



**Modélisation bioéconomique de la
conservation des ressources génétiques
animales**

Aziz Fadlaoui

Thèse présentée en vue de l'obtention du grade de
Docteur en sciences agronomiques
et ingénierie biologique.

Jury :

Président : Prof. B. Delvaux (UCL)

Copromoteurs : Prof. Ph. Baret (UCL)

Prof. J. Roosen (Université de Kiel-Allemagne)

Lecteurs : Prof. M. Bruford (Université de Cardiff)

Prof. D. Tyteca (UCL)

Prof. G. Van Huylenbroeck (Université de Gand)

Prof. E. Verrier (INRA Paris-Grignon)

LOUVAIN-LA-NEUVE, NOVEMBRE 2006

TABLE DES MATIERES

REMERCIEMENTS	I
RESUME	III
ABSTRACT	V
LISTE DES PUBLICATIONS.....	VII
LISTE DES TABLEAUX.....	VIII
LISTE DES FIGURES.....	XII
SIGLES ET ABBREVIATIONS	XIV
I. AVANT-PROPOS.....	1
I.1 CONTEXTE GLOBAL.....	1
I.2 IMPACT SUR LA BIODIVERSITÉ	3
I.3 CONTEXTE SCIENTIFIQUE	5
CHAPITRE I. PROBLÉMATIQUE, OBJECTIFS ET CADRE D'ANALYSE.....	7
I. INTRODUCTION	7
II. MULTIFONCTIONNALITÉ ET RÔLES DES RGAS.....	8
II.1 FONCTIONS ÉCONOMIQUE ET ALIMENTAIRE	9
II.2 FONCTIONS ENVIRONNEMENTALES	10
II.2.1 <i>Système pastoral</i>	10
II.2.2 <i>Système d'exploitation mixte</i>	11
II.2.3 <i>Système industriel</i>	11
II.3 FONCTION SOCIOCULTURELLE	12
III. CAUSES D'EXTINCTION DES RGAS	14
III.1 FACTEURS DIRECTS	14
III.2 FACTEURS INDIRECTS	17
III.3 AUTRES FACTEURS	18
IV. PROBLÉMATIQUE ET OBJECTIFS.....	19
IV.1 CONCEPT DE BIODIVERSITÉ	19
IV.2 SITUATION GLOBALE	20
IV.3 ÉLÉMENTS DE LA PROBLÉMATIQUE DE CONSERVATION DES RGAS	21
IV.4 OBJECTIFS DE LA RECHERCHE	23
V. CADRE ANALYTIQUE : MODÈLE DE WEITZMAN.....	25
V.1 CONTEXTE DÉTERMINISTE ET CONCEPT DE CONTRIBUTION RELATIVE	28

V.1.1 Propriété sur l'élément de lien.....	31
V.1.2 Concept de contribution relative.....	32
V.2 CONTEXTE STOCHASTIQUE ET CONCEPT DE DIVERSITÉ MARGINALE.....	33
V.3 STRUCTURE GLOBALE DU MODÈLE.....	36
V.4 LIMITES ET EXTENSION DE L'APPROCHE AU CONTEXTE DES RGAS.....	37
V.5 PLAN DE THÈSE.....	39
CHAPITRE II. POLITIQUE DE CONSERVATION <i>IN SITU</i> DES ANIMAUX D'ÉLEVAGE AU SEIN DE L'UNION EUROPÉENNE.....	41
I. INTRODUCTION	41
II. CONSERVATION DES RGAS À L'ÉCHELLE DE L'UNION.....	43
II.1 TENDANCES DE LA PAC.....	43
II.1.1 Aperçu historique	43
II.1.2 Réforme 1992.....	45
II.1.3 Conditionnalité environnementale et Agenda 2000.....	46
II.2 LES RGAS DANS LA LÉGISLATION DE L'UNION	47
II.2.1 Règlements 2078/92 et 1467/94.....	48
II.2.2 Règlement 1257/99, 1258/1999, 1750/1999 et 445/2002.....	51
II.2.3 Critères d'éligibilité	52
III. ETAT ACTUEL DE LA CONSERVATION <i>IN SITU</i> DANS L'UE-15.....	54
III.1 COUVERTURE PAR PAYS	56
III.2 COUVERTURE PAR ESPÈCE.....	58
III.3 BUDGET ET SUBSIDES ALLOUÉS À LA CONSERVATION.....	58
III.3.1 Budget de conservation	58
III.3.2 Subsidés alloués à la conservation.....	62
IV. DÉTERMINANTS DES DÉCISIONS DE CONSERVATION.....	63
IV.1 MODÈLE ÉCONOMÉTRIQUE	64
IV.2 DONNÉES ET MODÈLE EMPIRIQUE	65
IV.3 RÉSULTATS ET DISCUSSION.....	69
IV.3.1 Livre généalogique et caractéristiques d'intérêt	70
IV.3.2 Caractéristiques d'unicité	71
IV.3.3 Caractéristiques des populations	73
IV.3.4 Approches de conservation.....	74
IV.3.5 Espèces et pays	75
CHAPITRE III. ANALYSE DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE INTRA-RACE ET INTER-RACES POUR 28 POPULATIONS OVINES ET 21 POPULATIONS CAPRINES	77
I. INTRODUCTION	77
II. MATÉRIEL ET MÉTHODES.....	79
II.1 POPULATIONS CONSIDÉRÉES.....	79
II.2 MARQUEURS MICROSATELLITES	84
II.3 MÉTHODES ET ANALYSES STATISTIQUES	84
II.3.1 Équilibre de Hardy Weinberg.....	85
II.3.2 Variabilité intra-population.....	86
II.3.3 Structure des populations	88
II.3.4 Variabilité entre populations.....	90
III. RÉSULTATS.....	93
III.1 VARIABILITÉ INTRA-RACE.....	93
III.1.1 Cas des ovins.....	93
III.1.2 Cas des caprins	98
III.2 VARIABILITÉ ENTRE RACE ET DISSEMBLANCE GÉNÉTIQUE	100
III.2.1 Cas des ovins.....	100
III.2.2 Cas des caprins	101

IV. DISCUSSION	106
IV.1 DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE INTRA-RACE	107
IV.2 DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ENTRE RACES	109
IV.3 DIVERSITÉ INTRA- ET INTER-POPULATIONS	114
CHAPITRE IV. INTÉGRATION DE L'UTILITÉ MOYENNANT LA MODÉLISATION DES CHOIX MULTI-ATTRIBUTS.....	119
I. INTRODUCTION	119
II. APPROCHE MÉTHODOLOGIQUE.....	121
II.1 MODÉLISATION DES CHOIX MULTI-ATTRIBUTS.....	121
II.1.1 Principe de base	122
II.1.2 Support théorique	123
II.2 DÉMARCHE EMPIRIQUE.....	125
II.2.1 Choix des attributs.....	126
II.2.2 Echantillon d'enquête.....	132
II.2.3 Plan expérimental et questionnaire.....	134
III. PRÉSENTATION DES RÉSULTATS	135
III.1 CARACTÉRISATION DE L'ÉCHANTILLON	135
III.2 PERCEPTION DE LA PROBLÉMATIQUE D'ÉROSION DES RGAS	137
III.3 ATTITUDES VIS-À-VIS DES CRITÈRES D'ÉLIGIBILITÉ DE L'UE	139
III.4 ATTITUDES À L'ÉGARD DES ATTRIBUTS ET DES INDICATEURS	142
IV. ANALYSE DES PRÉFÉRENCES	144
IV.1 MODÈLES CONSIDÉRÉS	144
IV.1.1 Modèle logit multinomial.....	145
IV.1.2 Modèle logit emboîté.....	146
IV.2 CONSTRUCTION DES VARIABLES	147
IV.3 RÉSULTATS DES MODÈLES ÉCONOMÉTRIQUES	149
IV.3.1 Modèle logit multinomial.....	149
IV.3.2 Modèle logit emboîté.....	151
IV.4 IMPORTANCE RELATIVE DES ATTRIBUTS	154
IV.5 RÉGULARITÉ DES PRÉFÉRENCES	155
V. DISCUSSION.....	157
V.1 DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE.....	158
V.2 FONCTION ÉCONOMIQUE.....	159
V.3 FONCTION ENVIRONNEMENTALE.....	160
V.4 FONCTION CULTURELLE	161
CHAPITRE V. MODÉLISATION DE LA PROBLÉMATIQUE DE CONSERVATION DES RGAS : INTÉGRATION DES COMPOSANTES GÉNÉTIQUE, ÉCONOMIQUE ET POLITIQUE.....	163
I. INTRODUCTION	163
II. APPROCHE MÉTHODOLOGIQUE.....	166
II.1 PROBABILITÉS DE SURVIE.....	166
II.1.1 Systèmes de classification des risques d'extinction	167
II.1.2 Travaux empiriques	170
II.1.3 Cadre adopté	172
II.2 MODÈLES D'OPTIMISATION	174
II.2.1 Fonction objectif.....	174
II.2.2 Contraintes	177
II.2.3 Forme fonctionnelle et budget de conservation.....	178
III. RÉSULTATS.....	181
III.1 PROBABILITÉS DE SURVIE	181

III.2 DIVERSITÉS ATTENDUES ET DIVERSITÉS MARGINALES	184
III.2.1 Diversités attendues	184
III.2.2 Diversités marginales.....	185
III.2.3 Potentiel de conservation	188
III.3 UTILITÉS DES RACES	190
III.3.1 Races ovines	191
III.3.2 Races caprines.....	192
III.4 RACES RETENUES PAR LES MODÈLES D'OPTIMISATION.....	192
III.4.1 Races ovines	197
III.4.2 Races caprines.....	200
IV. DISCUSSION	202
IV.1 PROBABILITÉS DE SURVIE	202
IV.2 COMPORTEMENT DE LA FORME FONCTIONNELLE RETENUE.....	204
IV.3 DISTANCES UTILISÉES.....	208
CONCLUSION	210
CHAPITRE VI. CONCLUSION ET IMPLICATIONS	213
I. PRINCIPALES CONCLUSIONS.....	213
I.1 DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE	213
I.2 CRITÈRES DE CONSERVATION	215
II. IMPLICATIONS	219
II.1 IMPLICATIONS EMPIRIQUES.....	219
II.1.1 Volet protection	219
II.1.2 Volet conservation	220
II.1.3 Volet valorisation par l'utilisation	223
II.1.4 Volet recherche.....	224
II.2 IMPLICATIONS MÉTHODOLOGIQUES.....	226
II.2.1 Composante diversité génétique	227
II.2.2 Composante risque d'extinction	228
II.2.3 Composante utilité.....	231
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....	235

REMERCIEMENTS

Il m'est difficile de voir ce travail comme une réalisation personnelle. J'ai bénéficié d'incalculables contributions financières, intellectuelles et morales. Avant de mentionner quelques noms de personnes auxquelles je suis infiniment redevable, je voudrais d'abord m'excuser auprès de personnes que je n'aurais pas citées. Je leur accorde dès maintenant ma toute première marque de gratitude. Je suis reconnaissant du soutien financier qui m'a été accordé durant quatre années par la Commission pour la Coopération au Développement de l'Université Catholique de Louvain. Je voudrais que tous les membres du Secrétariat à la Coopération Internationale (SCO) trouvent ici l'expression de toute ma gratitude. Mes remerciements s'adressent également au Fonds National de la Recherche Scientifique (FNRS) qui m'a octroyé un Crédit pour un séjour à l'Université de Kiel en Allemagne.

Je suis redevable à toutes les personnes impliquées dans le projet Econogene. Leur collaboration a produit une partie des données sur lesquelles cette thèse s'est construite. Je ne saurais dire assez bien mes remerciements à tous les chercheurs de ce projet dont le soutien constant a marqué l'organisation de mes idées. Mes remerciements sont adressés à Monsieur G. Signorello, université de Catania en Italie, pour m'avoir facilité l'accès à la base de données sur les races élevées en Europe. Que Monsieur H. Simianer, *Institute of Animal Breeding and Genetics, Georg-August-University, Goettingen-Germany*, reçoive également mes remerciements pour avoir mis à notre disposition le programme informatique traitant de la diversité génétique selon l'approche de Weitzman. Je remercie toutes les personnes qui ont répondu favorablement à l'enquête effectuée dans le cadre de ce travail.

J'exprime mes vifs remerciements à Monsieur Hamid Narjisse, Directeur de l'INRA-Maroc, pour avoir bien voulu m'accorder l'opportunité de la formation doctorale à l'étranger. Mes collègues Mohamed Moussaoui et Rachid Mrabet, respectivement ancien et actuel chef de centre régional de recherche de Meknès, et Mohamed Jlibenne sont également remerciés pour leur compréhension et leur collaboration très appréciables durant mon absence. Je voudrais dire un grand merci à Monsieur Bruno Delvaux, Doyen de la Faculté d'Ingénierie Biologique, Agronomique et Environnementale et à toute la Commission Doctorale de m'avoir admis comme doctorant. Je suis redevable aux membres de mon comité d'encadrement scientifique pour leur intérêt manifeste pour ce travail. Ensuite, j'adresse mes remerciements aux membres du jury pour leurs commentaires et suggestions sur la version préliminaire de cette dissertation.

Je continuerai à nourrir le sens de la rigueur scientifique que m'ont inspiré les discussions avec le professeur Jutta Roosen. Ses conseils m'ont beaucoup aidé dans mon travail. Le professeur Philippe Baret a réussi à me communiquer un sens de la recherche dans le monde de la génétique. J'ai beaucoup apprécié son accompagnement et ses conseils dans cette aventure de recherche doctorale. Grand merci à Jutta et à Philippe pour tout.

Je suis reconnaissant envers l'unité d'économie rurale de l'UCL pour m'avoir accueilli durant toute la durée de ma formation doctorale. Mes remerciements vont particulièrement au Pr. Bruno Henry De Frahan, responsable de l'unité, et au professeur Frédéric Gaspart pour leur gentillesse et leur soutien continu. L'aide informatique et administratif de Pascal Pattyn et de Cécille Nélisse a été très appréciable. Ils en sont vivement remerciés. J'ai travaillé durant mes recherches à côté de collègues chercheurs et doctorants qui m'ont fait profiter de leur expérience. Mes fréquentes discussions avec mes anciens collègues Christian Tritten, Philippe Polomé, Marco Bertaglia, Olivier Harmignie et Jef Van Meensel ont eu un impact positif sur ce travail. Merci également à mes collègues d'ECRU Sundry Pierre Odjo, Dario Styve Célestin, Anne-Claire Thomas, Damien Fontaine, Mathieu Delpierre, Tharcisse Nkunuzimana, Alexandre Baudry et Ionela Badea pour leur gentillesse et leur amitié. La bonne ambiance qui règne entre tous les membres de l'unité m'a été très utile sur le plan moral. Que tous ces membres trouvent ici l'expression de ma sympathie.

Je m'en voudrais de ne pas mentionner l'ambiance sereine et amicale qui caractérise les membres de l'unité GENA. Un climat amical favorise la bonne réalisation d'un travail aussi ardu qu'une thèse. Plus particulièrement, je souhaite rendre hommage à Benoît de Hertogh, à Gaetan Vanloqueren, à Xavier Jensens, et Marie-Line Seret. Je n'aurais pas pu mener à terme cette étude sans le soutien moral de mes amis. Que tous mes amis, Mohamed Bendaoud, Youssef Tinani, Abderrahim Essahat, Abdelkarim Marfouk, Balaghi Riad et Khalid Daoui trouvent ici l'expression de mes vifs remerciements déferents de reconnaissance et de gratitude pour avoir supporté mes états d'âme aux moments difficiles. Leur compréhension nourrissait ma persévérance pour accomplir ce travail avec beaucoup de courage. Ils en sont sincèrement remerciés.

RESUME

L'élevage, souvent considéré comme produit ou intrant de l'agriculture, est une ressource de base dans beaucoup d'exploitations agricoles. La dégradation des ressources de l'élevage peut prendre plusieurs formes dont la plus importante est l'affaiblissement de la diversité génétique. A l'heure actuelle, 1350 races sont en voie d'extinction à l'échelle mondiale et deux races disparaissent en moyenne chaque semaine. Une des mesures mises en oeuvre afin de juguler ce phénomène est la surveillance et la conservation des ressources génétiques des animaux d'élevage (RGAs). Cette action a été initiée par les Nations Unies à Rio en 1992 et constitue un volet de la Convention sur la Diversité Biologique. En matière de politique de conservation, la problématique centrale est d'arbitrer entre des impératifs de préservation de la diversité de ces ressources, d'une part, et le caractère fini des ressources financières disponibles, d'autre part. Cette problématique a été abordée, tout au long de ce travail, en retenant l'approche développée par Weitzman comme cadre d'analyse et 28 races ovines et 21 races caprines, parmi les races retenues dans le cadre d'un projet de recherche européen (Econogene), comme objet de recherche. Choisir les races à préserver revient à élaborer et à pondérer des critères de conservation. Dans le cadre de cette thèse, cette question a été abordée sous trois angles prospectifs distincts : politique, génétique et économique. Le quatrième angle, qualifié de méthodologique, a consisté en l'élaboration de modèles de programmation mathématique comme outils d'aide à la décision en matière de conservation. Le premier angle s'est focalisé sur la politique de conservation de l'Union en mettant l'accent sur ses principales tendances, d'une part, et sur les déterminants des décisions des choix de conservation moyennant un modèle économétrique, d'autre part. Les résultats ont montré que les programmes de conservation initiés à l'échelle de l'Union opèrent indépendamment des risques d'extinction et que les races autochtones disposant de caractéristiques intéressantes présentent des chances élevées de bénéficier de ces programmes. Le second angle se place au niveau génétique. Les analyses effectuées sur la base de marqueurs moléculaires (microsatellites) ont illustré la

complexité de l'arbitrage à faire en matière de conservation entre les aspects de diversité intra- et inter-populations. Les résultats ont montré que, globalement, les races originales génétiquement présentent de faibles taux d'hétérozygotie et vice versa. Le troisième angle s'est attaché à analyser les critères de conservation et leur pondération par le biais d'une analyse économique intégrant les points de vue d'un échantillon d'experts. Les résultats des modèles ont permis de montrer que la diversité inter-populations est perçue comme l'attribut le plus important par les répondants. Néanmoins, les tests effectués ont révélé une hétérogénéité des préférences qui varient selon l'âge, l'instruction, la spécialité et la profession des répondants. Le dernier angle a consisté à élaborer des modèles bioéconomiques sur la base des résultats issus des investigations portant sur les trois premiers angles. Il s'agit de modèles d'optimisation sous contraintes budgétaires. Deux modèles considèrent uniquement la composante diversité inter-populations générées sur la base des distances de Nei et Reynolds, alors que trois modèles maximisent des fonctions d'utilité intégrant, en plus de la diversité inter-populations, d'autres critères de conservation. En matière de maximisation de la diversité attendue, les résultats issus des deux distances utilisées restent globalement identiques. Concernant la maximisation des fonctions d'utilité, les résultats varient sensiblement selon que l'on considère la totalité de l'échantillon, les répondants généticiens ou les répondants zootechniciens. A travers les résultats de ce travail, certaines implications empiriques et méthodologiques ont pu être identifiées. Celles-ci constituent une ébauche d'une vision pour la conservation des RGAs. Cette vision devrait s'articuler en quatre volets : un volet protection situé en amont et concerne les politiques macroéconomiques ; un volet conservation ; un volet valorisation par l'utilisation et un volet recherche.

Mots-clés : Conservation génétique, Ressources génétiques animales, Approche de Weitzman, Races ovines et caprins, Union européenne.

ABSTRACT

Livestock, which is often considered as a product or input of agriculture, is a basic farm resource. The degradation of livestock resources can take different forms, the most important being the reduction of genetic diversity. At this moment, 1350 breeds are endangered with an average of two breeds disappearing every week. A measure adopted to counter this phenomenon is the conservation of Animal Genetic Resources (AnGR). This action was launched by the United Nations in Rio (1992) and is a facet of the Biological Diversity Convention. As for conservation policies, the main problem is to arbitrate between the necessity of preserving the diversity of AnGR and the finite character of available financial resources. This problem has been assessed in this work, using the analytical framework of Weitzman and 28 sheep and 21 goat breeds as research subjects, selected within the scope of a European Research Project (Econogene). In order to select breeds to be preserved, conservation criteria have to be elaborated and balanced. In this thesis, this question has been approached under three distinct angles: political, genetic and economical. An additional methodological angle consists of the elaboration of mathematical models as decision support systems for conservation issues using the results of the previous three parts of the thesis. The first focuses on the conservation policy adopted by the European Union and emphasizes on the principal tendencies as well as the determinants of conservation decisions by means of an econometric model. Results show that conservation programs operate independently from extinction risks and the fact that autochthonous breeds, which dispose of interesting genetic characteristics, potentially benefit from these programs. The second part concerns the genetic aspect of diversity. Analyses based on molecular markers (microsatellites) show the complexity of arbitrating between aspects of within and between genetic diversities. In general, results show that genetically distinct breeds show low levels of heterozygosity and vice versa. The third part focuses on conservation criteria and their importance by integrating views of different experts into an economic analysis in order to determine the actions to be taken. The established criteria are numerous and deal with the functions of AnGR, genetic characteristics, genetic originality and within breed genetic diversity. The results allow us to point to diversity

between populations as the attribute that the queried experts found most important. However, the tests revealed heterogeneity of preferences which vary with age, education, their field of expertise and profession. The final analysis of the thesis elaborates a bioeconomic model on the basis of the results of the first three parts. Under alternative scenarios, certain models consider only the between genetic diversity as a criterion for conservation choices, whereas additional models integrate other criteria of conservation in addition to this component. Based on the analyses in its different chapters, this thesis identifies a number of empirical and methodological implications and closes on a vision for the conservation of AnGRs. This discussion is articulated in four dimensions: one relating to macroeconomic policies; one to conservation; a third to improved use values and finally, a fourth on aspects of research.

Key words: Conservation, animal genetic resources, Weitzman approach, Weitzman approach, sheep and goat breeds, European Union.

Liste des publications

1. Articles

Fdalaoui, A., Roosen, J., Baret, P.V., 2006. Setting priorities in farm animal conservation choices – expert opinion and revealed policy preferences. *European Review of Agricultural Economics*, 33(2):173-192.

Roosen, J., Fadlaoui, A., Bertaglia, M., 2005. Economic evaluation for conservation of farm animal genetic resources. *J. Anim. Breed. Genet.* 122:217-228.

2. Manuel d'évaluation économique

Roosen, J., Fadlaoui, A., Bertaglia, M., 2003. Economic evaluation and biodiversity conservation of animal genetic resources. This work has been supported by the European Commission (Econogene contract QLK5-CT-2001-02461).

3. Congrès

Fadlaoui, A., Roosen, J., Baret, P., 2005. Of Experts, Politicians and Beats: Setting Priorities in Farm Animal Conservation Choices. Paper presented at the XIth Congress of the EAAE (European Association of Agricultural Economists). The Future of Rural Europe in the Global Agri-food System. Copenhagen, Denmark, August 24-27, 2005.

Fadlaoui, A., Roosen, J., Baret, P., 2005. Genetics and economics: Prioritizing breeds for conservation. Paper presented at the International Workshop “the role of biotechnology for characterization and conservation of crop, forestry, animal and fishery genetic resources. Villa Gualino, Turin-Italy. 5-7 March 2005.

Fadlaoui, A., Roosen, J., Baret, P., 2004. Optimization of a conservation program of local sheep and goat breeds under an economic constraint: Application of the Weitzman Approach. Paper presented at the International symposium “Biodiversity, State, Stakes and future” Louvain-La-Neuve, Belgique. 7-9 April 2004.

LISTE DES TABLEAUX

Chapitre I		Page
Tableau 1.1	Causes et effets de l'érosion de la diversité génétique des animaux d'élevage	16
Tableau 1.2	Situation actuelle des RGAs dans le monde	20
Tableau 1.3	Principales caractéristiques des approches de conservation des RGAs	21
Tableau 1.4	Applications empiriques de l'approche de Weitzman dans le cas des RGAs	38
Chapitre II		
Tableau 2.1	Règlements traitant de la conservation des ressources génétiques animales à l'échelle de l'Union Européenne	49
Tableau 2.2	Seuils de viabilité des effectifs des animaux d'élevage (femelles reproductrices) adoptés par l'UE-15 dans les règlements 2078/92 et 445/2002	52
Tableau 2.3	Etat actuelle et conservation <i>in situ</i> des races dans les pays de l'UE-15	57
Tableau 2.4	Conservation <i>in situ</i> des races dans le cadre des PDRs par pays et par espèces	59
Tableau 2.5	Subsides annuels alloués (euros/UGB) aux éleveurs de races menacées d'abandon dans le cadre des programmes de développement ruraux	62
Tableau 2.6	Variables explicatives des décisions des choix de conservation <i>in situ</i>	67
Tableau 2.7	Tests de rapports des vraisemblances portant sur les catégories de variables introduites dans le modèle	70
Tableau 2.8	Résultats du modèle <i>probit</i> relatifs aux déterminants des choix de conservation <i>in situ</i>	72
Chapitre III		
Tableau 3.1	Répartition de l'échantillon des races ovines et caprines par pays	82
Tableau 3.2	Caractérisation de l'échantillon des races ovines et caprines	83
Tableau 3.3	Nombre d'allèles par locus (N.A), nombre de populations à l'EHW (NPEHW) et indices de fixation par locus (Weir et Cockerham, 1984) : intra-race (F_{IS}), intra-ensemble de races (F_{IT}) et entre races ovines (F_{ST})	95
Tableau 3.4	Nombre d'allèles par locus (N.A), nombre de populations à l'EHW (NPEHW) et indices de fixation par locus (Weir et Cockerham, 1984) : intra-race (F_{IS}), intra-ensemble de races (F_{IT}) et entre races caprines (F_{ST})	96
Tableau 3.5	Polymorphisme intra-race des microsatellites des 28 races ovines	97

Tableau 3.6	Polymorphisme intra-race des microsatellites des 21 races caprines	99
Tableau 3.7	Distances génétiques entre les 28 races ovines. Au dessus de la diagonale : distance de Nei. Au dessous de la diagonale : distance de Reynolds.	102
Tableau 3.8	Contributions absolues (CA) et contributions relatives (CR) des 28 races ovines à la diversité de l'ensemble selon les distances de Nei et Reynolds	103
Tableau 3.9	Distances génétiques entre les 21 races caprines. Au dessus de la diagonale : distance de Nei. Au dessous de la diagonale : distance de Reynolds.	104
Tableau 3.10	Contributions absolues (CA) et contributions relatives (CR) des 21 races caprines à la diversité de l'ensemble selon les distances de Nei et Reynolds	105
Tableau 3.11	Comparaison des résultats portant sur les indicateurs de diversité intra-race de ce travail et d'autres travaux de recherche	108
Tableau 3.12	Illustration de l'interdépendance, en terme de diversité entre populations, entre certaines races de l'échantillon (distance de Reynolds)	112
Tableau 3.13	Corrélations entre indicateurs de variabilités intra- (H_{obs} et NMA/L) et inter-populations (CR) calculées sur la base des résultats de ce travail et d'autres travaux de recherche	116
Tableau 3.14	Confrontation des résultats de Laval et <i>al.</i> (2000) et de Caballero et Toro (2002) sur la diversité de onze races porcines européennes	117

Chapitre IV

Tableau 4.1	Etapes de mise en œuvre de la méthode des choix multi-attributs	125
Tableau 4.2	Principaux attributs cités dans la littérature en matière de conservation des RGAs	126
Tableau 4.3	Attributs retenus pour approcher l'utilité des ressources génétiques animales	127
Tableau 4.4	Attributs, indicateurs et niveaux retenus pour caractériser l'utilité des RGAs	129
Tableau 4.5	Caractérisation de l'échantillon des répondants	136
Tableau 4.6	Degré d'importance accordé à la problématique d'érosion des RGAs	137
Tableau 4.7	Attitudes vis-à-vis des critères d'éligibilité adoptés à l'échelle de l'Union européenne	139
Tableau 4.8	Codage des variables selon <i>l'effect coding</i>	148
Tableau 4.9	Résultats des estimations du logit multinomial « <i>l'effect coding</i> »	150
Tableau 4.10	Résultats des estimations du logit emboité « <i>l'effect coding</i> »	152
Tableau 4.11	Importance relative des attributs estimés à travers le MLE sans ASCs (répondant moyen)	155

Tableau 4.12	Tests sur la régularité des préférences en fonction des caractéristiques individuelles des répondants	156
Tableau 4.13	Importance relative des attributs (en %) selon les caractéristiques propres des répondants	157

Chapitre V

Tableau 5.1	Catégories de risque selon la classification de la FAO (Scherf, 2000)	169
Tableau 5.2	Catégories de risque d'extinction selon la FEZ (1998)	169
Table 5.3	Risk categories of the American Livestock Breeds Conservancy (Bixby, 1994)	169
Tableau 5.4	Synthèse comparative des différents systèmes de classification des risques d'extinction pour le cas des ovins et caprins	170
Tableau 5.5	Approche d'évaluation des probabilités d'extinction	170
Tableau 5.6	Coûts unitaires et budgets maxima considérés dans les modèles d'optimisation selon le pays d'origine des races	180
Tableau 5.7	Budgets de conservation considérés dans les modèles d'optimisation	180
Tableau 5.8	Diversités actuelles et diversités attendues des 28 races ovines et 21 races caprines estimées pour deux horizons de planification (20 et 40 générations) et selon deux types de distances (Reynolds et Nei)	185
Tableau 5.9	Utilités normalisées des races ovines générées à travers les modèles MLE sans ASCs pour l'ensemble de l'échantillon (répondant moyen), pour le sous échantillon formé de généticiens et pour le sous échantillon formé de zootechniciens	193
Tableau 5.10	Utilités normalisées des races caprines générées à travers les modèles MLE sans ASCs pour l'ensemble de l'échantillon (répondant moyen), pour le sous échantillon formé de généticiens et pour le sous échantillon formé de zootechniciens	194
Tableau 5.11	Indicateurs mobilisés pour caractériser les fonctions des races ovines	195
Tableau 5.12	Indicateurs mobilisés pour caractériser les fonctions des races caprines	196
Tableau 5.13	Répartition des budgets de conservation et des effectifs des animaux conservés selon les cinq modèles pour les races ovines	199
Tableau 5.14	Répartition des budgets de conservation et des effectifs des animaux conservés selon les cinq modèles pour les races caprines	201
Tableau 5.15	Effets de conservation et accroissements des diversités attendues pour cinq races caprines (ITGMO, ITGIR, ATPIZ, DETWZ et ITGIR) selon trois scénarios de conservation	207
Tableau 5.16	Propriétés des distances génétiques de Reynolds (1983) et de Nei (1978)	208

Chapitre VI

Tableau 6.1	Synthèse des critères de conservation	217
Tableau 6.2	Critères retenus dans les systèmes de classification des risques d'extinction conçus par UE-15, la FEZ, la FAO et le CARB	229

LISTE DES FIGURES

Avant-propos		Page
Figure 1	Principales mutations des systèmes d'élevage depuis la phase de domestication	3
Chapitre I		
Figure 1.1	Substitution entre produits des races locales et ceux issus de races spécialisées	15
Figure 1.2	Valeurs associées aux ressources génétiques animales	24
Figure 1.3	Approches d'évaluation de la biodiversité	26
Figure 1.4	Vue d'ensemble de la structure du modèle de Weitzman	34
Figure 1.5	Articulation des chapitres de la thèse	40
Chapitre II		
Figure 2.1	Répartition des parts des dépenses potentielles de conservation selon les espèces	61
Figure 2.2	Répartition des parts des dépenses potentielles de conservation selon les pays	61
Chapitre III		
Figure 3.1	Répartition géographique de l'échantillon des races ovines	80
Figure 3.2	Répartition géographique de l'échantillon des races caprines	81
Figure 3.3	Structure d'ensemble du programme informatique conçu pour calculer la diversité génétique selon l'approche Weitzman (Simianer, 2001)	93
Figure 3.4	Arbre phylogénétique des 28 races ovines construit selon la méthode de Weitzman utilisant les distances de Reynolds	111
Figure 3.5	Arbre phylogénétique des 21 races ovines construit selon la méthode de Weitzman utilisant les distances de Reynolds	111
Figure 3.6	Tendances des contributions relatives, des taux d'hétérozygotie observés et des nombres moyens d'allèles par locus enregistrées chez les 28 populations ovines	115
Figure 3.7	Tendances des contributions relatives, des taux d'hétérozygotie observés et des nombres moyens d'allèles par locus enregistrées chez les 21 populations caprines	115

Chapitre IV

Figure 4.1	Composantes et échelle de définition de l'utilité des RGAs	133
Figure 4.2	Exemple type de question relative aux expériences de choix	135
Figure 4.3	Fréquence des principales raisons avancées pour la préservation des ressources génétiques animales	138
Figure 4.4	Fréquence des scores attribués aux critères d'éligibilité de l'Union européenne	141
Figure 4.5	Critères supplémentaires d'éligibilité proposés par les répondants	141
Figure 4.6	Fréquence des scores attribués aux critères considérés	143
Figure 4.7	Fréquence des niveaux de convenance des indicateurs utilisés	143
Figure 4.8	Structure des modèles logistiques considérés	146

Chapitre V

Figure 5.1	Vue d'ensemble de l'intégration des composantes politique, génétique et économique dans des modèles bioéconomiques	165
Figure 5.2	Tendances des probabilités de survie de 21 races ovines selon les paramètres mobilisés (N^* et H_{obs}) pour les estimer	183
Figure 5.3	Tendances des probabilités de survie de 12 races caprines ovines selon les paramètres mobilisés (N^* et H_{obs}) pour les estimer	183
Figure 5.4	Diversités marginales normalisées des 28 races ovines selon les distances de Nei et de Reynolds pour un horizon de 20 générations	186
Figure 5.5	Diversités marginales normalisées des 21 races caprines selon les distances de Nei et de Reynolds pour un horizon de 20 générations	186
Figure 5.6	Potentiels de conservation normalisés des 28 races ovines selon les distances de Nei et de Reynolds pour un horizon de 20 générations	189
Figure 5.7	Potentiels de conservation normalisés des 21 races caprines selon les distances de Nei et de Reynolds pour un horizon de 20 générations	189

Chapitre VI

Figure 6.1	Ebauche d'une vision pour la conservation des RGAs	220
-------------------	--	-----

SIGLES ET ABREVIATIONS

ADN	Acide désoxyribonucléique
ASC	Constante spécifique d'une alternative (<i>alternative specific constant</i>)
CA	Contribution absolue
CARB	Conservatoire Américain des Races de Bétail
CCE	Conseil des Communautés européennes
CE	Commission européenne
CR	Contribution relative
CV	Coefficient de variation
E.T	Ecart type
ECU	<i>European Currency Unit</i>
EHW	Equilibre de Hardy Weinberg
Elig.	Eligible (au programme de conservation)
FAO	Organisation pour l'Alimentation et l'Agriculture
FARP	Femelles accouplées en race pure
FEOGA	Fonds européen d'orientation et de garantie agricole
FEZ	Fédération Européenne de Zootechnie
GATT	<i>General Agreement on Tariffs and Trade.</i>
H _{nb}	Estimateur non biaisé d'hétérozygotie
H _{obs}	Hétérozygotie observée
HS	Hautement significatif
IANP	Indépendance des alternatives non pertinentes
ILRI	Institut International de Recherche sur le Bétail
iid	Indépendamment et identiquement distribués
IR	Importance relative
LG	Livre généalogique
MCM	Modélisation des choix multi-attributs
MLE	Modèle logit emboîté
MLM	Modèle logit multinomial
N	Nombre
Moy.	Moyenne
NA	Nombre d'allèles
Nr	Nombre de races
Nap	Nombre d'allèles privés
NLEHW	Nombre de locus à l'équilibre de Hardy Weinberg
NMA/L	Nombre moyen d'allèles par locus
Nmm	Nombre de marqueurs microsatellites
NPEHW	Nombre de populations à l'équilibre de Hardy Weinberg
Nr	Nombre de races
NS	Non significatif
OCDE	Organisation de coopération et de développement économiques
ONG	Organisation non gouvernementale
P,Or	Pays d'origine des races
PAC	Politique agricole commune
PCR	<i>polymerase chain reaction</i>

PD	Pays développés
PDR	Programme de développement rural
PVD	Pays en voie de développement
RA	Réduction absolue
RGA	Ressource génétique animale
TC	Taux de couverture
t-statistique	Test statistique de <i>student</i>
UE-15	Union européenne des quinze
UGB	Unité gros bétail
χ^2	Test de la statistique du Chi-carré
***	Coefficient ainsi indiqué est significatif au seuil de 1%.
**	Coefficient ainsi indiqué est significatif au seuil de 5%.
*	Coefficient ainsi indiqué est significatif au seuil de 10%.

I. Avant-propos

I.1 Contexte global

L'agriculture, aussi bien dans les pays développés que dans les pays en voie de développement, est caractérisée par l'usage et la transformation des ressources de base. Certaines de ces ressources ne sont pas affectées par les activités agricoles, alors que d'autres, telles que les ressources hydriques et pédologiques, sont assujetties à des pressions d'usage et par conséquent sont soumises à des processus de dégradation dont l'ampleur varie d'une ressource à l'autre. Durant les trois dernières décennies, ces problèmes environnementaux suscités par une activité agricole de plus en plus intensive ont commencé à faire l'objet d'une prise de conscience généralisée.

Suite à la tenue de la conférence de Rio en 1992, les pouvoirs publics ont commencé à réfléchir sur des alternatives orientées vers l'exploitation rationnelle et la conservation des ressources naturelles comme une nécessité d'un développement durable. Cependant, cet objectif a été confronté à une série de problèmes d'ordre démographique, politique, socio-économique et institutionnel. Le débat actuel sur cette question tourne autour du concept d'agriculture durable. En théorie, il s'agit de faire des propositions permettant de garantir la capacité de production agricole actuelle et future, sans affecter les ressources naturelles d'une manière irréversible, c'est à dire, produire à des niveaux soutenables pour maintenir des options ouvertes pour le futur.

L'élevage, souvent considéré comme produit ou intrant de l'agriculture, est une ressource de base dont sont dotées les exploitations agricoles. Les animaux d'élevage font également partie de l'environnement et sont soumis à des mécanismes de dégradation. Celle-ci peut prendre plusieurs formes dont la plus importante correspond à la perte de la diversité génétique (Cunningham, 1995). La diversité des ressources génétiques des animaux d'élevage (RGAs¹) est le résultat d'un long processus d'évolution. En effet, il y a environ dix à douze mille ans que l'humanité est passée d'un mode de vie basé sur la chasse et la cueillette à un mode de vie fondé sur le développement de l'agriculture et la domestication des animaux d'élevage.

¹ Le terme (RGAs) est utilisé pour désigner toutes les espèces, races et souches qui présentent un intérêt économique, scientifique et/ou culturel pour l'agriculture d'aujourd'hui et de demain (FAO, 2000).

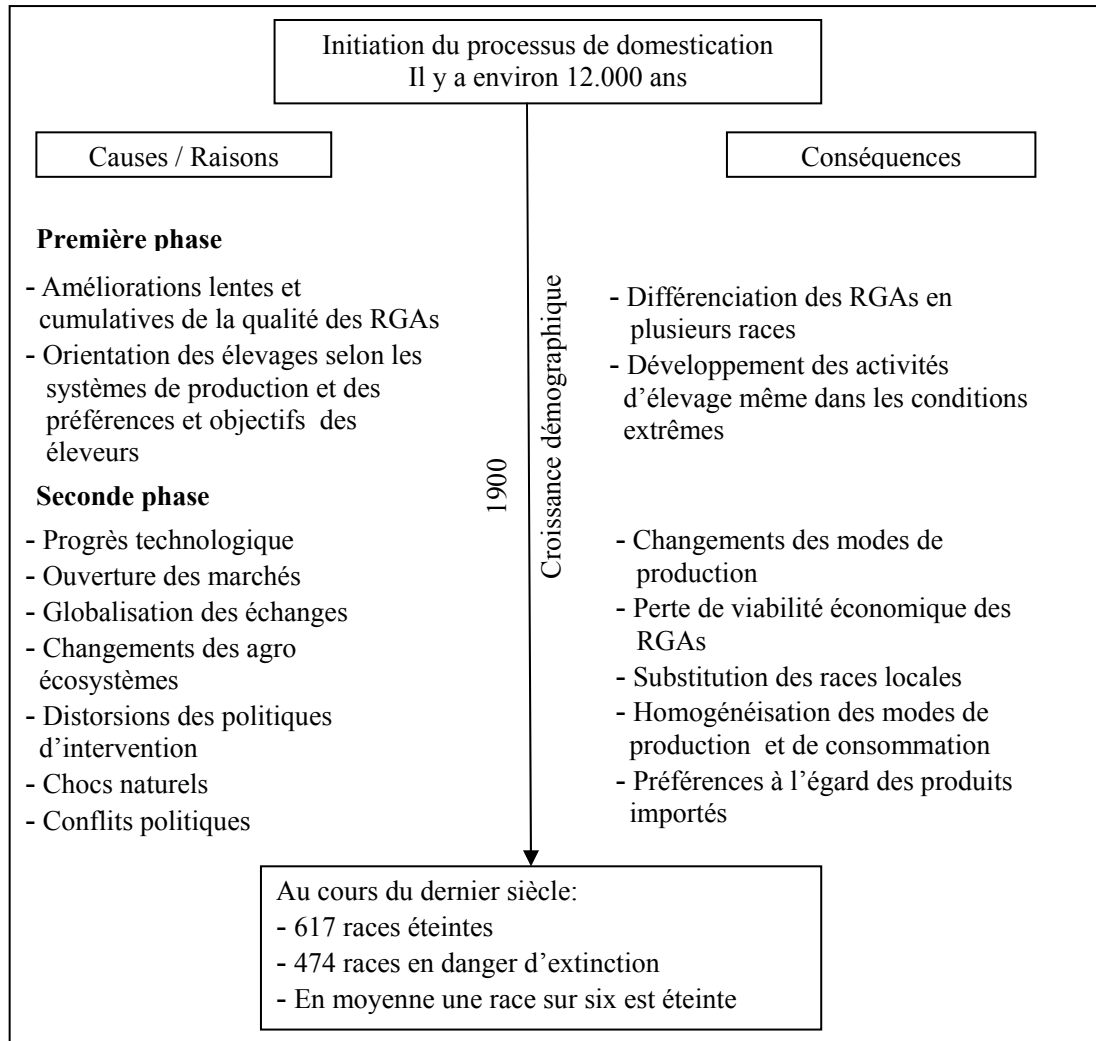
Ce passage révolutionnaire a favorisé un accroissement de la population humaine. Les innovations agricoles, mises en œuvre au fil des siècles, ont fortement marqué la civilisation humaine et elles se sont diffusées dans le monde entier à travers la migration, le commerce et les conquêtes (Mendelsohn, 2003). Le développement de l'agriculture, y compris les cultures et l'élevage, a constitué un élément fondamental du développement humain. Au cours de cette longue période, deux phases sont à distinguer en matière de développement de l'élevage (figure 1).

Durant la première phase, les éleveurs ont procédé à des améliorations lentes mais cumulatives de la qualité génétique de leurs animaux. La diversité intra-spécifique est l'aboutissement de l'effort de nombreuses communautés gérant leur cheptel dans des habitats et niches écologiques aussi nombreux que variés, et manipulant la composition génétique de ce dernier en fonction des besoins spécifiques de leur environnement, de leur système de production et de leur propre préférence ou objectif d'élevage. La conviction selon laquelle le cheptel a évolué uniquement sous l'influence de l'environnement et n'a pas été modifié par l'intervention de l'homme est largement répandue dans les milieux spécialisés. Cependant, des compilations récentes des connaissances traditionnelles sur la sélection animale réfutent cette analyse (Köhler-Rollefson, 2000).

En privilégiant les animaux qui sont mieux adaptés aux conditions locales, les éleveurs ont pu graduellement améliorer leur production par sélection. En adoptant des approches génétiques, simples mais efficaces, ils se sont chargés des aspects d'adaptation des animaux aux conditions environnementales locales. Ces adaptations ont produit une multitude de races² et ont permis le développement des activités d'élevage même dans des conditions de production extrêmes (Rege et *al.*, 2003). Au cours du vingtième siècle, le progrès technologique s'est largement répandu et a permis d'amplifier les processus de sélection à un rythme régulier.

Dans cette seconde phase, la genèse et la diffusion à grande échelle des innovations technologiques ont permis de soutenir une croissance rapide de la population mondiale qui est passée de 1 à 6 milliards de personnes. Durant cette période, le progrès technique et la croissance économique ont constitué les principaux moteurs du développement humain dans le monde entier.

² Par race on désigne souvent une population présentant au sein d'une espèce un ensemble de caractères anatomiques et/ou physiologiques qui la distingue des autres populations de cette même espèce.



Source : adapté de Rege et *al.* (2003) et Mendelsohn (2003)

Figure 1. Principales mutations des systèmes d'élevage depuis la phase de domestication

Dans les années soixante, la révolution verte s'était donnée comme objectif d'augmenter la production agricole par la sélection et par la modernisation des techniques de production (amélioration génétique, motorisation, fertilisation minérale, traitements, soins vétérinaires, etc). Avec les technologies disponibles actuellement, il est possible d'explorer et de développer des produits dont l'obtention demandait, auparavant, des siècles de manipulations. Toutefois, cette progression technico-économique rapide tend à accélérer le rythme des changements.

I.2 Impact sur la biodiversité

La productivité des cultures a augmenté de 2 % par an durant le dernier siècle (ILRI, 2000). Cette croissance a eu pour conséquence une chute des prix des principaux

produits agricoles, particulièrement les céréales, et une augmentation des disponibilités alimentaires pour les animaux d'élevage qui, progressivement, sont devenus moins dépendants vis-à-vis des ressources pastorales et sylvicoles (Mendelsohn, 2003). Cette situation s'est manifestée par l'émergence de modes de production intensifs en capital. Parallèlement, les éleveurs engagés dans la production animale destinée au marché ont procédé à la substitution des races locales par des races ou des croisements exotiques.

