parentés entre eux et avec les femelles. Les paramètres de probabilité d'origines des gènes et l'étude des contributions des génomes seraient nécessaires pour le choix des reproducteurs. Le recours aux simulations des croisements saurait préciser les meilleurs plans à effectuer pour la réduction la parenté et de la consanguinité.

Les femelles du groupe 1 et 2 pourraient être, chacune d'elles, affectées dans un troupeau avec leurs progénitures et un mâle reproducteur le moins apparenté parmi les 5 proposés. Les femelles du groupe 3 et 4 pourraient être utilisées pour fournir les remplaçants des mâles dans les troupeaux du croisement d'absorption, des femelles pour la retrempe, ou pour fournir des animaux destinés à la vente.

Le mâle 644 peut être envisagé comme le futur remplaçant du mâle 486 et le mâle 652, celui de 435. Les mâles hautement apparentés pourraient être utilisé comme reproducteurs des croisements d'absorption des femelles Zébus. Les nouveaux nés seront ensuite affectés dans des troupeaux qui les sont moins apparentés, après le sevrage.

Certes, la stratégie proposée ne pourra pas garantir un non retour de l'augmentation de la parenté, mais elle permettra de réduire la parenté sur le moyen terme, et d'éviter leurs éventuels impacts sur les performances de reproduction, qui devrait être amélioré et optimiser chez une race à petit effectif en reconstitution.

Cet accroissement rapide et la menace d'extinction de la race nécessite plusieurs mesures d'amélioration à court et long termes pour sa conservation et son expansion.

➤ **Effets de la consanguinité**

La régression linéaire des performances des R3 montrait une variation significative de ces performances avec les consanguinités individuelles.

Le poids des mâles à haut degré de sang R3 à 6 mois, 103,5kg, est influencé négativement par la consanguinité ($p \leq 0,01$). Il existe une corrélation négative entre le poids des femelles, ayant un degré de sang R3 supérieure ou égale 93,7%, à 6, 9, 12, et

18 mois. Cette corrélation est forte pour le poids à 9 et 12 mois ($p \leq 0,01$), avec une diminution respective de -1,28kg et -2,57kg par 1% d'augmentation de la consanguinité.

Il en est de même pour les GMQ des mâles et femelles à haut pourcentage de sang, avec une forte corrélation entre le GMQ entre 3-6 mois et la consanguinité ($p \leq 0,01$) avec une diminution de -8,0g par 1% d'augmentation de la consanguinité. Les multipares subit un allongement de 30,2j par augmentation de 1% de la consanguinité ($p \leq 0,01$). Les femelles, à 87,5% de sang R3 ont un âge au premier vêlage retardé de 22,6j par 1% d'augmentation de la consanguinité.

Carolino [80] a trouvé les effets de la consanguinité chez les mêmes paramètres avec des corrélations forte enregistrés pour l'âge au premier vêlage, le GMQ, et les poids à 3 et 12 mois ($p \leq 0,01$). Mais les valeurs étaient inférieure à ceux des R3. L'accroissement rapide de la consanguinité du troupeau R3 pouvait expliquer cette supériorité des effets retrouvés par rapport à ceux observés chez la race Alentejana. La supériorité des effets de la consanguinité chez les R3 est aussi liée au mode d'élevage extensif du troupeau, qui accentuait la baisse de performance par l'insuffisance de la ration alimentaire. L'estimation des effets chez les R3 ont été effectuée chez des animaux à différents pourcentage de sang. L'explication de l'inexistence de la corrélation chez les autres catégories est le faible niveau de leur consanguinité. En effet, les R3 à haut pourcentage de sang R3 sont plus consanguins que les autres catégories.

Bien que des corrélations négatives aient été observées, le faible effectif des performances recensées (très peu d'animaux répondant aux critères d'inclusion) pouvait fausser les résultats. L'estimation des effets de la consanguinité par la méthode linéaire, en ne tenant pas compte des paramètres comme l'héritabilité des effets génétiques direct, pouvait aussi limiter la portée de ces résultats. En outre, l'estimation de la linéarité des effets de la consanguinité était basée uniquement sur les consanguinités individuelles, alors que l'effet de la consanguinité pourrait varier selon les consanguinités maternelles [81].

Néanmoins, ces résultats témoignaient de l'importance des effets de la consanguinité sur les performances de croissance des R3 et confirmaient que le troupeau R3 de Kianjasoa est en dépression consanguine.

➤ Suggestions

Concernant le mode de gestion des troupeaux, les troupeaux devraient être séparés selon le stade physiologique des animaux. Après le sevrage, les mâles et les femelles seront mis dans des troupeaux pour taurillons et pour génisses. La séparation des génisses permettrait d'éviter les montes avant l'âge adéquate de mise à la reproduction. Le sevrage devrait se faire au plus tard à 9 mois pour permettre le raccourcissement de l'intervalle de vêlage.