La combinaison, fortement rentable, de races spécialisées et de procédés de production intensifs en capital, s'est développée au détriment des techniques de production traditionnelles, basées sur des races indigènes, qui sont devenues moins viables économiquement. Dès lors, les génotypes des races domestiques, à faible effectif, sont soumis à des mécanismes d'érosion génétique³ et de nombreuses races se sont éteintes. Les données du Centre Mondial de Conservation révèlent que durant un siècle, entre 1892 et 1992, 617 races se sont éteintes et 474 ont été considérées comme rares et en danger d'extinction (Tisdell, 2003). Ces chiffres, rapportés au total des races recensées, indiquent qu'en moyenne une race sur six s'est éteinte au cours du dernier siècle.

Une homogénéisation des troupeaux et leur fragilisation se sont mises en place, mettant en évidence la nécessité de préserver ces ressources génétiques. Les succès qui ont été obtenus dans l'amélioration des productivités et des qualités des races animales domestiques ont occulté le revers de la médaille, qui est la perte de la diversité des RGAs accumulées jusqu'alors et disponibles pour les générations futures (Lamotte, 1995). L'intérêt économique immédiat ne doit pourtant pas faire oublier l'importance fondamentale qu'a pour l'avenir le maintien et la préservation de la diversité génétique, seule à pouvoir répondre à des besoins futurs d'adaptation.

³ Au sein d'une espèce ou d'un complexe d'espèces disparition plus ou moins progressive de la diversité génétique.

I.3 Contexte scientifique

L'importance accordée à la préservation des ressources génétiques animales s'est accrue au cours des vingt dernières années. En 1992, la conférence des Nations Unies sur l'environnement et le développement a reconnu explicitement le besoin urgent de la mise en place de programmes de conservation des ressources génétiques animales dans l'agenda 21 et dans la convention sur la diversité biologique. Il existe actuellement un large consensus au sujet de la conservation des RGAs qui consiste au maintien d'une certaine variabilité des races locales dans les systèmes de production (Gandini et Oldenbroek, 1999).

Au niveau européen, le développement rural et la conservation des ressources génétiques gagnent de plus en plus de l'intérêt dans la politique de l'Union. Dans cette perspective, la Commission européenne a financé un projet de recherche intitulé Econogene (<http://lasig.epfl.ch/projects/econogene/>) qui porte sur la conservation soutenable des ressources génétiques animales dans les zones marginales de l'Europe. Ce projet, de nature multidisciplinaire et multinationale, vise à concevoir des approches méthodologiques en vue de promouvoir des politiques de conservation des races en danger d'extinction.

Le projet Econogene combine trois composantes : la génétique moléculaire, des études socio-économiques et des approches géostatistiques pour étudier la conservation de la biodiversité ovine et caprine dans les zones marginales européennes. C'est dans ce cadre que s'inscrit cette thèse qui cherche à concevoir un modèle bioéconomique qui soit adapté à la problématique de conservation des RGAs vue à la fois sous l'angle génétique, économique et politique. Le premier chapitre introduit la problématique de conservation des RGAs, les objectifs spécifiques ainsi que le cadre d'analyse mobilisé dans cette recherche.

Chapitre I. Problématique, objectifs et cadre d'analyse

I. Introduction

Les ressources génétiques constituent le bien le plus précieux et le plus important d'un point de vue stratégique. Dans de nombreux pays, il y a des espèces et des races animales indigènes qui pourraient éventuellement contribuer beaucoup plus qu'elles ne le font actuellement à la production alimentaire et ainsi satisfaire les besoins humains qui ne cessent d'augmenter suite à la croissance démographique. L'utilisation des ressources génétiques agricoles appropriées pour atteindre et maintenir les systèmes de production durables qui soient capables de répondre aux besoins de l'homme est indispensable pour la sécurité alimentaire au niveau national et mondial.

Le problème d'érosion génétique, touchant à la fois les produits végétaux et animaux, s'est manifesté par des pertes considérables en biodiversité. Des experts de l'OCDE (1994) distinguent des causes directes et des causes indirectes de la perte de la biodiversité. L'altération et la destruction des habitats résultant de la croissance démographique, la surexploitation à des fins de commerce ou de subsistance et l'introduction d'espèces ou de races exotiques (non indigènes) constituent autant de facteurs directs qui sont à l'origine de cette érosion génétique.

Les causes indirectes sont inhérentes aux défaillances du marché⁴, à l'intervention des pouvoirs publics (faiblesse des institutions et intégration incomplète des politiques) et de l'information, de même qu'à la structure des droits de propriété. Concernant les RGAs, la stratégie qui a guidé le développement de l'élevage au cours des 30 dernières années doit être évaluée pour continuer à profiter à l'humanité au cours des siècles prochains. Cette stratégie s'est appuyée sur l'identification, le développement et la diffusion dans le monde entier de quelques races hautement spécialisées, à besoins élevés et à forte productivité, et ce pour la plupart des espèces domestiques.

⁴ Il se produit une défaillance lorsque le marché ne parvient pas à évaluer correctement les ressources rares et à les répartir parce qu'il n'envoie pas les signaux corrects aux utilisateurs et aux décideurs.

Pourtant, la plus grande partie de l'élevage du monde restera à des niveaux d'intrants faibles ou modérés et les besoins élevés de ces types hautement spécialisés ne pourront généralement pas être satisfaits (FAO, 2000). Dans le passé, trop peu d'attention a été accordée au maintien et à l'amélioration de l'adaptation aux conditions et contraintes spécifiques et les races indigènes des zones marginales ont été sérieusement sous-estimées. Dans les zones à fort potentiel de production, la prédominance de races productives semble logique, mais il faudrait aussi préserver les races traditionnelles. Celles-ci constituent un réservoir de la diversité biologique et présentent des caractères originaux qui pourraient devenir intéressants si les conditions ou les critères de production venaient à changer. En zones marginales, à faible potentiel de production, l'application du modèle productiviste a très souvent reposé sur la levée des contraintes entravant l'intensification conventionnelle des systèmes de production par l'adoption de technologies conçues initialement pour les zones à fort potentiel de production.

Toutefois, les études et expériences de développement local effectuées, durant les deux dernières décennies, ont souligné l'inadéquation totale de ce modèle dans les zones marginales (Macdonald *et al.*, 2000 ; Yarwood *et al.*, 2003). C'est à ce titre que se trouve justifiée la mise en place de politiques de développement fondées sur la valorisation et la préservation des ressources naturelles. En liant les aspects de production et ceux relatifs au maintien et à la préservation de la biodiversité, cette approche met en avant le concept de développement durable qui convient mieux aux spécificités des zones marginales.

Ce chapitre a pour objectif de mettre l'accent sur la problématique de conservation des RGAs, les objectifs de cette recherche et le cadre analytique mobilisé pour les atteindre. Il se compose de quatre sections. La première section présente les rôles que les RGAs assurent sur les plans socio-économique, alimentaire et environnemental. La seconde section est consacrée à une présentation des causes directes et indirectes d'extinction des races des animaux d'élevage. La position du problème et les objectifs spécifiques de la recherche feront l'objet de la troisième section. Le cadre analytique est présenté dans la dernière section.

II. Multifonctionnalité et rôles des RGAs

Il est en général admis que la croissance économique et la sécurité alimentaire sont les deux principales contributions de l'agriculture au bien être des populations. Toutefois, l'agriculture joue aussi des rôles essentiels dans le domaine de

l'environnement ainsi que dans les domaines social et culturel⁵. Certains de ces rôles peuvent être analysés en tant qu'externalités⁶ et en tant que contributions à des biens (ou services) publics. Ces derniers revêtent une importance capitale lorsqu'il s'agit d'appréhender globalement le développement durable. Toutefois, ils sont restés pendant longtemps négligés dans les politiques et les efforts de développement.

L'émergence du concept de développement durable et la tenue de la Conférence Internationale de Rio en 1992, avec les conventions qui ont été signées à cette occasion, constituent un tournant décisif dans la prise de conscience de l'ensemble des rôles de l'agriculture. En effet, en plus des rôles économiques et alimentaires traditionnellement reconnus, les stratégies sur le développement à long terme de l'agriculture ont commencé à intégrer dans leurs fondements les autres rôles social, environnemental et culturel du secteur agricole. Cette évolution notable représente une reconnaissance explicite de la multifonctionnalité⁷ des cultures et de l'élevage. Cette section présente les fonctions que les animaux d'élevage assurent sur les plans économique, alimentaire, environnemental et socioculturel dans le contexte mondial.

II.1 Fonctions économique et alimentaire

Les animaux domestiques contribuent de façon essentielle à la production alimentaire émergeant, directement ou indirectement, pour 30 % de la valeur totale de la production agricole et alimentaire (FAO, 1999). Elles sont, particulièrement, indispensables pour les communautés rurales et la durabilité des systèmes de production. L'importance des animaux domestiques vient de leur capacité à convertir fourrages et sous-produits de l'agriculture en nourriture de haute qualité et de leur rôle en tant que source locale d'aliments (protéines et micro nutriments), de fibres, de force de travail et autres pour répondre aux besoins des communautés.

On estime que 12% de la population mondiale vit dans des zones où l'homme dépend presque entièrement des produits issus de ruminants (FAO, 1999). Dans ces zones, le bétail constitue non seulement une source d'alimentation, mais aussi la principale activité génératrice de revenus, permettant ainsi aux populations de s'approvisionner en biens de consommation alimentaire et en intrants agricoles. Le bétail

⁵ Il est difficile de caractériser les fonctions culturelles de l'élevage. Celles-ci concernent les échanges de bétail au sein ou entre les familles. Les exemples portent sur les dots, l'abattage pour des fêtes traditionnelles ou religieuses, les produits typiques, folklore, etc.

⁶ Les externalités sont les effets indirects ou retombées des activités économiques qui touchent les parties externes à cette activité et qui ne sont pas compensés par les mécanismes du marché.

⁷ Du point de vue économique, la multifonctionnalité est analysée au travers du concept d'externalité: l'agriculture étant par nature multifonctionnelle, cela entraîne des distorsions qu'il convient de corriger pour rendre les politiques plus efficaces.

transforme le fourrage et les sous produits agricoles non comestibles pour l'homme en produits agricoles ayant une importance nutritionnelle. A titre d'exemple, environ 40% des terres disponibles dans les pays en voie de développement (PVD) ne peuvent être utilisées que pour une forme ou pour une autre de production fourragère. Les animaux d'élevage fournissent également des protéines et des nutriments de qualité.

II.2 Fonctions environnementales

En plus des fonctions économiques et alimentaires, les RGAs assurent aussi des fonctions environnementales. Il est à noter, pourtant, que les externalités que l'élevage inflige à l'environnement sont toujours perçues, analysées et évaluées sous l'angle des incidences négatives du bétail sur les ressources naturelles sans pour autant s'intéresser aux effets environnementaux positifs et aux biens d'intérêt public produits conjointement. En fonction de son degré d'intégration avec les cultures végétales et des relations de dépendance vis-à-vis de la terre, Seré et Steinfeld (1996) ont classé le secteur d'élevage en trois grandes catégories. Il s'agit des systèmes pastoraux, de l'agriculture mixte et de la production industrielle.

II.2.1 Système pastoral

Il repose presque exclusivement sur la production animale avec peu ou pas d'intégration avec les cultures végétales et presque exclusivement sur l'utilisation des pâturages naturels. Ces systèmes couvrent environ 60% des terres de pâturage dans le monde (près de 2,2 millions de km²), soit près de la moitié de la superficie totale des terres exploitables. Sur le plan de la production, ces systèmes sont de moindre importance car leur contribution ne représente que 9% de la production mondiale de viande de bœuf et environ 30% de la production mondiale de viande de mouton et de chèvre. La dégradation des ressources, pédologiques et de la biodiversité, est un phénomène qui se développe actuellement sur une grande partie des terres de pâturage. Toutefois, ces systèmes contribuent à la bonification des sols et offrent la possibilité d'améliorer la couverture végétale ainsi que la biodiversité végétale et animale. Pour ces systèmes, les déchets (le lisier) sont réutilisés et ne présentent aucun fardeau pour l'environnement.

II.2.2 Système d'exploitation mixte

Il s'agit du mode de production animale le plus répandu qui se pratique sur près de 2,5 milliards d'hectares ; l'élevage et les cultures sont intégrés au sein d'une même exploitation. Ce système assure la plus grande part de la production de viande (54%) et de lait (90%). Il est généralement autosuffisant dans la mesure où les flux d'éléments nutritifs et d'énergie transitent en circuit fermé des cultures à l'élevage et réciproquement. Etant donné sa capacité de recyclage, ce système clos est plus avantageux ou moins préjudiciable sur le plan des effets qu'il peut provoquer sur l'environnement et sur la protection des ressources naturelles.

En effet, l'exploitation mixte permet : 1) de conserver la fertilité des sols par le recyclage des éléments nutritifs et la pratique de rotations entre diverses cultures végétales ; 2) de conserver la biodiversité des sols, d'en minimiser l'érosion et de contribuer à la conservation du sol ; et 3) de valoriser les résidus agricoles. Néanmoins, l'utilisation de grande quantité de fourrages et d'engrais, dans les pays industrialisés et dans certaines économies émergentes, est à l'origine d'un excès en éléments minéraux, de la destruction des habitats et de la pollution de l'eau.

II.2.3 Système industriel

Ce système⁸ concerne l'élevage de porcs, de volaille et les ateliers d'engraissement de bœufs et de moutons. Il est ouvert tant sur le plan matériel qu'économique et dépend de sources externes d'approvisionnement en fourrage, en énergie et des autres facteurs de production. Par opposition aux systèmes mixtes basés sur une économie de gamme⁹, les systèmes industriels sont plutôt conditionnés par des économies d'échelle¹⁰, ce qui explique une forte productivité par unité de fourrage ou par unité de travail, mais une productivité moindre par unité d'énergie. Ce type d'élevage présente un impact direct sur les sols, l'eau, l'air et la biodiversité par la production d'effluents, la combustion d'énergies fossiles et la modification des ressources génétiques animales qu'il implique.

⁸ C'est un système de production au sein duquel moins de 10% des aliments sont produits à l'intérieur de l'unité de production.

⁹ Elle représente l'économie de coût réalisée lorsque les mêmes productions sont produites au sein d'une même unité de production. Cette économie de coût trouve souvent son origine dans les synergies technologiques entre productions.

¹⁰ Alors que les économies de gamme incitent à la diversification, les économies d'échelle incitent les unités de production à s'agrandir. D'une manière générale, une unité de production bénéficie d'économies d'échelle quand le coût moyen de production d'un produit tend à baisser lorsque la production de celui-ci augmente.

De plus ces systèmes ont des effets négatifs indirects sur les modes d'occupation des sols dans la mesure où ils exploitent de grandes étendues de terres arables pour les besoins de la production d'aliments concentrés. Le lisier est l'élément qui a le plus de conséquences sur l'environnement. Par ailleurs, les systèmes industriels élèvent des animaux uniformes aux caractéristiques génétiques homogènes, ce qui favorise un appauvrissement génétique des races animales.

II.3 Fonction socioculturelle

Le rôle social des RGAs porte sur la réduction de la pauvreté et par conséquent la réduction des flux d'immigration inter- et intra-pays (exode rural). A l'échelle mondiale, plus de 1,3 milliards de personnes (environ 30% de la population des PVD) vivent en dessous du seuil de pauvreté¹¹. Trois quarts des pauvres sont des ruraux. Selon les projections des Nations Unies, la population mondiale va atteindre près de 8 milliards de personnes à l'horizon 2020. Ces projections correspondent à un taux de croissance annuel moyen de 1,2% pour la période s'étalant entre 1995 et 2020. Les approvisionnements alimentaires doivent alors augmenter, au moins, à un niveau similaire pour maintenir les rythmes de consommation alimentaires courants par personne.

Environ 95% de l'augmentation prévue de la population se produira dans les PVD qui doivent faire face à une demande en expansion des produits de consommation de base. Pour ces pays, les prévisions des accroissements des niveaux de consommation sont estimées à 114% et 133% respectivement pour la viande et le lait, alors que pour les pays développés, les projections demeurent marginales (Rege et *al.*, 2003). Pour satisfaire cette demande en expansion, Delgado et *al.* (1999 ; cité par ILRI, 2000) estiment que la production devrait augmenter de 108% pour la viande et de 145% pour le lait. Dans les PVD, les systèmes d'exploitation mixtes sont prédominants et concernent surtout la population rurale pauvre. Certaines estimations considèrent que 70% des pauvres ruraux dépendent, directement ou indirectement, des activités d'élevage (FAO, 1999). L'accès à la terre et au capital constitue la principale contrainte qui limite les opportunités d'accroissement des revenus de la population rurale pauvre. L'augmentation de la demande des produits d'élevage, suite à l'accroissement de la population, leur offre une opportunité pour bénéficier de retombées positives d'un marché en expansion (ILRI, 2000).

¹¹ Soit moins de 1\$ par personne par jour.

Les RGAs jouent aussi un rôle d'épargne « *banque* » pour le financement de la production agricole (achat de semences et d'autres intrants agricoles) et permettent de maintenir et de renforcer les liens de parenté et de clans (prêts et dons d'animaux). Dans les zones caractérisées par une absence de systèmes financiers, l'investissement dans le capital animal constitue une forme sûre et durable pour maintenir l'équilibre et la reproduction des systèmes de production agricoles.

Pour ce qui est de la composante culturelle des RGAs, elle se manifeste par plusieurs formes. En effet, certaines races locales ont des fonctions culturelles tels que les fêtes religieuses et les dots. Dans les pays musulmans, le mouton produit de la viande, de la laine mais son élevage contribue à créer du lien social. A titre d'exemple, l'opération de la tonte du mouton est l'occasion de célébrer un rituel qui s'accompagne de sacrifice sanglant et de lecture du coran. C'est une opération à forte charge symbolique. Le mouton a un caractère sacré et tient une place dans le calendrier rituel des musulmans et notamment pour le sacrifice de l'Ayd al Adha (fête religieuse) qui perpétue le geste d'Ibrahim.

Dans les PD, la détention et l'élevage des animaux domestiques sans objectifs strictement utilitaires ne sont pas récents. Les animaux de compagnie sont particulièrement développés de nos jours, ceux d'ornement ont souvent une longue tradition, quoique de nouvelles espèces soit apparues à l'époque moderne. Les animaux peuvent être les supports d'une activité sportive, ce qui est le cas des chevaux depuis l'antiquité (souvent en association avec la chasse). On note encore d'autres destinations des animaux domestiques comme le spectacle, le paysage, la gastronomie, le folklore voire même les formes d'expressions artistiques (Gandini et Villa, 2003).

Actuellement, l'association race-système d'élevage forme un tout et conduit à la fourniture de produits présentant, d'une race à l'autre, des caractéristiques particulières. C'est la raison qui fait que, de plus en plus, dans le cadre du développement de productions de qualité, on trouve une association entre la race, c'est-à-dire le type génétique des animaux, le système d'élevage mis en œuvre et les produits fournis. Le slogan **RACE - PAYS - PRODUIT** résume bien ce constat : la génétique qui est en amont est le premier signe de qualité du produit d'aval. La notion de traçabilité aujourd'hui très en vogue, qui relie l'animal producteur au consommateur en passant par toute la chaîne de transformation et de distribution, part ainsi de l'animal, identifié le plus souvent dans une race, c'est-à-dire une notion à base génétique.

III. Causes d'extinction des RGAs

Vu les différentes fonctions auxquelles elles contribuent, les RGAs constituent un potentiel important. Toutefois, de nos jours, cette diversité fait l'objet d'un processus d'érosion génétique et plusieurs races sont éteintes et d'autres sont en danger d'extinction. De nombreux facteurs sont à l'origine de la grande majorité des menaces et des extinctions de ces ressources (Anderson, 2003 ; Mendelsohn, 2003 ; Rege et *al.*, 2003 ; Tisdell, 2003 ; Wollny 2003). Le tableau 1.1 présente une synthèse de ces facteurs ainsi que des indications sur leurs effets. Ces facteurs sont groupés en trois catégories : 1) facteurs agissant directement sur la constitution des RGAs ; 2) facteurs indirects ; et 3) autres facteurs.

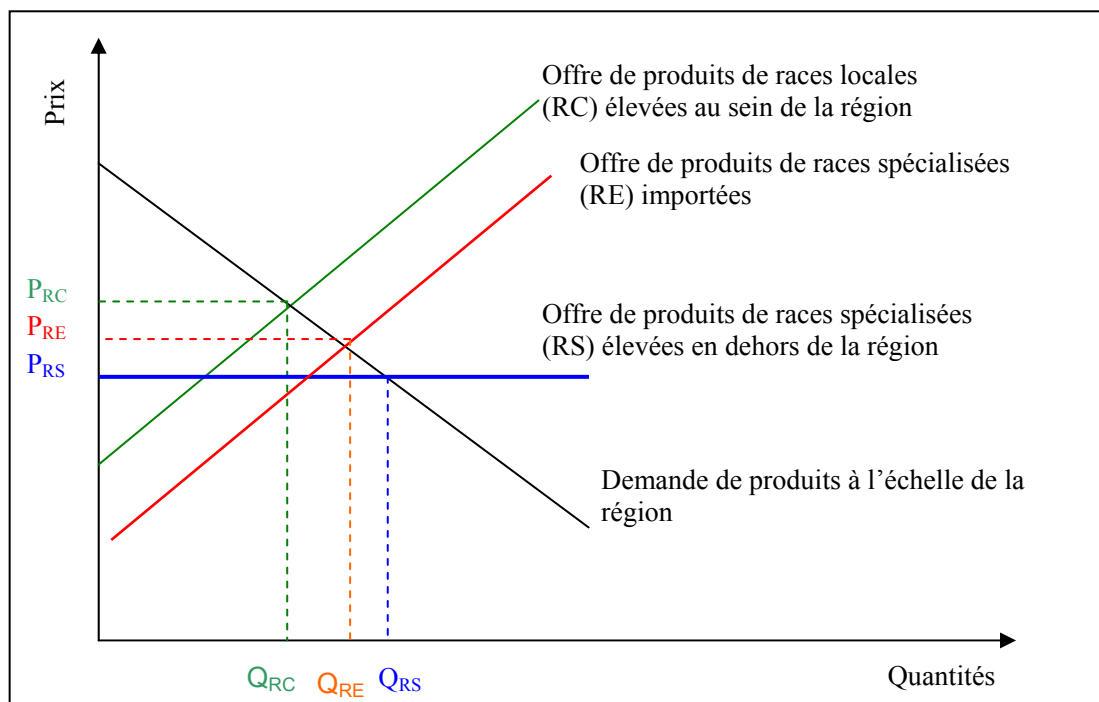
III.1 Facteurs directs

Les causes directes sont inhérentes à des considérations économiques liées au progrès technologique qui s'est manifesté par la création et la diffusion de procédés de production intensifs, modernes et rentables. Ce processus d'intensification a été caractérisé par la conversion, rendue possible par la sélection, l'introduction de races exotiques et/ou les croisements, de systèmes de production caractérisés par des ressources diversifiées à des systèmes plus ou moins homogènes. Les processus de conversion ont engendré la spécialisation et la simplification des systèmes de production, tant au sein des exploitations qu'au niveau des régions. La hiérarchie des prix, confortée par le progrès technologique, a favorisé cette tendance.

Le développement des échanges interrégionaux et internationaux et la recherche de rentabilité économique toujours plus élevée ont permis la confrontation des performances et de nombreuses races locales ont perdu leur intérêt. Négligées par les éleveurs et par les autorités, elles ont été abandonnées, et pour certaines, ont disparu. En effet, à l'échelle d'une région, l'impact de l'ouverture des marchés et de la globalisation des échanges sur les RGAs se manifeste de deux manières (figure 1.1).

D'une part, les forces de marché favorisent le développement et l'extension des produits issus de races exotiques (offre indiquée en rouge) qui sont plus compétitifs en comparaison à ceux issus de races locales (offre indiquée en vert). La demande des produits d'élevage à l'échelle de la région est présentée par la courbe indiquée en noir sur la figure. Les prix des produits des races exotiques sont inférieurs à ceux des races locales. Les signaux de marché favorisent l'extension des races spécialisées au détriment

des races locales. Dans cette situation, les éleveurs optent à une substitution des races locales par les races exotiques.



Source : Adapté de Tisdell (2003)

Figure 1.1 Substitution entre produits de races locales et de races spécialisées

D'autre part, l'extension et la globalisation des échanges des produits d'élevage (offre indiquée en bleu¹²) rend le processus de production, à l'échelle d'une région, moins rentable sur le plan économique : les prix des produits importés sont plus compétitifs comparativement aux prix des produits locaux. L'économie de la région concernée est considérée comme une petite économie par rapport au monde extérieur. Les prix des facteurs et des produits sont déterminés sur les marchés mondiaux. Cette situation se traduit souvent par l'abandon des activités d'élevage dans la région concernée.

¹² Cette courbe est presque horizontale traduisant ainsi l'hypothèse de la petite économie ouverte.

Tableau 1.1 Causes et effets de l'érosion de la diversité génétique des animaux d'élevage

Causes	Description	Effets
1. Facteurs directs		
Progrès technologique et intensification - Sélection - Croisements - Introduction de races exotiques	- Passage de système plus ou moins extensif à un système de production intensif	- Substitution de races locales par des races exotiques - Homogénéisation des troupeaux - Perte de caractères d'adaptabilité
Innovations technologiques	- Insémination artificielle et transfert d'embryons	- Perte de diversité génétique
Ouverture des marchés et globalisation des échanges	- Substitution des races locales par des races exotiques - Importation de produits d'élevage	- Perte de la rentabilité économique des RGAs
Changement des agro écosystèmes	- Substitution de la traction animale par la traction mécanique - Introduction à grande échelle de système de monoculture - Implantation d'industries ou créations de zones récréatives	- Changements des modes de production - Abandon progressif de l'élevage des animaux domestiques
2. Facteurs indirects		
Distorsions de politiques agricoles	- Incitations allouées pour la promotion de races améliorées (PVD) - Soutien des prix agricoles (PD)	- Perte de viabilité économique des races locales
3. Autres facteurs		
Catastrophes naturelles et épidémies	- Sécheresses récurrentes, cyclones inondations et épidémies ont plus d'impact sur les populations isolées	- Réduction considérable des effectifs - Extinction par perte de diversité
Conflits politiques et guerres	- Migration des populations	- Extinction et brassage génétique
Mesures de conservation	- Conception inadéquate des programmes de conservation	- Consanguinité et dérive génétique - Perte de caractères génétiques de valeur
Erosion de la culture rurale	- Homogénéisation des modes de consommation - Préférences à l'égard des produits importés	- Perte de viabilité économique des races locales

Source : adapté de Anderson (2003), Mendelsohn (2003), Rege et *al.* (2003), Tisdell (2003), et Wollny (2003)

Les forces de conversion ont eu un impact considérable sur la constitution génétique des populations d'animaux d'élevage (Drucker *et al.*, 2001). En effet, le passage de système de production plus ou moins extensif à un système de production intensif s'est accompagné par des changements des fonctions et des rôles du bétail. Dans les systèmes de production traditionnels, la production est plus déterminée par le nombre des animaux que par la productivité par tête. Dans ces circonstances, les caractères associés à la survie et à l'adaptation aux contraintes alimentaires, aux effets imprévisibles de l'environnement climatique et à la résistance aux maladies sont prédominants.

Sous les conditions de marché, les objectifs de sélection changent de direction en passant d'un système d'élevage à usage multifonctionnel à un système plus spécialisé et productif. Les forces de marché induisent des changements des caractères souhaités des RGAs qui vont s'orienter davantage vers des aspects portant, entre autres, sur la prolificité, la maturité précoce, la croissance rapide et la qualité technologique des produits des animaux. En plus de l'effet direct de la sélection, la constitution génétique des animaux indigènes est aussi soumise au processus de flux de gènes entre populations via des croisements avec des races exogènes. Les modèles de croisement entre races pourraient, en peu de générations, aboutir à un remplacement quasi total de la diversité génétique des RGAs indigènes.

D'autres facteurs peuvent être à l'origine de la modification de la constitution génétique des RGAs. Il s'agit notamment de changements qui peuvent affecter les systèmes de production suite à l'adoption de nouvelles technologies (mécanisation par exemple). Celles-ci peuvent conditionner les types, la taille et la structure des élevages et se manifestent souvent par une dominance des races rentables et spécialisées et un déclin de la taille des races moins compétitives (Cunningham, 1995). La réduction de la taille d'une population affecte la constitution génétique non seulement par la diminution de la diversité au niveau de la race, mais aussi par les effets de consanguinité et de dérive génétique.

III.2 Facteurs indirects

Bien que le processus de conversion soit sous-tendu par une logique économique, le marché ne constitue pas l'unique menace de la perte de la diversité génétique des animaux d'élevage. Mendelsohn (2003) évoque deux aspects pouvant être à l'origine d'effets secondaires inattendus et indésirables des politiques sur les RGAs. Le premier concerne les effets pervers des subsides accordés aux producteurs des pays industrialisés,

alors que le second est inhérent à l'incohérence des stratégies poursuivies par les agences internationales dans la conception de programmes de développement de l'élevage dans les PVD. Dans les pays industrialisés, les subsides directs alloués ont incité les fermiers à cultiver davantage de céréales au détriment des surfaces de pâturage. Par conséquent, les superficies de terres affectées au pâturage ont diminué et les effectifs des races locales ont chuté (Mendelsohn, 2003). Ces interventions étaient destinées explicitement à soutenir les revenus des producteurs.

Dans les PVD, la stratégie de développement de l'élevage s'est appuyée sur l'identification et la diffusion de quelques races spécialisées à besoins élevés et à forte productivité. Trop peu d'attention a été accordée au maintien et à l'amélioration de l'adaptation aux conditions et contraintes spécifiques. Les races indigènes ont été sérieusement sous estimées. Cette stratégie a rendu les communautés locales tributaires de fournitures et de subventions extérieures. Dès lors que les apports d'intrants cessent, l'élevage des races importées n'est plus faisable sur le plan technique et n'est plus rentable sur le plan économique. En cas d'extinction des races indigènes, les éleveurs se trouvent en position encore plus critique qu'auparavant.

Le cas de la race bovine *Nguri* en Afrique du Sud et celui de la race porcine *Criollo* au Mexique illustrent bien les échecs de cette stratégie (Köhler-Rollefson, 2000). Dans les deux cas, les éleveurs ont été incités à abandonner les races locales pour des races exotiques. Cependant, suite aux changements intervenus au niveau des économies de ces pays et la suppression des aides externes, il s'est avéré que les races importées n'étaient pas viables sur le plan économique. Entretemps, les races traditionnelles avaient presque disparu et des efforts ont été mis en œuvre afin de réapprovisionner les éleveurs en animaux de races locales.

III.3 Autres facteurs

D'autres facteurs, tels que les conflits politiques et les guerres, peuvent être à l'origine de la disparition de races par suite d'extermination dans les zones de conflit ou suite aux déplacements dans d'autres régions où il se produit un *brassage* génétique avec d'autres races. Les catastrophes naturelles (sécheresses récurrentes et cyclones) peuvent aussi entraîner l'extinction des populations isolées. Après l'accroissement de la diversité né de la création progressive de ces races, il se produit donc au contraire de nos jours une rapide diminution de la diversité génétique, au sein des espèces domestiques.

IV. Problématique et objectifs

IV.1 Concept de biodiversité

La biodiversité est un terme récemment introduit pour remplacer l'expression parfaitement synonyme de diversité biologique. La définition proposée par la Convention sur la Diversité Biologique a été largement adoptée en tant que point de départ des analyses de la biodiversité: *Variabilité des organismes de toute origine y compris, entre autres, les écosystèmes terrestres, marins et autres écosystèmes aquatiques et les complexes écologiques dont ils font partie ; cela comprend la diversité au sein des espèces et entre espèces ainsi que celle des écosystèmes.*

Convention sur la Biodiversité, Article 2.

Ce concept englobe la variété de formes de vies qui existent sur terre. Il recouvre un grand nombre de caractéristiques biologiques différentes qui se manifestent à tous les niveaux d'organisation menant des molécules aux cellules, aux organismes, aux populations, aux biocénoses et à la biosphère. La biodiversité désigne une multitude de facettes de la vie sur terre, vue à la fois sous l'angle spécifique¹³, sous l'angle génétique¹⁴ et sous l'angle écologique¹⁵.

La biodiversité agricole fait partie de la biodiversité globale et revêt une grande importance pour deux raisons fondamentales. Premièrement, elle intègre une énorme variété des formes distinctes de vie végétale et animale vitales pour la sécurité alimentaire des paysans. Deuxièmement, la variabilité génétique est la seule source de résistance naturelle aux agressions biotiques et abiotiques auxquelles sont exposées les productions agricoles. De ce fait, la diversité agricole répond à la fois aux besoins immédiats et aux intérêts à long terme des populations dans tous les points du globe. Pour les animaux d'élevage, la biodiversité est mesurée par la variabilité génétique entre les races d'une même espèce et à l'intérieur des races de cette espèce.

¹³ Il existe des populations d'espèces différentes, animales et végétales.

¹⁴ Chaque espèce est différente des autres du point de vue de sa constitution génétique. Les recherches en biologie moléculaire ont mis également en évidence l'existence d'une variabilité génétique entre populations isolées appartenant à une même espèce ainsi qu'entre individus au sein d'une population. La diversité génétique est l'ensemble de l'information génétique contenue dans tous les êtres vivants et correspond à la variabilité des gènes et des génotypes entre les espèces et au sein de chaque espèce.

¹⁵ Les espèces vivent en communauté dans des milieux ou habitats également très variés.

IV.2 Situation globale

La prise de conscience d'un risque d'appauvrissement de la variabilité génétique animale n'est apparue qu'à la fin des années soixante, alors que chez les végétaux, ce problème a été identifié 40 ans plutôt (De Rochambeau, 1998). Le nombre d'espèces animales domestiques est faible, environ 40, dont 14 au plus assurent environ 82% de la contribution totale des RGAs dans l'alimentation et la production agricole (FAO, 1999). L'analyse d'une enquête mondiale a révélé que les races domestiques s'éteignent progressivement à un rythme de 1% par an (FAO, 2000). Cette enquête dispose de données sur 6379 races recensées à travers 170 pays (tableau 1.2).

Tableau 1.2 Situation actuelle des races des animaux domestiques dans le monde

Régions	Effectifs	A	B	C	D	E	F	G
Afrique subsaharienne	738	5	5	-	7	-	34	49
Asie pacifique	1251	4	3	1	7	1	30	54
Europe	2576	18	11	2	19	8	11	31
Moyen Orient	571	4	-	-	6	1	47	42
Amérique latine	984	8	5	-	12	2	32	41
Amérique du Nord	259	18	12	-	16	1	33	20

A, B, C, D, E, F et G sont des pourcentages. A : éteinte ; B : critique ; C : critique (mesures de conservation en cours) ; D : en danger ; E : en danger (mesures de conservation en cours) ; F : inconnu ; G : absence de risque. Globalement, la classification adoptée par la FAO est basée sur la taille totale de la population, le nombre de femelles reproductrices et la tendance d'évolution des effectifs.

Source : adapté de la FAO (2000)

La taille des populations n'est disponible que pour 4183 races dont 740 sont déjà enregistrées comme disparues, et 1335 (soit 32%) sont classées à haut risque d'extinction et en voie de disparition. En Europe, la situation est critique surtout en Europe Orientale car très peu de programmes de conservation ont été mis en place. Compte tenu du nombre élevé de races actuellement en danger d'extinction et des ressources financières limitées disponibles, il n'est pas possible de soutenir des programmes de conservation pour toutes ces races (Ruane, 2000).

En matière de politique de conservation, **la problématique centrale se situe au niveau de la conciliation des impératifs de préservation de la diversité des ressources génétiques animales, d'une part, et du caractère fini des ressources financières disponibles, d'autre part.** En effet, aucune race ne peut survivre indéfiniment et des choix de conservation doivent être opérés en vue de maintenir la diversité génétique des RGAs à un niveau permettant d'assurer les besoins des générations présentes et futures.

IV.3 Éléments de la problématique de conservation des RGAs

Trois questions fondamentales caractérisent la problématique mentionnée ci-dessus. Ces questions doivent être approchées simultanément. **La première question**, de nature politique, fait référence à des considérations de coût de préservation : **quel budget devrait être alloué à la conservation des RGAs?** Cette question a été approchée pour le cas des pays de l'Union européenne au chapitre II. **La seconde question** concerne les méthodes de conservation : **comment conserver les RGAs?** Il existe deux approches pour la conservation des RGAs : la conservation *ex situ* et *in situ* (tableau 1.3).

Tableau 1.3 Principales caractéristiques des approches de conservation des RGAs

Approches	<i>In situ</i>	<i>Ex situ</i>	
Variante	<i>In vivo</i>	<i>In vivo</i>	<i>In vitro</i>
Principe	Conservation dans l'environnement naturel	Conservation dans un environnement artificiel	Cryoconservation (spermatozoïdes, d'ovocytes, embryons)
Dérive et consanguinité	Agissante	Agissante	Non agissante
Adaptabilité aux changements des conditions	Maintenue	Non maintenue	Non maintenue
Fonction culturelle	Maintenue	Non maintenue	Non maintenue
Coût de conservation	Modéré ou élevé	Modéré ou élevé	Faible ou modéré

Source : adapté de Simianer (2005)

L'approche *ex situ* porte sur deux variantes. La première, conduite *in vitro*, s'appuie sur les techniques de cryopréservation¹⁶ (de spermatozoïdes, d'ovocytes et/ou d'embryons). Contrairement aux plantes, la cryopréservation n'est techniquement faisable que pour très peu d'espèces des animaux d'élevage (Rege et *al.*, 2003). La seconde variante, conduite *in vivo*, consiste à préserver les ressources génétiques menacées dans des localités déterminées (fermes étatiques, station de recherche, ranch). Le principe de la conservation *in situ* consiste à préserver, *in vivo*, les populations à risque d'extinction, par les fermiers, dans l'environnement dans lequel elles se sont développées. Cette approche intéresse des écosystèmes entiers.

¹⁶ C'est une technique de conservation à très basse température de cellules, tissus ou organes. Elle utilise habituellement l'azote liquide (-196°C) et permet une conservation à long terme des ressources génétiques.

La participation des populations locales est l'une des clés de la conservation *in situ*, dont l'objectif ne se limite pas seulement à la conservation des gènes d'une race en danger mais aussi au maintien des processus qui permettent de préserver les systèmes de production. La convention sur la biodiversité préconise de préserver la biodiversité dans le contexte dans lequel elle s'est développée. Dans le cas des animaux d'élevage, la conservation *in situ* présente de nets avantages par rapport à la conservation *ex situ*. D'une part, les races locales sont les produits d'environnements écologiques et culturels spécifiques et on modifierait leur constitution et leur intégrité génétique si on les retirait de leur milieu d'origine. Le transfert de populations d'animaux domestiques dans des milieux contrôlés constitue un danger potentiel dans la mesure où leur faculté d'adaptation risque de s'éroder graduellement. D'autre part, les races animales ne sont pas statiques mais sont en permanence soumises à des processus d'adaptation à des conditions écologiques et économiques changeantes.

La conservation *in situ* requiert nécessairement le soutien actif, moyennant des mesures d'incitations des exploitants qui possèdent et utilisent ces animaux. Dans la perspective globale du maintien de la diversité génétique des animaux d'élevage en vue de conserver certains caractères génétiques, on trouve de solides arguments pour justifier la préservation *in situ* (ou à base communautaire) des ressources génétiques animales (Köhler-Rollefson, 2000). Toutefois, les coûts associés à la conservation *in situ* sont généralement plus élevés comparativement à ceux de la conservation *ex situ*. Une complémentarité entre ces deux approches est alors requise.

La troisième question, la plus importante, consiste à établir des priorités de conservation des races en danger (ou potentiellement en danger) ; en d'autres termes : **Que faut-il conserver ?** En matière de priorité de conservation, beaucoup d'efforts ont été consacrés aux analyses des distances génétiques entre les races. A titre d'exemple, la FAO a proposé la mise en place d'un programme global pour établir les rapports génétiques entre les races de chaque espèce domestique (Barker et al., 1993). Certes, la spécificité génétique d'une race est importante, mais elle ne constitue pas l'unique critère de décision (Ruane, 1999). D'autres facteurs complexes, y compris l'utilité présente et future des races, leur importance (environnementale, culturelle et historique), devraient également être pris en compte. C'est dans cette perspective que se situent les objectifs de ce travail qui vise à concevoir un cadre méthodologique adapté à la problématique d'affectation des ressources budgétaires dans le cadre de programmes de conservation *in situ* des races des animaux d'élevage.

IV.4 Objectifs de la recherche

Cette recherche est le résultat d'une réflexion collective s'inscrivant dans les efforts entrepris, dans le cadre du projet Econogene, de l'unité de génétique de l'UCL et du département des études économiques et de consommation alimentaire de l'université de Kiel (Allemagne) pour l'élaboration d'un modèle approprié à la problématique de conservation des ressources génétiques animales. Elle est de nature prospective et méthodologique. La composante méthodologique porte sur l'élaboration de modèles d'optimisation, alors que les composantes prospectives cherchent à mettre l'accent sur les politiques de conservation adoptées à l'échelle de l'Union et à évaluer l'utilité des ressources génétiques à travers certains critères, d'une part, et à analyser la diversité génétique d'ensembles de races ovines et caprines, d'autre part.

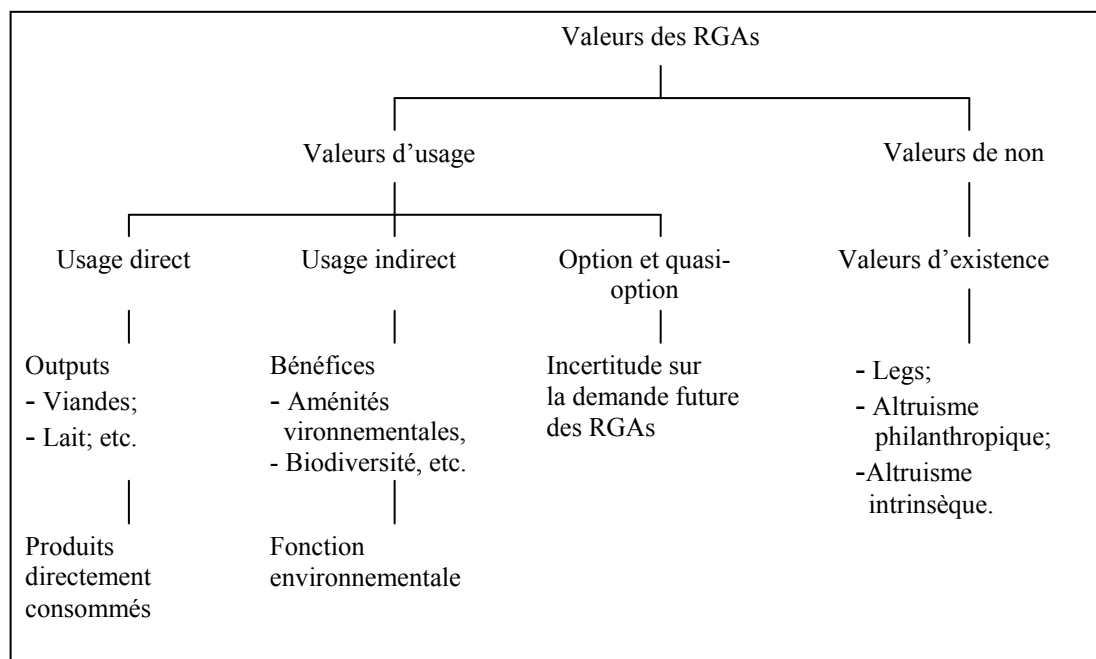
L'intégration de composantes génétique, économique et politique en vue d'orienter les choix en matière de conservation des ressources génétiques animales constitue une avancée méthodologique par rapport à laquelle cette thèse cherche à se démarquer. Les réajustements méthodologiques apportés au cadre analytique retenu (modèle de Weitzman) permettent, entre autres, son extension au contexte des animaux d'élevage, en intégrant d'autres critères, outre la dissemblance génétique, jugés pertinents en matière de conservation.

L'objectif global de cette recherche vise à analyser et à circonscrire les mécanismes bioéconomiques et ceux relatifs aux politiques régissant la problématique de conservation de la biodiversité des RGAs. Cette analyse est menée sur les races ovines et caprines retenues dans le cadre du projet Econogene. Le but recherché est de mieux appréhender les mécanismes de conservation adoptés par l'Union européenne en collaboration avec les pays membres et d'apporter des éléments de réponse aux questions relatives aux critères à prendre en compte en matière de conservation.

En effet, l'établissement de critères de conservation en vue de l'élaboration de priorités de conservation suscite un débat passionné au niveau de la communauté scientifique. De nombreuses questions se posent quant aux critères, à leur pondération, voir même les éventuelles corrélations entre critères (Barker, 2001). Eu égard au caractère de biens environnementaux que revêtent les RGAs, les critères évoqués se rapportent aux valeurs d'usage¹⁷ direct (caractères génétiques d'importance

¹⁷ Cette catégorie se rapporte à la valeur économique résultant de l'utilisation présente des RGAs sous toutes ses formes. Elle intègre plusieurs composantes qui sont étroitement liées, directement ou indirectement, aux choix observables portant aussi bien sur des aspects de consommation que sur des processus de production. Elle englobe les valeurs d'usage direct (viande, lait, laine, etc) et les valeurs d'usage indirect (aménités et agréments issus des RGAs).

économique), les valeurs d'usage indirect (aménités environnementales), les valeurs d'option¹⁸ et/ou de quasi-option¹⁹ (diversité génétique), et les valeurs de non-usage²⁰ (fonction culturelle). La figure 1.2 présente les différentes valeurs associées à ces ressources.



Adapté de Mountford et Keppler (1999)

Figure 1.2 Valeurs associées aux ressources génétiques animales

Dès lors une connaissance des préférences et des comportements des acteurs directement impliqués dans la gestion des RGAs moyennant une approche normative se trouve justifiée. Celle-ci fait appel aux bases sous-jacentes d'évaluation économique des biens environnementaux. Ainsi, **le premier objectif spécifique de ce travail consiste en la conception d'une approche méthodologique pour évaluer l'utilité des races sur la base de cinq critères.**

¹⁸ La valeur future des RGAs est entachée d'une incertitude sur leurs usages possibles, non encore connus: on parle de valeurs d'option. Celle-ci est souvent considérée comme une prime de risque pour se garantir un plus grand choix de consommation ou de production dans l'avenir.

¹⁹ La prise en compte de l'irréversibilité associée à un projet amène à prendre en compte la notion de valeur de quasi-option introduite par Arrow et Fisher (1974), c'est-à-dire le bénéfice potentiel à attendre du projet, souvent interprétée comme la valeur de l'information. Contrairement à la valeur d'option, cette valeur est indépendante du degré d'aversion pour le risque des individus ou de la société.

²⁰ Cette valeur, aussi appelée valeur d'existence, n'est liée ni à l'usage effectif ni à l'option d'usage ; elle est issue de la valeur conférée à l'existence même d'un patrimoine ou d'une ressource, en dehors de toute possibilité de jouissance directe ou indirecte, présente ou future.

Dans un tel contexte, la modélisation des choix multi-attributs constitue un recours méthodologique d'un grand intérêt pour approcher les préférences et les comportements des acteurs vis-à-vis du problème d'élaboration des priorités de conservation. Cet objectif s'inscrit dans l'approche selon laquelle la connaissance des préférences et des comportements est nécessairement requise comme préalable à une vision mieux éclairée pour la réussite de programmes de conservation. Cet objectif a fait l'objet du chapitre IV.

Le second objectif spécifique consiste en une analyse des politiques, de conservation *in situ* des animaux d'élevage, adoptées par l'Union européenne en collaboration avec les pays membres. Cet objectif, objet du chapitre II, vise à mettre l'accent sur les principales tendances des politiques de conservation, les critères d'éligibilité des races et les subsides alloués, d'une part, et à capturer les principaux déterminants, des choix de conservation *in situ* des races, observés à l'échelle des pays de l'Union selon une approche positive, d'autre part.

Le troisième objectif spécifique porte sur une analyse de la diversité génétique des populations de races moyennant des marqueurs moléculaires. Les mesures de distances génétiques générées sur la base de marqueurs neutres (les microsatellites) sont utilisées afin de caractériser et de quantifier l'originalité de chaque race animale. D'autres analyses sont effectuées sur la base des données des marqueurs moléculaires et portent sur la variabilité génétique intra-population. Les résultats de cette investigation sont présentés au chapitre III.

Enfin, **le dernier objectif spécifique, traité au chapitre V, concerne l'élaboration de modèles de programmation mathématique comme outil d'aide à la décision en matière de conservation.** Les résultats issus des investigations portant sur les trois premiers objectifs constituent les inputs de ce modèle connu sous l'appellation de modèle de Weitzman. La problématique de conservation est ainsi résumée dans des modèles d'optimisation de fonctions objectifs assujetties à des contraintes budgétaires. Toutefois, ce modèle a été conçu, au départ, pour le cas des espèces et présente des limites pour des applications empiriques portant sur les RGAs. La structure du modèle, les limites et les adaptations apportées à ce modèle pour le cas des RGAs sont présentées dans la section suivante.

V. Cadre analytique : Modèle de Weitzman

Mesurer la biodiversité constitue une tâche de première importance, compte tenu de l'ampleur actuelle des changements environnementaux et socio-économiques. Les

mesures de la biodiversité doivent être pertinentes, claires et objectives (Khazri et Lasserre, 2004). Globalement, il existe deux approches de mesure de la biodiversité : l'approche biologique/écologique et l'approche économique (figure 1.3). Ces deux approches définissent la biodiversité différemment et fondent leur mesure sur des propriétés différentes.

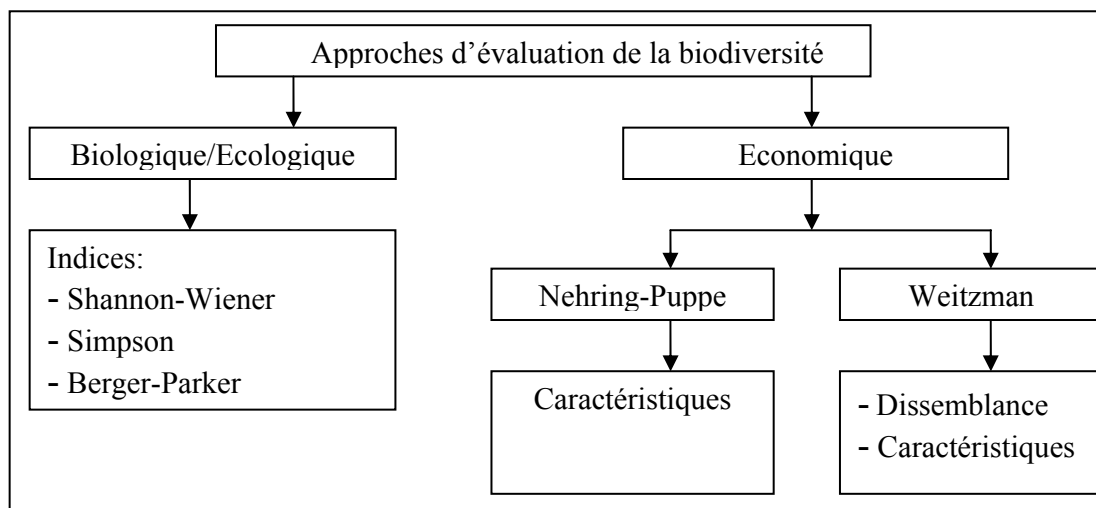


Figure 1.3 Approches d'évaluation de la biodiversité

L'approche écologique/biologique se base sur les niveaux de biodiversité : diversité génétique des populations, diversité spécifique des groupes fonctionnels et/ou des écosystèmes, diversité fonctionnelle des systèmes écologiques et des paysages. Cette approche utilise des indices tels que la richesse pure des espèces²¹, l'indice de Berger et Parker²², l'indice de Simpson²³ et l'indice de Shannon-Wiener²⁴. Ces derniers évaluent la biodiversité sur la base de la richesse, l'endémisme et la rareté des espèces. D'autres indices, qualifiés de phylogénétiques, mesurent l'endémisme et intègrent les différenciations écologiques et évolutives dérivées de la taxonomie²⁵ (Vane-Right et *al.*, 1991). Toutefois, ces indices ne prennent pas en compte les interactions entre les espèces et restent incomplets en ce qui concerne les particularités de chaque espèce (Khazri et Lasserre, 2004).

²¹ Cet indice exprime le nombre total des différentes espèces existantes. Malgré sa simplicité, cette mesure présente l'inconvénient d'autoriser le même poids pour toutes les espèces même si leurs abondances relatives sont différentes.

²² Cet indice exprime l'inverse de l'abondance relative de l'espèce la plus abondante.

²³ Cet indice évalue la probabilité que deux individus, tirés aléatoirement d'une population infinie de N individus et de S espèces, appartiennent à la même espèce.

²⁴ Cet indice décompte le nombre d'espèces et la répartition des abondances dans un site.

²⁵ Cette approche utilise la notion d'arbre taxonomique qui arrange les espèces en fonction de la façon dont elles ont évolué. La longueur d'une branche est proportionnelle au temps qui s'est écoulé depuis la séparation d'une espèce de son ancêtre commun avec d'autres espèces. La démarche consiste ainsi à accorder une priorité de préservation à une espèce inversement proportionnelle au nombre de nœuds qui la sépare de la racine de l'arbre.

Ces questions appellent une approche de la biodiversité plus opérationnelle que celle proposée par les biologistes. Afin de surmonter ces limites, l'économie s'est dotée, dans les années 1990-2000, de sa propre théorie de la biodiversité dont la différence marquante par rapport aux mesures biologiques est l'introduction des concepts de dissemblance génétique « *distinctiveness* » et de valeur. Elle en déduit des critères de décision dont les uns recherchent l'efficacité-coût de la conservation, et les autres le niveau de conservation souhaitable d'un point de vue social.

Il existe deux modèles économiques de la théorie de la biodiversité (figure 1.3). Le premier considère une définition « objective²⁶ » basée sur les caractéristiques biologiques (Weitzman, 1992, 1993, 1998) et le second repose plutôt sur une définition « subjective » basée sur les valeurs que la biodiversité représente pour l'homme (Nehring et Puppe, 2002). Ces deux modèles présentent des points forts et des limites qui ne sont pas sans conséquence sur la conception des critères de décision.

Selon l'approche de Nehring et Puppe (2002), une ressource génétique est considérée comme un panier d'attribut auxquels on attache des préférences ou des poids. La diversité est caractérisée par la somme des poids des attributs de toutes les ressources génétiques considérées. La diversité marginale est la somme des poids des attributs possédés par une ressource mais pas par les autres. La diversité d'un ensemble dépend donc des utilités attachées à chaque attribut. Selon cette approche, la définition et l'évaluation de la diversité se confondent. Là résident le point fort mais aussi la faiblesse de cette approche. Par rapport à celle de Weitzman, les questions des niveaux de biodiversité et d'espace ne sont plus problématiques, car il n'existe plus qu'une seule unité de mesure, l'utilité, qui permet de comparer des ressources hétérogènes (Aulong et *al.*, 2005). Tout dépend de la façon dont les attributs sont choisis et évalués.

Weitzman (1992, 1993, 1998) part d'une approche taxonomique et construit un arbre des différents genres de hérons. A l'aide de cet arbre, il transfère le concept de dissemblance issu de la taxonomie à celui de diversité marginale issu de l'économie. Pour ce modèle, la diversité génétique est une mesure mathématique, objective et elle est fondamentalement différente des valeurs qui lui sont associées. Ce modèle intègre aussi, dans sa formulation théorique, la notion d'utilité.

L'approche de Weitzman est plus globale que celle de Nehring et Puppe dans le sens où elle permet d'intégrer aussi bien la dissemblance génétique que les caractéristiques pour capturer les valeurs de la biodiversité. En effet, la métaphore conçue par Weitzman

²⁶ Les notions d'objectivité et de subjectivité ne comportent aucun jugement de valeur. L'objectivité se réfère à l'utilisation des sciences dures et bio-centrées par opposition à la subjectivité qui renvoie à des représentations sociales et à une approche anthropo-centrée.

(1998) assimile l'espèce à une bibliothèque : celle-ci est à la fois un immeuble, correspondant à l'utilité, et une collection de livres symbolisant le pool de gènes. Seul le nombre de livres différents dans la bibliothèque définit la biodiversité. En ce sens, le modèle de Weitzman rejoint, en quelque sorte, le modèle de Nehring et Puppe.

Le cadre analytique adopté dans cette thèse a porté sur le modèle de Weitzman. Cette section présente le modèle de Weitzman ainsi que les adaptations qui lui ont été apportées pour le cas particulier des RGAs. Elle se compose de quatre parties. La première partie présente la mesure de la diversité génétique de Weitzman dans un cadre déterministe. La seconde partie est consacrée à l'extension de cette approche dans un contexte stochastique. La troisième partie présente la structure globale du modèle. La synthèse présentée ci-dessous s'est basée sur les publications de Weitzman (1992, 1993, 1998), Thaon d'Arnoldi et *al.* (1998) et Simianer et *al.* (2003). Les limites et les adaptations apportées à ce modèle pour le cas des RGAs feront l'objet de la dernière partie.

V.1 Contexte déterministe et concept de contribution relative

Il existe plusieurs façons de représenter la diversité génétique qui existe entre les races. Crozier (1992) a conçu une approche, basée sur les distances génétiques, dont le principe repose sur la construction d'arbres phylogénétiques²⁷. Une autre approche consiste aussi en la construction des arbres phylogénétiques générés sur la base des caractéristiques et non sur les distances génétiques (Faith, 1992). Ces deux approches ne permettent pas d'intégrer des considérations liées à l'utilité (valeurs marchandes et valeurs non marchandes) et les aspects relatifs aux risques d'extinction des races.

Weitzman (1992) a conçu un modèle de programmation mathématique comme outil d'aide à la décision en matière de conservation de la diversité génétique. La question centrale consiste à élaborer un cadre qui permettrait d'opérer, d'une manière rationnelle, les choix d'alternatives de politique de conservation en vue de maintenir un niveau maximum de biodiversité. Il illustre ce problème ainsi : *Noé doit sauver le maximum d'espèces compte tenu de la capacité limitée de son arche*. Il doit donc opérer des choix : que faut-il conserver ? Pour Weitzman, ce problème est réduit en un modèle d'optimisation sous contrainte budgétaire.

²⁷ L'arbre présente les relations de parenté entre organismes vivants. Il montre qui est proche de qui, et non pas qui descend de qui.

Ce modèle intègre trois composantes : 1) une composante génétique ; 2) une composante économique relative à l'utilité; et 3) une composante liée aux aspects de politiques de conservation. Pour la composante génétique, l'auteur a élaboré une mesure de la diversité génétique d'un ensemble de taxons définie de façon récursive. Les données de départ sont des distances génétiques entre les éléments de l'ensemble. Le cadre élaboré pour évaluer la diversité génétique concerne la diversité entre les éléments et ne prend pas en compte la diversité génétique au sein des éléments.

Globalement, l'approche concerne un ensemble (S) d'éléments qui peuvent être assimilés à des espèces, des races ou à d'autres unités taxonomiques opérationnelles. La diversité fait référence à une propriété de l'ensemble S constitué de N éléments ($N \geq 2$). Elle caractérise la dissemblance des éléments de l'ensemble. L'idée de départ consiste à concevoir une mesure de la diversité génétique notée $V(S)$, à partir des distances génétiques entre les éléments de l'ensemble, qui satisfait les propriétés suivantes:

1. la diversité de l'ensemble S , notée $V(S)$, est toujours positive ;
2. si un élément j est ajouté à l'ensemble S , la diversité de l'ensemble augmenté $V(S \cup j)$ est toujours supérieure ou égale à la diversité de l'ensemble de référence S . Cette propriété de la fonction de diversité caractérise la monotonie sur les éléments de l'ensemble S ;
3. si on ajoute un élément j qui est une copie identique²⁸ à un élément de l'ensemble de référence ($S \cup j$), la diversité demeure inchangée : $V(S \cup j \cup j) = V(S \cup j)$;
4. la mesure de diversité augmente, en valeur absolue, lorsque toutes les distances entre individus augmentent (monotone par rapport aux distances).

La question est de savoir de combien va s'accroître la diversité d'un sous-ensemble $Q (\subseteq S)$ si on lui ajoute un nouvel élément j . Une alternative consiste à considérer que l'importance des gains de diversité serait fonction de la dissemblance entre le nouvel élément ajouté et les éléments de l'ensemble Q : plus la dissemblance est grande, plus le gain de diversité est grand. Weitzman (1992) a suggéré d'utiliser les distances²⁹ génétiques, $d(j, Q)$, pour évaluer le gain de diversité. En vue d'illustrer ce concept, considérons la définition suivante de distance, d'un élément à un ensemble :

$$d(j, Q) = \min_{i \in Q} d(i, j)$$

²⁸ C'est ce que Weitzman appelle la propriété de jumelage (*twining property*).

²⁹ Dans son premier article, Weitzman (1992) a considéré des distances ultra-métriques. Celles-ci stipulent que pour tout triplet d'éléments, les deux plus grandes distances entre éléments sont égales.

Cette distance caractérise les différences entre l'élément j et son voisin le plus proche dans l'ensemble Q . Plus précisément, cette propriété de la fonction de diversité correspond à la propriété (2) de monotonie sur les éléments mentionnée ci-dessus : le gain d'un élément augmente la diversité de l'ensemble par au moins la distance $d(j, Q)$, soit :

$$V(Q \cup j) \geq V(Q) + d(j, Q)$$

La généralisation de cette propriété à tous les éléments i de l'ensemble S , permet de générer la relation suivante :

$$V(S) \geq V(S|i) + d(i, S|i) \quad \forall i \in S \quad (1.1)$$

$S|i$ représente l'ensemble S sans l'élément i . Définissons V_i^d comme suit :

$$V_i^d = V(S|i) + d(i, S|i)$$

L'application de la condition (1) à tous les éléments de l'ensemble S se traduit par :

$$V(S) \geq V_1^d; V(S) \geq V_2^d; \dots; V(S) \geq V_N^d$$

N étant le nombre d'éléments de l'ensemble S . Cette caractéristique de la fonction de diversité peut être simplifiée de la manière suivante :

$$V(S) \geq \max_{i \in S} V_i^d \Rightarrow V(S) \geq V_i^d, \quad \forall i \in S \quad (1.2)$$

Cette propriété est nécessaire mais non suffisante pour définir une fonction unique de diversité. En effet, il existe plusieurs fonctions qui satisfont les propriétés (1) et (2). L'astuce de Weitzman pour obtenir une mesure unique dans le cas général consiste, pour chaque itération, à construire l'ensemble à évaluer par ajout de l'élément qui offrira la plus grande mesure. La résolution de ce problème conduit à une définition récursive de la fonction de diversité :

$$V(S) = \max_{i \in S} \{V(S|i) + d(i, S|i)\} \quad (1.3)$$

Cette équation de programmation dynamique constitue la pièce maîtresse du développement théorique conçu par Weitzman³⁰ : la diversité d'un ensemble est définie, pour chaque élément i de l'ensemble S , comme étant la valeur maximale issue de la sommation de la distance entre cet élément et son voisin le plus proche dans l'ensemble S et de la diversité de l'ensemble S sans l'élément i . La solution de ce problème est unique sous les conditions initiales suivantes :

$$V(i) \equiv V_0$$

³⁰ Cette mesure, proposée également par Faith (1992), est appelée diversité phylogénétique. Elle ne respecte pas l'axiome d'indépendance puisque par définition la diversité marginale d'un élément dépend de l'échantillon dans lequel il est ajouté mais elle respecte l'axiome de monotonie.

Ces conditions sont spécifiées pour tous les éléments de l'ensemble S . Weitzman propose une valeur de départ arbitraire, V_0 , éventuellement normalisée à zéro, quelque soit l'élément considéré. Cette mesure respectera donc l'axiome d'indifférence aux singletons (Aulong et *al.*, 2005). La programmation récursive issue de l'équation (3) implique une multitude d'opérations de calcul ; pour un ensemble formé de N éléments, le nombre d'opérations est $N!$. Weitzman (1992) a considéré une autre propriété (propriété sur l'élément de lien : *link property*) de la fonction de diversité pour réduire le nombre d'opérations de calcul à 2^N (Thaon d'Arnoldi et *al.*, 1998).

V.1.1 Propriété sur l'élément de lien

Cette propriété stipule qu'il est toujours vrai que l'élimination d'un élément réduit la diversité d'une quantité exactement égale à la distance qui sépare cet élément de son voisin le plus proche dans l'ensemble considéré. Suite à l'introduction de cette nouvelle propriété, l'algorithme de calcul de la diversité fournit, comme résultat intermédiaire, un arbre de classement des éléments en présence, qui est interprétée comme une phylogénie du maximum de vraisemblance. Cette propriété suppose l'existence d'au moins un élément g de l'ensemble S , élément de lien, qui satisfait la condition suivante :

$$V(S) = V(S|g) + d(g, S|g)$$

L'élément g est l'un des deux éléments les plus proches dans S :

$$d(g, S|g) = \min_{u, v \in S} d(u, v)$$

En d'autres termes, la perte de cet élément de l'ensemble S engendre le niveau minimum de réduction, évalué à $d(g, S|g)$, de la diversité de l'ensemble S . En ayant identifié le couple d'éléments (g, h) , les proches voisins dans l'ensemble S ; la question étant de déterminer l'élément de lien. L'équation (2) stipule que $V(S) = \max (V_g^d, V_h^d)$, avec $V_g^d = V(S|g) + d(g, S|g)$ et $V_h^d = V(S|h) + d(h, S|h)$ de sorte que l'élément de lien est celui qui satisfait la condition suivante : $\max [V(S|g), V(S|h)]$. Le programme dynamique récursif devient alors :

$$V(S) = d(g, h) + \max \{V(S|g), V(S|h)\} \quad (1.4)$$

L'élément (g) qui satisfait la condition $\max \{V(S|g), V(S|h)\}$ est considéré comme élément de lien, alors que (h) est un élément représentatif.

V.1.2 Concept de contribution relative

L'application de l'équation (4), de manière récursive, génère un arbre formé des éléments de l'ensemble S . Les branches de l'arbre correspondent aux éléments de l'ensemble et les nœuds peuvent être interprétés comme des ancêtres inconnus. Les différentes étapes de l'algorithme sont les suivantes :

1. commencer par une valeur nulle de la diversité ($V(S) = 0$);
2. repérer les deux éléments (g et h) les plus proches dans l'ensemble S , et additionner $d(g, h)$ à la diversité ;
3. déterminer l'élément de lien (g) et l'élément représentatif (h) moyennant la propriété : $g = \operatorname{argmax} \{V(S|g), V(S|h)\}$;
4. étant donné $V(S) = d(g, h) + V(S|g)$, considérer le nouvel ensemble sans l'élément de lien (g), c'est à dire l'ensemble $(S|g)$;
5. retour à l'étape 2 en appliquant le même processus jusqu'à ce qu'il n'y ait plus qu'un seul élément de l'ensemble S , ajout de la constante V_0 à la diversité, et arrêt de la procédure.

Au cours du processus de construction de l'arbre, il est suggéré de placer l'élément de lien (g) entre l'élément représentatif h et l'élément le plus proche de (h) dans l'ensemble $(Q|g)$; Q étant le sous-ensemble de S dont la diversité sera calculée au cours de cette étape. Cette représentation présente l'avantage d'aboutir à une seule représentation de l'arbre, alors que les autres méthodes, couramment utilisées, par simple rotation des branches aboutissent à de nombreuses représentations. La diversité de l'ensemble S peut ainsi être interprétée comme la somme des longueurs des branches de l'arbre. La contribution relative (CR_i) de chaque élément i à la diversité de l'ensemble S est :

$$CR_i = \frac{[V(S) - V(S|i)]}{V(S)}$$

Cet indicateur est utilisé pour classer les priorités de conservation dans un contexte déterministe. Supposons que l'on doit préserver un seul élément parmi deux $\{i, j\} \subseteq S$; le choix évident consiste à sacrifier l'élément, i , si et seulement si, $[V(S|j) > V(S|i)]$, c'est à dire, abandonner l'élément le moins différencié sur le plan génétique. Toutefois, ce critère ne tient pas en compte les chances de survie ou d'extinction des éléments. Dans un processus stochastique, la contribution d'un élément à la diversité d'un ensemble ne dépend pas uniquement des chances de survie de cet élément, mais aussi des autres éléments de l'ensemble.

V.2 Contexte stochastique et concept de diversité marginale

L'approche présentée ci-dessus permet de générer une mesure de la diversité génétique d'un ensemble d'éléments sans tenir en ligne de compte les risques d'extinction associés à chaque élément de l'ensemble. En vue d'intégrer ces aspects, Weitzman a procédé à une extension de son approche dans un contexte stochastique. Cette extension est basée sur la notion de la diversité attendue au cours d'un horizon de planification donné. La diversité attendue est calculée à travers les probabilités de survie (X_i) des éléments de l'ensemble S . Soit R un vecteur de dimension N dont les éléments (X_i) portent sur les probabilités de survie des éléments de l'ensemble S . Sous l'hypothèse que certains éléments vont disparaître et que d'autres vont continuer à exister, au cours d'un horizon de planification, différentes situations peuvent surgir et correspondent à différentes combinaisons de sous-ensembles de l'ensemble S (figure 1.4). A titre d'exemple, soient i, j et k trois éléments de l'ensemble S , la probabilité pour que les éléments i et j survivent alors que l'élément k disparaisse, au cours d'une période de temps, est donnée par :

$$X_i * X_j * (1 - X_k)$$

Ce constat peut être généralisé pour toutes les combinaisons possibles de sous-ensembles de S . Soit K un vecteur, de dimension N , formé de variables indicatrices, k_i , $i=1, \dots, N$, qui renseignent sur la présence ($k_i = 1$) ou l'absence ($k_i = 0$) de chaque élément dans les différentes combinaisons de sous-ensembles de S . Sur la base des probabilités de survie des éléments, la probabilité qu'une situation spécifique, caractérisée par un vecteur K , surgisse à la fin de l'horizon de planification est:

$$P(K) = \prod_{i=1}^N [k_i + (-1)^{k_i} (1 - X_i)]$$

Au total, il existe 2^N sous-ensembles possibles. Notons par $V(K)$ la diversité du sous-ensemble décrit par le vecteur K , c'est à dire la diversité des éléments présents ($k_i=1$) dans le vecteur K . l'espérance ($EV(S)$) et la variance ($Var(V(S))$) de la diversité totale de l'ensemble S sont :

$$EV(S) = \sum_{K=1}^{2^N} P(K) V(K) \quad (1.5)$$

$$Var(V(S)) = \sum_{K=1}^{2^N} P(K) V(K)^2 - \left(\sum_{K=1}^{2^N} P(K) V(K) \right)^2 \quad (1.6)$$

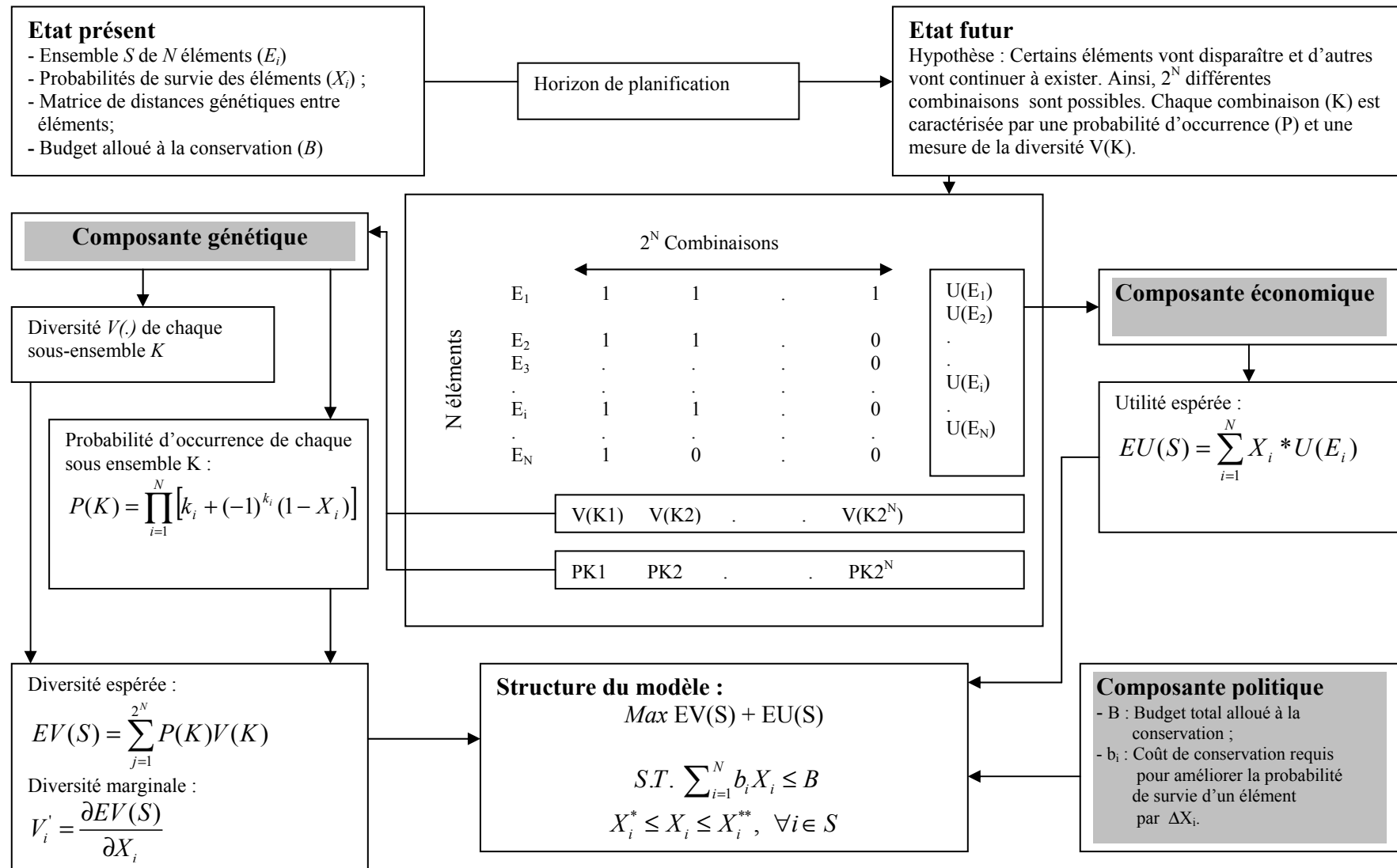


Figure 1.4 Vue d'ensemble de la structure du modèle de Weitzman

Ces deux paramètres permettent à la fois de caractériser la distribution statistique de la fonction de diversité au cours d'une période de temps et de fournir une évaluation de la diversité marginale (V'_i) de chaque élément de l'ensemble S :

$$V'_i = \frac{\partial EV(S)}{\partial X_i} \quad (1.7)$$

La diversité marginale d'une population s'interprète comme l'incidence sur la diversité de l'ensemble d'un accroissement donné de la probabilité de survie de cette population. A titre d'exemple, si $V'_i = 0,20$; ceci équivaut à conclure que la diversité attendue de l'ensemble S sera augmentée de 0,20 si la probabilité de survie de l'élément i augmente d'une unité. La diversité marginale d'un élément i de S est toujours positive.

Weitzman (1993) a suggéré l'utilisation du potentiel de conservation (E_i) comme indicateur dans l'élaboration de priorités de conservation dans un contexte stochastique. Ce dernier, défini comme une sorte d'élasticité de la diversité, renseigne sur la variation relative (en pourcentage) de la diversité attendue suite à une variation relative (en pourcentage) de survie de l'élément en question :

$$E_i = \left[\frac{\partial EV(S)}{\partial X_i} \right] * \left[\frac{X_i}{EV(S)} \right] \quad (1.8)$$

La dérivée première de la diversité espérée par rapport à la probabilité de survie d'un élément de l'ensemble est un scalaire. Ainsi, pour chaque élément i de l'ensemble S , deux scénarios sont possibles : la survie ou l'extinction. L'espérance conditionnelle relative à l'extinction d'un élément i de l'ensemble S est donnée par $E(V|k_i=0)$; et celle relative à sa préservation est représentée par $E(V|k_i=1)$. L'espérance globale se présente sous l'expression :

$$E(V(S)) = X_i * E(V|k_i=1) + (1 - X_i) * E(V|k_i=0)$$

La diversité marginale est donnée alors par :

$$V'_i = \frac{\partial EV(S)}{\partial X_i} = E(V|k_i=1) - E(V|k_i=0)$$

Pour chaque élément de l'ensemble S , les espérances conditionnelles sont :

$$E(V|k_i=0) = \frac{\sum_{\forall K, k_i=0} P(K)V(K)}{(1 - X)_i} \quad \text{et} \quad E(V|k_i=1) = \frac{\sum_{\forall K, k_i=1} P(K)V(K)}{X_i};$$

Ces équations constituent la base de l'élaboration d'un algorithme permettant de générer les diversités marginales des éléments de l'ensemble S .

V.3 Structure globale du modèle

La logique de Weitzman suppose qu'une action de protection d'un élément i augmente ses chances de survie (X_i), mais s'accompagne aussi d'un certain coût. Par ailleurs, les moyens financiers qu'il est possible de dégager sont limités. Une politique de conservation en faveur d'un élément permet de faire varier sa probabilité de survie entre deux bornes :

$$X_i^* \leq X_i \leq X_i^{**}; \forall i \in S$$

où X_i^* correspond à la survie de l'élément i en l'absence de mesure de conservation et X_i^{**} s'obtient si tous les efforts de conservation ont été consentis à un certain coût. Soit b_i le coût qui correspond à une politique de protection maximale pour l'espèce i , qui ferait passer ses chances de survie de X_i^* à X_i^{**} . B est le budget total consacré à la conservation de la biodiversité. La contrainte budgétaire du modèle est donnée par l'expression :

$$\sum_{i=1}^N b_i \frac{(X_i^{**} - X_i)}{(X_i^{**} - X_i^*)} \leq B$$

Le choix d'une politique optimale de conservation se fait dans la limite budgétaire. Pour ce qui est de la fonction à optimiser, chaque élément i entre comme argument de la fonction objectif de deux manières différentes. La première se réfère aux valeurs que l'on attache à chaque élément, U_i , alors que la seconde porte sur sa contribution à la diversité capturée à travers la diversité marginale, V'_i . La fonction objectif ($\phi(S)$) porte alors sur deux composantes : l'espérance de la diversité totale ($EV(S)$) et l'espérance de l'utilité des éléments ($EU(S)$) :

$$\phi(S) = EV(S) + EU(S) \quad (1.9)$$

Moyennant des approximations, Weitzman a simplifié cette formulation en 1998 en une forme réduite et linéaire. Celle-ci se présente sous la forme :

$$\begin{aligned} & \text{Maximiser}_{X_i} \sum_{i=1}^N \alpha_i X_i \\ & \text{Sous contraintes : } \sum_{i=1}^N \beta_i X_i \leq \gamma \\ & \text{où } \alpha_i = U_i + V'_i; \beta_i = \frac{b_i}{\Delta X_i}; \text{ et } \gamma = B + \sum_{i=1}^N \frac{b_i X_i^*}{\Delta X_i} \end{aligned}$$

Cette simplification a permis de générer un critère de décision (R_i) de conservation simple qui permet d'ordonner les priorités de conservation :

$$R_i = [V'_i + U_i] * \left[\frac{\Delta X_i}{b_i} \right]$$

Ce critère traduit l'accroissement de la diversité marginale et de l'utilité directe, par unité de coût, suite à l'amélioration de la probabilité de survie d'un élément donné. En résumé, ce critère de classification des priorités de conservation intègre quatre aspects fondamentaux : l'unicité ou la dissemblance d'un élément (V'_i), la valeur qui lui est attachée (U_i) et le coût de conservation (b_i) requis pour améliorer la probabilité de survie d'un élément de l'ensemble par (ΔX_i). En combinant indicateurs biologiques (diversité génétique), économiques (indicateurs d'utilité), et politiques (budget de conservation), l'approche de Weitzman garde une certaine objectivité.

V.4 Limites et extension de l'approche au contexte des RGAs

L'approche de Weitzman a le mérite de donner une définition précise de la diversité, sans jugement de valeur et sans interférence avec les considérations humaines. Elle présente un cadre rigoureux et un développement théorique qui permettent de raisonner et d'aborder la question d'efficacité d'utilisation des ressources dans le cadre de programme de conservation. Cependant, la définition de biodiversité de Weitzman reste insatisfaisante puisqu'elle ne prend pas en compte la variabilité génétique intra-population.

Cette approche a été conçue, au départ, pour le cas des espèces. L'hypothèse sous-jacente est que l'extinction d'une espèce engendre une perte de la diversité génétique de la famille à laquelle l'espèce appartient. La perte de diversité sera d'autant plus grande quand l'espèce éteinte présente de faibles liens génétiques, mesurés par les distances génétiques, avec les autres espèces et vice-versa. Toutefois, cette approche présente des limites aussi bien pour le cas des espèces que pour le cas des races des animaux d'élevage.

Pour le cas des espèces, la mesure de biodiversité développée par Weitzman dépend de la séquence d'introduction des espèces pour construire l'ensemble S . En outre, cette mesure semble favoriser la diversité des espèces plutôt que leur conservation en fonction de leur interaction naturelle. Selon cette démarche, vaut mieux avoir un poisson et un

gorille qu'un chimpanzé et un gorille, puisque la dissemblance entre les deux premiers est supérieure à celle entre les deux derniers (Khazri et Lasserre, 2004).

Tableau 1.4 Applications empiriques de l'approche de Weitzman dans le cas des RGAs

Auteurs	Espèce	N	Pays/régions	Distances
Thaon d'Arnoldi <i>et al.</i> , 1998	Bovine	19	France/UK	Nei + Cavalli-Sforza
Laval <i>et al.</i> , 2000	Porcine	11	Europe	Reynolds + Nei
Cañon <i>et al.</i> , 2001	Bovine	18	Europe	Nei
García <i>et al.</i> , 2002	Bovine	8	France/Espagne	Reynolds
Simianer, 2002	Bovine	26	Afrique	Reynolds
Simianer <i>et al.</i> , 2003	Bovine	23	Afrique	Reynolds
Reist-Marti <i>et al.</i> , 2003	Bovine	49	Afrique	Reynolds
Ollivier <i>et al.</i> , 2004	Porcine	16	Europe	Reynolds

N : Nombre de races.

Weitzman (1993) affirme que son modèle peut s'appliquer à chacun des niveaux de la biodiversité. Toutefois, les applications empiriques de ce modèle dans le cas des races des animaux d'élevage restent peu nombreuses (tableau 1.4). En effet, en matière de conservation, l'unité biologique à considérer est d'une grande importance (Grandall *et al.*, 2000). Pour les populations sauvages, l'unité biologique correspond souvent à l'espèce, alors que dans le cas des animaux d'élevage, l'intérêt est porté davantage sur les races à l'intérieur des espèces (Caballero et Toro, 2002).

Barker (1999) a souligné que la diversité phylogénétique, telle que celle développée par Weitzman, constitue un critère objectif de conservation des RGAs, en d'autres termes, les races qui sont génétiquement distinctes devraient être prioritaires dans un programme de conservation. Cependant, la principale limite de ce type de mesure de diversité génétique, mentionné également par Barker (1999), est que la variation génétique à l'intérieur des populations (intra-race) est complètement ou partiellement ignorée.

Il est à noter que la fonction objectif de Weitzman (équation 1.9) suppose qu'on accorde un poids égal aux deux composantes, diversité et utilité. En plus de la diversité génétique intra- et inter-populations, d'autres critères de conservation sont à considérer (Rege, *et al.*, 2003 ; Ruane, 1999). En effet, même si l'approche de Weitzman est qualifiée de positive, elle n'est pas dépourvue d'une dimension subjective. Celle-ci correspond à la composante d'utilité dans le modèle. Cependant, à ce niveau une limite d'ordre méthodologique se pose : la fonction objectif à optimiser porte sur deux composantes, la dissemblance génétique et l'utilité des éléments, qui ne s'expriment pas dans les mêmes unités. En vue de contourner ces limites, un réajustement

méthodologique de cette approche a été opéré dans le cadre de ce travail. Pour l'essentiel, ce réajustement a consisté à intégrer les deux composantes de diversité génétique (intra- et inter-populations), ainsi que d'autres critères de conservation, en tant qu'arguments de la fonction d'utilité.

V.5 Plan de thèse

Cette thèse est organisée en cinq chapitres (figure 1.5). Le chapitre II aborde une analyse de la politique de conservation *in situ* des animaux d'élevage au sein de l'Union européenne et vise à mettre l'accent sur les principales actions entreprises en vue de préserver les ressources génétiques animales. Il s'articule au niveau de trois sections. La première section traite de l'évolution de la politique agricole commune et de la place accordée à la conservation des RGAs. La seconde section présente l'état actuel de conservation *in situ* des RGAs au niveau des Etat membres. La dernière section est consacrée à l'analyse des déterminants des choix de conservation. Dans cette section, un modèle économétrique a été estimé en vue de capturer les tendances régissant les choix d'intégration des races dans les programmes de conservation cofinancés par l'Union et les pays membres.

Le chapitre III est consacré à l'analyse de la diversité génétique de populations ovines et caprines. L'objectif de ce chapitre est d'analyser la diversité génétique intra- et inter-populations d'ensembles de races ovines et caprines réparties sur des pays de l'Union européenne à travers 30 marqueurs microsatellites. Les diversités génétiques globales des deux ensembles des deux espèces considérées sont mesurées, les contributions relatives associées à chacune des races sont évaluées selon l'approche de Weitzman. D'autres analyses ont été effectuées et se rapportent à la diversité intra-race. Ce chapitre se compose de trois sections. La première présente le matériel et les méthodes adoptées pour caractériser la diversité génétique intra- et inter-populations. La seconde section présente les résultats et la dernière porte sur une discussion.

Le Chapitre IV consiste en une évaluation de l'utilité des RGAs. Il a pour objectif d'évaluer l'utilité des RGAs sur la base de cinq critères par la modélisation des choix multi-attributs. Ce chapitre porte sur trois sections. La première traite de l'approche méthodologique poursuivie pour intégrer l'utilité des RGAs. Elle présente le soubassement théorique de la modélisation des choix multi-attributs, les critères considérés et la démarche empirique adoptée. La seconde section consiste à caractériser l'échantillon et à analyser les attitudes et opinions des enquêtés vis-à-vis de la

problématique d'érosion des RGAs, d'une part, et à l'égard des critères d'éligibilité de l'Union européenne, d'autre part. La troisième partie est consacrée à la présentation des résultats de l'analyse des choix multi-attributs.

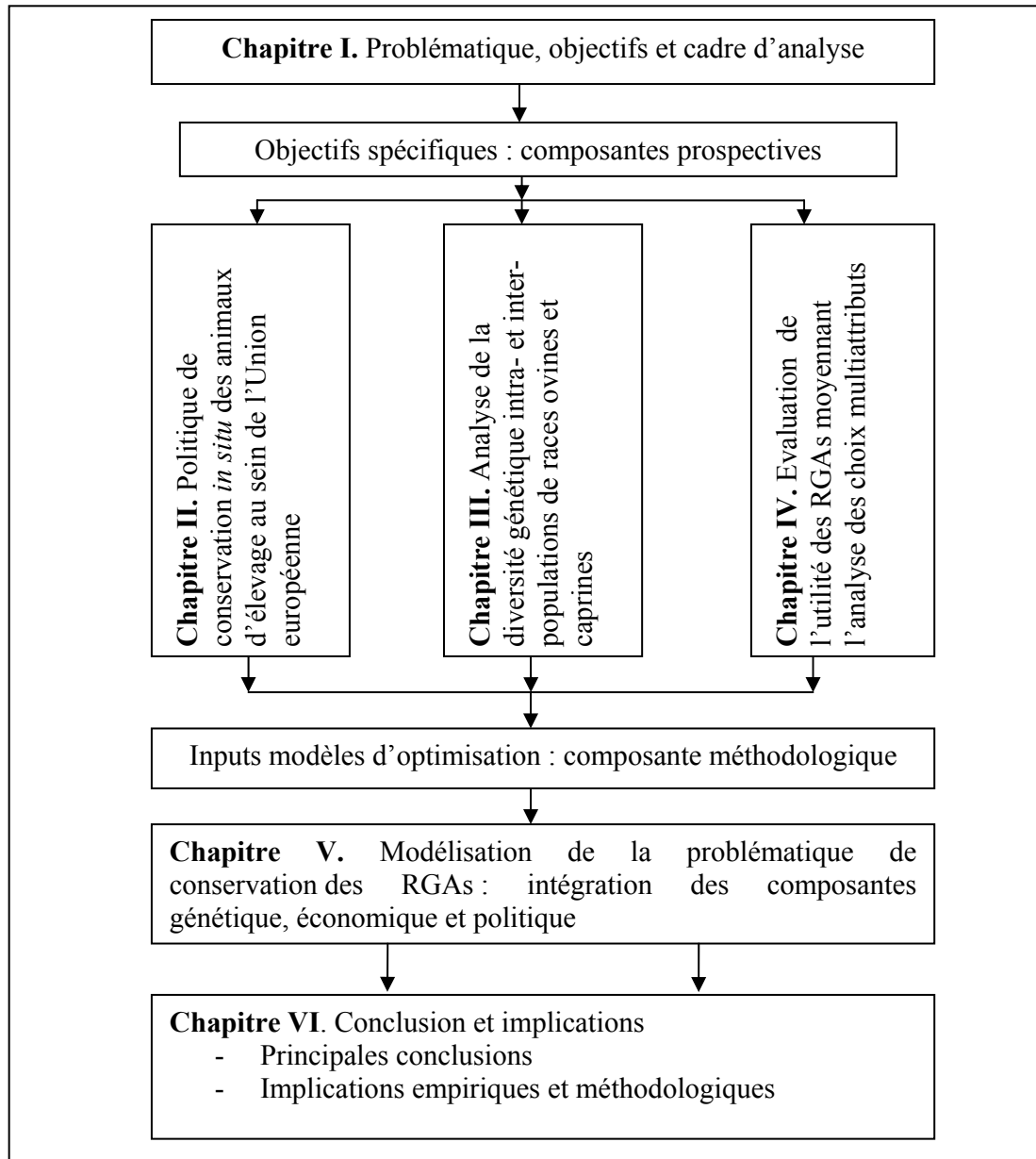


Figure 1.5 Articulation des chapitres de la thèse

Le chapitre V consiste à modéliser la problématique de conservation de la diversité génétique des RGAs en intégrant des composantes génétique, économique et politique. Les résultats des chapitres II, III et IV ont été mobilisés pour la construction de modèles bioéconomiques. Enfin, le chapitre VI conclut par un résumé des principaux résultats et met l'accent sur les implications empiriques et méthodologiques.

Chapitre II. Politique de conservation *in situ* des animaux d'élevage au sein de l'Union européenne

I. Introduction

Par rapport à sa taille, l'Europe héberge une forte proportion de la diversité mondiale des animaux domestiques : plus du quart des races de bovins, de moutons, de porcs et de chevaux de la planète (FAO, 2000). Cette diversité des races des animaux d'élevage a joué un rôle important dans l'économie européenne au cours des siècles dans divers environnements en fournissant de l'énergie, de la nourriture et de la matière première. Lors de la seconde moitié du vingtième siècle, suite à l'extension du processus d'industrialisation de l'agriculture et, en particulier, en raison de la diffusion d'un nombre restreint de races à haut potentiel de production, les effectifs de la plupart des races locales ont commencé à chuter et certaines se sont éteintes (Simon et Buchenauer, 1993).

De nombreuses races européennes sont maintenant menacées de disparaître pour ce qui est perçu comme leur manque de compétitivité économique. Les anciennes races n'ont survécu que dans les zones marginales où les conditions de production ne permettent pas l'intensification. L'importance accordée à la préservation des ressources génétiques animales ne s'est véritablement manifestée qu'au cours des trois dernières décennies. Dès lors, des efforts ont été entrepris par de nombreuses institutions nationales, régionales et mondiales pour conserver les races menacées d'extinction.