Le regroupement de naissance et une bonne alimentation des vaches allaitantes permettraient d'augmenter la survie des veaux. L'attribution de chaque parcelle en fonction de la taille des troupeaux, la rotation de pâturage (21 et 30 jours), et une réduction des charges des pâturages en saison sèche permettraient de réduire les pertes de poids. Les pâturages devraient aussi être renouveler pour offrir des fourrages de bonne qualité. Des rations supplémentaires (ensilage, foin) devraient être distribuées selon les besoins pendant la saison sèche. La maîtrise de l'intrusion des animaux des villages environnants serait nécessaire pour mieux gérer les pâturages.

Pour l'amélioration de la productivité numérique, il faudrait estimer les besoins financiers nécessaires, afin de fixer l'effectif des animaux à vendre. Ensuite, il faudrait fixer un taux de mortalité et d'abattage maximal de 5%, puis fixer le nombre de veaux nés (par an) pour permettre à la fois la croissance numérique et l'exploitation.

La diminution des taux de mortalité et d'abattage nécessiterait la coordination entre mise en place d'un programme de prophylaxie sanitaire et médicale adaptée à la situation épidémiologique de la région. Le traitement systématique des vaches gestantes augmenterait l'immunité des veaux. Les exploitations dues aux abattages pourraient être diminuées par une meilleure prise en charge des animaux malades.

Ensuite, une élaboration d'un calendrier de monte et de stratégie d'amélioration de la fécondité serait nécessaire, en fonction des objectifs de croissance numérique. L'instauration d'une saison de monte programmée suivant la période d'abondance des fourrages ou une synchronisation des chaleurs, faciliterait la surveillance des femelles reproductrices. A ce calendrier, serait associé une surveillance pondérale des génisses et des femelles en âge de reproduction, afin d'apporter des corrections sur le retard de croissance. Pour les troupeaux reproducteurs, les rapports minimaux de ratio

mâle/femelle devrait être respectés. Le recours à la cryoconservation des semences et à l'insémination artificiel serait une alternative pour prévenir une éventuelle indisponibilité temporaire des mâles reproducteurs.

Le choix des gestions de la réforme dépend surtout des performances de reproduction du troupeau et des moyens financiers de la station pour supporter les coûts de renouvellement. Un faible taux de réforme est plus adapté pour les R3 et permettrait la reconstitution du troupeau à faible effectif. Les ventes devraient être conditionnées selon l'intérêt de chaque individu au sein du troupeau.

Le maintien de deux ou trois mâles par campagne de reproduction assureraient le remplacement des reproducteurs nécessaires au maintien de la variabilité génétique. La station devrait introduire de nouveaux animaux, conserver les animaux à faibles degré de sang R3, ou limiter l'accroissement du pourcentage de sang R3.

Pour réduire la consanguinité, il faut éviter les croisements consanguins en utilisant des logiciels spécialisés. Des croisements d'absorption des femelles Zébus garantiraient à court terme une réduction de la consanguinité. Une retrempe à partir des semences importées de Limousine et d'Afrikander réduirait la parenté. La quantité des semences à importer dépendra de l'effectif total des femelles à inséminer.

La réduction de la durée d'utilisation des reproducteurs limiterait le nombre de descendant par taureaux. Il faudrait augmenter le nombre de mâle reproducteur par l'identification de tous les mâles et femelles encore vivants, à pourcentage de sang R3 élevé, issus des mâles potentiels vendus. Un programme de cryoconservation des semences accompagnerait cette stratégie. Un programme de reconstitution du génotype standard de la race, obtenue à la deuxième génération de croisement, pourrait être appliqué. Les mâles issus de ces croisements pourraient être utilisés au même titre que les semences Limousine et Afrikander. Une reconstitution totale pourrait résoudre, à long termes, le problème de déficit de mâle reproducteur.

Ce programme nécessiterait des moyens financiers élevés à la fois pour sa réalisation et pour l'amélioration des conditions d'élevage de la station. Ce plan de conservation est notamment difficile à réaliser dans des conditions où l'élevage bovin des R3 serait contraint à exploiter des animaux pour le fonctionnement de la station et la rentabilisation de l'élevage bovine.

CONCLUSION

CONCLUSION

L’analyse de l’évolution de la structure démographique des Renitelo de la station de Kianjasoa rappelle l’importance de l’influence des modes de conduite des troupeaux et des gestions de l’effectif.