A l'échelle mondiale, la FAO a élaboré la stratégie mondiale de gestion des ressources zoogénétiques pour promouvoir le maintien, le développement, l'utilisation et l'accès à ces ressources. Celle-ci fournit un cadre pour l'établissement des politiques, stratégies et actions nationales, régionales et mondiales visant à consolider et à coordonner les activités de nombreuses organisations indépendantes qui opèrent dans ce domaine. Le rôle principal de cette stratégie est d'assister les pays dans le développement et le renforcement des capacités nationales de gestion de ces ressources.

L'élaboration de cette stratégie a été guidée par les trois objectifs de la Convention sur la biodiversité, à savoir, la conservation, l'utilisation et le partage juste et équitable des avantages découlant de l'utilisation de la diversité génétique. Cette stratégie s'articule autour de quatre composantes interdépendantes : 1) un mécanisme

intergouvernemental³¹ ; 2) une structure de planification et de mise en œuvre³² ; 3) un programme technique³³ ; et 4) l'établissement des rapports de suivi et d'évaluation³⁴.

Au niveau européen, la stratégie mondiale s'est traduite par la création du centre de coordination régional européen (devenu opérationnel à partir d'août 2001) qui comprend 37 pays d'Europe. Cette structure a joué un rôle actif dans les négociations sur la réglementation de l'UE-15³⁵ concernant la conservation des races menacées d'abandon. En effet, à l'échelle de l'Union, une panoplie de mesures politiques et réglementaires a été promulguée pour inciter les pays à préserver ces ressources. C'est ainsi que des programmes de conservation cofinancés par l'UE-15 et les Etats membres ont été initiés au cours des deux dernières décennies.

Ce chapitre vise à mettre l'accent sur les principales actions entreprises au sein de l'UE-15 en vue de préserver les ressources génétiques animales, d'une part, et à analyser les déterminants des décisions de conservation au niveau des Etats membres, d'autre part. A travers une approche visant à dégager les préférences politiques, les décisions d'inclusion des races dans des programmes de conservation sont analysées en fonction de leurs attributs. A noter que des programmes de conservation se déroulent, à des échelles régionales ou nationales, au sein des pays membres. Ces programmes n'ont pas été considérés dans la présente étude.

Le chapitre s'articule au niveau de trois sections. La première section traitera des principales tendances de la politique agricole commune (PAC), d'une part, et se focalisera sur la place accordée à la conservation des RGAs dans cette politique, d'autre part. Dans la seconde section, sera présenté l'état actuel de conservation *in situ* des races des animaux d'élevage au niveau des Etats membres. La dernière section sera réservée à l'analyse des déterminants des choix de conservation. Dans cette section, un modèle économétrique a été estimé en vue de capturer les tendances régissant les choix d'intégration des races dans les programmes de conservation.

³¹ La Commission des ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture est le mécanisme intergouvernemental de la stratégie. Celle-ci est chargée de coordonner les questions de politiques sectorielles et intersectorielles touchant à la conservation et à l'utilisation de ces ressources.

³² Cette composante constitue la pièce maîtresse de la stratégie et comprend cinq éléments structurels : 1) le centre de coordination mondial ; 2) les centres de coordination régionaux ; 3) les centres de coordination nationaux ; 4) le mécanisme de participation des donateurs et des parties prenantes ; et 5) le système mondial d'information sur la diversité des animaux domestiques.

³³ Ce programme vise à soutenir une réelle action de gestion au niveau des pays et comprend quatre éléments : a) caractérisation ; b) intensification durable ; c) conservation ; et d) communication.

³⁴ Cette composante consiste à mettre en place des mécanismes d'évaluation des progrès réalisés en matière de mise en œuvre de la stratégie mondiale.

³⁵ La première ébauche de ce chapitre a été rédigée avant la signature le premier mai 2004 à Dublin de l'acte d'élargissement de l'Union européenne qui est passée de 15 à 25 pays membres.

II. Conservation des RGAs à l'échelle de l'Union

II.1 Tendances de la PAC

II.1.1 Aperçu historique

Dès la création de la communauté économique européenne, le secteur agricole a constitué un domaine prioritaire d'application de la politique commune. Malgré le poids démographique et économique de plus en plus faible de l'agriculture, la PAC continue d'être la principale politique commune. L'article 39 du traité de Rome définissait les objectifs de la PAC. Ces derniers étaient axés essentiellement sur l'augmentation de la productivité, le maintien du niveau de vie des agriculteurs, la stabilisation des marchés, la garantie de la sécurité des approvisionnements et la garantie de prix raisonnables aux consommateurs.

Créée en 1962, la PAC reposait sur des mécanismes qui garantissaient une préférence communautaire et permettaient une présence sur les marchés tiers. Le fonctionnement de cette politique reposait sur les prix d'intervention³⁶, les prix de seuil³⁷ pour les importations, les restitutions à l'exportation³⁸ et les prélèvements à l'importation³⁹. Le maintien de prix agricoles garantis, à la production, bien supérieurs aux prix mondiaux a constitué le noyau dur de cette politique. Il s'agissait pour la plupart des produits, d'empêcher le prix commun de descendre au-dessous d'un niveau minimum garanti, qui était défini chaque année par les ministres de l'agriculture lors de la réunion du Conseil. Les prix agricoles élevés résultant de ce système de soutien de marché, communément appelé premier pilier de la PAC, incitèrent les agriculteurs à orienter leur plan de production vers les produits les mieux soutenus et à intensifier leur production.

³⁶ Le prix d'intervention est le prix garanti en deçà duquel un organisme d'intervention désigné par les États membres rachète les quantités produites et les stocke. Pour ne pas grever le budget communautaire, le Conseil des ministres encourage le stockage privé en allouant une prime aux producteurs qui stockent eux-mêmes les produits.

³⁷ Le prix de seuil ou prix d'écluse est le prix minimal auquel peuvent être vendus les produits importés. D'un montant supérieur au prix d'intervention, il incite les opérateurs économiques communautaires à se fournir au sein de la Communauté européenne afin de respecter le principe de préférence communautaire.

³⁸ L'Union européenne verse des restitutions identiques aux producteurs européens qui exportent sur le marché mondial. Il s'agit de subventionner les exportations européennes afin que leurs cours atteignent les prix mondiaux. Le montant de la restitution est en principe unique mais il peut varier selon la destination du produit ou du fait des conditions économiques. La délivrance d'un certificat à l'exportation peut également être obligatoire et conditionner l'octroi de la restitution.

³⁹ Un système de prélèvement unique à l'entrée dans l'Union européenne a été institué pour une grande partie de la production afin que les prix des importations ne soient pas inférieurs aux cours communautaires. Certains produits sont simplement soumis aux taux fixés par le tarif douanier commun et d'autres en sont exonérés.

En effet, cette politique a protégé les producteurs agricoles des états membres de différentes manières. D'une part, le régime de soutien des prix a eu comme conséquence la stabilisation et le maintien des prix à un niveau élevé. Ceci a permis de réduire les risques de marché et d'éliminer toute concurrence entre les producteurs. D'autre part, la PAC a imposé des prélèvements sur les importations et a accordé des subsides pour les exportations pour permettre l'écoulement des excédents à des prix compétitifs sur le marché mondial. Les subventions en capital ont également permis aux producteurs agricoles d'accéder aux technologies agricoles modernes. Ce système fut responsable d'importants déséquilibres entre l'offre et la demande sur le marché européen, mais aussi de distorsions de concurrence sur le marché international (Henry de Frahan et *al.*, 2004).

La PAC a ainsi favorisé l'intensification qui a contribué à un accroissement significatif des productivités et par conséquent des revenus des fermiers (Raymond, 1984 ; cité par Donald et *al.*, 2002). Cependant, bien que cette politique ait contribué de façon indirecte à accroître et à stabiliser les revenus des producteurs agricoles, les subventions allouées à la production ont profité davantage aux producteurs qui opèrent dans des zones à fort potentiel de production et qui utilisent les technologies les plus intensives : environ 20% des producteurs reçoivent près de 80% des fonds de la PAC (Donald et *al.*, 2002). La politique du couplage des subsides à la production n'a pas réussi à réduire la vulnérabilité économique de la majorité des producteurs agricoles de l'Union.

En 2002 la PAC a absorbé, à elle seule, plus de 45% du budget communautaire, soit 44.505,1 millions d'euros (Loyat et Petit, 2002). Ceci équivaut à une moyenne de 280 euros par hectare. Toutefois en raison du couplage, de grandes disparités sont observées entre les pays et entre les régions : à titre d'exemple, l'agriculture intensive aux Pays Bas bénéficie en moyenne d'environ 700 euros par hectare, alors que les montants alloués aux systèmes de production extensifs en Espagne et au Portugal ne dépassent guère 175 euros par ha. Aussi, les montants octroyés pour les produits végétaux sont plus élevés (en moyenne 295 euros par ha) que ceux accordés aux produits animaux (187 euros par ha), mais les subsides varient considérablement en fonction des types de végétaux et d'animaux (Donald et *al.*, 2002).

Selon Signal (1998), la politique de soutien a produit trois effets spécifiques : 1) elle a encouragé directement l'intensification ; 2) elle a récompensé les producteurs intensifs ; et 2) elle a rendu le processus d'extensification plus coûteux. La PAC a ainsi indirectement empêché le maintien et le développement de systèmes de production semi-intensifs caractérisés par un niveau de biodiversité élevé. Elle a également encouragé l'abandon d'activités agricoles dans des régions où la contribution économique de

l'agriculture est faible notamment en zones marginales et plus particulièrement les zones de montagne (Macdonald et *al.*, 2000). Au cours des années 1980, les revenus agricoles restaient en moyenne inférieurs aux revenus des autres secteurs, avec de très grande disparité entre les régions et entre les systèmes de production.

II.1.2 Réforme 1992

Les incidences, largement négatives, de la PAC sur l'environnement et les ressources naturelles ont suscité des critiques de la part de l'opinion publique dans les années soixante-dix et quatre vingt (Delbaere et *al.*, 2002). La nécessité d'une réforme de la PAC s'imposait à la fin des années 1980 sous deux contraintes supplémentaires (Loyat et Petit, 2002) : une contrainte interne car les mesures prises jusqu'alors étaient insuffisantes pour résorber l'accroissement des stocks et réduire les dépenses publiques et une contrainte externe exprimée à travers les négociations du GATT⁴⁰.

Ces contraintes ont été à l'origine de la réforme *MacSharry* de la PAC en 1992. Cette réforme avait principalement pour but de redresser le déséquilibre des marchés provoqués par les excédents agricoles et d'accroître la compétitivité des principaux secteurs des cultures arables et d'élevage par le contrôle de la production et l'abaissement des prix moyennant un système d'aides découplées qui restait toutefois partiel (Henry de Frahan et *al.*, 2004). Elle a consisté à baisser progressivement les prix agricoles garantis principalement ceux des céréales et de la viande bovine, et de compenser les agriculteurs de cette baisse par des paiements directs. Ces paiements étaient distribués aux agriculteurs en fonction de leurs superficies effectivement cultivées et de leurs effectifs en bétail effectivement détenus.

La réforme *MacSharry* incluait pour la première fois des conditions en matière d'environnement devant s'appliquer aux politiques agricoles⁴¹. Ces conditions ont été regroupées dans des mesures d'accompagnement. Les mesures agro-environnementales⁴² contenues dans le règlement (CE) n°2078/1992 ont constitué un tournant décisif dans la PAC. En 1998, les surfaces concernées par des mesures agro-environnementales atteignaient environ 28 millions d'hectares correspondant à 1,79 millions d'accords, c'est à dire plus de 20% des terres agricoles de l'Union (Baldock et Bennett, 2002). Bien que leurs résultats avaient été plus modestes, les réformes de 1992 ont permis la mise en

⁴⁰ *General Agreement on Tariffs and Trade.*

⁴¹ Pour la première fois, les gouvernements nationaux étaient autorisés à subordonner l'attribution des primes concernant les cheptels bovin et ovin au respect de certaines conditions en matière de protection de l'environnement.

⁴² Il s'agit de mécanismes visant à inciter les agriculteurs à adopter des modes de gestion respectueux de l'environnement, soit en maintenant certaines pratiques existantes, soit en introduisant de nouvelles méthodes.

place d'un modèle d'intervention pour des politiques agricoles plus favorables du point de vue de l'environnement et des ressources naturelles.

II.1.3 Conditionnalité environnementale et Agenda 2000

Entre 1997 et 1999, l'Union s'est engagée dans un nouveau processus de réforme. Cette seconde réforme est intervenue à l'occasion des discussions autour de l'Agenda 2000 visant à déterminer le budget global de l'UE-15 pour la période 2000-2006. Les mesures clés de cette réforme se situaient dans le prolongement de la réforme *MacSharry*, le lien étant maintenu entre baisse des prix et prolongement des indemnités compensatoires directes. Grâce à des prix agricoles européens plus proches de ceux du marché mondial, cette réforme a permis de stimuler la consommation européenne de ses propres produits et de réduire les excédents agricoles et les subventions à l'exportation (Henry de Frahan et *al.*, 2004).

Le développement rural (y compris les mesures agro-environnementales) s'est vu reconnaître le statut de « deuxième pilier » de la PAC, un grand nombre de mesures antérieures étant regroupées dans un nouveau règlement (CE) n°1257/1999 qui a concerné le soutien au développement rural. Ces changements sont intervenus en l'absence d'une augmentation significative des fonds disponibles pour le deuxième pilier qui représentent environ 10% du budget de la PAC (Baldock et Bennet, 2002).

Cette évolution a permis, entre autres, le passage des régimes d'aides à la production à des subventions locales directes et une augmentation des mesures de soutien en faveur des producteurs biologiques. Lors de l'Agenda 2000, l'UE-15 a reconnu la multifonctionnalité de l'agriculture en s'appuyant sur trois instruments : les programmes de développement ruraux⁴³ (PDRs), la modulation⁴⁴ des aides directes et l'éco-conditionnalité⁴⁵. Les mesures de conditionnalité environnementale (*cross-compliance*) prévues à l'article 3 du Règlement (CE) n°1259/1999, ainsi que dans le Règlement (CE) n° 1257/1999, qui subordonnent le versement des aides à l'agriculture à certaines conditions en matière d'environnement et de préservation des ressources naturelles, constituent également des résultats importants de cette réforme. Ce dernier règlement,

⁴³ Deuxième pilier de la PAC, le développement rural vise à mettre en place un cadre cohérent et durable garantissant l'avenir des zones rurales européennes. Cette politique est destinée à compléter les réformes introduites dans les divers secteurs du marché en favorisant une agriculture à la fois compétitive et multifonctionnelle. Il contient un ensemble de politiques portant de manière générale sur le développement rural, l'agroenvironnement, la sylviculture et divers autres objectifs de nature plus structurelle et moins liés à la production.

⁴⁴ Cet instrument fournit un moyen d'assurer le transfert des crédits de la PAC des aides directes aux agriculteurs et des mesures de marché « premier pilier » vers les mesures de développement rural « second pilier ».

⁴⁵ L'éco-conditionnalité et la modulation sont deux nouveaux principes introduisant, d'une part, une responsabilisation accrue des agriculteurs vis-à-vis de leurs modes de production et, d'autre part, une légère discrimination positive en faveur des petites exploitations.

tout en adoptant une approche semblable à celle du règlement précédent (2078/92), accorde une plus grande flexibilité aux Etats membres en mettant l'accent d'abord sur l'intégration des différentes mesures de développement rural et moins sur l'indemnisation des agriculteurs en relation avec la diminution des aides conventionnelles. Au total, 22 mesures ont été retenues dans le cadre des programmes de développement ruraux. Les quatre mesures dites d'accompagnement dont celle portant sur l'agro-environnement sont financées par le FEOGA- Garantie.

En juin 2003, l'UE-15 a décidé de réformer une nouvelle fois le mode de soutien du secteur agricole. A partir de 2005, le soutien est en grande partie réalisé à l'aide d'un seul paiement unique⁴⁶ qui est distribué aux agriculteurs en fonction uniquement de leur superficie agricole indépendamment du type de culture ou d'élevage pratiqué (Henry de Frahan et *al.*, 2004). Ces nouveaux paiements uniques par exploitation sont subordonnés au respect de normes en matière d'environnement, de sécurité alimentaire et de bien-être des animaux.

Il s'agit de la mise en œuvre d'un découplage beaucoup plus complet du soutien agricole qui devient indépendant du choix et du volume de production. Par rapport à ce principe général, les Etats membres ont toutefois la possibilité d'opter pour des modes moins complets de découplage en fonction de leur situation particulière. En matière de conservation des RGAs, l'initiative la plus importante a été l'adoption de programme de conservation des races menacées d'extinction moyennant un mécanisme d'incitation des fermiers. Les actions visant le programme de conservation des RGAs font partie des mesures agro-environnementales et s'étalent sur la période 2000-2006. Toutefois, d'autres programmes ont été entrepris depuis 1992. La partie suivante présente les principales mesures visant la préservation des ressources génétiques animales à travers une synthèse de la réglementation européenne.

II.2 Les RGAs dans la législation de l'Union

Au niveau de l'UE-15, les fermiers ont été incités à élever des races locales menacées d'abandon à travers une série progressive de mesures politiques. Celles-ci ont été initiées en vue de contribuer aux objectifs de la PAC et à la sauvegarde de la biodiversité, en conformité avec la convention sur la diversité biologique, ratifiée par la Communauté en 1993. En effet, le droit européen a commencé à assurer cette reconnaissance par des dispositifs qui, outre les instruments réglementaires, prévoient

⁴⁶ Ce paiement unique est calculé sur la base d'une moyenne des paiements compensatoires perçus et des surfaces déclarées au cours de la période de référence 2000-02 (Henry de Frahan et *al.*, 2004).

aussi des mécanismes de compensation. Le tableau 2.1 résume les règlements qui traitent de la conservation des races des animaux d'élevage.

II.2.1 Règlements 2078/92 et 1467/94

La conservation de la diversité génétique agricole fait partie des mesures agro-environnementales qui ont pour objectif de maintenir ou d'introduire des pratiques agricoles respectueuses de l'environnement. Elles ont été mises en place à partir de 1991, mais elles n'ont véritablement débuté qu'avec le règlement européen n° 2078/92 suite à la réforme *MacSharry* de la PAC. Ce dernier concernait les méthodes de production agricole compatibles avec les exigences de la protection de l'environnement.

Le règlement 2078/92 constitue le premier règlement dans lequel le législateur européen prend compte de l'intérêt de soutenir les éleveurs pour la conservation des races des animaux d'élevage menacées d'abandon. En effet, l'intérêt porté à ces ressources est explicitement évoqué dans l'article 2 correspondant au régime d'aide. Cet article préconise l'utilisation d'autres pratiques de production compatibles avec l'exigence de l'environnement, les ressources naturelles ainsi que du maintien de l'espace naturel et du paysage ou l'élevage des animaux de races locales menacées de disparition.

Suite à ce règlement, un programme de conservation a été initié à l'échelle de l'Union. C'est ainsi que 253 races réparties dans différents pays ont pu bénéficier de soutien estimé à plus de 100 ECU (*European Currency Unit*) par unité de gros bétail (Simon, 1999). Le règlement 2078/92 a été suivi par le règlement 1467/94 visant à promouvoir la conservation, la caractérisation, la collecte et l'utilisation des ressources génétiques en agriculture. Celui-ci préconise de coordonner les actions entreprises dans les Etats membres, de les compléter et de les développer. Le principe de la subsidiarité est appliqué pour chacune d'elles. Pour ce qui est du volet financier, le règlement stipule que les projets de conservation, de collecte et d'utilisation des ressources génétiques en agriculture doivent faire l'objet de contrats à frais partagés. Une participation financière de la communauté ne dépassant pas 50% du coût total des projets est octroyée pour la réalisation de ceux-ci.

Tableau 2.1 Règlements traitant de la conservation des ressources génétiques animales à l'échelle de l'Union Européenne

Législation	Référence JO	Objet	Observations
Règlement* (CEE) n° 2078/92 du Conseil	JO n° L 215 du 30/07/1992	Concernant des méthodes de production agricole compatibles avec les exigences de la protection de l'environnement ainsi que l'entretien de l'espace naturel	L'article 2(d) relatif au régime d'aides intègre l'élevage des animaux de races locales menacées de disparition.
Règlement (CE) n° 1467/94 du Conseil	JO n° L 159 du 28/06/1994	Concernant la conservation, la caractérisation, la collecte et l'utilisation des ressources génétiques en agriculture	21 projets ont été lancés dont 4 portaient sur les RGAs
Règlement (CE) n° 1257/1999 du Conseil	JO n° L 160 du 26/06/1999	Concernant le soutien au développement rural par le Fonds européen d'orientation et de garantie agricole (FEOGA) et modifiant et abrogeant certains règlements	L'article 22 stipule que le soutien est destiné à encourager, entre autres, la protection de la diversité génétique
Règlement (CE) n° 1258/1999 du Conseil	JO n° L 160 du 26/06/1999	Financement de la politique agricole commune	-
Règlement (CE) n° 1750/1999 de la Commission	JO n° L 214 du 13/08/1999	Portant modalités d'application du règlement (CE) n° 1257/1999 du Conseil concernant le soutien au développement rural par le Fonds européen d'orientation et de garantie agricole (FEOGA)	L'article 13 (section agro-environnement) précise que le soutien peut concerner les races menacées de disparition
Règlement (CE) n° 672/2001 de la Commission	JO n° L 093 du 03/04/2001	Modifiant le règlement (CE) n° 1750/1999 portant modalités d'application du règlement (CE) n° 1257/1999 du Conseil concernant le soutien au développement rural par le Fonds européen d'orientation et de garantie agricole (FEOGA)	Intégration du soutien des races dans les programmes de développement ruraux
Règlement (CE) n° 445/2002 de la Commission	JO n° L 074 du 15/03/2002	Portant modalités d'application du règlement (CE) n° 1257/1999 du Conseil concernant le soutien au développement rural par le Fonds européen d'orientation et de garantie agricole (FEOGA)	Ce Règlement définit les règles pour l'application du règlement 1257/99. L'article 14 reprend les critères d'éligibilité.

Au titre de ce règlement, un programme quinquennal, s'étalant entre 1994 et 1999, a été lancé. Ce dernier s'est focalisé sur la conservation *ex situ* des ressources génétiques disponibles dans les banques de gènes. Au total 21 projets ont été retenus. Ces derniers comportent 16 projets sur les plantes, quatre projets sur les animaux et un projet sur les ressources forestières. Dans leur majorité, ces projets ont porté essentiellement sur la caractérisation (évaluation) des ressources génétiques disponibles *ex situ*, leur conservation adéquate et leur utilisation. Parmi les participants figurent des banques de gènes, des instituts scientifiques, des utilisateurs et certaines ONGs. Les quatre projets relatifs aux animaux se sont concentrés sur le développement des bases de données FEZ/FAO et sur la caractérisation des races. Ces projets ont porté sur les porcs, bovins et lapins.

Les projets relatifs aux porcs et aux lapins misent en outre sur la conservation par le procédé de la cryoconservation. Le développement des bases de données vise à intégrer les bases de données de la FEZ pour les porcs et les bovins et à introduire les lapins dans la base de données de la FAO. La caractérisation des races vise à déterminer les races de porcs et de bovins d'importance secondaire qu'il faudrait sélectionner à des fins de conservation et d'utilisation. Les efforts de conservation sont concentrés sur l'amélioration et la promotion des techniques de cryoconservation et sur leur utilisation pour les porcs et les lapins. Les aspects relatifs à l'utilisation ne sont abordés que de manière indirecte.

Ce programme disposait d'une enveloppe budgétaire de 20 millions € pour une durée de cinq ans (Mitteau, 2004). La part du budget alloué initialement aux ressources génétiques animales est de 22%, soit le tiers de celle attribuée aux ressources génétiques végétales. En février 2000, des experts indépendants ont établi un rapport d'évaluation sur la mise en œuvre du programme, comme prévu dans le règlement (CE) n° 1467/94. Les principales conclusions portent sur la poursuite et le renforcement de l'action tout en veillant à assurer un équilibre entre projets concernant les végétaux et projets concernant les animaux, d'une part, et l'intégration de la notion de conservation *in situ* (dans l'exploitation) pour tenir compte des engagements internationaux ainsi que des caractéristiques des écorégions, d'autre part. Cette évaluation préconisait un nouveau programme de cinq ans.

II.2.2 Règlement 1257/99, 1258/1999, 1750/1999 et 445/2002

L'évaluation des actions entreprises suite à l'application du règlement 1467/94 a suggéré qu'en plus de leur contribution à la biodiversité agricole, les races traditionnelles des animaux d'élevage génèrent d'autres bénéfices aux systèmes de production agricoles (Yarwood et Evans, 2003). Les bénéfices énumérés portent sur : a) dotation de caractéristiques de résistance, d'adaptabilité et/ou de robustesse ; b) contribution aux aménités paysagères ; c) adéquation aux systèmes de production extensifs et/ou biologique ; et d) développement potentiel de nouveaux produits de qualité orienté essentiellement vers des niches de marché à forte valeur ajoutée.

Outre ces bénéfices, le rapport d'évaluation a souligné qu'un soutien aux races traditionnelles pourrait inciter les fermiers à ne pas abandonner les activités agricoles surtout dans les zones marginales. Parallèlement, des démarches ont été adoptées, au niveau politique, en vue d'intégrer la protection de l'environnement et de la diversité génétique dans le cadre du soutien au développement rural (2^{ème} pilier de la PAC). Cette réforme favorisera une agriculture plus compétitive mais également plus respectueuse de l'environnement. Elle constitue une nouvelle étape dans la politique de soutien aux agriculteurs plutôt que d'aide aux produits visant non seulement à rémunérer la production des agriculteurs mais également leur contribution supplémentaire en faveur de la société.

L'intérêt porté au soutien de la diversité génétique a été confirmé dans l'article 22 du règlement 1257/1999, concernant le soutien au développement rural, qui a remplacé le règlement 2078/92. Cet article précise que le soutien est accordé aux méthodes de production agricoles conçues pour protéger l'environnement et préserver l'espace naturel (agroenvironnement) afin de contribuer à la réalisation des objectifs communautaires en matière d'agriculture et d'environnement. Conformément aux directives fixées dans le règlement 1257/1999, l'article 13 du règlement 1750/1999 de la Commission a arrêté les conditions de soutien aux races des animaux d'élevage.

Le règlement 445/2002 de la Commission a décrit les modalités d'application du règlement (CE) n° 1257/1999 du Conseil concernant le soutien au développement rural par le FEOGA. Son adoption en février 2002 signifie que les Etats membres peuvent intégrer la composante conservation *in situ* dans les PDRs moyennant le soutien des éleveurs qui souscrivent des contrats de sauvegarde des races menacées d'extinction. Le diagnostic de 69 PDRs a permis de recenser 310 races, réparties dans 12 Etats membres,

qui bénéficient actuellement de mesures de soutien (Signorello et Pappalardo, 2003). Une présentation de ce programme fera l'objet de la section III.

II.2.3 Critères d'éligibilité

Cette section présente les critères d'éligibilité des RGAs aux programmes de conservation initiés à l'échelle de l'Union dans le cadre des PDRs. Ainsi, deux systèmes ont été conçus : le premier fait référence au règlement 2078/92 et le second au nouveau règlement 445/2002. Dans le premier système, les seuils de viabilité des populations ont été définis en fonction des espèces et des tendances des effectifs des animaux reproducteurs observées au cours des cinq dernières années de leur évolution (tableau 2.2). Ce système concernait les races autochtones inscrites dans des registres reconnus par l'Etat membre (Simon et Buchenauer, 1993).

Ces critères ont sensiblement changé suite à l'adoption du règlement 445/2002. En effet, l'article 14 de ce règlement stipule que le soutien peut concerner les engagements suivants : 1) élever des animaux domestiques de races **locales originaires de la zone concernée et menacées d'abandon** ; et 2) les races locales doivent jouer un **rôle dans le maintien de l'environnement** sur les surfaces auxquelles s'applique la mesure prévue. Les espèces des animaux domestiques éligibles ainsi que les critères déterminant le seuil d'abandon des races locales sont reportés sur la dernière colonne du tableau 2.2.

Tableau 2.2 Seuils de viabilité des effectifs des animaux d'élevage (femelles reproductrices) adoptés par l'UE-15 dans les règlements 2078/92 et 445/2002

Espèces éligibles	Règlement 2078/92			Règlement 445/2002
	Tendance décroissante	Tendance stable	Tendance croissante	
Bovins	7500	5000	4000	7500
Ovins	9000	7500	6000	10000
Caprins	9000	7500	6000	10000
Equidés	-	-	-	5000
Porcins	-	-	-	15000
Avicoles	-	-	-	25000

Nombre calculé dans l'ensemble des Etats membres de l'UE-15 européenne, de femelles reproductrices d'une même race se reproduisant en race pure, inscrites dans un registre reconnu par l'Etat membre (livre généalogique ou livre zootechnique).

D'autres conditions d'éligibilité requises sont reprises dans l'annexe III de ce règlement. Celles-ci concernent l'établissement d'une liste de races locales menacées d'abandon par pays et une indication du nombre de femelles reproductrices pour les

zones concernées. Ce nombre doit être **certifié par un organisme technique, ou une organisation/association des éleveurs, dûment reconnu**, qui doit enregistrer et tenir à jour le **livre généalogique ou livre zootechnique** de la race. L'organisme concerné doit posséder les capacités et le savoir-faire nécessaires pour identifier les animaux des races en cause.

La comparaison des deux systèmes permet de soulever trois constats : 1) à la différence de l'ancien, le nouveau système ne prend pas en compte le critère tendance des effectifs dans la détermination des seuils de viabilité ; 2) le nouveau système intègre le rôle environnemental ; et 3) les seuils de viabilité définis sont assez élevés dans le nouveau système. En outre, les espèces éligibles sont passées de trois à six. D'autres systèmes⁴⁷ ont été également conçus, notamment le système FAO et le système FEZ.

En termes d'effectifs seuils, en dessous desquels une race locale est considérée en danger d'extinction, ils sont très élevés dans le système UE-15 en comparaison avec les autres systèmes (FAO et FEZ). Pour le cas des ovins et caprins, le seuil défini par l'Union est 6 à 8 fois plus élevé que ceux de la FEZ et de la FAO. Par conséquent de nombreuses races acquièrent le statut d'éligibilité aux programmes de conservation, alors qu'elles ne sont pas considérées à risque d'extinction ni par la FEZ ni par la FAO. Aucune explication n'a été fournie pour justifier ces niveaux élevés.

Une autre remarque se rapporte au fait que le soutien de l'UE-15 aux races menacées d'extinction requiert une contribution de ces races au maintien des conditions environnementales locales. Cette intégration du rôle environnementale constitue une reconnaissance explicite, de la part des politiques, de la multifonctionnalité des animaux d'élevage. Par ailleurs, les liens entre l'élevage des animaux domestiques et l'environnement n'ont pas été mis en évidence par des recherches scientifiques (Gibson, 1996). Cet aspect n'a fait l'objet que de certains diagnostics préliminaires.

En effet, une étude pilote, conduite par Small et *al.* (1999), a mis l'accent sur la complexité du rôle environnemental que pourrait assurer les animaux d'élevage. Ce travail a porté sur les implications environnementales émanant du système de pâturage des races au Royaume Uni. Les auteurs de ce travail ont procédé par enquête et par observation en vue de caractériser les aménités environnementales que génère le pâturage des races sur certains sites⁴⁸. Bien que cette recherche soit de nature

⁴⁷ Une présentation plus détaillée, des systèmes FAO et FEZ, est fournie au cinquième chapitre.

⁴⁸ Globalement, les aménités environnementales se rapportent aux effets du pâturage sur la faune et la flore des sites considérés que les enquêtés ont pu relever lors de cette investigation. Les réponses reflètent les opinions des enquêtés. Ces derniers ont été invités à rapporter leurs jugements, en fonction des aménités retenues, sur une échelle d'appréciation qualitative (très pauvre, pauvre, moyenne, bonne et très bonne).

prospective, néanmoins certaines tendances ont pu être dégagées et demandent à être confirmées par des expérimentations plus approfondies.

En effet, les races ovines considérées semblent contribuer plus au développement, au maintien et à l'amélioration de la structure de végétation des sites. Toutefois, pour d'autres aménités environnementales, notamment le contrôle des mauvaises herbes, les effets restent contrastés. Dans le même sens, Rook *et al.* (2004) ont traité des effets du pâturage des animaux domestiques sur la biodiversité des parcours. Les principales conclusions dégagées de ce travail sont les suivantes :

1. la création et l'entretien de l'hétérogénéité structurale de la végétation, en particulier en raison des choix diététiques, constituent les principaux mécanismes par lesquels les animaux domestiques affectent la biodiversité des parcours ;
2. l'impact des animaux domestiques sur les plantes des parcours dépend de l'anatomie dentaire, de l'anatomie digestive et de la taille des animaux ;
3. les différences entre les races d'une même espèce paraissent mineures et leur impact semble dépendre de la taille des animaux.

A travers les résultats de ces travaux, il paraît évident que de nombreux facteurs interagissent dans la détermination des implications environnementales émanant du pâturage des animaux domestiques. Ces facteurs portent sur les disponibilités alimentaires des parcours, la période de pâturage, les espèces, la taille, le sexe et l'âge des animaux. Les enseignements relatifs au rôle environnemental appliqué aux programmes de conservation des RGAs que l'on peut tirer à travers les travaux cités ci-dessus soulignent la nécessité de recherches détaillées ainsi que de la nécessité d'une meilleure définition par les politiques des qualités environnementales désirées.

III. Etat actuel de la conservation *in situ* dans l'UE-15

Cette section porte sur un diagnostic de l'état actuel de conservation *in situ* des RGAs dans les pays de l'UE-15 suite à l'application des règlements 1257/99, 1750/99 et 445/2002. Ce diagnostic vise à mettre l'accent sur les efforts entrepris par les Etats membres en matière de conservation de ces ressources. A cette fin, deux bases de données ont été mobilisées. La première a été construite à partir de la base de la FAO (DAD-IS, 2004) et fournit des indications sur les RGAs présentes dans chacun des pays de l'UE-15. La seconde concerne les PDRs et a été utilisée pour identifier les races qui bénéficient de programme de conservation. Celle-ci s'est basée sur les investigations

menées par Signorello et Pappalardo (2003) qui ont examinés 69 PDRs adoptés à l'échelle de l'Union.

Au niveau de l'UE-15, le nombre total des races enregistrées dans la base de la FAO, des six espèces de mammifères (asine, bovine, caprine, équine, ovine et porcine), s'élève à 1589⁴⁹ dont 317 sont éteintes, soit près de 20% (tableau 2.3). Selon les pays, le taux d'extinction varie entre 2% (Grèce) et 44% (Autriche). Parmi les races restantes (1272), 107 sont classées dans la catégorie inconnue, 563 en situation normale et 602, soit 44%, sont considérées à risque d'extinction selon les critères de la FAO. Celles-ci sont réparties comme suit : critique⁵⁰ (161), en danger⁵¹ (280), maintenue-critique⁵² (37) et en danger-maintenue (124).

En termes absolus de nombre de races à risque, l'Allemagne occupe la première place (152) suivie de la France (82) et de l'Italie (77). En termes relatifs (proportions de races à risque), plus de la moitié des RGAs dont disposent l'Allemagne, l'Autriche, la Finlande et l'Espagne sont à risque d'extinction. Pour les autres pays, moins d'une race sur deux est considérée comme menacée de disparition. Globalement, les pays les mieux dotés en ressources génétiques sont ceux qui présentent les proportions les plus élevées de races à risque. Le coefficient de corrélation entre l'effectif de races par pays et le nombre de races à risque est de 0,93. En effet, sur les quinze pays de l'Union, cinq (Allemagne, Espagne, France, Italie et Royaume Uni) contribuent à hauteur de près de 71% de la diversité génétique. Toutefois, à eux seuls, ces cinq pays totalisent plus de 73% des races menacées.

La comparaison des deux bases de données (FAO et PDR) montre qu'au niveau des pays de l'UE-15, le nombre de races introduites dans le cadre des programmes de développement ruraux est inférieur au nombre de races à risque. Au total, 310 parmi 602 races à risque mentionnées dans la base FAO, soit près de 51%, bénéficient de programmes de conservation *in situ*. Les données collectées ont permis de recenser 797 races (63%) dont les effectifs sont inférieurs aux seuils fixés par le règlement 445/2002. Ces races sont, *à priori*, considérées comme éligibles aux PDRs. Un indicateur, taux de

⁴⁹ Il est à souligner que certaines races se retrouvent dans plusieurs pays et de ce fait elles sont comptabilisées plusieurs fois.

⁵⁰ Cette classe correspond aux races qui présentent les caractéristiques suivantes : le nombre de femelles reproductrices est inférieur à 100 ou le nombre total de mâles reproducteurs est inférieur ou égal à 5 ; ou la taille totale de la population est légèrement supérieure à 100 et décroissante, et le pourcentage de femelles accouplées en race pure est inférieur à 80%.

⁵¹ Une race est classée en danger si : le nombre total de femelles reproductrices est compris entre 100 et 1000 ou si le nombre total de mâles est inférieur ou égal à 20 mais supérieur à 5 ; ou la taille totale de la population est légèrement inférieure à 100 et croissante, et le pourcentage de femelles accouplées en race pure est supérieur à 80% ; ou la taille totale de la population est légèrement supérieure à 1000 et décroissante et le pourcentage de femelles accouplées en race pure est inférieur à 80%.

⁵² Les races peuvent être classées critique-maintenue ou en danger-maintenue. Ces catégories identifient des populations critiques ou en danger pour lesquelles des programmes de conservation actifs sont en place, ou encore ces populations sont maintenues par des compagnies commerciales ou des instituts de recherche.

couverture, a été construit pour capter le niveau de conservation *in situ* des RGAs. Ce dernier exprime la proportion des races introduites dans les PDRs par rapport aux races dont les effectifs sont inférieurs aux seuils fixés par le règlement 445/2002. En moyenne, ce taux n'est que de 39 %, mais il présente une variabilité élevée selon les pays et selon les espèces.

III.1 Couverture par pays

Trois pays, le Danemark, les Pays Bas et le Royaume Uni n'ont pas intégré des mesures de protection des animaux d'élevage dans leurs PDRs. Les taux de couverture les plus élevés sont observés en Autriche (97%), en Espagne (85%), en Belgique (72%), en Italie (69%) et en Grèce (65%). La France et la Finlande occupent une position intermédiaire avec des taux respectifs de 50% et 40%.

Pour les autres pays, Allemagne, Irlande, Luxembourg, Portugal et Suède, la couverture est inférieure à la moyenne de l'UE-15. Cependant, en termes absolus, c'est l'Italie suivie de la France, de l'Allemagne et de l'Espagne qui ont introduit le plus de races éligibles dans leurs PDRs. Ces quatre pays représentent 55% de races éligibles et participent à hauteur de 72% du total des races bénéficiant de programmes de conservation.

La comparaison entre les effectifs des races disparues et les effectifs des races incluses dans les PDRs laisse supposer que les pays qui enregistrent le plus de races disparues ont intégré le plus de races dans les programmes de conservation. En effet, l'Autriche enregistre la proportion la plus élevée de races disparues (44%) et occupe la première place pour ce qui est des efforts de conservation, 29 races parmi 30 ont été intégrées dans le PDR de ce pays. La France et l'Italie confortent cette tendance. Le cas de l'Allemagne illustre la tendance inverse, aucune race n'est enregistrée comme disparue ; le taux de couverture n'est que de 28%, soit un taux nettement inférieur à la moyenne de l'UE-15.

Tableau 2.3 Etat actuelle et conservation *in situ* des races dans les pays de l'UE-15

Pays	Total	Disparue		A risque		Eligible ^a		PDR		Echantillon ^b			
		N	%	N	%	N	%	N	%	Eligible		PDR	
										N	%	N	%
Allemagne	225	-	-	152	67,6	164	72,9	46	28,1	163	99,4	46	100,0
Autriche	54	24	44,4	20	66,7	30	100,0	29	96,7	21	70,0	20	69,0
Belgique	49	5	10,2	17	38,6	18	40,9	13	72,2	18	100,0	12	92,3
Danemark	66	4	6,1	30	48,4	45	72,6	-	-	-	-	-	-
Espagne	140	25	17,9	63	54,8	53	46,1	45	84,9	37	69,8	30	66,7
Finlande	22	-	-	13	59,1	15	68,2	6	40,0	15	100,0	5	83,3
France	282	100	35,5	82	45,1	109	59,9	54	49,5	104	95,4	48	88,9
Grèce	62	1	1,6	11	18,0	31	50,8	20	64,5	17	54,8	14	70,0
Irlande	45	5	11,1	20	50,0	24	60,0	3	12,5	22	91,7	3	100,0
Italie	227	72	31,7	77	49,7	111	71,6	77	69,4	103	92,8	73	94,8
Luxembourg	9	-	-	4	44,4	9	100,0	1	11,1	4	44,4	1	100,0
Pays Bas	29	1	3,5	10	35,7	18	64,3	-	-	-	-	-	-
Portugal	31	3	9,7	3	10,7	15	53,6	4	26,7	10	66,7	2	50,0
Royaume Uni	278	72	25,9	68	33,0	117	56,8	-	-	-	-	-	-
Suède	70	5	7,1	32	49,2	38	58,5	12	31,6	34	89,5	11	91,7
Total UE-15	1589	317	19,9	602	47,3	797	62,7	310	38,9	548	68,8	265	85,5

^a : Représente l'effectif des races dont les tailles de populations sont en dessous des seuils fixés par le règlement 445/2002.

^b : Les quatre dernières colonnes de ce tableau donne des indications sur l'échantillon des races retenues pour l'analyse des déterminants des choix de conservation. N : Nombre.

Source : FAO (DAD-IS, 2004) et PDRs (Signorello et *al.*, 2003)

III.2 Couverture par espèce

Sur le tableau 2.4 sont reportés les taux de couverture par pays et par espèce. En termes absolus, l'espèce ovine, avec 100 races retenues, occupe la première position suivie de l'espèce bovine (93), équine (60), caprine (29), porcine (17) et asine (11). Toutefois, en termes relatifs, le classement est le suivant : l'espèce asine (92%) ; bovine (47%) ; ovine (43%) ; caprine (43%) ; équine (29%) et porcine (21%).

Pour l'espèce bovine, onze pays ont introduit des races de cette espèce dont deux uniquement (Belgique et Finlande) ont couvert la totalité des races menacées d'extinction. Au niveau de cinq pays (Autriche, Espagne, Italie, Portugal et Suède), le taux de couverture dépasse en moyenne 6 races sur 10. Quant aux ovins, des efforts de préservation sont entrepris surtout en Autriche, en Belgique, en Finlande et en Espagne. Au Portugal, alors que six races ovines sont éligibles, aucune race n'a bénéficié de mesure de conservation *in situ*.

En ce qui concerne l'espèce caprine, la couverture est totale en Autriche, en Espagne, en Finlande, en Grèce et en Suède. En Allemagne et au Portugal, cette espèce semble être moins protégée. Neuf pays uniquement ont intégré l'espèce équine dans leurs PDRs. La Belgique, le Portugal, et la Suède, quoique disposant de races éligibles, n'ont pas intégré cette espèce dans les mesures de protection. Pour ce qui est de l'espèce porcine, le programme de conservation n'a concerné que six pays. Certains pays, tels que la France et le Danemark, n'ont pas introduit cette espèce dans leur schéma de protection malgré le nombre assez élevé de races éligibles.

III.3 Budget et subsides alloués à la conservation

III.3.1 Budget de conservation

Comme il a été souligné auparavant, les programmes de conservation *in situ* des races des animaux d'élevage font partie des mesures agro-environnementales (MAE) contenues dans le règlement 1257/1999. Ces mesures apportent une aide aux agriculteurs qui s'engagent à fournir, sur une base contractuelle, des prestations environnementales allant au-delà des bonnes pratiques agricoles minimales. Actuellement, plus de 20% de la superficie agricole utilisée de l'UE-15 fait l'objet de contrats agro-environnementaux.

Tableau 2.4 Conservation *in situ* des races dans le cadre des PDRs par pays et par espèces

Pays	Asine			Bovine			Caprine			Equine		
	Elg.	PDR	TC	Elg.	PDR	TC	Elg.	PDR	TC	Elg.	PDR	TC
Allemagne	-	-	-	36	12	33,3	13	3	23,1	73	13	17,8
Autriche	-	-	-	9	8	88,9	4	4	100,0	6	6	100,0
Belgique	-	-	-	1	1	100,0	4	3	75,0	3	-	-
Danemark	-	-	-	11	-	-	4	-	-	15	-	-
Espagne	5	5	100,0	24	23	95,8	1	1	100,0	5	5	100,0
Finlande	-	-	-	3	3	100,0	1	1	100,0	10	0	0,0
France	1	-	-	28	16	57,1	4	3	75,0	26	14	53,8
Grèce	-	-	-	4	2	50,0	1	1	100,0	6	5	83,3
Irlande	-	-	-	7	2	28,6	1	-	-	6	1	16,7
Italie	6	6	100,0	20	18	90,0	25	11	44,0	17	14	82,4
Luxembourg	-	-	-	4	-	-	-	-	-	3	1	33,3
Pays Bas	-	-	-	4	-	-	2	-	-	4	-	-
Portugal	-	-	-	3	2	66,7	2	-	-	2	1	50,0
Royaume Uni	-	-	-	34	-	-	4	-	-	17	-	-
Suède	-	-	-	9	6	66,7	2	2	100,0	14	-	-
Total UE-15	12	11	91,6	197	93	47,2	68	29	42,6	207	60	29,0

Tableau 2.4 Conservation *in situ* des races dans le cadre des PDRs par pays et par espèces (suite)

Pays	Ovine			Porcine			Total		
	Elg.	PDR	TC	Elg.	PDR	TC	Elg.	PDR	TC
Allemagne	31	13	41,9	11	5	45,5	164	46	28,1
Autriche	9	9	100,0	2	2	100,0	30	29	96,7
Belgique	10	9	90,0	-	-	-	18	13	72,2
Danemark	11	-	-	4	-	-	45	-	-
Espagne	8	7	87,5	10	4	40,0	53	45	84,9
Finlande	1	2	200,0	-	-	-	15	6	40,0
France	27	21	77,8	23	-	-	109	54	49,5
Grèce	19	12	63,2	1	-	-	31	20	64,5
Irlande	8	0	0,0	2	-	-	24	3	12,5
Italie	34	24	70,6	9	4	44,4	111	77	69,4
Luxembourg	1	-	-	1	-	-	9	1	11,1
Pays Bas	8	-	-	-	-	-	18	-	-
Portugal	6	-	-	2	1	50,0	15	4	26,7
Royaume Uni	49	-	-	13	-	-	117	-	-
Suède	10	3	30,0	3	1	33,3	38	12	31,6
Total UE-15	232	100	43,1	81	17	21,0	797	310	38,9

La dépense prévue du FEOGA au cours de la période 2000-2006 s'élève à environ 49 milliards d'euros dont 13,5 milliards d'euros (soit 27,5%) ont été consacrées aux MAE⁵³ (CCE, 2003). Sur les 69 PDRs retenus et approuvés, 53 (soit 77%) ont inclus des MAE. Au niveau de 12 Etats membres, plus de 8.440 contrats ont été souscrits pour la conservation des races des animaux d'élevage et totalisent 60.568 UGB, soit en moyenne 7 UGB par contrat. Les dépenses totales pour la conservation des RGAs, s'élèvent à 8,25 millions d'euros dont 60% sont financées par le FEOGA (CCE, 2003). La part de celui-ci dans les dépenses totales de conservation varie de 50% pour la Finlande à 76% pour le Portugal. Le coût moyen de conservation est d'environ 977 euros par contrat, alors que la moyenne des autres mesures agro-environnementales s'élève à 1580 euros/contrat (Bertaglia, 2004).