Actuellement, le troupeau R3 de Kianjasoa est jeune et dans une bonne dynamique de croissance numérique avec 6% de croit numérique. Cet croit laissera cependant peu de marges aux risques de réduction des effectifs, qui a déjà augmenté la parenté et l’accroissement de la consanguinité à 7,8% par génération, exposant les R3 à une dépression consanguine et un haut risque de disparition.

Certes, les R3 de Kianjasoa sont probablement les seuls à être élevés en race pure actuellement, mais l’existence des troupeaux de R3 pures et croisés dans d’autres régions infirmerait le niveau de risque d’extinction obtenu dans la présente étude. Le niveau de connaissance de la généalogie remet en question les valeurs calculées. En outre, l’estimation de la dynamique d’un troupeau par une étude rétrospective ne permettait pas d’interpréter correctement les taux démographiques. La considération du cheptel R3 comme un seul troupeau limitait l’implication des événements qui se sont réellement apparus au sein de chaque troupeau.

Des études plus approfondies concernant chaque événement démographique et de la gestion des troupeaux R3 serait envisageable pour comprendre les différents modes de gestions du troupeau. L’utilisation des logiciels de suivi et de surveillance des troupeaux fournirait des résultats qui saurait prédire les futurs tendances afin d’apporter à temps les corrections nécessaire à l’atteinte des objectifs fixés. Parallèlement, l’analyse de la variabilité génétique pourrait être améliorée par l’analyse des probabilités d’origine des gènes.

La solution la plus pratique est l’utilisation des marqueurs moléculaires, afin d’analyser l’hétérozygotie, maîtriser les croisements et évaluer les distances génétiques entre les animaux de la station et les ceux dans d’autres régions.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- 1 Scherf BD. World Watch List for Domestic Animal Diversity. 3rd ed. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy;2000.
- 2 Rege JEO. The state of African cattle genetic resources I. Classification framework and identification of threatened and extinct breeds. A G R I, 1999; 25: 1-25.
- 3 Dumas R. Le Renitelo, race bovine de Madagascar. Note I.E.M.V.T. Région de Madagascar 1962.
- 4 Gilibert J. Une nouvelle race bovine : le Renitelo. I.E.M.V.T. Octobre 1973.
- 5 Ravelosoa SM, Contribution à l'étude des possibilités d'extension du Renitelo au sein du Centre de Recherches Zootechniques et Fourragères de Kianjasoa [Thèse]. Elevage : Antananarivo ; 1981.81p.
- 6 MAEP, MENRES. Rapport national sur l'état des ressources génétiques animales. MAEP, MENRES. 2003.
- 7 Razafindrabe H, Raliniaina M, Maillard JC, Rakotondravao. Renitelo cattle dermatophilosis and PCR-PLFP analysis of MHC gene. Ann N Y Acad Sci. 2006 Oct; 1081: 489-91.
- 8 FOFIFA. Rapport d'activité de recherche. Résultats de la campagne 1996-1997. Diagnostic de gestation des vaches. FOFIFA.1997. 59p/476.
- 9 FOFIFA. Rapport d'activité de recherche. Résultats de la campagne 1998-1999. Etudes sur les hemoparasitoses transmises par les tiques. FOFIFA.1999.
- 10 Pressat R. L'analyse démographique. Paris : P.U.F ; 1973.

- 11 Bettini TM. Elementi di demografia zootecnica. Naples : Portici ; Produzione Animale ; 1968.
- 12 Lhoste P, Dollé V, Rousseau J, Soltner D. Manuel de zootechnie des régions chaudes : Les systèmes d'élevage. Paris, France: Ministère de la Coopération, Collection Précis d'Elevage ; 1993.
- 13 Lesnoff M, Lancelot R, Moulin CH. Calcul des taux démographiques dans les cheptels de ruminants domestiques tropicaux: approche en temps discret. Montpellier, France: Quae; 2007.
- 14 Lesnoff M, Lancelot R, Moulin C-H, Messad S, Juanes X, Sahut C. Calculation of demographic parameters in tropical livestock herds: A discrete time approach with LASER animal-based monitoring data. Montpellier, France: Quae; 2011
- 15 Malecot. Les mathématiques de l'hérédité. Paris : Masson ; 1948.
- 16 Verrier E, Rognon X, Laloë D, De Rochambeau H. Les outils et méthodes de la génétique pour la caractérisation, le suivi et la gestion de la variabilité génétique des populations animales. In: Société d'ethnozootechnie, Journée d'étude «races en péril », Beauvais, 7 avril 2005.
- 17 Bonnes G, Dare A, Fugit G, Gadoud R, Jussiau R, Mangeol B et al. Amélioration génétique des animaux d'élevage. Paris: Foucher; 1991 ; 287p.
- 18 Lauvie A. Gérer les populations animales locales à petits effectifs: Approche de la diversité des dispositifs mis en œuvre [Thèse]. Gestion des ressources génétiques animales: Paris, France ; 2007. 337p.
- 19 Wright S. Evolution in mendelian populations. Genetics. 1931; 16: 97-159.