La part des dépenses allouées aux mesures axées sur la conservation des races est faible et ne représente que 0,5% des dépenses totales des MAE pour l'ensemble des pays de l'Union (CCE, 2003). Certains pays (Danemark, Pays Bas et Royaume Uni) n'ont pas intégré des mesures de protection des animaux d'élevage dans leurs PDRs. Pour d'autres (Autriche, Allemagne, Finlande et France), la part est très faible et ne dépasse guère 0,2%, alors qu'elle s'élève à 0,7% pour la Belgique, 0,9% pour le Portugal, 1,7% pour l'Italie, 3,5% pour l'Espagne et 4% pour la Grèce (Bertaglia, 2004). Un tel constat laisse supposer que la conservation des RGAs n'a pas été considérée comme prioritaire dans le second pilier de la PAC.

Selon les estimations effectuées par Signorello et *al.* (2003), le budget potentiel requis pour maintenir les effectifs des races (asines, bovines, caprines, équines, ovines et porcines), élevées dans les douze pays de l'Union ayant intégré la composante conservation *in situ* dans leurs PDRs, au-dessus du seuil de la FAO s'élève à environ 40 millions d'euros. Le budget alloué actuellement n'est que de huit millions d'euros, soit un taux de couverture d'environ 20%. Les figures 2.1 et 2.2 donnent des indications sur la répartition du budget potentiel selon les espèces et selon les pays. Ainsi, les espèces bovine et équine nécessitent le plus d'effort de conservation et requièrent plus de 80% du budget potentiel de conservation. Selon les pays, c'est l'Italie et la France qui enregistrent les besoins les plus élevés en ressources budgétaires de conservation.

⁵³ Selon CCE (2003), la répartition de la part des dépenses en fonction des autres mesures retenues est la suivante : investissements dans les exploitations agricoles (9,5%) ; installation des jeunes agriculteurs (3,7%) ; formation (0,7%) ; préretraite (2,9%) ; zones défavorisées ou soumises à des contraintes environnementales (12,5%) ; transformation et commercialisation des produits agricoles (7,7%) ; boisements des terres agricoles et autres mesures sylvicoles (9,8%) ; adaptation et développement des zones rurales (25,8%).

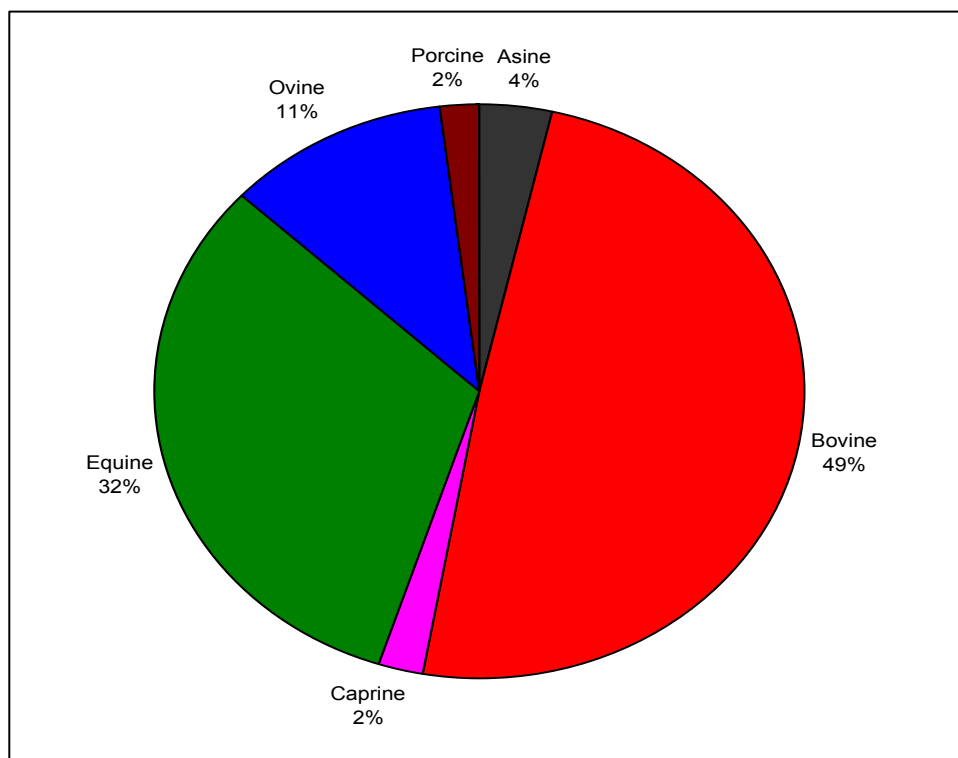


Figure 2.1 Répartition des parts des dépenses potentielles de conservation selon les espèces

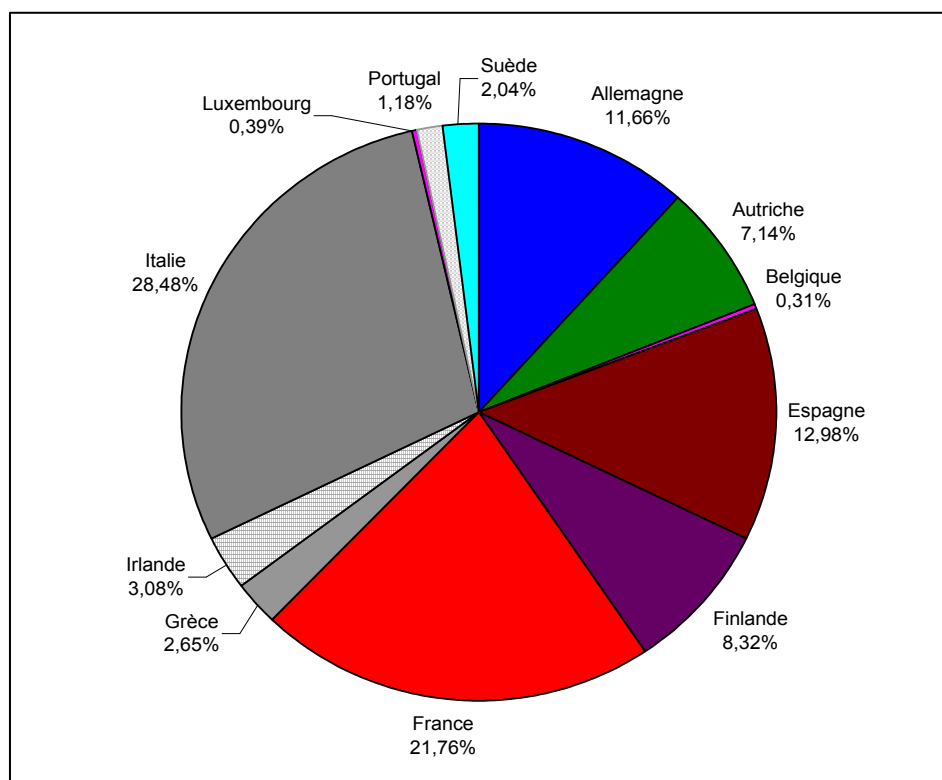


Figure 2.2 Répartition des parts des dépenses potentielles de conservation selon les pays

III.3.2 Subsidés alloués à la conservation

Le tableau 2.5 présente les niveaux des paiements alloués aux éleveurs de races menacées d'abandon dans le cadre des PDRs par pays et par espèce⁵⁴. Ces paiements sont exprimés en euros par unité de gros bétail⁵⁵ (UGB). Quatre pays accordent le même montant par UGB et par espèce, il s'agit de l'Espagne, de la Finlande du Portugal et de l'Irlande. Pour les autres pays, les subsides varient en fonction des espèces et/ou des régions à l'intérieur des pays. A l'échelle de l'Union, un montant de 130 euros/UGB est alloué en moyenne aux éleveurs qui souscrivent un contrat de sauvegarde des races menacées d'extinction. Les niveaux de paiements les plus élevés sont observés en Irlande (200 euros par UGB), suivie de la Finlande et de l'Italie. L'Autriche et la Belgique accordent, en moyenne, des paiements qui ne dépassent pas 100 euros/UGB.

Tableau 2.5 Subsidés annuels alloués (euros/UGB) aux éleveurs de races menacées d'abandon dans le cadre des programmes de développement ruraux

	Asine	Bovine	Caprine	Equine	Ovine	Porcine	Moyenne	CV ^c
Allemagne ^a	-	139,25	100,00	150,23	66,15	238,40	138,81	41,80
Autriche	-	145,34	21,80	145,34	21,80	43,60	75,58	76,09
Belgique	-	100,00	12,50	-	12,50	-	41,67	98,98
Espagne	120,20	120,20	120,20	120,20	120,20	120,20	120,20	-
Finlande	-	168,19	168,19	-	168,19	-	168,19	-
France ^a	-	122,00	122,00	130,86	122,00	-	124,22	3,08
Grèce ^a	-	115,98	115,98	115,98	112,64	-	115,15	1,25
Irlande ^b	-	200,00	-	200,00	-	-	200,00	-
Italie ^a	138,93	201,67	191,18	173,63	149,04	152,75	167,87	13,62
Luxembourg	-	-	-	150,00	-	-	150,00	-
Portugal	-	139,00	-	139,00	-	139,00	139,00	-
Suède	-	110,00	110,00	-	110,00	165,00	123,75	19,24
Moyenne	129,56	141,95	106,87	147,25	98,06	143,16	130,37	-
CV ^c (%)	10,22	24,39	54,91	17,87	54,78	44,28	32,29	-

^a : Pour ces pays, les paiements varient en fonction des régions. Les chiffres ainsi indiqués sont des moyennes.

^b : Une somme de 400 euros par UGB est versée, en moyenne, chaque deux ans.

^c : Coefficient de variation en pourcentage.

Source : adapté de Signorello et Pappalardo (2003)

⁵⁴ L'article 18 du règlement 445/2002 stipule que les paiements ne peuvent pas être effectués par unité de production, sauf ceux qui concernent le soutien accordé à l'élevage d'animaux domestiques de races menacées d'abandon, qui peuvent être effectués par unité de bétail ou par animal élevé.

⁵⁵ Unité utilisée en statistique afin d'unifier les différentes catégories d'animaux, basée sur leurs besoins alimentaires. Selon le règlement 2328/91, annexe I, taureaux, vaches et autres bovins de plus de 2 ans sont équivalents à 1 UGB ; bovins de 6 à 2 ans à 0,6 UGB ; brebis et chèvres à 0,15 UGB ; et truies à 0,3 UGB.

En moyenne, l'espèce équine bénéficie de paiements les plus élevés (147,25 euros/UGB), alors que le niveau le plus faible est enregistré pour les ovins (98,06 euros/UGB). Les règlements 1257/99 et 1750/99 laissent une marge de liberté aux administrations des pays membres dans la détermination des niveaux des aides accordés aux fermiers qui souscrivent des engagements agro-environnementaux pour une durée minimale de cinq ans. L'article 24 du règlement 1257/99 précise que l'aide versée, en contrepartie en ce qui concerne les engagements agro-environnementaux souscrits, est allouée annuellement et calculée en fonction : 1) de la perte de revenus encourue ; 2) des coûts additionnels résultant des engagements ; 3) de la nécessité de fournir une incitation financière ; et éventuellement 4) les coûts des investissements non productifs nécessaire au respect des engagements. A ce niveau, deux questions se posent.

La première concerne la démarche suivie pour estimer les montants alloués aux éleveurs et la seconde consiste à vérifier si ces montants satisfont les critères évoqués ci-dessus. L'examen de 69 PDRs, effectué par Signorello et Papallardo (2003), a révélé que dans la plupart des cas, aucune justification n'est avancée pour expliquer les montants des subsides fixés. Peu nombreux sont les PDRs qui fournissent une justification dans l'établissement des paiements. Ces derniers se basent sur une analyse comparative des rentabilités économiques des races locales et des races à haut potentiel de production.

Toutefois, les auteurs ont constaté que même quand les comparaisons sont effectuées, elles se limitent à certaines races représentatives et les résultats sont extrapolés, sans ajustement préalable, à d'autres races d'autres espèces. Cet examen a aussi confirmé que les critères définis par le règlement 1257/99 ne sont pas pris en compte, dans leur globalité, dans la détermination des montants des subsides. Ces constats soulèvent des interrogations quant au succès du programme de conservation initié à l'échelle de l'UE-15. Un tel succès est, sans doute, conditionné par le degré de motivation et d'incitation des éleveurs qui souscrivent des contrats pour élever des races menacées d'abandon.

IV. Déterminants des décisions de conservation

Le constat global qui se dégage à travers le diagnostic descriptif de la section précédente laisse supposer que les choix observés en matière d'intégration des races dans les PDRs varient en fonction des pays et des espèces. Le cas particulier de la Finlande conforte cette hypothèse. En effet, pour ce pays, les mesures de conservation *in situ* couvrent la totalité des races bovines, caprines et ovines, alors que pour l'espèce équine

(12 races éligibles), le taux de couverture est quasiment nul. Ce diagnostic reste sommaire et ne permet pas de mettre en évidence de relation de causalité entre les caractéristiques des races et les choix de conservation.

En vue de capturer les principales tendances régissant les choix d'intégration des RGAs dans les PDRs, un modèle économétrique a été conçu. Ce dernier, vise à mettre l'accent sur les déterminants des décisions des choix de conservation des RGAs dans les PDRs. A cette fin, la démarche suivie a été inspirée de celle adoptée par Metrick et Weitzman (1996, 1998) qui ont analysé les décisions de choix de conservation des espèces aux Etats-Unis.

Leur approche consiste à révéler les préférences des décideurs politiques, d'une part, et à vérifier si les décisions de protection réelles, prises dans le cadre de la loi américaine sur la protection des espèces en danger d'extinction, ont été conformes à la prescription du modèle de Weitzman. Il s'agissait en particulier d'estimer si les quatre éléments qui composent la formule des R_i (présentés à la section V.3 du chapitre I) ont joué le rôle attendu. D'après les résultats escomptés, il apparaît que seule la grandeur associée à l'utilité (U_i) est significative pour expliquer les choix réels. Plus précisément, c'est la valeur charismatique ou emblématique des espèces qui semble avoir prévalu pour les porter sur la liste des espèces en danger.

IV.1 Modèle économétrique

Le modèle considéré spécifie que l'inclusion d'une race j au PDR est capturée à travers une variable Y_j et suppose que les décisions de conservation s'expriment en fonction d'un vecteur d'attributs (X_j) et d'un terme d'erreur (ε_j) :

$$Y_j = f(X_j, \alpha, \varepsilon_j)$$

où α est un vecteur de paramètres à estimer. Le degré d'attractivité de la race j au PDR n'est pas observé, mais on observe, *à posteriori*, si la race bénéficie de programme de conservation. La variable Y_j traduit la décision de conservation observée. Le choix est dichotomique : soit la race bénéficie d'un programme de conservation dans le cadre des PDRs ($Y_j=1$) ; soit elle n'en bénéficie pas ($Y_j=0$). Afin de contourner les limites de la méthode des moindres carrés ordinaire appliquée à une variable dépendante qualitative, la démarche adoptée consiste à estimer un modèle à variable qualitative binaire par la méthode du maximum de vraisemblance. Celle-ci, permet de modéliser la réalisation de l'évènement (décision de choix) en faisant référence à sa probabilité. Cette modélisation

fait recourt au modèle à variable latente ou inobservable (Y_j^*). Ce dernier suppose un seuil (C) au delà duquel la proportion des $\{Y_j=1\}$ l'emporte sur celle des $\{Y_j=0\}$:

$$\begin{aligned} Y_j &= 1 && \text{si } Y_j^* > C \\ Y_j &= 0 && \text{si } Y_j^* \leq C \end{aligned}$$

La variable Y_j^* est aléatoire du fait de la présence du terme ε_j et la règle de décision est probabiliste :

$$\begin{aligned} P(Y_j = 1) &= P(X_j \alpha + \varepsilon_j > C) = 1 - P(\varepsilon_j \leq C - X_j \alpha) \\ P(Y_j = 0) &= P(X_j \alpha + \varepsilon_j \leq C) = P(\varepsilon_j \leq C - X_j \alpha) \end{aligned}$$

Sous cette formulation, le modèle ne détermine pas exactement la réalisation de l'événement $\{Y_j=1 \text{ ou } Y_j=0\}$, mais fournit plutôt une mesure théorique de la proportion d'observations pour lesquelles cet événement s'est réalisé. Puisque cette mesure théorique (la probabilité) est croissante dans son argument, la probabilité que $Y_j=1$ sera croissante pour les composantes de X_j dont les paramètres sont positifs et décroissante pour celles dont les paramètres sont négatifs (Thomas, 2000). Pour calculer cette probabilité et estimer les paramètres du modèle, il est nécessaire de spécifier une distribution statistique du terme d'erreur.

Le modèle considéré est un *Probit* qui suppose une distribution normale des termes d'erreurs. Pour ce type de modèle, les paramètres estimés n'ont pas de signification économétrique. La seule information réellement utilisable est le signe des paramètres indiquant si la variable associée influence la probabilité à la hausse ou à la baisse. Toutefois, le calcul des effets marginaux permet d'analyser l'impact des variables X_j sur la probabilité que $Y_j=1$. En effet, l'analyse de sensibilité de la probabilité de l'événement $\{Y_j=1\}$ ou $\{Y_j=0\}$ par rapport à des variations dans les variables explicatives X_j est fournie par l'effet marginal, c'est à dire la dérivée de la probabilité estimée, au voisinage des moyennes des variables explicatives, par rapport aux composantes de X_j .

IV.2 Données et modèle empirique

Les données utilisées font référence au site de la FEZ (<http://www.tiho-hannover.de>). Par rapport à la base FAO (DAD-IS : <http://www.fao.org/dad-is/>), celle de la FEZ dispose de plus d'information sur les caractéristiques des races élevées en Europe. Comme dans le cas de la FAO, la base de la FEZ est périodiquement actualisée par les coordinateurs nationaux des pays membres. Les données de ce travail ont été extraites au

cours de la période étalée entre les mois de janvier et avril 2004. La collecte des données a concerné les races de six espèces (asine, bovine, caprine, équine, ovine et porcine) réparties dans les douze pays de l'UE-15 ayant intégré la composante conservation *in situ* des RGAs dans leurs PDRs. Elle s'est limitée aux races dont les effectifs des populations sont inférieurs aux seuils d'éligibilités fixés par le règlement 445/2002.

L'échantillon est composé de 548 races dont 265 bénéficient de programme de conservation dans le cadre des PDRs. Les caractéristiques de l'échantillon retenu sont reprises dans les quatre dernières colonnes du tableau 2.3. L'échantillon couvre les races pour lesquelles les informations⁵⁶ (variables explicatives) sont disponibles sur le site de la FEZ. Les variables explicatives ont été groupées en quatre catégories. Celles-ci portent sur 1) les caractéristiques d'intérêt ; 2) les caractéristiques d'unicité ; 3) les caractéristiques des populations ; et 4) les approches de conservation. Le tableau 2.6 regroupe les variables retenues pour l'explication des choix de conservation, la manière dont elles ont été introduites dans le modèle, les signes attendus et les statistiques descriptives.

La première catégorie est formée de deux variables qui renseignent sur la présence ou l'absence de livre généalogique et sur la possession d'une caractéristique spécifique d'intérêt. L'inclusion de la première variable se justifie par le fait que la réglementation européenne conditionne l'octroi de subsides aux races disposant de livre généalogique ou zootechnique.

La seconde variable spécifie les races dotées de caractéristiques spécifiques qui les distinguent des autres. En effet, le questionnaire élaboré par la FEZ porte, entre autres, sur les caractéristiques spécifiques de chaque race. Pour certaines races, aucune caractéristique n'a été reportée, alors que pour d'autres, elles présentent une ou plusieurs caractéristiques. Les caractéristiques identifiées sont aussi nombreuses que variées et elles portent sur les aspects suivants : a) résistance aux maladies ; b) adaptation à des environnements spécifiques ; c) qualité des produits ; d) caractéristiques de reproduction (fertilité, prolificité, aptitude maternelle, etc) ; et e) typicité des produits. C'est ainsi que nous avons considéré une seule variable qui identifie les races dotées de caractéristiques spécifiques de celles qui ne le sont pas. Les signes attendus de ces deux variables sont positifs.

⁵⁶ Dans cette analyse, nous nous sommes basés sur les informations disponibles sur le site de la FEZ. La base de données construite a porté sur une quinzaine de variables explicatives dont on a retenu une dizaine. Certaines variables ont été écartées en raison des données manquantes pour la plupart des observations.

Tableau 2.6 Variables explicatives des décisions des choix de conservation *in situ*

Variables	Description	Signe attendu	Moy.	E.T.
<i>Livre généalogique et caractéristique d'intérêt</i>				
Livre-G	Variable binaire = 1 si la race dispose d'un livre généalogique et 0 autrement.	+	0,877	0,32
Carac-sp	Variable binaire = 1 si la race présente une ou plusieurs caractéristiques spécifiques et 0 autrement.	+	0,458	0,49
<i>Caractéristiques d'unicité</i>				
Autochtone	Variable binaire = 1 si la race est autochtone et 0 autrement.	+	0,419	0,49
Geo-pays	Variable binaire = 1 si la race n'est présente que dans un seul pays et 0 autrement.	+	0,677	0,46
Geo-Régions	Variable binaire = 1 si la race est répartie sur toutes les régions d'un pays et 0 autrement.	+	0,642	0,47
<i>Caractéristiques des populations</i>				
Ln-pop	Variable quantitative exprimant le logarithme de la taille de population de la race	-	5,530	1,71
T-croissante	Variable binaire = 1 si la tendance récente de l'effectif de la race est croissante et 0 autrement.	-	0,390	0,48
T-décroissante	Variable binaire = 1 si la tendance récente de l'effectif de la race est décroissante et 0 autrement.	+	0,321	0,46
Effectif Troupeau	Variable binaire = 1 si le nombre de troupeaux de la race est inférieur à 10 et 0 autrement.	+	0,583	0,49
<i>Approches de conservation</i>				
<i>In situ</i>	Variable binaire = 1 si la race avait déjà bénéficié de programme de conservation <i>in situ</i> , avant PDR, et 0 autrement.	+	0,268	0,44
<i>Ex situ</i>	Variable binaire = 1 s'il existe un programme de conservation <i>ex situ</i> (semences et/ou embryons) en faveur de la race et 0 autrement.	-	0,198	0,39
<i>Variables de contrôle</i>				
Effets espèces	Variables binaires = 1 si la race appartient à l'espèce concernée et 0 autrement.	+/-	-	-
Effets pays	Variables binaires = 1 si la race est localisée dans le pays concerné et 0 si non.	+/-	-	-

Moy : moyenne. E.T : Ecart type.

La seconde catégorie est composée de trois variables qui fournissent des indications sur l'unicité des races. Il s'agit de l'origine de la race (autochtone ou pas) et de sa répartition géographique aussi bien à l'intérieur d'un pays qu'entre les pays. L'origine de la race constitue un critère d'éligibilité aux PDRs. Toutefois, 66% seulement des races couvertes par les PDRs sont considérées comme autochtones selon les données de la FEZ. Ce constat s'explique par l'absence d'une définition claire et précise de ce que l'on entend par race autochtone. Le terme autochtone est utilisé pour désigner une population indigène issue d'une localité déterminée. Les populations non autochtones sont supposées être transférées de leur localité d'origine à d'autres localités. Certaines races réparties sur plusieurs pays sont considérées comme autochtones dans plus d'un pays. Ceci s'explique par le fait que ce sont les coordinateurs nationaux des pays qui décident sur l'origine des races. Les deux autres variables associées à la distribution géographique ont été introduites pour capturer la spécificité et la rareté des races à l'échelle locale, nationale et internationale. Ces variables sont censées affecter positivement les chances de rétention des races dans les PDRs.

La troisième catégorie englobe trois variables qui renseignent sur la dynamique des effectifs des populations : 1) l'effectif des troupeaux exprimé en logarithme pour réduire sa dispersion ; 2) la tendance (croissante, stable et décroissante) récente des effectifs ; et 3) le nombre de troupeaux. Cette dernière variable a été introduite sous forme de variables à choix binaire prenant la valeur 1 si le nombre de troupeaux de la race est inférieur à 10 et 0 autrement. Selon les investigations menées auprès des responsables de la FEZ, il s'est avéré que le seuil fixé (10 troupeaux) a été défini de façon arbitraire. Par ailleurs, cette variable pourrait servir comme indicateur des processus de consanguinité et de dérive génétique auxquels sont soumises les populations à faible effectif. Les trois variables de cette catégorie caractérisent l'état de risque des races. Ainsi, il est possible d'émettre l'hypothèse suivante : plus l'effectif d'une race est réduit, plus la chance de son inclusion dans les PDRs est grande.

Au niveau des pays de l'Union, des efforts de conservation, aussi bien *in situ* qu'*ex situ*, ont été déployés avant l'entrée en vigueur de la réglementation européenne relative aux PDRs. Certaines ressources bénéficiaient de programme de conservation *in situ* conduit à l'échelle des pays avant le lancement des programmes de développement ruraux. C'est ainsi que la quatrième catégorie de variables retenues porte sur des aspects de conservation. Pour cette catégorie, deux variables ont été considérées : la première identifie les races qui ont bénéficié de programme de conservation *in situ* avant l'entrée en vigueur des PDRs et la seconde caractérise les races pour lesquelles des mesures de conservation *ex situ* (conservation de semences ou d'embryons) ont été accomplies.

L'introduction de la conservation *ex situ* comme variable explicative vise à analyser l'existence d'une éventuelle substitution et/ou complémentarité entre les deux approches de conservation. Le modèle empirique considéré pour l'échantillon constitué de 548 races se présente sous la forme suivante :

$$Y_j = \alpha_0 + \sum_{j=1}^2 \alpha_j X_j + \sum_{j=3}^5 \alpha_j X_j + \sum_{j=6}^9 \alpha_j X_j + \sum_{j=10}^{11} \alpha_j X_j + \sum_{j=12}^{16} \alpha_j X_j + \sum_{j=17}^{27} \alpha_j X_j + \varepsilon_j$$

Sous cette formulation, le modèle se présente comme une somme agrégée des différentes catégories de variables définies auparavant. Les deux dernières composantes du modèle décrivent les variables indicatrices introduites pour contrôler l'effet de l'espèce ($j=12, \dots, 16$) et l'effet pays ($j=17, \dots, 27$).

IV.3 Résultats et discussion

Différents tests de ratios des vraisemblances ont été effectués. Ces tests ont porté sur la signification globale du modèle estimé ainsi que sur la pertinence de l'introduction des différentes catégories de variables dans le modèle (tableau 2.7). A l'exception de la première catégorie dont le test ne s'est révélé significatif qu'au seuil de 10%, les autres tests se sont révélés significatifs aux seuils de 1 et 5%.

Les résultats issus du modèle *probit* estimé, les tests de signification statistique des coefficients et les effets marginaux sont repris dans le tableau 2.8. La statistique du ratio de vraisemblance (χ^2) se rapportant à la signification globale du modèle est significative au seuil de 1%. Celle-ci suggère qu'au moins une des variables considérées intervient significativement dans l'explication des choix d'intégration des races dans les PDRs.

Le modèle estimé permet de générer des prédictions correctes dans plus de 83% des cas. Les pourcentages des prédictions correctes correspondant à $Y_j=1$ et à $Y_j=0$ sont respectivement de 84,5% et 81,6%. Pour différents seuils de signification considérés 1, 5 et 10%, les tests de *Student* ont révélé que 17 coefficients, parmi un total de 28, ont manifesté un impact significatif dans l'explication de la variable dépendante. Les mêmes tendances ont été observées pour ce qui est des effets marginaux. Les sections suivantes présentent les résultats par catégories de variables considérées.

Tableau 2.7 Tests de rapports des vraisemblances portant sur les catégories de variables introduites dans le modèle

Hypothèses (H ₀)	Restrictions	Nombre de restrictions	χ^2	Valeur critique à 5%	Décision
Variables de la 1 ^{ère} catégorie sont non significatives	$\alpha_1 = \alpha_2 = 0$	2	4,976 [*]	$\chi^2(2) = 5,99$	Accepter H ₀
Variables de la seconde catégorie sont non significatives	$\alpha_i = 0$ $i = 3, 4, 5.$	3	88,304 ^{***}	$\chi^2(3) = 7,81$	Rejeter H ₀
Variables de la troisième catégorie sont non significatives	$\alpha_i = 0$ $i = 6, \dots, 9.$	4	22,304 ^{***}	$\chi^2(4) = 9,49$	Rejeter H ₀
Variables de la troisième catégorie sont non significatives	$\alpha_{10} = \alpha_{11} = 0$	2	8,804 ^{**}	$\chi^2(2) = 5,99$	Rejeter H ₀
Variables capturant l'effet espèces sont non significatives	$\alpha_i = 0$ $i = 12, \dots, 16.$	5	18,212 ^{***}	$\chi^2(5) = 11,07$	Rejeter H ₀
Variables capturant l'effet pays sont non significatives	$\alpha_i = 0$ $i = 17, \dots, 27.$	11	70,592 ^{***}	$\chi^2(11) = 19,67$	Rejeter H ₀

La statistique utilisée pour tester les contraintes fait référence aux tests de rapports des vraisemblances (LR). Ce test se base sur les valeurs de vraisemblances des modèles contraints (MC) et non contraints (MNC). Le test se présente comme suit : $2(\text{Log}L_{\text{NC}} - \text{Log}L_{\text{C}}) \cong \chi^2(r)$, où r est le nombre de restrictions.

***, **, * : coefficients ainsi indiqués sont significatifs respectivement à 1, 5 et 10%.

IV.3.1 Livre généalogique et caractéristiques d'intérêt

Deux variables forment cette catégorie. La première variable identifie les races qui disposent de livre généalogique de celles qui ne le sont pas. Le coefficient de réponse de cette variable n'a pas pu atteindre le niveau de signification souhaité suggérant ainsi que certaines races, bien que ne disposant pas de livre généalogique, ont été couvertes par les PDRs. En effet, Parmi les 285 races retenues dans les PDRs, 54 ne disposent pas de livre généalogique. La seconde variable se rapporte aux caractéristiques spécifiques des races. Cette variable prend la valeur 1 pour les races qui présentent une (ou plusieurs) caractéristiques spécifiques et 0 sinon. Pour cette variable, le coefficient de réponse est positif reproduisant ainsi la tendance espérée et il est significatif à 5%. Son effet marginal⁵⁷, relativement large (0,138), révèle que les races dotées de caractéristiques spécifiques disposent de plus de chances d'être retenues dans les PDRs.

⁵⁷ L'effet marginal (EM) d'une variable à choix binaire (d) constitue une mesure de ce qui se produit lorsqu'on change une variable dichotomique d_j pour la faire passer de « $d_j=0$ » à « $d_j=1$ ». Il est calculé au voisinage des moyennes des variables explicatives x^* (Greene 2003 ; p : 668) : $E.M(d) = P(Y=1|x^*(d), d=1) - P(Y=1|x^*(d), d=0)$.

IV.3.2 Caractéristiques d'unicité

L'unicité de la race a été caractérisée par son origine et par sa répartition géographique. Pour la première variable, son coefficient de réponse est positif et hautement significatif suggérant ainsi que les races autochtones ont plus de chance d'être retenues dans les PDRs que leurs homologues non autochtones. La dimension géographique a été approchée à travers deux variables : l'une renseigne sur la répartition entre les pays et l'autre se rapporte à l'aire de distribution à l'intérieur d'un pays. Les coefficients estimés de ces deux variables sont hautement significatifs et conformes aux signes attendus. Les effets marginaux sont de 0,222 pour la première variable et de 0,312 pour la seconde.

En matière de conservation *in situ*, la dimension géographique constitue une composante aussi importante que celle associée au risque d'extinction. Le règlement 445/2002 précise que le soutien est restreint aux *racas locales originaires de la zone concernée*. Cette politique est susceptible de produire deux effets indésirables en terme de gestion des programmes de conservation. D'une part, certaines races sont à risque d'extinction mais localisées dans d'autres zones que leur zone d'origine. D'autre part, cette politique favorise de façon directe la concentration géographique des animaux. Ceci constitue un danger potentiel d'extinction des races dans la mesure où cette concentration augmente la vulnérabilité des animaux à l'égard des maladies infectieuses.

Ces considérations ont été révélées récemment par Yarwood et Evans (2003). Ces derniers ont analysé les dynamiques géographiques des races et leurs implications en matière d'efficacité de la politique de conservation poursuivie par l'UE-15. Ce travail a porté sur des races originaires du Pays de Galles. En fonction des zones d'origine des races et de leur distribution actuelle, trois modèles géographiques distincts ont pu être identifiés :

1. Le premier regroupe les races qui ne sont présentes que dans leur zone d'origine. Cette présence exclusive dans la zone d'origine s'explique, en partie, par des conditions d'adaptabilité environnementale, des conditions économiques ainsi que par l'importance culturelle de ces races.

Tableau 2.8 Résultats du modèle *probit* relatifs aux déterminants des choix de conservation

Variables explicatives	Modèle Probit		Effets marginaux	
	Coefficient	t-statistique	Valeur	t-statistique
Constante	-3,024***	-5,18	-	-
<i>Livre généalogique et caractéristique d'intérêt</i>				
Livre-G	0,012	0,05	0,004	0,05
Carac-sp	0,350**	2,23	0,138**	2,25
<i>Caractéristiques d'unicité</i>				
Autochtone	0,772***	4,77	0,300***	5,01
Geo-Pays	0,574***	3,13	0,222***	3,29
Geo-Régions	0,824***	4,20	0,313***	4,58
<i>Caractéristiques des populations</i>				
Ln-pop	0,092*	1,79	0,036*	1,79
T-croissante	0,221	1,19	0,088	1,20
T-décroissante	-0,089	-0,45	-0,035	-0,45
Effectif troupeau	-0,582***	-3,24	-0,229***	-3,33
<i>Approche de conservation</i>				
<i>In situ</i>	0,494**	2,23	0,195**	2,29
<i>Ex situ</i>	0,224	0,85	0,089	0,85
<i>Dummy relatives aux espèces (espèce de référence: porcine)</i>				
Asine	1,717***	2,60	0,491***	6,31
Bovine	0,754***	2,58	0,292***	2,77
Caprine	0,474	1,46	0,186	1,52
Equine	0,758***	2,69	0,294***	2,85
Ovine	0,962***	3,49	0,366***	3,89
<i>Dummy relatives aux pays (Pays de référence : Suède)</i>				
Allemagne	0,477	1,31	0,188	1,34
Autriche	2,736***	3,94	0,572***	17,50
Belgique	0,951***	2,10	0,345**	2,65
Espagne	1,132***	2,57	0,399***	3,48
Finlande	-0,111	-0,21	-0,044	-0,21
France	-0,192	-0,55	-0,075	-0,56
Grèce	0,160	0,32	0,063	0,32
Irlande	-0,400	-0,79	-0,152	-0,84
Italie	0,600*	1,67	0,234*	1,76
Luxembourg	0,799	1,00	0,297	1,19
Portugal	-1,403***	-2,62	-0,402***	-5,16
Nombre d'observations	548,00			
Log-vraisemblance	- 208,56			
χ^2	341,97***			
Observations avec Y=1	48,40			
Prédictions correctes (%)	83,03			
Pseudo-R ²	0,45			

***, **, * : coefficients ainsi indiqués sont significatifs à 1, 5 et 10%.

2. Le second englobe des races qui se retrouvent aussi bien dans leur zone d'origine que dans d'autres zones. Le succès commercial et la rentabilité économique de ces races ont favorisé leur diffusion dans d'autres régions du Royaume Uni, voire même dans d'autres pays.
3. Le troisième type concerne les races qui se retrouvent dans d'autres zones mais ne sont plus présentes dans leur berceau d'origine. Les deux races représentatives de ce type, la race bovine *White Park* et la race porcine *Welsh*, sont à risque d'extinction. Ces deux races sont supposées être exclues des PDRs.

Les trois modèles générés à travers cette recherche illustrent la complexité de la dynamique géographique des races des animaux d'élevage. Celle-ci est tributaire de facteurs environnementaux, politiques, économiques et culturels. Ces constats plaident pour une révision des orientations de la politique de conservation de l'Union. Une telle révision devrait prendre en compte, non seulement la localité d'origine, mais aussi l'aire de distribution géographique des races dans son ensemble.

IV.3.3 Caractéristiques des populations

Cette catégorie est formée de trois variables caractérisant l'état de risque d'extinction des races. Alors que l'on s'attendait à l'inverse (les plus petites populations devraient bénéficier de programme de conservation), la taille de population a manifesté un impact positif significatif au seuil de 10%. L'effet marginal (0,036) stipule que l'accroissement d'une unité de la taille de population d'une race (en logarithme) induirait un accroissement des chances de sa rétention dans les PDRs évalué à 3,6%. Les coefficients de réponse correspondants aux variables capturant l'effet de la tendance récente des effectifs des populations ne se sont pas révélés significatifs. La dernière variable saisissant l'effet du nombre de troupeaux de la race a pu manifester un pouvoir explicatif hautement significatif. Toutefois, le signe du coefficient est négatif et diffère ainsi du signe attendu.

Ce résultat suggère que les chances d'intégration des races dans les PDRs se réduisent quand le nombre de troupeau de cette race est inférieur à 10. Ceci paraît absurde dans le sens où plus l'effectif des troupeaux se réduit plus la variabilité génétique intra race diminue, et par conséquent plus le risque d'extinction augmente. Par ailleurs, le nombre de troupeaux pourrait être utilisé comme indicateur politique du *lobbying* conduit par certaines associations d'éleveurs pour bénéficier de subsides de conservation. Un plus grand nombre d'éleveurs aura plus de poids à négocier des

contrats pour l'élevage de races menacées d'abandon. Ces résultats laissent supposer que les décisions d'intégration des races dans les PDRs n'obéissent pas à une logique fondée sur des considérations de risque d'extinction. Ils confirment ainsi les conclusions dégagées auparavant par Signorello et *al.* (2003). Ces derniers ont fait constaté que de nombreuses races considérées à risque d'extinction par la FAO n'ont pas été intégrées dans les PDRs.

IV.3.4 Approches de conservation

Au niveau des pays de l'UE-15, deux approches de conservation des RGAs sont rencontrées : la conservation *in situ* et la conservation *ex situ*. La première consiste à préserver les animaux dans leurs systèmes de production et la seconde opère moyennant les techniques, *in vitro*, de cryoconservation. Alors que la cryoconservation des embryons a fait de large progrès dans le cas des espèces de rente⁵⁸, la cryoconservation des ovocytes n'est pas encore suffisamment efficiente pour pouvoir être utilisée dans le cadre de programme de conservation. La conservation séparée des gamètes mâles et femelles présenterait cependant de grands avantages puisqu'elle offrirait plus de possibilités de combinaisons génétiques des lignées mâles et femelles et diminuerait ainsi, entre autres, les risques de perte de diversité génétique des populations à faible effectif.

Le choix entre les deux techniques dépend des objectifs et des coûts de conservation (Gandini et Oldenbroek, 1999). Actuellement, l'approche *in situ* est considérée comme la meilleure solution car elle maintient la capacité d'évolution et d'adaptation des populations. Toutefois, la cryoconservation présente aussi l'avantage de réduire les risques associés aux maladies infectieuses et pourrait être utilisée de façon complémentaire à la conservation *in situ* pour contrôler les processus de dérive génétique (Gandinni et Pizzi, 2003). Oldenbroek (1999) suggère que la problématique de conservation soit raisonnée selon une vision intégrée qui tiendrait compte des deux approches simultanément.

⁵⁸ En Europe, en 2003, plus de la moitié des transferts embryonnaires bovins se sont fait à partir d'embryons cryoconservés (Guignot, 2005).

En vue de mettre l'accent sur l'éventuel lien entre les deux approches, une variable caractérisant les races pour lesquelles des programmes de cryoconservation ont été mis en œuvre a été introduite dans le modèle. Le coefficient de réponse de cette variable s'est révélé non significatif. Les données de l'échantillon montrent que des programmes de cryoconservation sont mis en œuvre pour environ 30% des races introduites dans les PDRs. Ce résultat ne permet pas de confirmer que les deux approches de conservation sont utilisées de manière complémentaire. La seconde variable de cette catégorie caractérise les races qui ont bénéficié auparavant de programme de conservation *in situ*. Celle-ci a produit un effet positif hautement significatif. Au total, 113 parmi 265 races intégrées dans les PDRs avaient déjà bénéficié de programmes de conservation *in situ*. Un tel constat suggère que les Etats membres utilisent actuellement l'opportunité offerte par le règlement 445/2001 pour consolider leurs efforts de conservation initiés avant l'entrée en vigueur de ce règlement.

Par ailleurs, ce résultat suggère aussi que la stratégie poursuivie par les pays de l'UE-15 devrait être élargie en vue d'associer les efforts de conservation aux mécanismes économiques axés sur la valorisation des produits des races menacées d'extinction. En effet, la PAC s'oriente vers une réduction des subventions à travers le découplage et l'encouragement des fermiers à opter pour des systèmes de production extensifs. Cette tendance favorise un regain d'intérêt pour les races traditionnelles (Yarwood et Evans, 1999). Gandinni et Pizzi (2003) suggèrent une stratégie qui, outre des mesures d'incitation directes accordées aux fermiers qui souscrivent des contrats de conservation, inclurait des mécanismes permettant de rendre économiquement viables les races menacées d'abandon (*self-sustainability*). Cette perspective s'inscrit dans une démarche globale visant non seulement à conserver les races, mais aussi à les réinsérer dans des créneaux économiques rentables.

IV.3.5 Espèces et pays

Enfin, plusieurs coefficients associés aux variables introduites pour contrôler les effets pays et espèces se sont révélés significatifs et confirment les tendances dégagées à travers l'analyse descriptive de la section précédente. Globalement, les races asines, bovines, équines et ovines présentent plus de chance d'être retenues dans les PDRs par rapport aux races porcines et caprines. Les races autrichiennes, belges, italiennes, et espagnoles ont plus de chance d'être couvertes par les PDRs que leurs homologues portugaises.

Chapitre III. Analyse de la diversité génétique intra-race et inter-races pour 28 populations ovines et 21 populations caprines

I. Introduction

Au sein des espèces, la disponibilité d'information sur l'histoire des races des animaux d'élevage, dans un pays ou dans une région, et les données sur les rapports génétiques entre les races fournissent un support important au processus de prise de décision pour la conservation. Dans un passé non lointain, les inférences sur l'histoire des races ont été principalement basées sur des considérations archéologiques, anthropologiques et ethnographiques. Actuellement, elles sont de plus en plus remplacées par les techniques moléculaires (Rege et *al.*, 2003).

Grâce aux techniques moléculaires, le polymorphisme⁵⁹ au niveau de l'ADN est devenu plus accessible et les mesures de ce polymorphisme se sont multipliées : variabilité génétique, consanguinité et flux génétiques (Buchanan et *al.*, 1994 ; Moazami-Goudarzi et *al.*, 1997), identification de gènes d'intérêt médical ou agronomique (QTL : *quantitative trait loci*), empreintes génétiques et cartographie (Bishop et *al.*, 1994), etc. Les analyses phénotypiques, biochimiques et plus récemment des analyses de la génétique moléculaire, au niveau de l'ADN, constituent les principales sources de données pour caractériser la diversité génétique et les relations entre les races.

Récemment, les techniques moléculaires ont fourni de nouveaux marqueurs pour analyser la diversité génétique. Parmi ces derniers, les microsatellites ont rapidement acquis le statut de marqueurs favoris en génétique des populations en raison des avantages qu'ils offrent particulièrement en matière de conservation (Cañon et *al.*, 2001). La séquence nucléotidique que constitue un microsatellite est composée de répétitions en tandem de trimères, dimères ou même monomère. Très nombreuses, bien réparties sur le génome, ces séquences se caractérisent par un polymorphisme important dû à la variation du nombre de répétitions selon les allèles (Boichard et *al.*, 1998). Grâce à leur informativité élevée et à leur distribution quasi-uniforme dans les génomes, les microsatellites représentent les marqueurs idéaux pour la recherche de gènes.

⁵⁹ Le polymorphisme de l'ADN est défini comme étant l'existence dans une même population de deux formes ou plus de la même séquence d'ADN.