- 20 Serre JL. Génétique des populations, modèles de base et applications. Paris: Nathan Universités; 1997 ; 250p.
- 21 Boichard D, Maignel L, Verrier E. Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. INRA Prod Anim. 1996 Décembre; 9 (5) : 323-35.
- 22 Boichard D, Maignel L, Verrier E. The value of using probabilities of gene origin to measure the genetic variability in a population. Genet Sel Evol. 1997; 29: 5-23.
- 23 Maignel L, Boichard D, Verrier E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. Interbull Bulletim. 1996 Juin; 14: 49-54.
- 24 Danchin-Burge C, Avon L. Analyse de la variabilité génétique de races bovines à très petits effectifs, après vingt ans d'actions de conservation. Renc Rech Ruminants. 2000; 7:145-8.
- 25 Danchin-Burge C. Estimation de la variabilité génétique de 19 races bovines a partir de leurs généalogies, collection résultats. Inra. 2009 Août; CR ; n° 000972125: 1-76.
- 26 Vu Tien Khang J, De Rochambeau H. Gestion de la variabilité génétique dans les petites populations d'animaux domestiques: principales recommandations. In: Gestion de la variabilité génétique. Paris: rapport pour l'Institut de l'Elevage; 7 nov. 1995.
- 27 MAEP (UPDR). Monographie de la région Bongolava. MAEP (UPDR). Juin 2003. 1-104.
- 28 Wright S, Mac Phee HC. An approximate method of calculating coefficient of inbreeding and relationship from livestock pedigrees. J Agric Res. 1925; 31(4): 377-83.

- 29 Falconer DS, Mackay TFC. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Essex, UK: Longman Editors; 1996.
- 30 Vu Tien Khang J. Méthodes d'analyse des données démographiques et généalogiques dans les populations d'animaux domestiques. *Genet Sel Evol*. 1983; 15 (2) : 263-98.
- 31 Onono JO, Wieland B, Rushton J. Productivity in different cattle production systems in Kenya. *Trop Anim Prod*. 2012.
- 32 Alkoiret IT, Awohouedji DYG, Yacoubou AH. Paramètres démographiques des cheptels de bovins Borgou et N'Dama à la ferme de l'Okpara au nord-est du Bénin. *Int J Biol Chem Sci*. Octobre 2010; 4(5): 1657-66.
- 33 Rege JEO, Kahi A, Okomo-Adhiambo M, Mwacharo J, Hanotte O. Zebu cattle of Kenya: Uses, performance, farmer preferences, measures of genetic diversity and options for improved use. *Animal Genetic Resources Research* 1. ILRI, Nairobi, Kenya: ILRI; 2001.
- 34 Djaby B. Modélisation spatiale des flux organiques et minéraux assurant la productivité durable des systèmes culture-élevage dans le sahel nigérien [Thèse]. Sciences et gestion de l'environnement. Liège, Belgique; 2010. 388p.
- 35 Youssao AKI, Ahissou A, Toure Z, Leroy PL. Productivité de la race bovine Borgou à la ferme d'élevage de l'Okpara au Bénin. *Rev Elev Méd Vét Pays Trop*. 2000; 53(1): 67-74.
- 36 Lesnoff M, Diedhiou M, Laval G, Bonnet P, Workalemahu A, Kifle D. Demographic Parameters of a Domestic Cattle Herd in a Contagious-Bovine Pleuropneumonia Infected Area of Ethiopian Highlands. *Rev Elev Méd Vét Pays Trop*. 2002; 55(2): 139-47.