Ces marqueurs sont notamment considérés comme outils pour estimer la ségrégation aux *loci* (déficit ou excès d'hétérozygotes) ou la recombinaison entre les *loci*, processus fortement affectés par les systèmes de reproduction pratiqués chez les populations naturelles. Cañon et *al.*, (2001) mentionnent au moins trois avantages de ce type de marqueurs : 1) ils sont largement disponibles ; 2) ils sont en général très polymorphes ; et 3) ils sont supposés être neutres vis-à-vis du processus de sélection, la diversité génétique observée étant la conséquence de deux forces : dérive génétique et mutation.

Mis à part leurs propriétés génétiques, les microsatellites présentent des intérêts techniques considérables. En effet, le génotypage des microsatellites est basé sur l'utilisation de la technique PCR (*polymerase chain reaction*), procédure relativement simple et rapide. De plus, en combinant la PCR et la détection par fluorescence, plusieurs microsatellites peuvent être étudiés simultanément (Laliberté, 1998). Enfin, la technique demande une quantité d'ADN très faible. Ces caractéristiques techniques favorisent ainsi la réalisation d'études de populations à grande échelle.

L'utilité des microsatellites pour l'évaluation de la diversité génétique des races des animaux d'élevage a été confirmée par de nombreux travaux de recherches (Saitbekova et *al.*, 1999 ; MacHugh et *al.*, 1997 ; Casellas et *al.*, 2004 ; Aberle et *al.*, 2004). Toutefois, les microsatellites sont des marqueurs neutres qui ne correspondent à aucune fonction connue donc probablement à aucun caractère sélectionné. Certains auteurs (Barker, 1993 ; Rege et *al.*, 2003 ; Simianer et *al.*, 2003) suggèrent l'emploi de ce type de marqueurs pour mettre en évidence la diversité génétique neutre, tandis que d'autres (BRG, 2000 ; Ruane, 2000) considèrent que les microsatellites ne constituent pas l'outil le plus approprié pour différencier les races animales.

L'objectif de ce chapitre est d'analyser la diversité génétique intra- et inter-populations d'ensembles de races ovines et caprines réparties sur des pays de l'Union européenne. Ainsi, les diversités génétiques globales des deux ensembles des deux espèces considérées sont mesurées, les contributions partielles associées à chacune des races sont évaluées selon l'approche de Weitzman présentée dans le premier chapitre. D'autres analyses ont été effectuées et se rapportent à la diversité intra-race. Ce chapitre se compose de trois sections. La première présente le matériel et les méthodes adoptées pour caractériser la diversité génétique intra- et inter-populations. La seconde section présente les résultats et la dernière porte sur une discussion.

II. Matériel et Méthodes

II.1 Populations considérées

Dans le cadre d'Econogene, un choix concerté entre les partenaires du projet a abouti à la sélection de 47 races caprines et 57 races ovines réparties dans dix-sept pays. Les critères considérés pour le choix des races portent sur : 1) origine : zones marginales ; 2) caractéristiques génétiques : résistance aux maladies, qualité des produits, etc. ; 3) localisation géographique : races réparties en Europe et en régions méditerranéennes ; 4) distance des sites de domestication ; et 5) des considérations associées à l'échantillonnage des individus : au moins dix élevages distincts pour chaque race retenue.

Les races retenues sont donc localisées dans des zones marginales et sont réputées être adaptées aux systèmes de production extensifs en Europe de l'est et de l'ouest ainsi qu'en régions méditerranéennes. D'autres races originaires de régions proches des sites de domestication, Moyen Orient (Arabie Saoudite et Jordanie) et Afrique du Nord (Égypte), ont été intégrées. Les races considérées n'ont pas fait l'objet d'investigations antérieures et sont typiques des zones marginales.

Pour des considérations méthodologiques⁶⁰, les analyses effectuées ont porté sur un échantillon composé de 28 races ovines et 21 races caprines originaires de huit pays de l'UE-15 (tableau 3.1). Sur les figures 3.1 et 3.2 sont présentées respectivement les aires de distribution géographiques des races ovines et caprines retenues. L'échantillon des ovins est composé de 10 races originaires de la Grèce, 5 de l'Italie, 4 d'Espagne, 4 du Royaume Uni et 3 races en provenance d'Allemagne. La France et le Portugal sont représentés par une seule race. Quant à l'échantillon des races caprines, il est davantage représenté par les populations italiennes (7) qui représentent le tiers de l'effectif total, et de celles originaire d'Espagne (5) et de France (3).

⁶⁰ Le programme informatique utilisé pour mesurer la diversité entre les races ne permet pas de traiter plus de 28 populations.

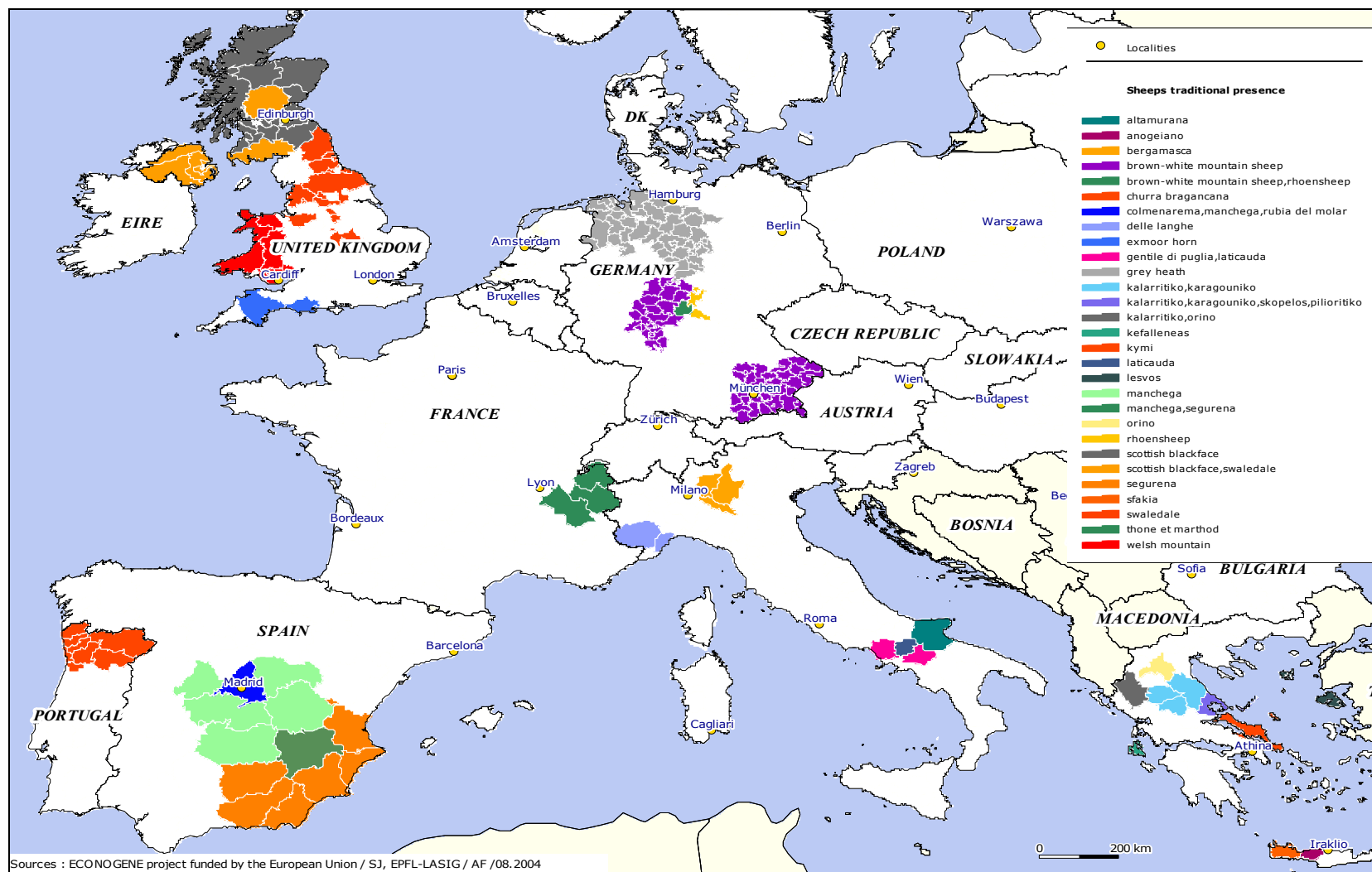


Figure 3.1 Répartition géographique de l'échantillon des races ovines

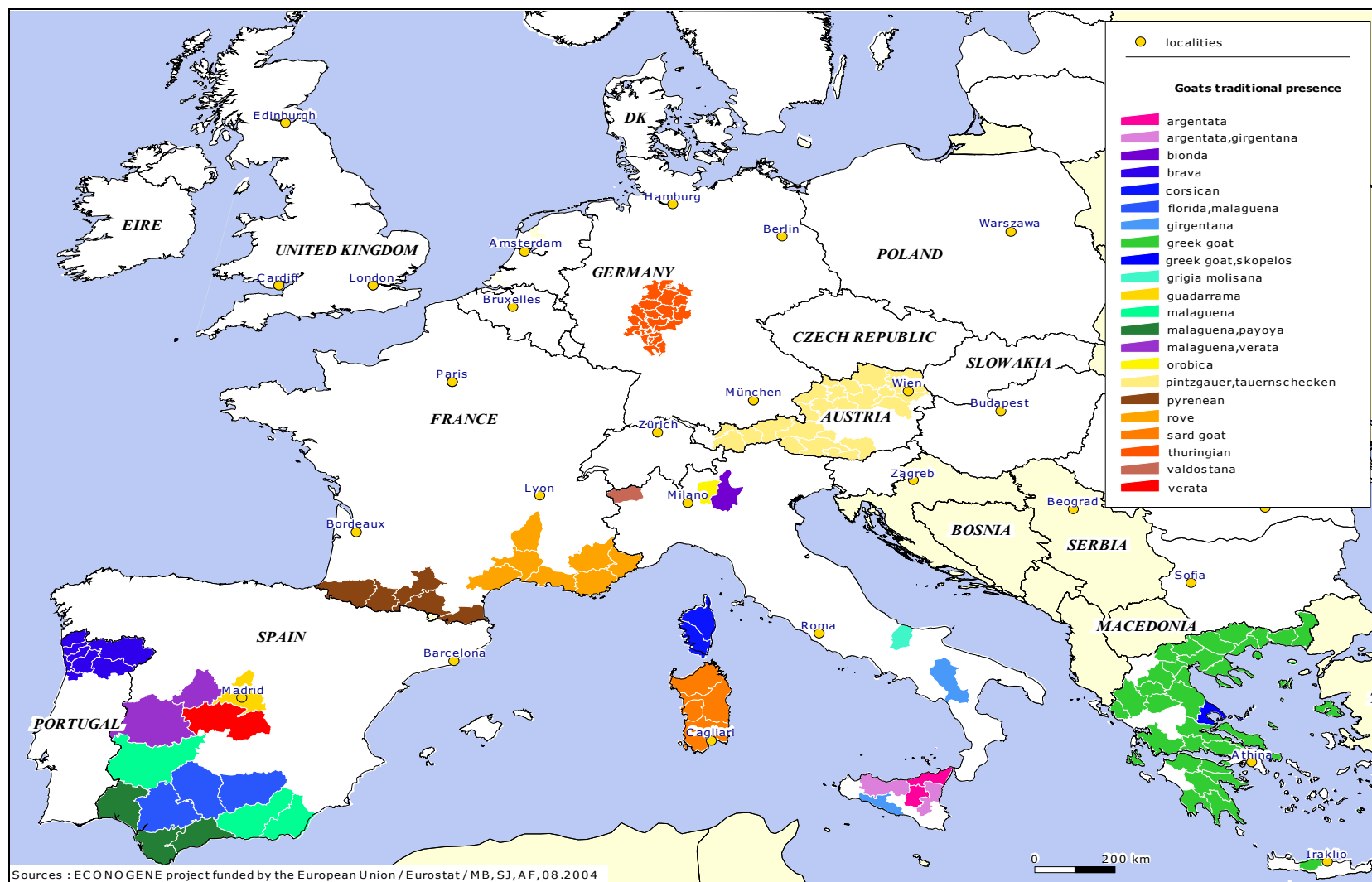


Figure 3.2 Répartition géographique de l'échantillon des races caprines

Les ressources génétiques animales retenues sont difficiles à décrire de manière synthétique du fait de la variété et de la dispersion des populations et des conditions d'élevage. Le tableau 3.2 présente les principales caractéristiques des populations considérées. Au total, 34 sur 49 races de l'échantillon, soit environ 70%, sont autochtones. Pour l'espèce ovine, près de 8 races sur 10 sont autochtones, alors que pour les caprins, en moyenne plus d'une race sur deux est autochtone. Les données ont permis de recenser 19 races ovines et 15 races caprines disposant de livre généalogique.

Tableau 3.1 Répartition de l'échantillon des races ovines et caprines par pays

Pays	Espèce ovine			Espèce caprine		
	Total ^b	Econogene	Echantillon	Total ^b	Econogene	Echantillon
Allemagne	56	4	3	16	2	1
Autriche	18	-	-	5	2	2
Espagne	49	6	4	24	5	5
France	95	1	1	14	4	3
Grèce	29	10	10	7	2	2
Italie	69	5	5	50	10	7
Portugal	16	1	1	6	1	1
Royaume Uni	115	4	4	12	-	-
Sous total	447	31	28	134	26	21
Autres pays ^a	176	26	-	83	21	-
Total	623	57	28	217	47	21

^a : Il s'agit de l'Albanie, l'Arabie Saoudite, l'Égypte, la Hongrie, la Jordanie, la Pologne, la Roumanie, la Suisse et la Turquie. ^b : Les chiffres ainsi indiqués font référence à la base de données de la FAO (2005).

En termes de modes de conduite, le mode d'élevage de stabulation est le plus répandu et concerne 57% des races ovines et 43% des races caprines. La transhumance intéresse 20% des races de l'échantillon. En ce qui concerne la conduite alimentaire, environ 28% des races sont conduites selon un système associant le pâturage des parcours et les fourrages. Quant au système mixte, il intéresse près du tiers des populations considérées.

En moyenne l'effectif des femelles reproductrices des races ovines est de 215.000 têtes avec une amplitude pouvant aller de 281 pour la race *Altamurana* d'Italie à 290.000 pour la race *Scottish Blackface* originaire du Royaume Uni. Pour l'espèce caprine, la taille moyenne des populations est de 280.000 femelles reproductrices sachant que près du tiers de ces populations présentent des effectifs en dessous de 1000. Les effectifs des femelles reproductrices sont très variables : leurs coefficients de variation sont de 290% et 413% respectivement pour les populations ovines et caprines.

L'échantillon englobe donc un ensemble de races qui sont différentes aussi bien sur le plan de conduite d'élevage que sur le plan des effectifs des femelles reproductrices. Ceci s'explique par le fait que, dans le cadre d'Econogene, les races ont été choisies pour répondre à d'autres objectifs en plus de l'analyse de la diversité génétique.

Tableau 3.2 Caractérisation de l'échantillon des races ovines et caprines

Caractéristiques/modalités	Ovins		Caprins		Total	
	Effectif	%	Effectif	%	Effectif	%
Origine						
- Autochtone	22	78,57	12	57,14	34	69,39
- Non autochtone	6	21,43	9	42,86	15	30,61
Répartition entre pays						
- Un seul pays	24	85,71	16	76,19	40	81,63
- Plusieurs pays	-	-	5	23,81	5	10,20
- Données manquantes	4	14,29	-	-	4	8,16
Livre généalogique						
- Présence	19	67,86	15	71,43	34	69,39
- Absence	9	32,14	6	28,57	15	30,61
Mode de conduite						
- Stabulation	16	57,14	9	42,85	25	51,02
- Transhumant	5	17,85	5	23,81	10	20,40
- Nomade	-	-	-	-	-	-
- Données manquantes	7	25,00	7	33,33	14	28,57
Conduite alimentaire						
- Pâturage et fourrage	9	32,14	5	23,81	14	28,57
- Pâturage	3	10,71	1	4,76	4	8,16
- Mixte	9	32,14	7	33,33	16	32,65
- Données manquantes	7	25,00	8	38,09	15	30,61
Effectifs femelles						
- Moins de 1.000	2	7,14	6	28,57	8	16,32
- Entre 1.000 et 5.000	10	35,71	5	23,81	15	30,61
- Entre 5.000 et 10.000	9	32,14	2	9,52	9	18,36
- Plus de 10.000	7	25,00	7	33,33	14	28,57
- Données manquantes	-	-	1	4,76	1	2,04

Source : FEZ (2004)

La collecte des échantillons d'ADN pour le marquage moléculaire a concerné, en moyenne, trois animaux (un mâle et deux femelles) appartenant à 11 exploitations agricoles pour chaque race (Ajmone Marsan et *al.*, 2005). Compte tenu des objectifs de cette thèse, il aurait été souhaitable de considérer des races à risque d'extinction. L'échantillon retenu ne constitue pas, à notre sens, un objet d'étude idéal pour la problématique de conservation dans le sens où il englobe des races dont les effectifs comptent des milliers d'animaux.

II.2 Marqueurs microsatellites

De façon générale, le polymorphisme de l'ADN peut être classé en trois types : les variations ponctuelles, les réarrangements de séquence et les variations de nombre de répétitions de séquences anonymes. Une part considérable (30 à 40%) du génome des mammifères est composée de séquences répétées. Ces dernières sont elles même classées en trois catégories : les LINES (*long interspersed elements*), les SINES (*short interspersed elements*) et les ADNs satellites. Ces derniers présentent une organisation particulière de motifs variants en taille d'un à plusieurs nucléotides et répétés un certain nombre de fois en tandem.

Empiriquement, quatre classes de séquences d'ADN satellites sont distinguées en fonction de la longueur de l'unité répétée : les satellites (des milliers de bases), les midisatellites (quelques centaines de bases), les minisatellites (quelques dizaines de base) et enfin les microsatellites (quelques nucléotides). Dans le cadre de ce travail, 30 marqueurs microsatellites ont été considérés pour caractériser la variabilité génétique des races. Ces derniers ont été choisis de façon à couvrir la majorité des chromosomes tout en veillant à considérer ceux retenus dans d'autres projets de recherche ainsi que ceux recommandés par la FAO pour analyser la diversité génétique des ovins et caprins (Ajmone Marsan et *al.*, 2005). Les listes de ces marqueurs sont reportées respectivement sur le tableau 3.3 pour le cas des ovins et sur le tableau 3.4 pour le cas des caprins.

II.3 Méthodes et analyses statistiques

La variabilité génétique au sein d'une espèce d'animaux domestiques s'analyse à deux niveaux: la variabilité entre populations et la variabilité intra-population. Ces deux niveaux complémentaires mobilisent des outils différents. L'analyse des données tirées d'étude de polymorphisme de marqueurs de types microsatellites nécessite une approche statistique particulière. Le but de cette approche est de caractériser la variabilité et la proximité génétique des populations d'intérêt.

D'une part une première analyse statistique nous renseigne sur la structure et la variabilité génétique des populations. D'autre part, des calculs de « distances génétiques » ainsi que l'application de l'algorithme de Weitzman permettent de quantifier les différences entre les populations. Cette section décrit les méthodes mobilisées pour approcher ces deux types de variabilité. Avant de présenter ces méthodes, nous allons présenter l'équilibre de Hardy-Weinberg qui sert de référence

pour comprendre les facteurs pouvant affecter les constitutions génétiques des populations.

II.3.1 Equilibre de Hardy Weinberg

Si l'équilibre des marchés, sous les hypothèses de concurrence pure et parfaite, constitue le point de départ des travaux économiques, l'équilibre de Hardy Weinberg (EHW), ou l'équilibre panmictique, reste le modèle central en génétique des populations. Ce dernier a été mis en évidence au début du XX^{ème} siècle par un mathématicien anglais, G.H. Hardy, et un médecin allemand, W. Weinberg, et stipule que « *les fréquences alléliques restent stables de génération en génération dans une population diploïde idéale et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale* ».

La notion d'équilibre dans ce modèle est soumise aux hypothèses suivantes : 1) la population est panmictique ; 2) la population est de grande taille ; 3) il ne doit y avoir ni sélection, ni mutation, ni migration ; et 4) les générations ne sont pas chevauchantes, c'est-à-dire qu'il n'y a pas de croisement entre individus appartenant à différentes générations. En vue d'illustrer les propriétés de cette loi, considérons le cas d'un locus à deux allèles (A et a) possédant respectivement des fréquences p et q où $p + q = 1$. Pour qu'un individu soit homozygote AA (ou aa), il faut qu'il ait reçu un allèle A (ou a) de ses deux parents. Sous les hypothèses mentionnées ci-dessus, ces événements se réalisent avec les probabilités :

$$P(AA) = p^2 \text{ et } P(aa) = q^2$$

Pour le cas du génotype hétérozygote (Aa), deux alternatives sont possibles : l'individu peut recevoir l'allèle A de son père et l'allèle a de sa mère et vice-versa. La probabilité d'obtenir un hétérozygote Aa est donc :

$$P(Aa) = 2pq$$

Ainsi, dans une population idéale, les proportions de l'EHW sont données par p^2 pour l'homozygote (AA), q^2 pour l'homozygote (aa) et $2pq$ pour l'hétérozygote (Aa). La fréquence maximale des hétérozygotes (Aa) est alors atteinte lorsque $p = q = 0,5$. À l'inverse, lorsque l'un des allèles est rare, presque tous les sujets disposant de cet allèle se trouvent à l'état hétérozygote. Un tel constat est généralisable à un locus avec plusieurs allèles $A_1, A_2, \dots, A_k$. Les fréquences des homozygotes $A_i A_i$ et celles des hétérozygotes $A_i A_j$ sont données par :

$$P(A_i A_i) = p_i^2; \text{ et } P(A_i A_j) = 2p_i q_j \text{ pour } i \neq j$$

En matière de conservation, l'EHW présente des implications importantes. En effet, il est possible de prédire, dans une population en EHW, les fréquences des différents génotypes à partir des seules fréquences alléliques. De plus la ségrégation mendélienne aléatoire des chromosomes préserve la variabilité génétique des populations. Puisque les fréquences alléliques demeurent stables au cours du temps, une population diploïde idéale n'évolue pas. Seules les violations des hypothèses déjà mentionnées permettent un changement des fréquences alléliques au sein de la population.

Une perturbation de l'EHW donne des indications sur la divergence génétique des populations. Celle-ci dépend de quatre facteurs évolutifs : a) la sélection⁶¹ ; b) les mutations aléatoires⁶² ; c) la dérive génétique⁶³ ; et d) le flux génique⁶⁴. Les trois premiers, considérées comme des forces « diversifiantes », peuvent provoquer, soit individuellement soit en combinaison, la différenciation des populations. Par contre, le flux génique entre populations tend à contrebalancer les processus de diversification et à produire une certaine similitude génétique parmi les populations. La conséquence de l'action des facteurs évolutifs est de faire varier le taux d'hétérozygotes de la population par rapport à l'EHW.

Dès lors, il devient intéressant de pouvoir quantifier ces écarts entre le taux d'hétérozygotes observés et le taux à l'équilibre. Empiriquement, on utilise la statistique du χ^2 pour tester si une population est en EHW. Cette statistique est basée sur la disparité des effectifs de génotypes observés aux effectifs de génotypes théoriques. Pour effectuer ces calculs, nous avons utilisé le logiciel GENEPOP V 3.1 (Raymond et Rousset, 2001).

II.3.2 Variabilité intra-population

En termes de variabilité génétique intra-population, la comparaison directe des fréquences alléliques n'est pas facile à réaliser. Toutefois, il existe des paramètres susceptibles de synthétiser, moyennant une valeur globale, les informations les plus importantes comme le nombre moyen d'allèles par locus (NMA/L) et le taux moyen

⁶¹ Au sein d'une population, la survie et/ou la reproduction différentielle de séries d'individus différents dans une caractéristique (ou plus) transmissible par héritage.

⁶² Changement dans la composition en paires de base du génome des organismes.

⁶³ Processus d'échantillonnage aléatoire des gamètes à chaque génération qui peut produire des changements dans la fréquence des allèles dans le temps. La dérive génétique est généralement plus prononcée chez les petites populations que chez les grandes populations.

⁶⁴ Mouvement des gènes entre les populations. Cela nécessite la migration des individus d'une population à une autre et la réussite subséquente de la reproduction.

d'hétérozygotie. Le NMA/L est calculé pour l'ensemble des *loci* étudiés pour chaque population. Le taux d'hétérozygotie observé (H_{obs}) est, pour chaque locus, la fréquence des génotypes hétérozygotes observés dans l'échantillon. Un taux d'hétérozygotie attendu (H_T) peut être calculé, sous l'hypothèse d'EHW, à partir des fréquences alléliques déterminées pour chaque locus à l'aide de la formule suivante :

$$H_T = 1 - \sum p_i^2$$

où p_i est la fréquence du $i^{ème}$ allèle à ce locus. Cette hétérozygotie calculée est une valeur théorique qui correspond à l'hétérozygotie de la population, en la supposant à l'EHW. Une moyenne est ensuite calculée pour chacun de ces taux, observé et attendu, pour l'ensemble des *loci*. Le taux moyen d'hétérozygotie est l'indice le plus satisfaisant de la variabilité génétique. Sa valeur numérique dépend du nombre de *loci* polymorphes et de la structure génotypique de chacun d'eux (Laliberté, 1998). Nei (1978) propose d'utiliser un estimateur non biaisé (H_{nb}), ou *diversité génique*, lorsque le nombre d'animaux testés est faible. Celle-ci est définie comme étant la probabilité de tirer, au hasard, deux allèles différents à un même locus. L'estimation non biaisée est :

$$H_{nb} = \frac{2n(1 - \sum p_i^2)}{2n - 1}$$

où n est le nombre d'individus étudiés. Les paramètres ainsi définis peuvent décrire, jusqu'à un certain niveau, la variabilité génétique des populations ainsi que celle des individus qui les composent. Certes, à l'exception d'éventuelles mutations, la variabilité génétique d'un individu demeure inchangée tout au long de sa vie. Toutefois, la constitution génétique d'une population présente une possibilité de variation dans le temps. En effet, les populations subissent des forces qui déterminent leur constitution génétique et tendent à la maintenir ou à la modifier. La conséquence de ces forces évolutives est de faire varier le taux d'hétérozygotie de la population par rapport à l'EHW. Il devient alors intéressant de pouvoir quantifier ces écarts entre l'hétérozygotie observée et celle à l'équilibre.

De plus, deux populations d'une même espèce peuvent être soumises à des facteurs évolutifs différents et voir leur constitution génétique se différencier l'une de l'autre, ce qui peut produire un effet à la fois sur les fréquences alléliques et sur la relation entre l'hétérozygotie observée et celle attendue. Les écarts par rapport à l'EHW sont quantifiés à l'aide de la statistique hiérarchique des coefficients F. Ceux-ci sont présentés dans la section suivante.

II.3.3 Structure des populations

Dans une population subdivisée, il existe trois niveaux de complexité : les individus (I), les sous-populations (S) et la population totale (T). Dans le contexte de cette recherche, les races représentent les sous-populations et l'ensemble des races représente la population totale. Wright (1978) a défini l'hétérozygotie de chacun de ces trois niveaux respectivement par les paramètres suivants : H_I , H_S et H_T . Le premier paramètre (H_I) correspond à l'hétérozygotie moyenne des individus sur l'ensemble des sous-populations. Il représente également l'hétérozygotie moyenne observée pour l'ensemble des gènes (ou *loci*) d'un individu. C'est aussi la probabilité d'hétérozygotie en un locus pris au hasard. Ainsi, si H_i est l'hétérozygotie observée dans la $i^{ème}$ sous-population, on aura alors, pour X sous-populations :

$$H_I = \sum_i^k H_i / X$$

Le second paramètre (H_S) indique l'hétérozygotie attendue par individu pour chaque sous-population (race) en la supposant à l'EHW. Il représente aussi l'hétérozygotie attendue dans une sous-population supposée à l'EHW où p_i est la fréquence du $i^{ème}$ allèle. Soit pour la $S^{ème}$ population:

$$H_S = 1 - \sum_i^k p_{i,s}^2$$

On notera H_S^* la moyenne des H_S sur les X sous populations :

$$H_S^* = \sum_S^k H_S / X$$

Enfin, le dernier paramètre H_T représente l'hétérozygotie attendue par individu, en supposant la population globale à l'EHW. En d'autres termes, c'est l'hétérozygotie attendue si toutes les sous-populations étaient regroupées en une seule unité panmictique. Si l'on note p_i^* la fréquence moyenne de l'allèle A_i sur l'ensemble des X sous-populations, on obtient :

$$H_T = 1 - \sum_i^k p_i^{*2}$$

Trois indices sont générés à partir de ces hétérozygoties : F_{IS} , F_{ST} et F_{IT} . Ces derniers mesurent l'écart de l'hétérozygotie par rapport à l'EHW à différents niveaux. Le premier indice, F_{IS} , est défini par la relation:

$$F_{IS} = \frac{H_S^* - H_I}{H_S^*}$$

Cet indice, appelé coefficient de consanguinité, mesure la réduction éventuelle de l'hétérozygotie des individus à l'intérieur de leur sous-population. En cas de consanguinité⁶⁵, cet indice est positif et indique un déficit en hétérozygotie. Evidemment, il prend la valeur zéro si les sous-populations sont à l'EHW. En revanche, s'il est négatif, les populations présentent un excès d'hétérozygotie. Entre les sous-populations et la population totale, l'effet de la subdivision est exprimé par un indice similaire :

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S^*}{H_T}$$

Ce paramètre, appelé indice de fixation, correspond à la réduction de l'hétérozygotie dans les sous-populations liée aux différences de fréquences alléliques moyennes. Cet indice renseigne sur la différenciation et l'effet de subdivision des populations. Il prend la valeur zéro lorsque toutes les sous-populations ont les mêmes fréquences alléliques et sont à l'EHW. Dans le cas contraire, l'effet Wahlund⁶⁶ implique que H_T soit plus grand que H_S^* et donc F_{ST} sera positif (Laliberté, 1998). Enfin, la réduction de l'hétérozygotie globale entre l'individu et la population globale théorique est donnée par :

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_I}{H_T}$$

Ces trois indices sont liés par la relation suivante :

$$(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$$

Si toutes les sous-populations sont bien à l'EHW, on aura $F_{IS} = 0$ et par conséquent $F_{ST} = F_{IT}$. Par ailleurs, si elles sont toutes à l'EHW et ont les mêmes fréquences alléliques, alors les trois indices seraient nuls. Dans ce cas, la division en sous-populations n'existe plus et la population globale est à l'EHW. Comme il a été souligné, l'indice de fixation F_{ST} permet de quantifier le degré de diversification génétique entre les races. D'autres indices ont été également proposés pour mesurer la distance génétique entre populations. Ces notions seront abordées dans la section suivante.

⁶⁵ Lien de parenté entre individus possédant un ou plusieurs ancêtres communs.

⁶⁶ L'effet Wahlund (1928) est une réduction de l'hétérozygotie de la population totale qui s'observe lorsqu'il existe une divergence des fréquences alléliques entre les sous-populations. Ces différences de fréquence alléliques moyennes sont généralement induites par l'effet de la dérive génétique.

II.3.4 Variabilité entre populations

Les distances génétiques quantifient les différences entre les populations. Chaque population est caractérisée par des critères (fréquences alléliques) à partir desquels on génère une seule valeur qui renseigne sur la proximité ou l'éloignement des populations. Il existe plusieurs types de distances qui se différencient par les hypothèses fondant leur construction ainsi que par les propriétés qui les caractérisent. La première question qui se pose lorsqu'on veut analyser la diversité génétique entre populations est celle du choix d'une mesure de distance.

a. Distances utilisées

Dans le cadre de ce travail, les distances génétiques entre paires de races ont été calculées selon l'approche classique basées sur les fréquences alléliques dans chaque race en retenant la distance de Reynolds (1983) et la distance de Nei (1978). Chacune de ces deux distances présente des propriétés spécifiques et reste appropriée pour un modèle particulier d'évolution. La distance de Reynolds a été conçue en supposant qu'une population ancestrale s'est subdivisée en plusieurs populations qui ont divergé sous l'effet de la dérive génétique. La distance de Nei considère un modèle mutation-dérive et elle est destinée à mesurer le nombre moyen de différences de codons entre populations après leur divergence.

Ces deux distances⁶⁷ sont les plus utilisées dans les recherches sur la diversité génétique. En effet, selon les investigations de Baumung⁶⁸ et *al.* (2004), 74% des recherches (toutes espèces confondues) ont utilisé la distance de Nei et 30% d'entre elles ont eu recours à la distance de Reynolds. Pour l'espèce ovine, ces chiffres sont de 62% et 31% ; alors que pour l'espèce caprine, les pourcentages s'élèvent à 82% et 27% respectivement pour les deux distances. La distance de Reynolds (1983) entre deux populations X et Y dans le cas d'un seul locus est donné par l'expression suivante (Eding & Laval, 1999):

$$D_R = \frac{1}{2} \frac{\sum_i (x_i - y_i)^2}{1 - \sum_i x_i y_i}$$

⁶⁷ Une discussion sur les propriétés de ces deux distances est fournie à la section IV.3 du chapitre V.

⁶⁸ Il s'agit d'une synthèse de près de 80 travaux de recherche sur la diversité génétique des RGAs.

où x_i et y_i sont les fréquences du $i^{ème}$ allèle dans les populations X et Y . Cette distance, connue aussi sous l'appellation coefficient de coancestralité, mesure la divergence des populations due à la dérive génétique. Nei (1972, 1978) a défini différentes mesures de distances génétiques. L'utilisation de ces distances se justifie par leur signification biologique.

En effet, ces distances sont basées sur la probabilité d'identité des gènes et donc sont étroitement associées à la définition du coefficient de parenté. Elles ont toutes comme base l'identité génétique normalisée (I) qui correspond à la probabilité que deux allèles pris au hasard dans chacune de deux populations soient identiques, par rapport à la probabilité que deux allèles pris dans la même population soient identiques. L'identité génétique normalisée est donnée par :

$$I = \frac{J_{XY}}{\sqrt{(J_{XX}J_{YY})}}$$

où J_{XX} (J_{YY}) est la probabilité que deux allèles choisis de façon aléatoire de la population X (Y) soient identiques ; et J_{XY} est la probabilité que deux allèles soient identiques lorsque l'un est tiré de la population X et l'autre de la population Y . Pour le cas de deux populations X et Y avec r loci et m allèles par locus, les paramètres définissant l'identité I sont :

$$J_{XX} = \frac{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^r x_{ij}^2}{r}; \quad J_{YY} = \frac{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^r y_{ij}^2}{r}; \quad \text{et} \quad J_{XY} = \frac{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^r x_{ij}y_{ij}}{r}$$

x_{ij} est la fréquence du $i^{ème}$ allèle au niveau du $j^{ème}$ locus de la population X ; y_{ij} est la fréquence du $i^{ème}$ allèle au niveau du $j^{ème}$ locus de la population Y . La distance génétique standard (D_N) de Nei (1972) est ensuite calculée comme le logarithme naturel négatif de l'identité génétique normalisée (I) :

$$D_N = -\ln \left[\frac{J_{XY}}{\sqrt{(J_{XX}J_{YY})}} \right]$$

Cette formulation stipule que si les populations sont totalement similaires, c'est à dire présentant les mêmes allèles avec les mêmes fréquences ($J_{XX} = J_{YY} = J_{XY}$), on aura alors $D_N = 0$. Si elles sont totalement différentes (n'ayant aucun allèle en commun), alors cette distance est indéfinie. Dans le cas particulier où la distance de Nei est égale à 0,60 ; ceci signifie que 0,60 substitutions alléliques par locus (ou 60 substitutions pour 100 loci) sont survenues au cours de l'évolution séparées des deux populations. Toutefois, cet estimateur initial de la distance standard de Nei est biaisé quand les tailles

d'échantillon sont petites. Pour cette raison, nous avons opté pour la formulation non biaisée de Nei (1978). Ces distances ont été calculées moyennant le logiciel Genetix (Belkhir *et al.* 1998).

b. Dissemblance génétique

Dans le contexte de conservation d'un ensemble de races (S), l'approche de Weitzman permet de générer, à partir des distances génétiques entre les races de l'ensemble, une fonction de diversité ($V(S)$), d'une part, et d'évaluer la contribution relative de chaque race à la diversité globale de l'ensemble. La contribution relative (CR_k), d'une race (k), à la diversité de l'ensemble ($V(S)$) indique la part de réduction de la diversité globale suite à l'extinction de la race en question :

$$CR_k = \frac{[V(S) - V(S|k)]}{V(S)}$$

où $V(S|k)$ désigne l'ensemble S sans la race k . Ce paramètre renseigne sur le degré de dissemblance (originalité génétique) de chaque race de l'ensemble considéré. La contribution relative pourrait être assimilée au concept de diversité marginale dans le cas particulier d'un contexte déterministe ou l'on suppose que les probabilités d'extinction des races de l'ensemble sont toutes nulles (SanCristobal *et al.*, 2003). Les diversités des ensembles des deux espèces ovines et caprines ainsi que les contributions relatives de chaque race ont été calculées moyennant un programme informatique conçu par Simianer (2001). Ce dernier, écrit en langage Fortran 77, se compose de trois sous-programmes (figure 3.3).

Le premier sous-programme utilise une matrice de distances génétiques entre paires de races, comme input, pour calculer les diversités de toutes les combinaisons possibles de races. Il génère également une mesure de la diversité de l'ensemble ainsi que les contributions relatives de chaque race. Les diversités marginales, calculées pour chaque race, sont données par le second sous-programme qui emploie les résultats du premier sous-programme (diversités des combinaisons possibles) et un vecteur des probabilités de survie.

Enfin, le dernier sous-programme combine les résultats issus des deux premiers sous-programmes, en plus des données sur les budgets de conservation, pour générer une solution optimale d'allocation des ressources financières de conservation selon une approche itérative. Les résultats présentés dans ce chapitre se limitent aux outputs du premier sous-programme. Les résultats du second sous-programme (diversités

marginales) sont présentés au chapitre V. Le sous-programme 3 n'a pas été utilisé dans le cadre de cette thèse.

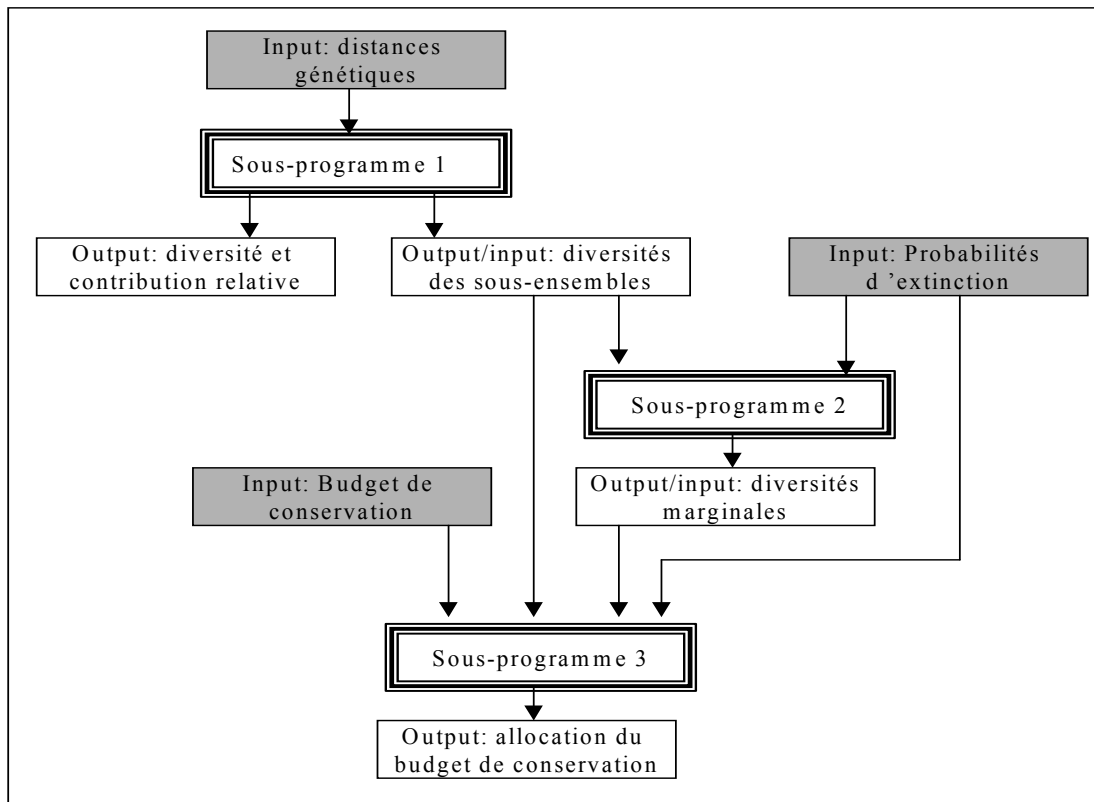


Figure 3.3 Structure d'ensemble du programme informatique conçu pour calculer la diversité génétique selon l'approche Weitzman (Simianer, 2001)

III. Résultats

III.1 Variabilité intra-race

III.1.1 Cas des ovins

Chez les ovins, les 30 microsatellites considérées se sont révélées être tous polymorphes dans les 28 races. Au total, 496 allèles distincts ont été détectés à travers les trente *loci* analysés, soit une moyenne de 16,53 allèles par locus, sachant que 30% des *loci* présentent plus de 20 et uniquement deux *loci* disposent de moins de 10 allèles par locus. Le maximum, enregistré au niveau du locus MAF214, est de 29, alors que le minimum est observé au locus SR-CRSP-05 qui ne compte que six allèles distincts (tableau 3.3). Le nombre moyen d'allèles par locus et par race est de 7,49 et varie de 5,7

pour la race *Grey Heath* à 8,83 pour la race *Orino* (tableau 3.5). Neuf parmi les vingt-huit races considérées (soit 32%) présentent un NMA/L supérieur à 8, alors qu'il ne dépasse pas 7 pour huit races de l'échantillon. Les résultats ont permis de recenser 35 allèles « privés », présents dans une race à l'exclusion de toute autre race, répartis entre 20 populations de l'échantillon. La race *Orino* dispose à elle seule de 4 allèles privés. L'hétérozygotie observée est en moyenne (toutes races confondues) de 0,67 avec un coefficient de variation de 5,4%. Elle oscille entre 0,59 et 0,72 respectivement pour les races originaires d'Italie *Altamura* et *Gentile Di Puglia*.

Etant donné le faible nombre d'animaux qui constitue l'échantillonnage de chacune des races, il est préférable de considérer l'hétérozygotie attendue non biaisée. En effet, puisque celle-ci varie selon le nombre d'allèles détectés, elle peut être sous évaluée si l'échantillonnage est trop faible (Laliberté, 1998). L'estimateur non biaisé de l'hétérozygotie attendue oscille dans un intervalle allant de 0,63 pour la race allemande *Grey Heath* à 0,76 pour la race portugaise *Churra Bragançana*. Pour toutes les races ovines, les taux d'hétérozygotie attendue dépassent ceux de l'hétérozygotie observée avec des écarts⁶⁹ qui varient de 2,44% pour le cas de la race *Exmoor Horn* à 15,15% pour la race *Altamura*. L'équilibre de Hardy Weinberg a été vérifié à différents niveaux : par locus pour chaque race, par locus pour l'ensemble des races et par race au niveau de tous les *loci* pris globalement. L'hypothèse nulle (H_0) suppose que la population est en équilibre, alors que l'hypothèse alternative (H_a) considère que la population est en déséquilibre. Le niveau de risque d'erreur retenu est 1%. Ainsi, pour tous niveaux de probabilité (P) dépassant le seuil défini, on accepte l'hypothèse nulle (H_0) et on considère que les différences entre les proportions observées et attendues sont dues au hasard.

Sur le tableau 3.3 sont reportés les effectifs de races à l'EHW pour chaque locus ainsi que la signification des tests globaux effectués pour toutes les populations. Ces derniers se sont révélés non significatifs (NS) au niveau de 12 *loci* et hautement significatifs (HS) au niveau des autres *loci*. A l'échelle des populations, les tests effectués ont montré que les deux races originaires de Grande Bretagne (*Exmoor Horn* et *Scotish Blackface*) sont à l'équilibre. Pour les autres populations, bien qu'elles soient à l'EHW pour certains *loci*, les tests globaux se sont manifestés hautement significatifs stipulant ainsi leur déséquilibre par rapport à la loi de Hardy Weinberg. Toutefois, d'autres études (Peter et al., 2006) semble indiquer que l'impact de ce facteur est minime.

⁶⁹ Les écarts ainsi indiqués ont été calculés comme suit : $((H_{nb}-H_{obs})/H_{nb})*100$.