- 37 Dehoux J-P, Hounsou-Ve G. Productivité de la race bovine Borgou selon les systèmes d'élevage traditionnels au nord-est du Bénin. Rev Mondiale de Zootechnie. 1993; 74/75: 36-48.
- 38 Gauthier D, Coulaud G, Varo H, Thimonier J. Durée de l'anoestrus post-partum et fertilité de la vache Créole en climat tropical: influence de la saison de mise bas et de la variation du poids vif. Ann de zootechnie. 1984; 33 (2): 235-44.
- 39 Dunn TG, Moss GE. Effects of nutrient deficiencies and excesses on reproductive efficiency of livestock. J Anim Sci. 1992; 70: 1580-93.
- 40 Landais. Analyse des systèmes d'élevage bovin sédentaire, du nord de la Côte d'Ivoire. Maison-Alfort, IEMVT. 1983; 759p. (Etudes et synthèses de l'IEMVT n9).
- 41 Wiltbank JN, Rowden WW, Ingallis JE, Zimmermann DR. Influence of post partum energy levels on reproductive performance of Hereford cows restricted in energy intake prior to calving. J Anim Sci. 1964; 23: 1049-60.
- 42 Grosskopf JFW. Non pathogenic factors associated with reconnection of beef cows under extensive conditions. 4th Wld Congr, Buenos Aires Anim Prod. 1978; 1: 515-25.
- 43 Ezanno P, Ickowick A, Faye B. Demographic parameter of N'Dama cattle raised under extensive range management conditions in southern Senegal. Rev Elev Méd Vét Pays Trop. 2002; 55(3): 211-9.
- 44 Achard F, Chanono M. 1997. Mortalité et performances de reproduction chez le zébu Azaouak à la station de Toukounous, Niger (1986-1992). Rev Elev Méd Vét Pays Trop. 1997; 50(4): 325-33.
- 45 Mukasa-Mugwera E, Bekele E, Tessema T. Type and productivity of indigenous cattle in central Ethiopia. Trop Anim Health Prod. 1989; 21: 120.

- 46 Kibwana DK, Makumyaviri AM, Hornick JL. Pratiques d'élevage extensif et performances de bovins de race locale, et croisée avec des races laitières exotiques en république démocratique du Congo. Rev Elev Méd Vét Pays Trop. 2012; 65 (3-4): 67-74.
- 47 Adjou Moumouni APF. Evaluation des performances zootechniques des bovins de race Borgou en sélection à la ferme d'élevage de l'Okpara Bénin [Thèse]. Sciences et Médecine Vétérinaire. Sénégal ; 2006. 108p.
- 48 De Leeuw PN, Wilson RT. Comparative productivity of indigenous cattle under traditional management in Subsaharan Africa. Q J int Agric. 1987; 26: 377-90.
- 49 Ranaivoson A, Ranaivoson R, Rambelomanana D. Epizootiologie et incidence de la dematophilose bovine à Madagascar. Rev Elev Méd Vét Pays Trop. 1986 ; 39 (3-4): 279-87.
- 50 Wagenaar KT, Diallo A, Sayers AR. Productivty of transhumant Fulani cattle in the inner Niger delta of Mali. International Livetstock Centre for Africa. December 1986. 68p.
- 51 Tawah CL, Mbah DA. Cattle breed evaluation and improvement in Cameroun: a review of the situation. Institute of Animal Research (IRZ), Wakwa, Cameroun. 1989. 29p.
- 52 Humes PE, Sullivan Jr JS. Southern regional beef cow-calf handbook. Selection and culling of females. SR1004. Gainesville: Cooperative Extension Service, IFAS, University of Florida. <http://ufdc.ufj.edu/UF00095014/00001/24x>
- 53 Muma JB, Munyeme M, Samui KL, Siamudaala V, Oloya J, Mwacalimba K et al. Mortality and commercial off-take rates in adult traditional cattle of Zambia. Trop Anim Health Prod. 2009; 41: 783-9.

- 54 Ba A. Exploitation du cheptel bovin dans la zone cotonnière au Mali-Sud [Thèse]. Zootechnie: Montpellier; 2011. 170p.
- 55 Lesnoff M. Méthodes d'enquête pour l'estimation des taux démographiques des cheptels de ruminants domestiques tropicaux. Synthèse, limites et perspectives. Rev Elev Méd Vét Pays Trop. 2013; 66 (2): 57-67.
- 56 Otte MJ, Chilonda P. Cattle and small ruminant production system in sub-saharan Africa: A systematic review.FAO, Rome. 2002. 98p.
- 57 FOFIFA. Rapport d'activité de recherche. Zootechnie. FOFIFA.1983.
- 58 FOFIFA. Rapport d'activité de recherche. Zootechnie. FOFIFA.1985.
- 59 Picolli ML, Bracinni Neto J, Brito FV, Campos LT, Bertoli CD, Campos GS et al. Origins and genetic diversity of British cattle breeds in Brazil assed by pedigree analyses. J Anim Sci. 2014; 92: 1920-30.
- 60 Santana Jr ML, Oliveira PS, Eler JP, Gutierrez JP, Ferraz JBS. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara Breeds. J Anim Sci.2012; 90: 99-108.
- 61 Muasya TK, Peters KJ, Kahi AK. Breeding structure and genetic variability of the Holstein Friesian dairy cattle population in Kenya. Animal Genetic Resources. 2013; 52: 127-37.
- 62 Pienaar L. Genetic diversity in the Afrikaner cattle breeds [These]. Genetic. Afrique du sud. 2014.85p.
- 63 Martinez RA, Garcia D, Gallego JL, Onofre G, Perez J, Canon J. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. J Anim Sci. 2008; 86: 545-52.

- 64 Croquet C, Mayeres P, Gillon A, Vanderick S, Gengler N. 2006. Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type, and functional traits. *J Dairy Sci.* 2006; 89: 2257–67.
- 65 Burrow HM. 1993. The effects of inbreeding in beef cattle. *Anim Breed Abstr.* 1993 ; 61: 737-51.
- 66 Gutierrez JP, Altarriba J, Díaz C, Quintanilla R, Cañón J, Piedrafita J. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet Sel Evol.* 2003; 35: 43-63
- 67 Barbosa ACB, Malhado CH, Carneiro PL, Muniz LM, Ambrosini DP, Carillo JA et al. Population structure of Nellore cattle in northeastern Brazil. *R Bras Zootec.* 2013; 42 (9): 639-44.
- 68 FAO (Food and Agriculture Organization). Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. FAO, Rome, Italy; 1998.
- 69 Franklin IR. Evolutionary change in small populations. In: Wilcox BA, Soule ME, Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective. Sunderland, Mass: Sinauer Associates.1980.135-40.
- 70 Lande R, Barrowclough GF. Effective population size, genetic variation, and their use in population management. In: Soule ME, Viable Populations for Conservation. Cambridge University Press, Cambridge, Mass. 1987. 87-123.
- 71 Meuwissen THE, Wooliams J. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theoretical and Applied Genetics.* 1994; 89: 1019-26.
- 72 Goddard MG, Smith C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. *J Dairy Sci.* 1990; 73: 1113–22.

- 73 Primack RB, A primer of Conservation Biology. Sunderland, Mass: Sinauer Associates. 2000.
- 74 Nomura T, Honda T, Mukai F. Inbreeding and Effective population size of Japanese Black cattle. *J Anim Science Champaign*. 2001; 89: 366-70.
- 75 Vercesi Filho AE , Faria FJC, Madalena FE, Josahkian L A. population structure of the registered Tabaqua cattle in Brazil. *Arq Bras Med Vet Zootec*. 2002; 54 (6): 609-17.
- 76 Faria FJC, Vercesi Filho AE, Madalena FE, Josahkian LA. Genetic structure of the Red sindhi breed in Brazil. *R Bras Zootec*. 2004; 33(4): 852-57.
- 77 Faria FJC, Vercesi Filho AE, Madalena FE, Josahkian LA. Genetic structure if the registered polled Gir breed in Brazil. *B Industr Anim N Odessa*. 2006; 63 (3): 135-41.
- 78 Wang J, Caballero A. Developments in predicting the effective size of subdivided populations. *Heredity*. 1999; 82: 212–26
- 79 Whitlock MC, Barton NH. The effective size of a subdivided population. *Genetics*. 1997; 146: 427–41.
- 80 Carolino N, Luis TG. Inbreeding depression on beef cattle traits: Estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. *Genet Sel Evol*. 2008; 40: 511-27.
- 81 Gulisija D, Gianola D, Weigel KA, Toro MA. Between-founder heterogeneity in inbreeding depression for production in Jersey cows. *Livestock Sci*. 2006; 104: 244–53.

ANNEXES

Annexe I : Taxonomie de la Race Renitelo :

Règne : Animalia

Embranchement : Chordata

Sous-embranchement : Vertebrata

Classe : Mammalia

Sous-classe : Theria

Infra-classe : Eutheria

Ordre : Artiodactyla

Famille : Bovidae

Sous-famille : Bovinae

Genre : Bos

Espèce : Bos taurus

Annexe II : Evolution du taux moyen de consanguinité de 1964 à 1970

Année	Taux moyen annuel (%)
1964	3,89
1965	1,38
1966	2,18
1967	0,82
1968	2,23
1969	1,59
1970	1,31

Annexe III: Taux de consanguinité des R3 nés de 1964 à 1970

Nombres d'animaux	Taux de consanguinité (%)						
	0	3,12	6,25	7,81	12,50	15,60	
Fréquence absolue	354	78	35	3	28	1	
Fréquence relative	71	15,60	7	0,60	5,60	0,20	