Tableau 3.3 Nombre d'allèles par locus (N.A), nombre de populations à l'EHW (NPEHW) et indices de fixation par locus (Weir et Cockerham, 1984) : intra-race (F_{IS}), intra-ensemble de races (F_{IT}) et entre races ovines (F_{ST})

Origine/ Microsatellite	Chromosome	N.A	NPEHW	F_{IS}		F_{IT}		F_{ST}	
				Valeur	E.T	Valeur	E.T	Valeur	E.T
Bovine									
BM1329	6	14	25 ^{HS}	0,134	0,035	0,185	0,037	0,058	0,014
DYMS1	20	22	25 ^{HS}	0,076	0,021	0,138	0,023	0,067	0,011
HUJ616	13	26	28 ^{NS}	0,056	0,017	0,144	0,026	0,093	0,021
INRA063	14	24	27 ^{HS}	0,010	0,017	0,062	0,017	0,053	0,011
BM1824	1q	7	27 ^{HS}	0,031	0,019	0,077	0,025	0,048	0,014
ILSTS005	7	14	28 ^{NS}	0,042	0,019	0,095	0,023	0,056	0,011
ILSTS011	9	12	28 ^{NS}	-0,004	0,021	0,077	0,021	0,080	0,011
ILSTS028	3	22	28 ^{NS}	0,012	0,020	0,092	0,020	0,080	0,012
Caprine									
SR-CRSP-09	12	12	27 ^{NS}	0,007	0,025	0,091	0,029	0,086	0,019
SR-CRSP-05	21	6	11 ^{HS}	0,388	0,036	0,398	0,035	0,016	0,005
SR-CRSP-01	inconnu	13	26 ^{NS}	0,021	0,022	0,084	0,030	0,064	0,019
Ovine									
BM8125	17	12	26 ^{HS}	0,058	0,027	0,117	0,033	0,063	0,017
OarAE129	5	12	22 ^{HS}	0,272	0,042	0,322	0,042	0,068	0,017
OarCP34	3p	14	28 ^{NS}	0,008	0,020	0,075	0,021	0,068	0,013
OarCP38	10	13	24 ^{HS}	0,117	0,040	0,180	0,041	0,072	0,017
OarFCB128	2p	12	22 ^{HS}	0,150	0,034	0,200	0,031	0,059	0,013
OarHH47	18	20	24 ^{HS}	0,130	0,019	0,198	0,026	0,078	0,019
OarVH72	25	10	27 ^{NS}	0,046	0,020	0,110	0,023	0,066	0,013
MAF65	15	13	28 ^{NS}	0,038	0,017	0,090	0,019	0,053	0,012
OarFCB20	2q	19	27 ^{HS}	0,021	0,018	0,062	0,016	0,041	0,009
OarJMP58	26	19	25 ^{HS}	0,063	0,021	0,126	0,024	0,067	0,017
OarJMP29	24	25	27 ^{HS}	0,027	0,023	0,078	0,026	0,052	0,011
MAF70	4	25	27 ^{HS}	0,023	0,017	0,082	0,019	0,060	0,010
MAF209	17	16	24 ^{HS}	0,092	0,024	0,135	0,024	0,048	0,010
OarFCB304	19	24	26 ^{HS}	0,062	0,026	0,141	0,031	0,084	0,018
MAF214	16	29	27 ^{NS}	0,066	0,024	0,119	0,023	0,057	0,012
MAF33	9	15	28 ^{NS}	-0,022	0,019	0,074	0,028	0,094	0,023
MCM140	6	17	28 ^{NS}	0,042	0,018	0,091	0,018	0,051	0,011
OarFCB226	2	16	25 ^{HS}	0,038	0,021	0,096	0,022	0,060	0,011
MCM527	5	13	11 ^{HS}	0,347	0,032	0,391	0,029	0,068	0,013
Moyenne	-	16,53	-	0.075 ^a		0.134 ^a		0.063 ^a	
Multilocus				[0,048 ; 0,109] ^b		[0,109 ; 0,165] ^b		[0,058 ; 0,069] ^b	

N.A : Nombre d'allèles. NPEHW : Nombre de population à l'équilibre de Hardy Weinberg. E.T : Ecart type. ^a : Moyennes sur tous les *loci*. ^b : Intervalles de confiance à 95% par 1000 *bootstraps* sur les *loci*. HS : hautement significatif. NS : Non significatif.

Tableau 3.4 Nombre d'allèles par locus (N.A), nombre de populations à l'EHW (NPEHW) et indices de fixation par locus (Weir et Cockerham, 1984) : intra-race (F_{IS}), intra-ensemble de races (F_{IT}) et entre races caprines (F_{ST})

Origine/ Microsatellite	Chromosome	N.A	NPEHW	F_{IS}		F_{IT}		F_{ST}	
				Valeur	E.T	Valeur	E.T	Valeur	E.T
Bovine									
BM6444	14	40	12 ^{HS}	0,316	0,034	0,355	0,033	0,057	0,012
DRBP1(MHCII)	5	19	13 ^{HS}	0,374	0,047	0,428	0,046	0,087	0,015
ETH10	10	5	28 ^{NS}	0,011	0,036	0,071	0,040	0,060	0,021
ILSTS005	14	8	25 ^{HS}	0,082	0,043	0,145	0,044	0,068	0,020
ILSTS011	3	10	25 ^{HS}	0,097	0,049	0,167	0,050	0,078	0,016
ILSTS029	28	9	23 ^{HS}	0,122	0,051	0,244	0,048	0,139	0,040
ILSTS087	3	11	26 ^{NS}	0,013	0,027	0,119	0,028	0,107	0,020
INRA023	18	13	27 ^{NS}	0,006	0,020	0,052	0,020	0,047	0,010
INRA63	18	6	25 ^{HS}	0,070	0,039	0,128	0,034	0,062	0,015
INRABERN185	26	12	27 ^{NS}	0,022	0,037	0,073	0,034	0,052	0,018
INRABERN172	17	13	27 ^{HS}	0,125	0,033	0,191	0,043	0,075	0,020
TGLA53	16	15	27 ^{NS}	0,052	0,029	0,114	0,032	0,066	0,014
Caprine									
SRCRSP13	12	16	26 ^{HS}	0,066	0,048	0,152	0,056	0,091	0,022
SRCRSP9	Inconnu	15	27 ^{HS}	0,066	0,050	0,103	0,050	0,039	0,009
SRCRSP15	Inconnu	8	25 ^{NS}	0,086	0,032	0,115	0,031	0,032	0,008
SRCRSP23	10	18	28 ^{NS}	0,024	0,020	0,104	0,021	0,082	0,015
SRCPS3	21	9	20 ^{HS}	0,171	0,065	0,231	0,054	0,073	0,018
SRCRSP5	6	11	24 ^{HS}	0,163	0,038	0,239	0,041	0,090	0,027
SRCRSP7	Inconnu	5	19 ^{HS}	0,333	0,027	0,366	0,031	0,049	0,015
SRCRSP8	Inconnu	14	28 ^{NS}	0,050	0,024	0,147	0,027	0,103	0,022
Ovine									
CSRD247	23	12	28 ^{NS}	0,037	0,024	0,112	0,034	0,078	0,020
MAF209	15	4	25 ^{NS}	0,074	0,062	0,091	0,059	0,018	0,008
MAF65	CHI4	24	27 ^{NS}	0,041	0,024	0,076	0,023	0,036	0,009
McM527	25	11	24 ^{HS}	0,122	0,035	0,187	0,029	0,074	0,015
OarAE54	2	15	27 ^{HS}	0,089	0,046	0,142	0,047	0,058	0,012
OarFCB20	17	10	28 ^{NS}	0,014	0,028	0,070	0,030	0,056	0,014
OarFCB48	20	12	26 ^{HS}	0,061	0,051	0,128	0,047	0,071	0,016
P19	Inconnu	15	13 ^{HS}	0,319	0,035	0,369	0,033	0,073	0,015
Inconnu									
MAF70	5	16	28 ^{NS}	0,035	0,024	0,093	0,027	0,060	0,015
TCRVB6	16	18	26 ^{HS}	0,069	0,022	0,131	0,024	0,067	0,015
Moyenne Multilocus	-	13,13	-	0,108 ^a [0,073 ; 0,150] ^b		0,170 ^a [0,137 ; 0,211] ^b		0,069 ^a [0,062, 0,077] ^b	

N.A : Nombre d'allèles. NPEHW : Nombre de population à l'équilibre de Hardy Weinberg. E.T : Ecart type. ^a : Moyennes sur tous les *loci*. ^b : Intervalles de confiance à 95% par 1000 *bootstraps* sur les *loci*. HS : hautement significatif. NS : Non significatif.

Tableau 3.5 Polymorphisme intra-race des microsatellites des 28 races ovines

Races	Code	N	Hétérozygotie		Nombre d'allèles		NLEHW	F_{IS}
			H_{nb}	H_{obs}	NMA/L	Nap		
<i>Brown Mountain</i>	DEBBS	31	0,70 (0,17)	0,65	7,07	0	27 ^{HS}	0,07
<i>Grey Heath</i>	DEGGH	31	0,63 (0,22)	0,60	5,70	0	27 ^{HS}	0,05
<i>Rhoensheep</i>	DERHO	31	0,71 (0,18)	0,62	6,23	1	27 ^{HS}	0,12
<i>Thones et Marthod</i>	FRTHM	31	0,72 (0,18)	0,68	7,20	0	29 ^{HS}	0,04
<i>Anogeiano</i>	GRANO	31	0,74 (0,18)	0,69	8,33	1	28 ^{HS}	0,06
<i>Kalarritiko</i>	GRKAL	31	0,75 (0,16)	0,67	8,17	2	27 ^{HS}	0,11
<i>Karagouniko</i>	GRKAR	31	0,76 (0,16)	0,71	8,77	1	28 ^{HS}	0,07
<i>Kefalleneas</i>	GRKEF	31	0,74 (0,16)	0,72	8,07	1	30 ^{HS}	0,03
<i>Kymi</i>	GRKIM	31	0,76 (0,15)	0,66	8,27	1	28 ^{HS}	0,13
<i>Lesvos</i>	GRLES	31	0,75 (0,15)	0,71	7,93	0	29 ^{HS}	0,05
<i>Orino</i>	GRORI	31	0,75 (0,17)	0,68	8,83	4	26 ^{HS}	0,10
<i>Pilioritiko</i>	GRPIL	31	0,73 (0,13)	0,65	7,90	2	30 ^{HS}	0,11
<i>Sfakia</i>	GRSFA	31	0,72 (0,14)	0,66	7,83	3	28 ^{HS}	0,07
<i>Skopelos</i>	GRSKO	31	0,69 (0,13)	0,63	6,33	0	29 ^{HS}	0,09
<i>Altamura</i>	ITALT	31	0,69 (0,17)	0,59	6,50	0	29 ^{HS}	0,15
<i>Bergamasca</i>	ITBER	31	0,73 (0,14)	0,69	7,40	2	28 ^{HS}	0,06
<i>Gentile Di Puglia</i>	ITGDP	31	0,76 (0,15)	0,72	7,97	1	28 ^{HS}	0,05
<i>Delle Langhe</i>	ITLAN	31	0,67 (0,20)	0,62	6,10	2	28 ^{HS}	0,09
<i>Laticauda</i>	ITLAT	31	0,73 (0,18)	0,70	7,40	3	28 ^{HS}	0,04
<i>Churra Bragançana</i>	PTCHU	30	0,76 (0,13)	0,69	8,47	1	28 ^{HS}	0,09
<i>Colmenarena</i>	ESCLM	31	0,71 (0,19)	0,63	7,60	1	29 ^{HS}	0,12
<i>Manchega</i>	ESMCG	31	0,72 (0,15)	0,67	7,77	2	28 ^{HS}	0,06
<i>Rubia del Molar</i>	ESRBM	31	0,69 (0,15)	0,66	6,90	1	29 ^{HS}	0,05
<i>Segurena</i>	ESSGR	31	0,75 (0,15)	0,69	8,70	2	29 ^{HS}	0,08
<i>Exmoor Horn</i>	GBEXH	31	0,66 (0,17)	0,64	6,13	0	30 ^{NS}	0,02
<i>Scottish Blackface</i>	GBSBF	31	0,71 (0,13)	0,69	7,03	1	30 ^{NS}	0,03
<i>Swaledale</i>	GBSDL	31	0,70 (0,16)	0,65	6,47	0	28 ^{HS}	0,07
<i>welsh Mountain</i>	GBWMT	31	0,75 (0,12)	0,70	8,73	3	29 ^{HS}	0,07
Moyenne	-	-	0,72	0,67	7,49	1,250	-	0,07

N : nombre d'échantillon d'ADN ; H_{nb} : hétérozygotie attendue non biaisée ; H_{obs} : hétérozygotie observée ; NMA/L : nombre moyen d'allèles par locus ; Nap : nombre d'allèles privés ; $NLEHW$: nombre de locus à l'équilibre de Hardy Weinberg (au seuil de 1% avec correction de Bonferroni); F_{IS} : indices de fixation intra-race de Weir et Cockerham (1984) calculés après 5000 permutations des allèles à l'intérieur de chaque population. Les chiffres entre parenthèses sont des écarts type. HS : hautement significatif. NS: Non significatif.

Les valeurs du F_{IS} pour chaque race (tableau 3.5) sont toutes positives suggérant ainsi un déficit en hétérozygotes chez toutes les races ovines. Les moyennes des indices de fixation sont reportées sur le tableau 3.3. La structuration des populations dans son ensemble en sous-populations est révélée par l'indice F_{ST} . Les résultats obtenus montre que le F_{ST} varie de 0,016 pour le locus SR-CRSP-05 à 0,094 pour le locus MAF33.

Le programme Genetix calcule également une valeur globale de F_{ST} en tenant compte de tous les *loci*. Cette valeur, en moyenne de 0,063, oscille dans un intervalle de confiance, de 95% déterminé grâce à un *Bootstrap*, compris entre 0,058 et 0,069. On notera ainsi une légère différenciation observée chez les races ovines étudiées. Sur l'ensemble des *loci*, le coefficient de consanguinité (F_{IS}) est de 0,108 et varie de 0,017 pour le locus MAF65 à 0,042 pour le locus OarAE129. Finalement, la valeur de F_{IT} qui a été calculée est de 0,134, ce qui indique un déficit global d'hétérozygotes de 13,4% en tenant compte des 28 races réunies.

III.1.2 Cas des caprins

Chez les caprins, l'hétérozygotie attendue (non biaisée) varie de 0,59 pour le cas de la race *Orobica* à 0,75 pour le cas de la race *Greek Goat*, alors que l'amplitude de variation de l'hétérozygotie observée oscille entre 0,47 (*Pyrenean*) et 0,68 (*Argentata Etna*). Les moyennes pour tous les *loci* et toutes les races, qui sont de 0,67 pour l'hétérozygotie attendue et 0,60 pour celle observée, restent inférieures à celles enregistrées chez les populations ovines (tableau 3.6). Les trente marqueurs microsatellites utilisés ont permis d'identifier 394 allèles distincts, soit une moyenne de 13,13 allèles par locus (tableau 3.4). En moyenne, le NMA/L s'élève à 6,74 avec une amplitude de variation allant de 5,23 (*Orobica*) à 8,70 (*Greek Goat*). Le nombre total d'allèles privés (*Nap*) est de 38 répartis entre 16 races. Trois races, *Payoya*, *Skopelos* et *Greek Goat* disposent de plus de 42% de ces allèles rares.

Comme pour le cas des ovins, l'hétérozygotie attendue est supérieure à l'hétérozygotie observée. Toutefois, les écarts observés entre ces deux paramètres sont plus prononcés chez les populations caprines en comparaison avec les populations ovines. L'écart moyen est d'environ 11% et varie de 4,40 pour la race *Tauernschecken* à 29% pour la race *Pyrenean*. Pour ce qui est du coefficient de consanguinité (F_{IS}), il est de l'ordre de 0,11 en moyenne pour les 21 populations caprines suggérant ainsi un déficit en hétérozygotes supérieur à celui observé chez les races ovines. C'est la race *Pyrenean* qui révèle le plus fort déficit en hétérozygotes ($F_{IS}=0,30$) suivie de loin de la

race *Verata* ($F_{IS}=0,15$), tandis que la race *Tauernschecken*, avec un coefficient de consanguinité de 0,04, présente le plus faible taux de ce déficit.

Globalement, toutes les populations caprines ne sont pas à l'EHW pour les trente *loci* considérés. Toutefois, pour certains *loci*, certaines populations sont à l'équilibre. A titre d'exemple, la population *Pintzgauer* s'est révélée à l'équilibre pour 28 *loci* (tableau 3.6) mais le test global, prenant en compte les 30 marqueurs s'est révélé hautement significatif. A l'échelle des *loci*, 12 parmi 30 ont manifesté un déséquilibre par rapport à la loi de Hardy Weinberg (tableau 3.4).

Tableau 3.6 Polymorphisme intra-race des microsatellites des 21 races caprines

Races	Code	N	Hétérozygotie		Nombre d'allèles		$NLEHW$	F_{IS}
			H_{nb}	H_{obs}	NMA/L	Nap		
<i>Pintzgauer</i>	ATPIZ	31	0,67 (0,19)	0,63	6,73	2	29 ^{HS}	0,05
<i>Tauernschecken</i>	ATTAS	31	0,66 (0,20)	0,63	5,27	0	29 ^{HS}	0,04
<i>Thuringian forest</i>	DETWZ	31	0,66 (0,17)	0,63	6,10	0	28 ^{HS}	0,05
<i>Florida</i>	ESFLR	31	0,69 (0,19)	0,63	7,27	2	26 ^{HS}	0,08
<i>Guadarrama</i>	ESGDR	31	0,68 (0,22)	0,59	7,70	0	27 ^{HS}	0,13
<i>Malaguena</i>	ESMLG	31	0,70 (0,19)	0,66	7,37	1	27 ^{HS}	0,06
<i>Payoya</i>	ESPY	30	0,68 (0,20)	0,60	6,77	5	27 ^{HS}	0,11
<i>Verata</i>	ESVRT	31	0,65 (0,23)	0,55	6,90	1	27 ^{HS}	0,15
<i>Corsican</i>	FRCOR	30	0,66 (0,19)	0,59	6,90	2	27 ^{HS}	0,11
<i>Pyrenean</i>	FRPYR	30	0,67 (0,31)	0,47	6,03	1	20 ^{HS}	0,30
<i>Rove</i>	FRROV	31	0,63 (0,18)	0,57	6,47	2	29 ^{HS}	0,10
<i>Greek goat</i>	GRGRG	30	0,75 (0,19)	0,67	8,70	6	29 ^{HS}	0,10
<i>Skopelos</i>	GRSKO	31	0,70 (0,20)	0,64	6,73	5	28 ^{HS}	0,08
<i>Argentata Etna</i>	ITARG	31	0,74 (0,15)	0,68	8,20	3	28 ^{HS}	0,08
<i>Bionda Adamello</i>	ITBIO	31	0,68 (0,19)	0,61	6,60	2	29 ^{HS}	0,11
<i>Girgentana</i>	ITGIR	30	0,66 (0,15)	0,57	5,70	0	26 ^{HS}	0,13
<i>Grigia molisana</i>	ITGMO	31	0,72 (0,16)	0,63	7,47	2	28 ^{HS}	0,13
<i>Orobica</i>	ITORO	31	0,59 (0,21)	0,53	5,23	0	28 ^{HS}	0,09
<i>Sarda</i>	ITSAR	31	0,70 (0,16)	0,61	7,37	2	27 ^{HS}	0,12
<i>Valdostana</i>	ITVAL	31	0,65 (0,17)	0,58	5,97	1	29 ^{HS}	0,11
<i>Brava</i>	PTBRA	30	0,64 (0,19)	0,56	6,07	1	29 ^{HS}	0,13
Moyenne	-	-	0,67	0,60	6,74	1,81	-	0,11

N : nombre d'échantillon d'ADN ; H_{nb} : hétérozygotie attendue non biaisée ; H_{obs} : hétérozygotie observée ; NMA/L : nombre moyen d'allèles par locus ; Nap : nombre d'allèles privés ; $NLEHW$: nombre de locus à l'équilibre de Hardy Weinberg (au seuil de 1% avec correction de Bonferroni) ; F_{IS} : indices de fixation intra-race de Weir et Cockerham (1984) calculés après 5000 permutations des allèles à l'intérieur de chaque population. Les chiffres entre parenthèses sont des écarts type. HS : hautement significatif. NS : Non significatif.

Les deux indices de fixation (F_{IS} et F_{ST}) du tableau 3.4 expriment respectivement la consanguinité intra-race et la différenciation des populations, prenant en compte les 21 races caprines de l'étude. Les valeurs du F_{IS} reproduisent les mêmes tendances que celles générées pour chaque race. Notons cependant des valeurs exceptionnellement élevées

qui dépassent le seuil de 0,30 pour les *loci* DRBP1 (MHCII), SRCRSP7, P19, et BM6444.

Les indices F_{ST} montrent une individualisation des populations caprines similaire à celle obtenue pour les races ovines. A l'exception des *loci* ILSTS029, ILSTS087 et SRCRSP8, on relève une variation assez modérée du F_{ST} entre les autres marqueurs puisqu'il oscille entre 0,018 (MAF209) et 0,091 (SRCRSP8). Globalement, près de 7% de la variabilité génétique totale est affectée à la structuration entre les 21 populations caprines, alors 93% de cette variabilité est attribué à la diversité intra-race.

III.2 Variabilité entre race et dissemblance génétique

III.2.1 Cas des ovins

Sur le tableau 3.7 sont reportées les distances génétiques entre les paires de races ovines. Les distances de Nei montrent que la race DEGGH est la plus éloignée de l'ensemble des autres races. Les trois plus grandes distances sont enregistrées entre cette race et les races GBSDL (497), ITLAN (490) et GRSKO (480). Ce constat est confirmé par les distances de Reynolds qui enregistrent leur niveau maximum pour les paires de races DEGGH-ITLAN (187), DEGGH-GBSDL (180) et DEGGH-GRSKO (178). Les plus petites valeurs sont obtenues pour les couples originaires de la Grèce GRORI-GRKAR et GRANO-GRSFA respectivement selon Nei et Reynolds.

Sur la base de ces matrices de distances, l'application de l'algorithme proposé par Weitzman (1992, 1993) a permis de mesurer la diversité de l'ensemble constitué des 28 populations ovines, d'une part, et de quantifier la perte de diversité causée par l'extinction d'une population de l'ensemble d'autre part. Ainsi, la mesure de la diversité de Weitzman des 28 races ovines considérées s'élèvent à 4,541 selon la distance de Nei et à 1,592 selon la distance de Reynolds (tableau 3.8).

Il est à constater que la distance de Reynolds est sensiblement plus discriminante que celle de Nei 78 à l'égard des contributions relatives des différentes races : celles-ci varient de 0,57% à 9,62% selon la distance de Nei et de 0,43 à 10,10% selon la distance de Reynolds. En termes d'originalité génétique, la race allemande DEGGH occupe la première place. La part de diversité qui serait perdue suite à l'extinction de cette race est évaluée à 9,62 et 10,10% respectivement selon les distances de Nei et Reynolds. La seconde place est partagée entre les races GRSKO et UKEXH. Ainsi, selon la distance de Nei, la race GRSKO occupe la seconde place et UKEXH la troisième place, alors que

selon la distance de Reynolds, c'est l'inverse qui est observé. Les races GRKAR, GRANO, GRORI et ESSGR sont les moins différenciées sur le plan génétique. Leur contribution relative ne dépasse guère 1% aussi bien selon la distance de Nei que de Reynolds.

III.2.2 Cas des caprins

Pour ce qui est de l'espèce caprine, les plus petites distances sont enregistrées entre les populations espagnoles ESMLG et ESGDR aussi bien pour les distances de Nei que celles de Reynolds (tableau 3.9). Les deux plus grandes distances sont observées entre le couple ATTAS-ITORO selon la distance de Reynolds et le couple ATTAS-FRPYR selon la distance de Nei. La race autrichienne ATTAS est la plus éloignée des autres populations selon les deux distances considérées. Les mesures de diversités de Weitzman des 21 populations considérées sont de 2,986 sur la base de la distance de Nei et de 1,309 sur la base de la distance de Reynolds (tableau 3.10). Selon la distance de Nei, les contributions relatives oscillent entre 0,53% pour la race ESGDR et 9,67% pour la race FRPYR, tandis que sur la base de la distance de Reynolds, elles varient de 0,45% pour la race ESGDR à 12,06% pour la race ITORI.

Globalement, les races les plus distinctes sont DETWZ, ITGIR, ATTAS, et FRPYR dont les contributions individuelles dépassent 8% selon les distances de Nei et de Reynolds. Par ailleurs, la race ITORO occupe la première place selon la distance de Reynolds en contribuant à hauteur de 12,06% à la diversité de l'ensemble, alors que selon la distance de Nei, sa contribution ne s'élève qu'à 7,76 et occupe la cinquième place dans le classement des races. A l'autre extrémité, se trouvent les races ESGDR, ESMLG et GRGRG qui contribuent par moins de 2% à la diversité de l'ensemble selon les deux types de distances.

Tableau 3.7 Distances génétiques entre les 28 races ovines. Au dessus de la diagonale : distance de Nei. Au dessous de la diagonale : distance de Reynolds.

	DEBBS	DEGGH	DERHO	FRTHM	GRANO	GRKAL	GRKAR	GRKEF	GRKIM	GRLES	GRORI	GRPIL	GRSFA	GRSKO	ITALT	ITBER	ITGDP	ITLAN	ITLAT	PTCHU	ESCLM	ESMCG	ESRBM	ESSGR	GBEXH	GBSBF	GBSDL	GBWMT
DEBBS		443	262	206	165	165	111	192	202	161	146	181	178	337	194	143	212	256	235	175	237	197	247	135	304	220	283	169
DEGGH	165		480	397	312	354	302	335	355	298	276	332	351	480	350	366	291	490	370	324	316	379	464	266	332	313	497	282
DERHO	91	173		291	269	234	227	249	231	215	197	276	307	307	292	206	240	324	296	195	303	232	317	188	382	236	285	216
FRTHM	73	149	97		205	194	144	209	204	151	141	210	219	363	193	163	142	225	247	155	209	202	235	127	236	218	322	131
GRANO	57	120	86	67		135	81	89	128	87	60	117	<u>26</u>	196	122	90	97	181	121	92	158	158	241	73	258	172	259	111
GRKAL	55	128	73	61	41		62	76	97	95	48	64	137	214	162	132	122	202	195	110	210	196	259	104	314	183	237	106
GRKAR	39	113	71	47	25	18		61	91	38	<u>26</u>	50	95	206	119	73	89	212	126	108	146	132	192	68	247	169	241	93
GRKEF	65	126	80	68	29	23	19		111	90	42	81	94	217	144	113	96	208	154	102	181	176	236	108	340	201	251	126
GRKIM	65	127	72	63	38	27	26	33		73	62	107	136	221	158	148	115	282	190	140	201	183	229	118	310	205	242	131
GRLES	55	114	70	50	28	29	11	29	21		40	69	88	187	119	84	92	201	128	103	152	137	192	77	242	148	241	97
GRORI	50	106	64	46	19	13	<u>7</u>	13	17	12		55	75	174	122	78	59	179	130	80	121	140	206	60	235	158	209	71
GRPIL	62	125	88	68	37	19	15	26	32	22	17		114	186	181	123	117	234	171	150	204	204	229	99	314	201	322	135
GRSFA	64	135	100	74	<u>9</u>	44	31	32	43	30	25	38		213	151	118	111	183	155	137	156	191	240	93	313	223	311	139
GRSKO	117	178	107	120	69	72	69	75	73	65	60	65	77		298	229	243	290	261	251	334	271	385	215	449	323	389	230
ITALT	72	139	101	70	44	55	42	51	53	43	43	63	55	107		136	115	204	194	115	202	185	240	116	223	178	254	147
ITBER	51	135	69	55	30	40	23	37	44	27	24	40	40	79	49		95	186	158	104	169	124	203	68	258	158	238	109
ITGDP	69	110	75	47	30	35	26	30	33	28	17	36	36	80	41	30		199	127	62	106	123	176	55	258	151	208	90
ITLAN	97	187	116	85	68	73	76	76	95	74	66	85	70	110	81	70	72		252	210	249	248	319	180	343	219	259	159
ITLAT	80	138	95	81	40	59	40	50	57	41	41	55	53	90	68	52	40	92		113	194	142	216	71	314	169	293	152
PTCHU	58	119	62	50	28	31	30	31	38	30	23	44	44	81	40	32	18	74	35		147	125	192	38	190	141	228	78
ESCLM	83	125	100	72	53	66	48	60	63	51	40	67	55	113	73	57	36	93	66	47		190	188	103	264	208	320	129
ESMCG	70	143	79	69	53	61	43	58	57	45	45	66	65	94	67	42	40	92	49	40	66		208	74	261	173	246	134
ESRBM	90	174	109	84	82	84	65	81	75	67	70	79	85	133	89	71	61	119	76	65	69	75		143	298	267	318	164
ESSGR	47	104	62	43	23	31	20	34	34	24	18	31	31	73	41	22	17	67	24	11	35	25	51		190	110	212	50
GBEXH	117	145	139	93	97	110	91	120	108	91	88	113	117	162	92	97	94	137	115	73	103	101	118	74		218	331	152
GBSBF	78	125	82	75	58	59	55	66	64	50	52	67	76	111	66	54	50	84	58	46	72	61	95	38	88		166	110
GBSDL	99	180	99	108	86	76	78	83	77	79	69	103	104	131	92	80	68	99	97	73	107	85	112	71	126	62		184
GBWMT	57	108	69	43	34	31	27	39	37	30	21	41	45	77	51	34	27	60	48	22	43	44	57	15	62	38	62	

Toutes les distances ont été multipliées par 1000. Les deux plus grandes distances sont en caractères gras et les deux plus faibles en italiques et soulignées.

Tableau 3.8 Contributions absolues (CA) et contributions relatives (CR) des 28 races ovines à la diversité de l'ensemble selon les distances de Nei et Reynolds

Perte de race (Q)	Distance de Nei, 1978 (N)			Distance de Reynolds, 1983 (R)			Moyenne (A+B)/2	Classement ^d [N; R]
	R.A ^a	C.A ^b	C.R ^c	R.A ^a	C.A ^b	C.R ^c		
	V(S/Q)	$\Delta V = V(S) - V(S/Q)$	$\Delta V/V(S)$ (A)	V(S/R)	$\Delta V = V(S) - V(S/Q)$	$\Delta V/V(S)$ (B)		
Aucune	4,541	0,000	0,000	1,592	0,000	0,000	-	-
DEBBS	4,313	0,228	5,021	1,514	0,078	4,916	4,969	[8 ; 8]
DEGGH	4,104	0,437	9,623	1,431	0,161	10,109	9,866	[1 ; 1]
DERHO	4,256	0,285	6,276	1,493	0,099	6,191	6,233	[4 ; 5]
FRTHM	4,335	0,205	4,514	1,521	0,071	4,438	4,476	[9 ; 9]
GRANO	4,515	0,026	0,573	1,583	0,009	0,553	0,563	[27 ; 26]
GRKAL	4,477	0,064	1,409	1,573	0,019	1,212	1,311	[21 ; 21]
GRKAR	4,515	0,026	0,573	1,585	0,007	0,435	0,504	[27 ; 28]
GRKEF	4,460	0,081	1,784	1,566	0,026	1,653	1,718	[18 ; 18]
GRKIM	4,446	0,095	2,092	1,562	0,030	1,903	1,997	[17 ; 16]
GRLES	4,482	0,059	1,299	1,574	0,018	1,126	1,213	[22 ; 22]
GRORI	4,513	0,028	0,617	1,585	0,007	0,455	0,536	[26 ; 27]
GRPIL	4,468	0,073	1,608	1,569	0,023	1,415	1,511	[20 ; 19]
GRSFA	4,487	0,054	1,189	1,574	0,018	1,107	1,148	[23 ; 23]
GRSKO	4,185	0,356	7,840	1,483	0,109	6,858	7,349	[2 ; 3]
ITALT	4,380	0,161	3,546	1,527	0,065	4,093	3,819	[12 ; 11]
ITBER	4,424	0,117	2,577	1,556	0,036	2,270	2,423	[15 ; 15]
ITGDP	4,467	0,074	1,630	1,570	0,022	1,381	1,505	[19 ; 20]
ITLAN	4,282	0,259	5,704	1,493	0,099	6,211	5,957	[6 ; 4]
ITLAT	4,378	0,163	3,590	1,543	0,049	3,070	3,330	[11 ; 13]
PTCHU	4,491	0,050	1,101	1,578	0,013	0,847	0,974	[24 ; 24]
ESCLM	4,353	0,188	4,140	1,526	0,066	4,130	4,135	[10 ; 10]
ESMCG	4,399	0,142	3,127	1,544	0,048	3,013	3,070	[14 ; 14]
ESRBM	4,286	0,255	5,616	1,499	0,093	5,828	5,722	[7 ; 6]
ESSGR	4,503	0,038	0,837	1,581	0,011	0,668	0,753	[25 ; 25]
GBEXH	4,230	0,311	6,849	1,459	0,133	8,341	7,595	[3 ; 2]
GBSBF	4,386	0,155	3,413	1,533	0,059	3,682	3,548	[13 ; 12]
GBSDL	4,260	0,281	6,188	1,500	0,092	5,784	5,986	[5 ; 7]
GBWMT	4,446	0,095	2,092	1,563	0,029	1,827	1,959	[16 ; 17]

^a: Réduction absolue de la diversité suite à l'extinction d'une race. ^b: Contribution absolue de la race Q à la diversité de l'ensemble S. La perte de la race Q engendre une réduction de V(S) évaluée à ΔV . ^c: Contribution relative de chaque race donnée par $\Delta V/V(S)$. ^d: Classements des races en fonction de leur contribution relative selon les deux distances Nei (N) et Reynolds (R).

Tableau 3.9 Distances génétiques entre les 21 races caprines. Au dessus de la diagonale : distance de Nei (1978). Au dessous de la diagonale : distance de Reynolds (1983).

	ATPIZ	ATTAS	DETWZ	ESFLR	ESGDR	ESMLG	ESPY	ESVRT	FRCOR	FRPYR	FRROV	GRGRG	GRSKO	ITARG	ITBIO	ITGIR	ITGMO	ITORO	ITSAR	ITVAL	PTBRA
ATPIZ		200	201	215	164	132	201	190	126	200	149	97	143	139	99	210	168	174	124	132	167
ATTAS	88		315	272	266	265	297	280	277	347	295	214	279	241	185	259	282	333	302	300	296
DETWZ	87	129		238	199	190	231	223	215	297	268	202	250	187	171	260	207	243	211	248	228
ESFLR	87	109	96		79	65	111	114	142	227	191	151	229	109	165	236	161	231	114	230	141
ESGDR	70	108	84	33		<u>16</u>	53	<u>39</u>	97	129	148	81	153	91	81	219	80	180	87	179	58
ESMLG	55	104	77	26	<u>6</u>		68	52	88	122	129	78	136	83	105	213	77	189	56	173	70
ESPY	84	120	96	46	23	28		90	141	185	179	130	189	153	113	235	137	219	121	211	88
ESVRT	84	120	98	51	17	24	41		154	153	194	130	209	162	116	259	146	203	130	219	90
FRCOR	57	116	93	61	43	38	62	70		179	143	77	140	85	130	185	81	234	63	196	128
FRPYR	84	136	119	89	54	49	76	68	76		194	169	220	201	172	284	191	294	184	231	143
FRROV	71	130	119	85	68	59	82	92	69	88		129	174	153	146	215	143	222	134	225	158
GRGRG	39	81	76	54	32	28	49	54	33	63	57		54	56	79	167	57	172	93	137	151
GRSKO	60	109	98	86	61	52	74	87	59	86	77	20		126	156	241	116	240	149	210	186
ITARG	55	90	72	41	36	30	57	65	36	73	66	<u>17</u>	45		96	133	63	230	65	161	145
ITBIO	43	79	72	66	34	42	47	52	56	70	67	30	61	37		207	91	145	140	108	111
ITGIR	91	111	110	96	92	86	98	112	82	116	99	66	97	54	87		168	332	175	285	249
ITGMO	66	106	80	60	32	29	53	61	34	73	63	19	43	21	35	68		216	93	189	142
ITORO	92	158	122	113	92	95	109	106	118	139	118	85	115	106	76	157	103		228	220	194
ITSAR	51	116	84	45	35	21	49	56	27	72	61	33	57	24	55	72	34	109		202	134
ITVAL	61	127	107	95	78	73	91	98	88	98	105	56	87	65	48	122	77	114	83		187
PTBRA	77	128	102	64	27	33	41	44	61	65	78	63	80	62	51	111	61	104	59	87	

Toutes les distances ont été multipliées par 1000. Les deux plus grandes distances sont en caractères gras et les deux plus faibles en italiques et soulignées.

Tableau 3.10 Contributions absolues (CA) et contributions relatives (CR) des 21 races caprines à la diversité de l'ensemble selon les distances de Nei et Reynolds

Perte de Race (Q)	Distance de Nei, 1978 (N)			Distance de Reynolds, 1983 (R)			Moyenne (A+B)/2	Classement [N; R]
	R.A ^a	C.A ^b	C.R ^c	R.A ^a	C.A ^b	C.R ^c		
	V(S/Q)	$\Delta V = V(S) - V(S/Q)$	$\Delta V/V(S)$ (A)	V(S/R)	$\Delta V = V(S) - V(S/Q)$	$\Delta V/V(S)$ (B)		
Aucune	2,986	0,000	0,000	1,309	0,000	0,000		
ATPIZ	2,865	0,121	4,0522	1,256	0,052	3,974	4,013	[10; 11]
ATTAS	2,699	0,287	9,6115	1,168	0,140	10,708	10,159	[2; 2]
DETWZ	2,740	0,246	8,2384	1,191	0,118	9,008	8,623	[4; 3]
ESFLR	2,811	0,175	5,8607	1,229	0,079	6,052	5,956	[7; 7]
ESGDR	2,970	0,016	0,5358	1,303	0,006	0,455	0,495	[21; 21]
ESMLG	2,957	0,029	0,9712	1,298	0,010	0,774	0,872	[20; 20]
ESPY	2,898	0,088	2,9471	1,268	0,041	3,121	3,033	[13; 14]
ESVRT	2,902	0,084	2,8131	1,266	0,042	3,235	3,024	[14; 13]
FRCOR	2,917	0,069	2,3108	1,269	0,039	2,984	2,647	[15; 15]
FRPYR	2,697	0,289	9,6785	1,199	0,109	8,358	9,018	[1; 5]
FRROV	2,812	0,174	5,8272	1,231	0,077	5,920	5,873	[8; 8]
GRGRG	2,932	0,054	1,8084	1,292	0,017	1,297	1,552	[19; 19]
GRSKO	2,812	0,174	5,8272	1,231	0,077	5,889	5,858	[8; 9]
ITARG	2,919	0,067	2,2438	1,289	0,019	1,468	1,855	[16; 18]
ITBIO	2,887	0,099	3,3155	1,265	0,043	3,308	3,311	[12; 12]
ITGIR	2,727	0,259	8,6738	1,198	0,110	8,406	8,539	[3; 4]
ITGMO	2,923	0,063	2,1098	1,285	0,023	1,765	1,937	[17; 17]
ITORO	2,754	0,232	7,7696	1,151	0,158	12,067	9,918	[5; 1]
ITSAR	2,923	0,063	2,1098	1,285	0,023	1,785	1,947	[17; 16]
ITVAL	2,787	0,199	6,6644	1,210	0,098	7,515	7,089	[6; 6]
PTBRA	2,879	0,107	3,5834	1,252	0,057	4,319	3,951	[11; 10]

^a : Réduction absolue de la diversité suite à l'extinction d'une race. ^b : Contribution absolue de la race Q à la diversité de l'ensemble S. La perte de la race Q engendre une réduction de V(S) évaluée à ΔV . ^c : Contribution relative de chaque race donnée par $\Delta V/V(S)$. ^d : Classements des races en fonction de leur contribution relative selon les deux distances Nei (N) et Reynolds (R).

IV. Discussion

Les microsatellites sont des marqueurs neutres et sont utilisées dans 90% des recherches traitant de la diversité génétique (Baumung et *al.*, 2004). Aussi, des experts de la FAO reconnaissent que les distances génétiques mesurées à travers les microsatellites ne permettent pas de capturer les conséquences de la sélection touchant aux caractères morphologiques, économiques et de *fitness*, et recommandent leur utilisation comme guide préliminaire dans les décisions de conservation.

Le recours aux marqueurs microsatellites pour le cas des RGAs suppose que l'ampleur de la différenciation observée au niveau des *loci* reflète l'importance de la différenciation de caractères soumis aux processus de sélection tels que les caractères d'adaptabilité, de *fitness* et économique (Barker, 2001). Ollivier et *al.* (2004) souligne que les gènes neutres (microsatellites) pourraient voir leur comportement influencé par la sélection appliquée à des gènes voisins à travers l'effet d'entraînement. Le même auteur suggère que dans ce cas, on s'attendra à une corrélation entre la diversité des marqueurs microsatellites et celle des gènes de caractères quantitatifs (QTL), surtout si les marqueurs sont proches des gènes sélectionnés.

Toutefois, aucun lien direct n'a été trouvé dans ce sens. En effet, des travaux de recherche ont mis en évidence une relation de type triangulaire entre les indices de distance génétique estimés à partir des données moléculaires et les indices de distance phénotypiques générés moyennant des caractères génétiques quantitatifs (Vanhala et *al.*, 2004 ; Burstin et Charcosset, 1997) : des distances génétiques faibles sont systématiquement associées à des distances phénotypiques faibles, alors que des distances génétiques élevées correspondent à des distances phénotypiques qui pourraient être soit faibles soit élevées.

A titre d'exemple, deux races qui se ressemblent sur le plan phénotypique pourraient être tout à fait distinctes sur le plan génétique. Cette relation peut s'expliquer par le déterminisme polygénique des caractères phénotypiques utilisés pour l'estimation des distances phénotypiques. En effet, des génotypes différents peuvent conduire à un même phénotype (Zhang, 2002). En d'autres termes, deux races peuvent présenter les mêmes caractères phénotypiques sans pour autant qu'elles soient étroitement liées génétiquement. Cela signifie que les races peuvent emprunter des itinéraires génétiques différents pour arriver à la fin à un phénotype semblable.

Eu égard à ces considérations, cette section se propose de mettre l'accent sur les deux composantes de la diversité génétique, intra- et inter-races, à travers les résultats de

ce travail ainsi qu'à travers les résultats d'autres travaux de recherche conduits sur la thématique de diversité génétique des animaux d'élevage.

IV.1 Diversité génétique intra-race

Le premier objectif de ce chapitre consistait à évaluer la variabilité génétique au moyen de 30 marqueurs microsatellites de 28 races ovines et 21 races caprines réparties dans plusieurs pays de l'Union Européenne. Il existe différents indicateurs pour caractériser la diversité intra-race : 1) le taux d'hétérozygotie ; 2) le pourcentage de *loci* polymorphes ; 3) le nombre moyen d'allèles par locus ; et 4) le déficit d'hétérozygotie. Le premier est le plus utilisé. Marchall et Brown (1975 ; cité par Barker, 2001) considèrent le nombre d'allèles par locus (richesse allélique) comme l'indicateur adéquat de la variabilité intra-population.

En outre, la taille faible de population présente un effet beaucoup plus grand sur la réduction de la richesse allélique que sur la réduction de l'hétérozygotie attendue (Nei, 1975). Ainsi, deux populations présentant les mêmes niveaux d'hétérozygotie pourraient manifester des différences significatives en termes de nombre d'allèles et par conséquent leur capacité d'évolution future. La principale limite de la richesse allélique reste sa dépendance à l'égard de la taille de l'échantillon (Brown et Weir, 1983).

Les *loci* analysés se sont révélés très polymorphes étant donné les moyennes de 16,53 et 13,13 allèles distincts détectés par locus respectivement chez les populations ovines et caprines. Les taux d'hétérozygotie observée sont en moyenne de 0,67 pour les races ovines et de 0,60 pour les races caprines. Ces niveaux de polymorphisme restent inférieurs à ceux observés chez les populations humaines ou celles des chimpanzés pour lesquelles l'hétérozygotie attendue oscille entre 0,7 et 0,9 (Garza et *al.*, 1995 ; cité par Laval et *al.*, 2000). En moyenne, le NMA/L s'élève à 7,50 pour les ovins et à 6,74 pour les caprins. Le tableau 3.11 présente, à titre comparatif, les moyennes des indicateurs de diversité intra-population issus d'autres travaux de recherche pour six espèces d'animaux domestiques.

En moyenne, la différenciation génétique (F_{ST}) entre les populations est de 6,3% pour le cas des ovins et de 6,9% pour le cas des caprins. Tous les *loci* contribuent à cette différenciation. Ces chiffres suggèrent qu'une grande part de la variabilité génétique totale est expliquée par la variation intra-population (plus de 93%) et que moins de 7% de cette variabilité est attribuée aux différences entre populations des deux espèces

considérées. Ces niveaux de différenciation génétiques restent, globalement, semblables à ceux reportés dans la littérature pour d'autres espèces.

Pour l'espèce bovine, entre populations d'origine Suisse, $F_{ST} = 9\%$ (Schmid et al., 1999) ; entre populations d'origine Belge, $F_{ST} = 3,5\%$ (Mommens et al., 1999) ; entre populations européennes, $F_{ST} = 11,2\%$ (MacHugh et al., 1998) ; entre populations d'Europe du Nord, $F_{ST} = 10,7\%$ (Kantanen et al., 2000) ; entre populations d'origine Portugaise, $F_{ST} = 9\%$ (Mateus et al., 2004) ; et entre populations Espagnoles, Portugaises et Françaises, $F_{ST} = 7\%$ (Cañon et al., 2001).

Tableau 3.11 Comparaison des résultats portant sur les indicateurs de diversité intra-race de ce travail et d'autres travaux de recherche

Espèce	Auteurs	Nr	Nmm	P.Or	hétérozygotie		NMA/L
					H_{nb}	H_{obs}	
Ovine	Ce travail	28	30	7	0,72	0,67	7,49
	Peter et al. (2006)	57	31	15	0,72	0,67	7,64
	Álvarez et al. (2005)	7	14	1	0,72	-	7,04
	Hedrick et al. (2001)	5	10	1	-	0,82	6,00
	Stahlberger et al. (2001)	8	31	1	0,71	-	-
	Diez-Tascón et al. (2000)	6	20	3	0,75	0,72	-
	Arranz et al. (1998)	5	19	1	0,76	0,74	8,12
Caprine	Ce travail	21	30	7	0,67	0,60	6,74
	Li et al. (2002)	12	26	1	0,71	0,68	6,90
	Barker et al. (2001)	11	22	1	0,53	0,42	5,04
	Saitbekova et al. (1999)	11	20	3	0,47	-	-
	Yang et al. (1999)	5	6	1	0,80	-	5,14
Bovine	Casellas et al. (2004)	11	16	1	0,66	0,65	-
	Mateus et al. (2004)	12	30	3	0,70	0,68	7,06
	Cañón et al. (2001)	18	16	3	0,67	0,62	6,48
	Hanslik et al. (2000)	6	39	5	0,48	0,46	-
	Loftus et al. (1999)	14	20	9	0,71	-	6,73
Porcine	Fang et al. (2005)	43	34	1	0,67	-	-
	Ollivier et al. (2004)	16	50	1	0,55	-	4,50
	Yang et al. (2003)	18	26	1	0,84	0,60	13,31
	Lemus-Flores et al. (2001)	12	10	1	0,66	0,46	-
	Martinez et al. (2000)	10	25	1	0,57	-	4,37
Equine	Achmann et al. (2004)	7	22	7	0,67	0,66	7,05
	Cañón et al. (2000)	13	8	1	0,78	0,72	9,20
	Cunningham et al. (2001)	4	13	1	0,68	0,65	5,87
Asine	Aranguren-Méndez et al. (2001)	5	15	1	0,65	0,54	7,2

Nr : Nombre de races ; Nmm : Nombre de marqueurs microsatellites ; P.Or : Pays d'origine des races.