Annexe IV: Taux démographiques et définitions

Taux naturels	Définition
Taux de mise bas	Probabilité ou taux instantanée qu'une femelle ait une mise bas
Taux d'avortement	Probabilité ou taux instantanée qu'une femelle ait un avortement
Taux de prolificité	Nombre moyen de produits (nés vivant + mort-nés) par mise bas
Taux de mortalité	Probabilité qu'un produit soit mort-né
Taux de femelles à la naissance	Probabilité qu'un produit né vivant soit une femelle
Taux de mort naturelle	Probabilité ou taux instantanée qu'un animal meure de mort naturelle durant une période de temps donnée
Taux de gestion	
Taux d'exploitation	Probabilité ou taux instantanée qu'un animal soit exploité (abattage, vente, prêt, don, etc.)
Taux d'importation	Probabilité ou taux instantané qu'un animal soit importé (achat, prêt, don, etc.)
Taux démographiques synthétiques	
Taux de prolificité nette	Nombre de produit né vivants par mise bas, calculé directement ou par : Taux de prolificité*(1-taux de mortalité)
Taux de fécondité	Nombre moyen de produits (nés vivants+ mort-né) par femelle reproductrice et par an, calculé directement ou par : Taux de mise bas * Taux de prolificité
Taux de fécondité nette	Nombre moyen de produit nés vivants par femelle reproductrice et par an : Taux de mise bas * Taux de prolificité nette

Annexe V : Bâtiment d'élevage des Renitelo



Annexe VI : Parcelle Ambatonapoka



Annexe VII : Parcelle Ambalvao



Annexe VIII : Intervention sanitaire lors du pesage mensuel



Annexe IX : Nettoyage des Bâtiments



Annexe X : Exemple d'une fiche de collecte de donnée.

Annexe XI: Liste des animaux composant les différents groupes.

Groupes des mâles :

gp1 :556, 558, 566, 569, 570, 619, 644, 652.

gp2 :661, 660, 656, 654, 648, 645, 640, 615.

gp3 :637, 542, 534, 486, 435.

Groupes des femelles :

gp1 :605, 587, 578, 482, 421, 361, 327, 312, 297, 281, 171.

gp2 :641, 618, 599, 595, 581, 572.

gp3 :653, 604, 565, 545, 459, 381, 375.

gp4 : 663, 659, 650, 649, 642, 634, 624, 622, 621, 620, 614, 612, 611, 609, 601, 596, 592, 590, 586, 579, 576, 571, 557, 550, 546, 543, 540, 537, 530, 528, 525, 512, 501, 489, 488, 481, 478, 473, 455, 452, 451, 442, 441, 436, 429, 396, 332.

gp5 : 658, 655, 646, 643, 633, 632, 631, 630, 626, 532, 524, 511, 313

VELIRANO

« Eto anatrehan'i ZANAHARY, eto anoloan'ireo mpikambana ao amin'ny Holafitra Nasionalin'ny Dokotera veterinera Malagasy sy ireo Mpampianatra ahy, mianiana aho fa hitandro lalandava ary hatraiza hatraiza ny haja amam-boninahitry ny Dokotera Veterinera sy ny asa. Noho izany dia manome toky ary mianiana aho fa :

- a. Hanatanteraka ny asako eo ambany fifehezan'ny fitsipika misy ary hanaja hatrany ny rariny sy ny hitsiny ;
- b. Tsy hivadi-belirano amin'ny lal'an'ny voninahitra, ny fahamendrehana, ny fanajana ny rariny sy ny fitsipi-pitondran-tena eo am-panatanterahana ny asa maha Dokotera Veterinera ;
- c. Hanaja ireo nampianatra ahy, ny fisiky ny hai-kanto. Hampiseho ny sitraka sy fankatelemana amin'izy ireo ka tsy hivaona amin'ny soa nampianarin'izy ireo ahy ;
- d. Hanaja ny ain'ny biby, hijoro toy ny andry iankinan'ny fiarovana ny fahasalamaman'izy ireo sy ho fanatsarana ny fiainany ary hikatsaka ny fivoaran'ny fahasalamaman'ny ny olombeleona sy ny toe-piainany ;
- e. Hitazona ho ahy samy irery ny tsiambaratelon' ny asako;
- f. Hiasa ho an'ny fiarovana ny tontolo iainana sy hiezaka ho an'ny fisian'ny fiainana mirindra hoan'ny zavamanan'aina rehetra ary hikatsaka ny fanatanterahana ny fisian'ny rehetra ilaina eo amin'ny fiaraha-monina tsy misy raoraon'ny olombelona sy ny biby ;
- g. Hiezaka hahafehy ireo fahalalana vaovao sy haitao momba ny fitsaboana biby ary hampita izany ho an'ny hafa ao anatin'ny fitandroana ny fifanakalozana amin'ny hairaha mifandray amin'izany mba hitondra fivoarana ho azy ;
- h. Na ovina na ovina aho, tsy hanaiky hampiasa ny fahalalako sy ny toerana misy ahy hitondra ho any amin'ny fahalovana sy hitarika fihetsika tsy mendrika.

Ho toavin'ny mpiara-belona amiko anie aho raha mahatanteraka ny velirano nataoko. Ho rakotry ny henatra sy horabirabian'ireo mpiray asa amiko kosa aho raha mivadika amin'izany”

PERMIS D'IMPRIMER

LU ET APPROUVE

Le Directeur de Thèse,

Signé : Professeur RATSIMBAZAFIMAHEFA RAHANTALALAO Henriette

VU ET PERMIS D'IMPRIMER

Le Doyen de la Faculté de Médecine d'Antananarivo,

Signé : Professeur SAMISON Luc Hervé

Full name : RAEILIARIJAONA Gérald Michel

Title of Thesis : States and perspectives for the conservation of the Renitelo cattle herd
of Kianjasoa

Heading : Population genetic

Number of table : 29

Number of pages : 72

Number of appendices : 10

Number of figures : 13

Number of bibliographical references: 81

SUMMARY

Introduction: The demographic and genetic situation of Renitelo cattle breed is still unknown. The aims of this study are to analysis the demographic structure, the genetic variability, the effects of inbreeding depression in growth and reproductive traits, from pedigree analysis for drawing a breeding conservation plan.

Method: A descriptive cross-sectional study was carried out among Renitelo herd of Kianjasoa from July 2013 to December 2013.

Results: The Renitelo herd of Kianjasoa had an unstable demographical rhythm. The off-take on P2 and the mortality rate on P1, respectively 31.7% and 19.3%, had influenced the growth rate with a mean of -8% per year. The inbreeding coefficient rose to 12.0%, with a rate of inbreeding per year of 1.1% and an effective population size which decreased from 26.3 to 1.7($p=0.003$). The 15/16 R3 breed female's weight at 9 and 12 months decreased ($p\leq 0.001$) respectively at -1.2 and -2.5kg for each 1% increase of the inbreeding coefficient. The animals of the group "gp1" will bring the inbreeding at 4 and 6% lower than respectively the results after random mating and actual mating.

Conclusion: The Renitelo herd of Kianjasoa was not in negative numerical growth rate but under inbreeding depression with a loss of the genetic variability.

Key words: demography, genetic diversity, inbreeding, inbreeding depression.

Director of thesis: Professor RATSIMBAZAFIMAHEFA RAHANTALALAO

Henriette

Reporter of thesis: Doctor RASAMOELINA Andriamanivo Harentsoaniaina

Author's address : IAV 270 Iavoloha Antananarivo 102

Nom et prénoms : RAEIARIJAONA Gérald Michel

Titre de la thèse : Etat des lieux et perspectives pour la conservation des troupeaux de bovins Renitelo à Kianjasoa.

Rubrique : Génétique de la population

Nombre de tableaux : 29

Nombre de pages : 72

Nombre d'annexes : 10

Nombre de figures : 13

Nombre de références bibliographiques : 81

RESUME

Introduction : La situation démographico-génétique de la race Renitelo est inconnue actuellement. Cette étude vise à analyser la croissance démographique puis d'étudier la variabilité génétique et les effets de la consanguinité à partir de l'analyse de pedigree afin de décrire un plan de croisement pour la conservation de la race Renitelo.

Méthode : Une étude descriptive transversale rétrospective a été effectuée chez les Renitelo de la station de Kianjasoa du mois de juillet 2013 au mois de décembre 2013.

Résultat : Le troupeau Renitelo de Kianjasoa a un rythme démographique instable. L'exploitation en P2 et la mortalité en P1, respectivement 31,7 et 19,3%, ont beaucoup influencé les rendements et les croûts numériques avec une moyenne de -8% de croît net par an. La consanguinité s'élevait à 12,0% ($p=0,000$), avec 1,1% de croît par an et une taille efficace diminuant de 26,3 à 1,7($p=0,003$). Le poids à 9 et 12 mois des femelles 15/16^e de sang Renitelo diminuaient ($p\leq 0,001$) respectivement de -1,2 et -2,5kg par 1% d'augmentation de la consanguinité. Les animaux «gp1» assureraient une baisse de la parenté de 4 et 6% respectivement par rapport aux croisements aléatoires et actuels.

Conclusion : Le troupeau Renitelo de Kianjasoa n'est pas en décroissance numérique mais subit une dépression consanguine et une perte de la variabilité génétique.

Mots clés : consanguinité, démographie, dépression consanguine, diversité génétique.

Directeur de thèse : Professeur RATSIMBAZAFIMAHEFA RAHANTALALAO

Henriette

Rapporteur de thèse: Docteur RASAMOELINA Andriamanivo Harentsoaniaina

Adresse de l'auteur : IAV 270 Iavoloha Antananarivo 102.