En ce qui concerne l'espèce porcine, entre populations Chinoises, $F_{ST} = 18\%$ (Fan et al., 2002) ; et entre populations européennes, $F_{ST} = 27\%$ (Laval et al., 2000). Pour ce qui est des caprins, entre populations indigènes chinoises, $F_{ST} = 10\%$ (Li et al., 2002) ; et entre populations d'origine Suisse, $F_{ST} = 17\%$ (Saitbekova et al., 1999). Stahlberger-

Saitbekova et *al.* (2001) ont rapporté un niveau de différenciation de 17% chez des races ovines originaires de la Suisse. Au niveau de tous l'échantillon des ovins (57 populations dont 28 considérées dans ce travail) retenus dans le cadre d'Econogene, la différenciation génétique est estimée à 5,3% (Peter et *al.*, 2006).

Toutes les races considérées (toutes espèces confondues) présentent un déficit d'hétérozygotie. Chez les populations ovines, le déficit moyen s'élève à 0,075 ; tandis que chez l'espèce caprine, il est de l'ordre de 0,108. A l'exception des marqueurs ILST011 et MAF33 dont les coefficients de consanguinité se sont révélés négatifs (excès d'hétérozygotie), tous les autres marqueurs contribuent au déficit d'hétérozygotie observé chez les populations ovines. Chez les caprins, tous les marqueurs considérés présentent des coefficients de consanguinité positifs.

Pour les populations ovines, les marqueurs OarAE129, MCM527 et SR-CRSP-05 présentent des coefficients de consanguinité exceptionnellement élevés dont les valeurs s'élèvent respectivement à 0,272, 0,347 et 0,388. Le même constat est observé au niveau des marqueurs BM6444 ($F_{IS}=0,316$), P19 ($F_{IS}=0,319$), SR-CRSP7 ($F_{IS}=0,333$) et DRBP1 ($F_{IS}=0,374$) pour le cas des populations caprines. Mis à part le hasard, trois principaux facteurs pourraient expliquer ce déséquilibre observé. Il s'agit de facteurs génétiques, l'existence d'allèles nuls et l'effet de Wahlund (Jordana et *al.*, 2003).

En ce qui concerne les causes génétiques, il est bien connu que la consanguinité (accouplement entre un individu et ses ascendants, ses collatéraux et/ou ses descendants) modifie les fréquences génotypiques. La conséquence en est une perte de variabilité génétique au cours des générations. Le second facteur pourrait être inhérent à l'existence d'allèles nuls, allèles ne donnant lieu par PCR à aucune amplification. Une détection au niveau des amorces ou une mutation dans les séquences flanquantes du microsatellite pourraient entraîner la présence d'allèles nuls (Laliberté, 1998). Enfin, le dernier facteur fait référence à la présence de sous populations à l'intérieur de la race pouvant induire l'effet de Wahlund.

IV.2 Diversité génétique entre races

L'application de l'algorithme de Weitzman a permis de mesurer les diversités globales des échantillons des deux espèces selon les distances de Nei et de Reynolds. Les contributions relatives moyennes (toutes distances confondues) varient de 0,50% à 9,88% pour le cas des ovins et de 0,49 à 10,15% pour le cas des caprins. Il est à noter,

cependant, que les résultats escomptés, sur la base des deux distances, ne sont pas parfaitement consistants.

En effet, les niveaux de concordance des classements des races selon leurs contributions relatives sur la base des deux distances ne sont que de 46,42%, soit 10 cas sur 21 pour les caprins, et de 47,41%, soit 13 cas sur 28 pour les ovins. A titre d'exemple, la race FRPYR contribue le plus à la diversité de l'ensemble des caprins selon la distance de Nei, tandis que, selon la distance de Reynolds, elle occupe la cinquième place derrière ITORO, ATTAS, DETWZ et ITGIR. Les coefficients de corrélation entre les résultats issus des deux distances sont de 0,98 et de 0,95 respectivement pour les ovins et les caprins.

La distance de Reynolds paraît plus discriminante que celle de Nei puisque les contributions relatives oscillent entre 0,43% et 10,10% pour les ovins et entre 0,45% et 12,06% pour les caprins. Sur la base de cette distance, des arbres phylogénétiques ont été générés en appliquant la procédure proposée par Weitzman⁷⁰. Ces arbres ont la particularité de présenter des longueurs de branches qui, pour chaque race, correspondent approximativement à la diversité qui serait perdue si elle disparaissait (figures 3.4 et 3.5). Pour le cas des ovins, la race DEGGH paraît la plus originale sur le plan génétique. Son extinction engendrerait la plus grande perte de diversité, évaluée à près de 10,11%. A l'autre extrême, la race GRKAR est la moins différenciée des 28 populations ovines. Sa contribution n'est que de 0,43%, soit environ 23 fois moins que celle de la race DEGGH.

En ce qui concerne les caprins, la race ITORO, avec une contribution de 12,06%, occupe la première place, alors que la race ESGDR, dont la contribution ne dépasse guère 0,45%, vient en dernière position. Les branches des arbres présentées sur ces figures donnent des indications sur la réduction de la diversité suite à l'extinction d'une ou de plusieurs races des deux ensembles. Si, par exemple, deux races sont éteintes, on devrait s'attendre à une réduction de la diversité globale égale à la somme des contributions des deux races. Cette propriété d'additivité⁷¹ ne s'applique que dans le cas où les races sont indépendantes.

⁷⁰ La procédure adoptée pour la construction des arbres est décrite dans la section V.1.2 du chapitre I.

⁷¹ Cette propriété correspond à la métaphore, évoquée par Weitzman (1998). Celle-ci associe les populations animales à des bibliothèques et les gènes à des livres. A titre d'exemple, considérons le cas de deux bibliothèques (deux races) partageant un certain nombre de livres (allèles) en commun et disposant chacune de livres (allèles) qui lui sont spécifiques. La perte d'une bibliothèque s'accompagne d'une perte de la diversité des livres qui lui sont spécifiques ; les livres en commun étant préservés à travers l'autre bibliothèque. Toutefois, la perte simultanée des deux bibliothèques, aboutirait non seulement à la disparition des livres spécifiques à chaque bibliothèque, mais également à la perte de livres communs aux deux bibliothèques.

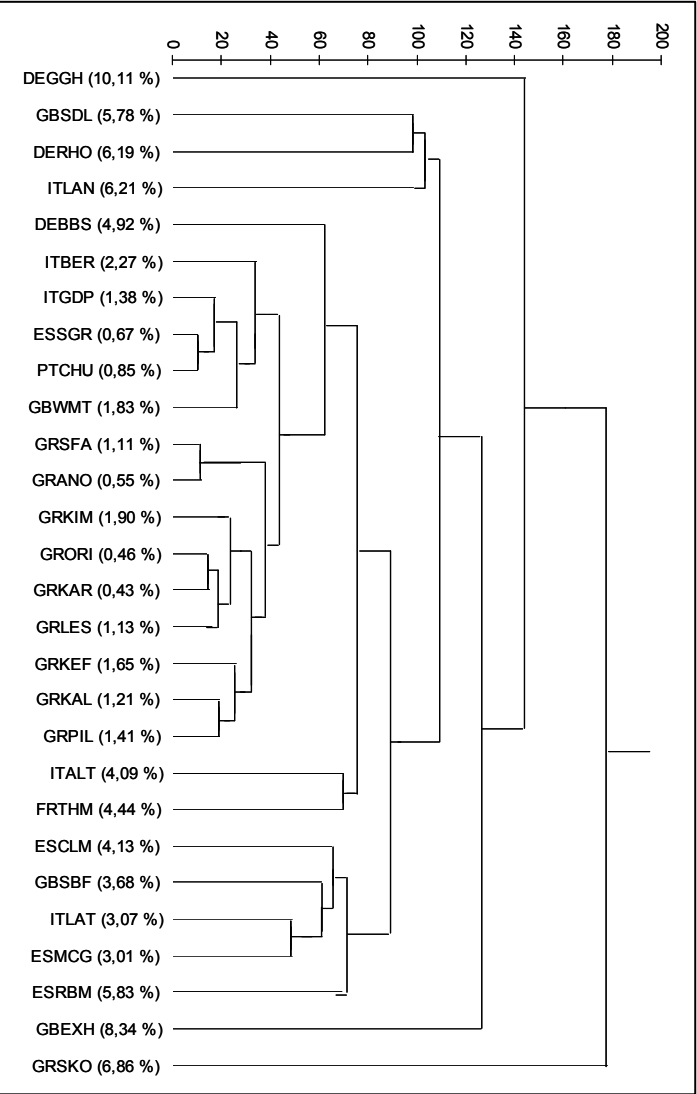


Figure 3.4 Arbre phylogénétique des 28 races ovines construit selon la méthode de Weitzman utilisant les distances de Reynolds

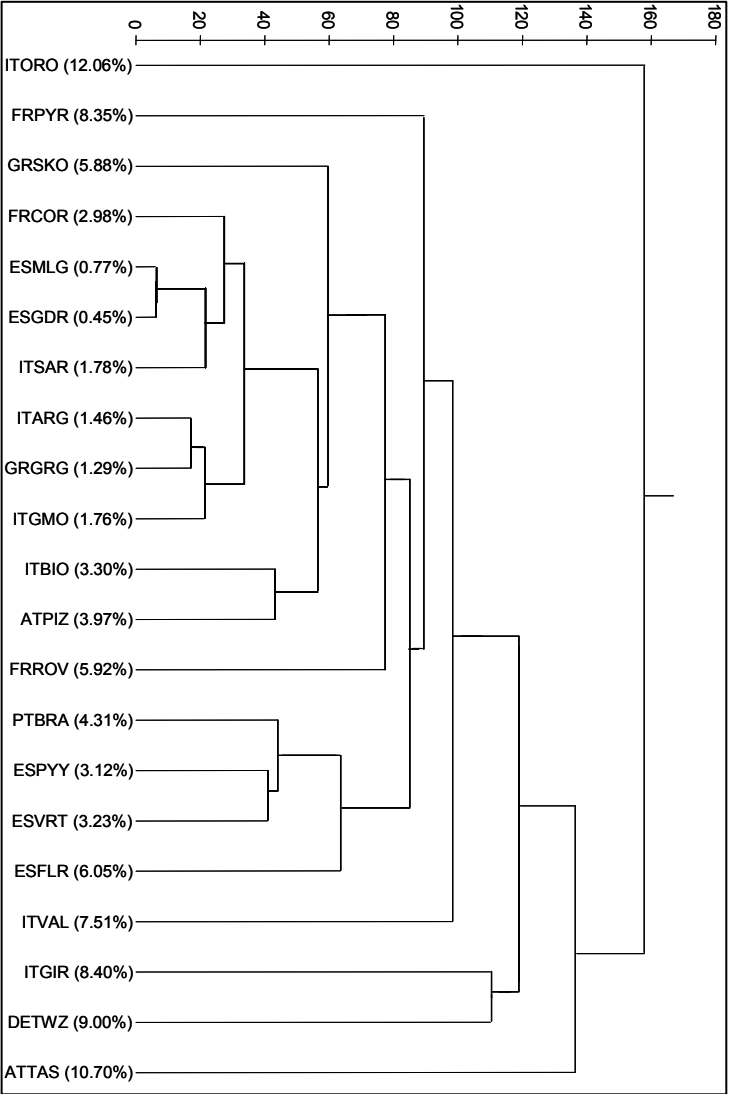


Figure 3.5 Arbre phylogénétique des 21 races ovines construit selon la méthode de Weitzman utilisant les distances de Reynolds

Toutefois, les résultats escomptés ont révélé une interdépendance entre les races de l'échantillon. Ainsi, l'extinction simultanée des races ESSGR et PTCHU produirait une perte de diversité plus élevée (2,88%) que la somme de leurs contributions individuelles (1,51%). Par conséquent, ces deux races ne peuvent pas être considérées comme indépendantes l'une de l'autre. D'autres exemples, reportés sur le tableau 3.12, confirment cette tendance.

Tableau 3.12 Illustration de l'interdépendance, en termes de diversité entre populations, entre certaines races de l'échantillon (distance de Reynolds)

Ensembles	Diversité	PE ^a	SC ^b
Cas des ovins			
- V(S)	1,592	-	-
- V(S/ESSGR-PTCHU)	1,546	2,88	1,51
- V(S/ITGDP-ESSGR- PTCHU)	1,537	3,45	2,89
- V(S/ITALT-FRTHM)	1,454	8,67	8,53
- V(S/GBSDL-DERHO)	1,393	12,50	11,90
Cas des caprins			
- V(S)	1,309	-	-
- V(S/ESMLG-ESGDR)	1,281	2,09	1,22
- V(S/ITARG-GRGRC)	1,270	2,91	2,76
- V(S/ITGMO-ITARG- GRGRG)	1,136	5,53	4,53
- V(S/ATPIZ-ITBIO)	1,208	7,67	7,28

^a: Perte de diversité (en %) suite à l'extinction simultanée des races. ^b: Somme des contributions individuelles des races (en %)

Il est à souligner que les représentations graphiques construites selon l'algorithme de Weitzman doivent être interprétées avec précaution. En effet, ces arbres représentent la diversité d'un ensemble à un moment donné et restent tributaires des modèles de divergence adoptés. L'ordre des races sur ces arbres dépend largement des facteurs évolutifs considérés comme principaux déterminants de la diversité observée (Cañon et al., 2001).

Les arbres phylogénétiques construits ont été confrontés aux résultats⁷² de la typologie des races des animaux d'élevage élaborée par la FEZ (Simon et Buchenauer, 1993). Des similitudes ont pu être identifiées entre les résultats de ce travail et les résultats de cette typologie. Pour l'espèce ovine, si l'on ne considère que les groupes disposant de trois races et plus, quatre groupes distincts ont pu être identifiés. Le premier groupe comprend 9 races (allant de GRSFA à GRPIL) qui sont toutes originaires de la Grèce.

⁷² Certes, les résultats auraient pu être enrichies par des considérations relatives à ce que l'on connaît de l'histoire de ces races, notamment les échanges qui ont pu avoir entre elles. Toutefois, compte tenu de l'indisponibilité de références traitant de ces aspects, nous nous sommes limités à une confrontation des résultats à la typologie élaborée par la FEZ.

Sept races (GRKAR, GRKEF, GRKIM, GRLES, GRORI, GRSFA et GRSKO) de ce groupe appartiennent au groupe des races de montagne et au sous-groupe *Zackel*⁷³. Ce constat laisse supposer que la proximité génétique de ces races pourrait s'expliquer par le brassage génétique entre ces différentes populations. Le second groupe, proche du premier, est composé de 6 races dont deux sont originaires d'Italie (ITBER et ITGDP), une d'Allemagne (DEBBS), une d'Espagne (ESSGR), une du Portugal (PTCHU) et la dernière du Royaume Uni (GBWMT).

La population GBWMT n'a pas fait l'objet de la typologie de la FEZ et la race PTCHU fait partie du groupe *Local Coarsewool* et du sous-groupe *Churra*⁷⁴. Pour les autres races, deux populations (DEBBS et ITBER) appartiennent au groupe de montagne (sous-groupe *Bergamasca*⁷⁵), une population (ITGDP) fait partie du groupe *Merino*⁷⁶ (sous-groupe *Italian Merino*), et la dernière population (ESSGR) appartient au groupe *Local Coarsewool*⁷⁷ (sous-groupe *Common Iberian Coarsewool*).

Le troisième groupe est formé de 5 races dont 3 populations espagnoles (ESCLM, ESMCG et ESRBM), une population italienne (ITLAT) et une population du Royaume Uni (GBSBF). Les deux populations ESCLM et ESRBM font partie du groupe *Local Coarsewool* (sous-groupe *Churra*), alors que les autres populations n'ont pas fait l'objet de la typologie FEZ. Enfin, le dernier groupe comprend trois races originaires du Royaume Uni (GBSDL), d'Allemagne (DERHO) et d'Italie (ITLAN). Les deux dernières populations appartiennent respectivement aux groupes *Heat*⁷⁸ (sous-groupe *Nordic*) et Montagne (sous-groupe *Semi Lop Eared*).

Pour le cas des populations caprines, un seul groupe présentant des similitudes avec la typologie FEZ a pu être identifié. Il s'agit du groupe constitué de sept races allant de FRCOR à ITGMO. Trois races (FRCOR, ITSAR et GRGRC) appartiennent au groupe *Southern Multicolored*, une race (ESMLG) fait partie du groupe *Malthese / Alpine / Garganica* alors que les groupes des populations (ITGMO, ITARG et ESGDR) ne sont pas définis dans la typologie de la FEZ.

⁷³ Ce type est composé de races, réparties à l'est et au sud-est de l'Europe, caractérisées par des petites tailles, non améliorées et à faible exigence alimentaire. Il est caractérisé par une laine d'habitude blanche, noire, brune ou en mélange et par de longues cornes en spirale chez les mâles et une longue et mince queue.

⁷⁴ Le type *Churra* est caractérisé par un mélange de laine.

⁷⁵ La principale caractéristique étant le fait que les apports génétiques de la race *Bergamasca* aux différentes races de ce sous-groupe sont importants.

⁷⁶ Les races *Merinos* présentent le même ancêtre et sont groupées, en fonction de leur présence géographique, en *Merino* Ibérique, *Merino* de France, *Merino* d'Allemagne et *Merino* de l'Europe de l'est.

⁷⁷ Ce groupe comprend de nombreuses races non améliorées originaires du sud de l'Europe.

⁷⁸ Ce groupe est composé de races de petites tailles à courte queue et descendant du *Mouflon* européen. Ces races se retrouvent généralement dans les zones marginales caractérisées par une végétation pauvre. Géographiquement, on les retrouve au Royaume Uni, au Nord de l'Allemagne, dans les pays Scandinaves et en Sibérie.

IV.3 Diversité intra- et inter-populations

Certes, les populations originales et présentant une variabilité interne élevée seraient prioritaires, en matière de conservation, par rapport aux populations moins différenciées et disposant de variabilité génétique faible. Cette évidence n'a pas été confirmée par les résultats de ce travail qui ont plutôt suggéré que des arbitrages doivent être opérés afin de concilier entre les notions de diversité intra- et entre populations. En effet, pour l'espèce ovine, la population DEGGH s'est manifestée comme étant la plus originale. Sa contribution moyenne (toutes distances confondues) à la diversité s'élève à 9,86%, soit environ 20 fois plus grande que celle associée à la race GRKAR qui ne dépasse guère 0,5%. Cependant, en termes de variabilité génétique intra-population, la race DEGGH occupe l'avant dernière position du classement selon l'hétérozygotie observée (0,59) et la dernière position selon le classement basée sur le NMA/L. Pour ce qui est de la race GRKAR, elle vient en seconde position selon le NMA/L et en quatrième position selon l'hétérozygotie observée.

Le même constat est observé chez l'espèce caprine. La population ATTAS dont la contribution relative s'élève à 10,16% (toutes distances confondues) est la plus distincte, alors que ses indicateurs de variabilité intra- sont faibles. Pour ce qui est de la race ESGDR, sa contribution relative se limite à 0,45%, occupant ainsi la dernière position. Cette race dispose de 7,7 allèles distincts par locus (3^{ème} position), mais son taux d'hétérozygotie n'est que de 0,59 (13^{ème} position). Notons aussi que les races disposant d'allèles privés contribuent peu à la diversité de l'ensemble. La race PTBRA dispose de six allèles privés mais sa contribution moyenne à la diversité de l'échantillon des caprins n'est que de 1,52%. Ce résultat reste similaire à celui généré par Petit et *al.* (1998 ; cité par Ollivier et *al.*, 2004) qui ont remarqué, à travers l'exemple de 12 populations d'arganier marocain, que la population qui contribue le plus à la diversité structurelle⁷⁹ et alléliques ne possède aucun allèles privés et que celle qui a le plus grand nombre d'allèles privés ne vient qu'en troisième position pour le critère de richesse alléliques.

Sur les figures 3.6 et 3.7 sont présentées les tendances des indicateurs de variabilité intra-population et de la variabilité inter-populations respectivement pour l'espèce ovine et caprine. Les tendances dégagées mettent en évidence ce paradoxe entre variabilité intra- et variabilité inter-populations. A ce niveau se pose alors la question d'arbitrage entre les deux composantes de la diversité génétique.

⁷⁹ Une grande distance entre deux races peut être due à la présence d'allèles originaux (ou privés) dans l'une des deux races, il s'agit donc de diversité allélique ; ou à de fortes différences de fréquences alléliques pour des allèles communs, il s'agit de diversité structurelle.

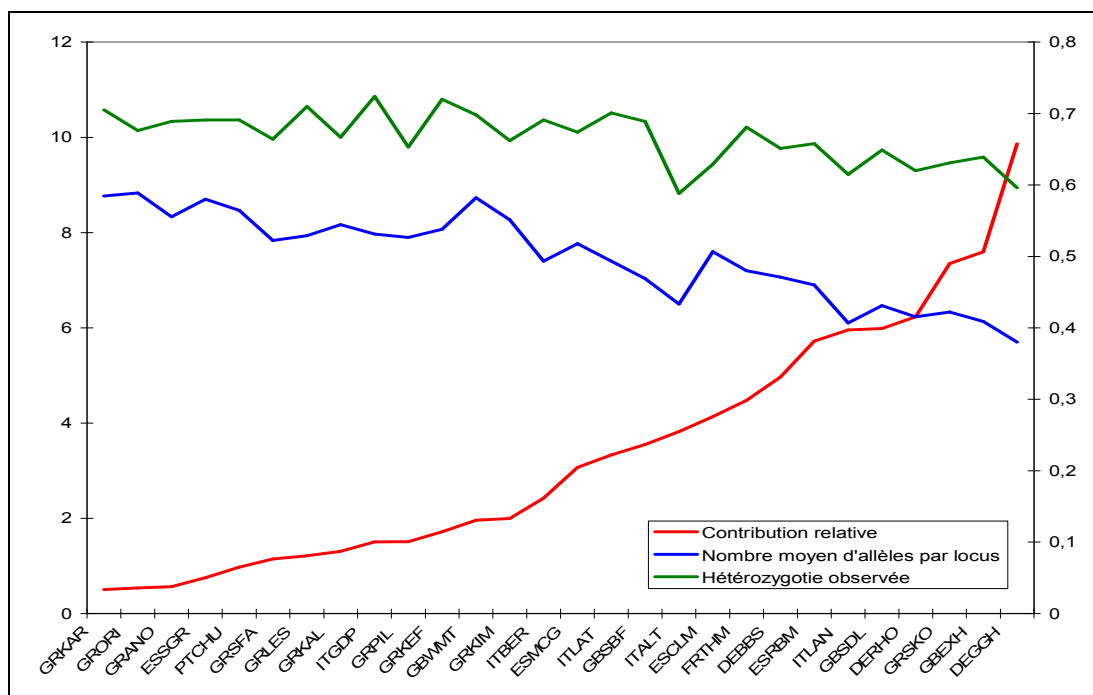


Figure 3.6 Tendances des contributions relatives, des taux d'hétérozygotie et des nombres moyens d'allèles par locus enregistrées chez les 28 populations ovines

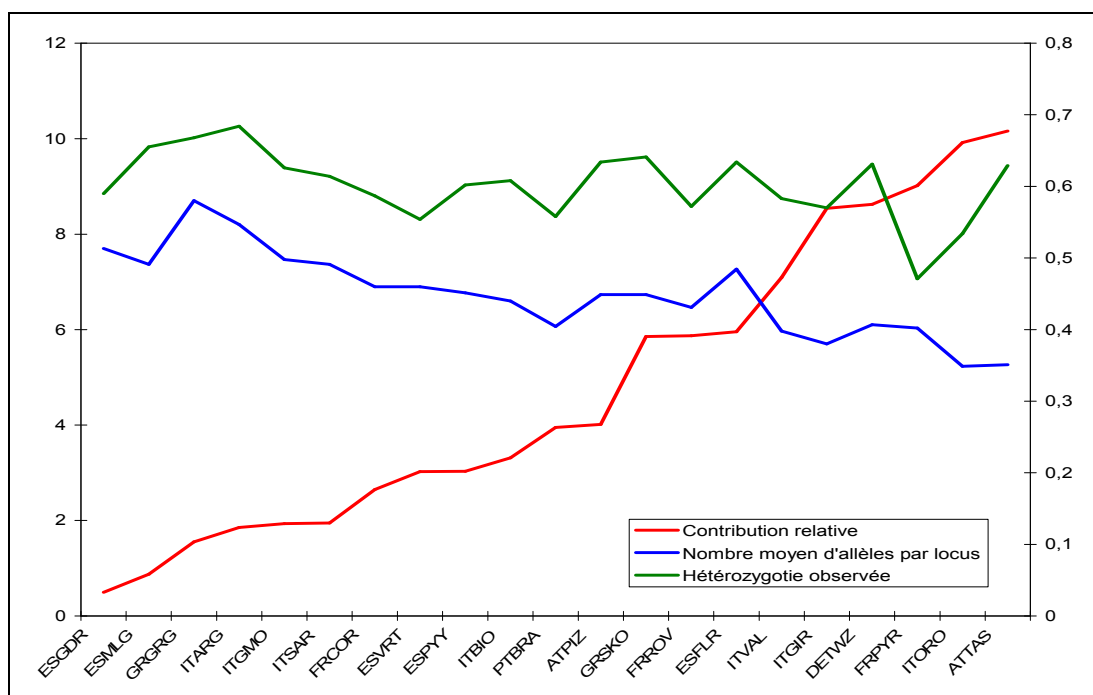


Figure 3.7 Tendances des contributions relatives, des taux d'hétérozygotie et des nombres moyens d'allèles par locus enregistrées chez les 21 populations caprines

En d'autres termes, faudrait il préserver la race allemande DEGGH qui est parue comme la plus distincte alors qu'elle se classe dernière pour ce qui de la diversité intra-, ou la race GRKAR qui est la moins originale mais qui a gardé une large part de sa diversité initiale. Ce constat a été confronté aux résultats d'autres travaux de recherche.

Le tableau 3.13 présente les coefficients de corrélation entre indicateurs caractérisant les variabilités intra- et inter-populations issus de différents travaux de recherche. A quelques exceptions, la plupart des corrélations présentées sont négatives mettant ainsi en évidence le paradoxe mentionné ci-dessus. Parmi les travaux, présentés sur ce tableau, figure celui conduit par Laval et *al.* (2000) qui a porté sur un ensemble de races porcines en provenance de six pays européens, et incluant un petit échantillon de sangliers. Les diversités génétiques, intra- et inter-populations, ont été évaluées sur la base de 18 marqueurs microsatellites typés sur un total de 467 échantillons d'ADN.

Tableau 3.13 Corrélations entre indicateurs de variabilités intra- (H_{obs} et NMA/L) et inter- populations (CR) calculées sur la base des résultats de ce travail et d'autres travaux de recherche

Références	Espèce	Nr	Nmm	Distance	Corrélation entre CR et:	
					H_{obs}	NMA/L
Ce travail	Ovine	28	30	Reynolds	-0,72	-0,93
				Nei	-0,70	-0,91
Ce travail	Caprine	21	30	Reynolds	-0,44	-0,86
				Nei	-0,42	-0,80
Ollivier et <i>al.</i> (2004)	Porcine	16	50	Reynolds	-0,70	-0,52
Barker et <i>al.</i> (2001)	Caprine	10	22	Nei	-0,14	0,26
Cañon et <i>al.</i> (2001)	Bovine	18	16	Reynolds	0,09	-0,34
Laval et <i>al.</i> (2000)	Porcine	11	27	Reynolds	-0,88	-0,84
				Nei	-0,35	-0,18

Nr : Nombre de races ; Nmm : nombre de microsatellites ; CR : Contribution relative générée selon l'approche Weitzman

Dans ce travail, les auteurs ont approché la diversité entre populations par la méthode de Weitzman et la diversité intra-population par les indicateurs conventionnels (H_{nb} , H_{obs} et NMA/L). Caballero et Toro (2002) ont repris les données de l'étude de Laval et *al.* (2000) pour mettre en évidence les limites de l'approche Weitzman qui ignore la diversité intra-population. Ces auteurs ont opté pour une démarche qui permet d'associer et de décomposer la diversité totale en trois composantes : a) la diversité à l'intérieur des individus, b) la diversité entre individus et c) la diversité génétique entre sous populations. Les deux premières composantes correspondent à la diversité à l'intérieur des sous populations. Une synthèse des résultats des deux travaux est reportée sur le tableau 3.14.

Les résultats issus des deux travaux sont différents car basés sur des indicateurs différents. Selon Laval et *al.* (2000), le porc FRBA vient en premier position selon le classement basé sur la contribution de chaque race à la diversité de l'ensemble (troisième colonne). Toutefois, il est classé dernier selon les indicateurs de diversité intra-population (première et deuxième colonne). A l'autre extrême, la race BEPI contribue le moins à la diversité de l'ensemble, mais se classe première en terme de taux d'hétérozygotie. Selon l'approche, développée par Caballero et Toro (2002), dont l'indicateur intègre la diversité intra- et inter-populations, la disparition de la race FRBA induirait plutôt une large augmentation de la diversité, tandis que la disparition de BRPI s'accompagne d'une faible augmentation de la diversité.

Tableau 3.14 Confrontation des résultats de Laval et *al.* (2000) et de Caballero et Toro (2002) sur la diversité de onze races porcines européennes

Populations	Laval et <i>al.</i> (2000)			Caballero et Toro (2002)	
	H_{obs}	NMA/L	CR (%)	Perte/Gain DGT (%)	Taille efficace
BEPI	0,60	5,33	- 3,84	- 0,80 + 1,01 = + 0,21	32.686
DKSO	0,53	5,17	- 10,56	- 0,23 - 0,22 = - 0,45	44
FRBA	0,35	3,22	- 15,22	+ 2,62 - 1,95 = + 0,67	13
FRGA	0,47	4,05	- 7,90	+ 0,48 + 0,12 = + 0,60	28
FRLI	0,43	3,70	- 10,78	+ 1,34 - 0,66 = + 0,68	13
FRNO	0,50	4,28	- 9,48	+ 0,48 - 0,05 = + 0,43	33
DELR	0,54	5,61	- 11,65	- 1,23 - 1,30 = - 2,53	1.837
DESH	0,53	5,72	- 5,19	- 1,80 - 1,14 = - 2,94	128
NLLW	0,51	4,11	- 12,06	+ 0,48 - 0,58 = - 0,10	7.368
SELR	0,57	4,78	- 4,38	- 0,52 + 1,16 = + 0,64	-
SEWP	0,58	4,55	- 9,38	- 0,80 - 0,02 = - 0,82	-

BEPI : Piétrain (Belgique), DKSO : Sortbroget (Danemark), FRBA : Basque (France), FRGA : Gascon (France), FRLI : Limousin (France), FRNO : Normand (France), DELR : German Landrace (Allemagne), DESH : Schwäbisch-Hällishes (Allemagne), NLLW : Grand Yorkshire (Pays Bas), SELR : Swedish Landrace (Suède), SEWP : sanglier européen (Suède).

L'approche Weitzman reste adaptée au contexte des espèces pour lesquels les temps de divergence et les tailles de populations sont grands. Les distances utilisées (Nei) mesurent les nouveautés apportées par les mutations et permettent donc d'appréhender une très large diversité. Cependant, cette étude se place dans un cadre différent constitué de populations d'une même espèce. Les temps de divergence sont beaucoup plus courts, et les tailles de populations plus réduites.

Une grande distance entre deux races peut être due à la présence d'allèles privés dans l'une des deux populations, d'une part, ou à de fortes différences de fréquence alléliques pour les allèles communs, d'autre part. Le premier cas correspond à la diversité allélique et le second à la diversité structurelle (Ollivier et *al.*, 2004). Il est à noter qu'il est

difficile d'estimer la part qui revient aux deux diversités, allélique et structurelle, moyennant l'approche Weitzman.

Les résultats présentés ci-dessus laissent conclure qu'à l'extrême, une population consanguine ne possédant que des allèles présents dans d'autres populations se trouvera très éloignée des autres populations, et contribuera ainsi fortement à la diversité. Au-delà de ces considérations, les décisions de conservation devraient prendre en considération d'autres critères. Ces derniers se réfèrent aux autres valeurs, en plus de la variabilité génétique, que représentent les RGAs considérées comme bien quasi-public. Cette question fera l'objet du chapitre suivant.

Chapitre IV. Intégration de l'utilité moyennant la modélisation des choix multi-attributs

I. Introduction

Définir l'utilité d'une ressource génétique (une race), c'est identifier l'ensemble des biens et services dont elle est la source. Si certains de ces services sont déjà valorisés par le circuit marchand (viande, lait, laine, etc.), rien ne permet toutefois de savoir quelle est la valeur réelle attribuée aux caractéristiques d'ordre génétique, environnemental, culturel, etc. Par ailleurs, ces services peuvent être source de valeurs autres que la valeur d'usage direct. Les produits des RGAs ne représentent qu'une partie des biens et services issus de ces ressources.

Du point de vue de l'analyse économique, une ressource génétique est un bien public, dans la mesure où son patrimoine héréditaire est partagé par de nombreux bénéficiaires (Scarpa *et al.*, 2003b). Selon une logique simplifiée, l'élevage des animaux découle d'une activité de production privée, mais la race n'appartient en réalité à personne car les usages ne peuvent en être restreints ou contrôlés. Par analogie aux actifs environnementaux, les ressources génétiques animales sont à l'origine de plusieurs valeurs ou attributs qui définissent l'utilité de ces ressources. Simianer *et al.* (2003) distinguent trois composantes de cette utilité :

1. La première composante concerne la diversité génétique : les changements imprévisibles qui pourraient affecter l'environnement (changements climatiques), les conditions de marché (promotion de nouveaux produits) et/ou l'apparition de nouvelles maladies sont autant de facteurs qui plaident en faveur de la préservation de la diversité génétique intra- et inter-races.
2. La seconde composante porte sur les caractères génétiques d'intérêt qui sont aussi nombreux que variés : caractères d'adaptabilité, de résistance aux maladies, de qualité des produits, etc. La valeur d'un caractère génétique dépend de sa rareté et de la perception que l'on a de son utilité présente et/ou future.
3. Au-delà des caractéristiques particulières partagées ou réparties entre un ensemble de populations, chaque race présente d'autres caractéristiques rattachées aux rôles (environnemental, social et culturel) qui ne peuvent être assurées par d'autres.

Certes, les ressources génétiques n'ont pas de valeurs en termes absolus, il s'agit bien de leur affecter une unité de mesure afin de les rendre comparables pour les intégrer à la décision publique. Cette unité de mesure, c'est l'utilité. En fonction de l'échelle d'analyse, deux types d'approches peuvent être mobilisées pour évaluer l'utilité : approches des préférences observées⁸⁰ et approches des préférences déclarées⁸¹. Ces dernières, ont acquis une large reconnaissance dans le contexte d'évaluation des biens non marchands. La méthode d'évaluation contingente⁸² a été suffisamment utilisée pour évaluer les programmes publics axés sur des questions de l'environnement et des ressources naturelles. Celle-ci a été adoptée par Cicia et *al.* (2003) pour évaluer les bénéfices économiques d'un programme de conservation d'une race équine (*Pentro Horse*) d'Italie.

Cette méthode se base sur des enquêtes qui cherchent à apprécier le consentement que chacun serait prêt à payer pour la préservation d'un bien environnemental. Pearce et Moran (1994 ; cité par Drucker et *al.*, 2001) suggèrent que la méthode d'évaluation contingente est une alternative prometteuse pour l'évaluation de la diversité des RGAs. Elle permet d'obtenir une mesure qui comprend les valeurs d'usage direct et indirect, la valeur d'existence et éventuellement la valeur d'option ou de quasi-option, sans que ces différentes composantes puissent être véritablement individualisées. Elle reste la seule méthode qui intègre la valeur de non usage d'un bien. Toutefois, l'évaluation contingente ne permet pas d'évaluer les attributs d'une ressource, tels que les attributs génétiques d'une race.

Dans le cas des RGAs, la modélisation des choix multi-attributs (MCM) constitue un outil d'investigation plus adapté et permet de s'affranchir de cette limite (Scarpa et *al.*, 2003b). Celle-ci, aussi connue sous l'appellation analyse conjointe, a été adoptée dans le cadre de ce travail en vue d'évaluer l'utilité des RGAs, d'une part, et de tester les poids qu'accordent les enquêtés aux différents critères considérés, d'autre part. A travers cette approche, cette recherche essaye de soumettre cette problématique aux jugements d'un échantillon constitué de spécialistes qui travaillent dans des domaines attachés à la gestion des ressources génétiques animales. En plus de l'objectif global qui consiste à pondérer les critères de conservation, nous avons cherché à tester la conformité des

⁸⁰ Ces méthodes se basent sur les marchés existants pour déterminer la valeur d'un actif environnemental.

⁸¹ Elles se distinguent par le fait qu'elles permettent de révéler des valeurs qui ne peuvent être approchées par les méthodes basées sur les préférences observées.

⁸² C'est une méthode qui consiste à recueillir directement les préférences des individus (ou des ménages) pour un bien ou un service. Il est directement demandé aux répondants de déclarer ce qu'elles sont disposées à payer pour obtenir ou éviter un changement dans la fourniture d'un bien ou d'un service. Alternativement elles peuvent aussi être interrogées sur ce qu'elles sont prêtes à accepter pour renoncer à un changement ou le tolérer.

préférences des enquêtés à l'égard de ces critères selon leurs caractéristiques socioprofessionnelles.

Ce chapitre est scindé en quatre sections. La première section traite de l'approche méthodologique poursuivie. Elle présente le soubassement théorique de la MCM et la démarche empirique adoptée. La seconde section présente une caractérisation de l'échantillon et une analyse des attitudes et des opinions des enquêtés vis-à-vis de la problématique d'érosion des RGAs, d'une part, et à l'égard des critères d'éligibilité de l'Union discutés au chapitre II, d'autre part. La troisième section est consacrée aux résultats de l'analyse des préférences et la dernière est réservée à la discussion.

II. Approche méthodologique

II.1 Modélisation des choix multi-attributs

L'application de la MCM à la sphère de l'économie de l'environnement et des ressources naturelles est assez récente (Dachary-Bernard, 2004). Elle a été largement utilisée dans les domaines du *marketing* et du transport pour prédire l'importance relative qu'accordent les consommateurs aux divers attributs des biens et services de consommation (Louviere, 1992 ; Lusk et *al.*, 2003). Son usage en management environnemental a été initié au début des années 1990 (Adamowicz et *al.*, 1994 ; Adamowicz et *al.*, 1998 ; Hanley et *al.*, 1998 ; Dachary-Bernard, 2004). Pour le cas particulier des RGAs, ses applications ont porté sur les caractéristiques génétiques en vue d'orienter les schémas de sélection dans une optique de conservation par l'utilisation (Jabbar et Diedhiou, 2003 ; Scarpa et *al.*, 2003a, Scarpa et *al.*, 2003b ; Tano et *al.*, 2003).

Cette approche opère moyennant une technique d'enquête de type « *préférences déclarées* » et permet ainsi de générer une évaluation des préférences qui ne pourraient pas être approchées à travers les techniques d'enquêtes conventionnelles. Le principe de ces enquêtes consiste à placer les personnes interrogées dans une situation hypothétique et à les confronter à une série d'options fictives dont chacune se présente comme une combinaison de plusieurs attributs de la ressource étudiée. Les personnes interrogées sont invitées à déclarer leurs préférences parmi les différentes alternatives de choix proposées. L'objectif de ces enquêtes est de mesurer le poids de chaque attribut étudié dans les préférences des agents économiques, et les arbitrages qu'ils font entre attributs. Les poids des attributs peuvent alors être utilisés dans les prévisions des choix qui seraient effectuées, en réponse à une politique d'offre d'un bien donné.

La MCM présente plusieurs avantages qui permettent de s'affranchir des limites des méthodes basées sur les préférences observées. En effet, à la différence des enquêtes conventionnelles, les enquêtes de la MCM permettent : 1) de maîtriser les variations des attributs de manière à isoler leurs effets respectifs ; 2) d'étudier le comportement des usagers face à un nouveau produit ; et 3) elle est souvent développée sur la base d'échantillons relativement petits et donc à moindre coût comparativement à une enquête classique. Toutefois, sa principale difficulté est de s'assurer que les répondants indiquent réellement ce qu'ils préfèrent, c'est-à-dire minimiser les différents biais qui risquent de se produire. La levée de cette limite doit être abordée au niveau de la conception du questionnaire qui doit être clair, sans ambiguïté et présenter des situations réalistes.

II.1.1 Principe de base

La MCM est une technique d'évaluation ayant pour fondement les propriétés théoriques de la valeur fournie par Lancaster (1966) et la théorie de l'utilité aléatoire définie par McFadden (1974) et Manski (1977). Contrairement à la théorie néoclassique où les préférences sont exprimées en fonction des ressources, chaque bien ayant une utilité globale, la nouvelle théorie proposée par Lancaster (1966) suppose que l'utilité est dérivée non de la ressource, elle-même, mais plutôt de ses caractéristiques intrinsèques : *ce ne sont pas les ressources qui fournissent de l'utilité aux agents, mais plutôt leurs caractéristiques intrinsèques ou attributs sur lesquels portent les préférences.*

Le problème peut être résumé comme suit : comment expliquer les préférences d'un individu vis-à-vis de différentes ressources à l'aide des attributs ou des caractéristiques qui décrivent ces ressources ? L'objectif est de mesurer l'effet conjoint de plusieurs variables indépendantes (explicatives), sur l'ordre des valeurs prises par une variable dépendante (la préférence) à expliquer. La MCM englobe un ensemble de techniques visant à révéler les préférences des individus par des expériences de choix⁸³, le classement contingent⁸⁴, la notation contingente⁸⁵ et la comparaison par paires⁸⁶. Toutefois, ces techniques ne sont pas équivalentes et deux d'entre elles seulement

⁸³ Dans ce type d'expérience, les personnes interrogées sont invitées à choisir, parmi différentes possibilités, celles qu'elles préfèrent. Une option de référence, correspondant au *statu quo*, est généralement incluse dans chaque série de choix.

⁸⁴ Pour cette variante, il est demandé aux enquêtés de formuler leurs préférences en classant les options proposées sur une échelle d'appréciation.

⁸⁵ Elle consiste à soumettre plusieurs scénarios aux enquêtés qui sont priés de les noter séparément sur une échelle sémantique ou numérique. Cette technique n'implique pas une comparaison directe des choix alternatifs.

⁸⁶ Dans ce cas, les personnes interrogées sont invitées à choisir l'option qu'elles préfèrent dans une série de deux choix et à indiquer l'intensité de leur préférence sur une échelle numérique ou sémantique. Cette technique associe des éléments de l'expérience relative aux choix (choisir l'option préférée) et de la notation (évaluation de l'intensité de la préférence).

(expériences de choix et classement contingent) possèdent des liens étroits avec la théorie économique, ce qui permet d'interpréter les résultats comme équivalents aux valeurs marginales (Louviere et *al.*, 2000).

Dans ce travail, nous avons opté pour les expériences de choix. Celle-ci traduit la préférence d'un individu pour une ressource parmi d'autres. L'individu n'a pas le choix d'une ressource « idéale » mais doit exercer sa préférence sur des profils déterminés dont le nombre est limité. L'hypothèse implicite suppose que les individus effectuent leurs choix en fonction des attributs des ressources. Toutes les ressources ont des attributs communs qui contribuent à l'utilité. On parlera d'utilité partielle, car celle-ci n'est pas caractéristique de la ressource mais de l'attribut considéré. Les ressources ainsi décrites ont valeur de concept, l'ensemble des attributs ne décrit pas les ressources dans leur globalité mais dans ce qu'elles ont en commun.

II.1.2 Support théorique

La MCM se base, dans un premier temps, sur la théorie d'utilité aléatoire qui stipule que l'agent économique, confronté à plusieurs alternatives, choisira celle qui lui procure le maximum de satisfaction. Par ailleurs, l'originalité de cette théorie est que l'utilité, qu'un individu associe à une ressource, comprend deux parties dont l'une est observable et l'autre est stochastique. L'intégration de la composante stochastique se justifie par le fait qu'il est impossible de décrire complètement la ressource en question en fonction de certains attributs et en raison aussi des erreurs éventuelles des mesures des attributs, d'une part, et de la nature subjective des préférences des individus, d'autre part (Hanley et *al.*, 1998; Bateman et *al.*, 2004).

En termes de modélisation, l'utilité (U_{ij}), procurée par une ressource j pour un individu i qui choisit parmi n ressources, n'est pas connue, seul le choix déclaré est observé. Considérons alors V_{ij} , l'utilité estimée sur la base d'un vecteur reproduisant les caractéristiques des profils telles que perçues par le répondant. Comme V_{ij} est estimée, nous aurons potentiellement $V_{ij} \neq U_{ij}$. La différence (ε_{ij}) entre les deux quantités provient des facteurs qui influencent l'utilité, mais qui ne sont pas capturés dans V_{ij} . Il est donc possible de considérer que l'utilité (U_{ij}) s'exprime par :

$$U_{ij} = V_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

S'il est établi que l'utilité de l'individu est en partie non observable et que seule l'utilité indirecte est approchée par l'estimation, la démarche lancastérienne est également au cœur de la MCM. En effet, la MCM consiste à présenter aux enquêtés

plusieurs alternatives de choix dont chacune reflète un changement multi-attributs de la ressource évaluée. Le principe consiste à présenter deux alternatives face à une situation du *statu quo*, et cette expérience est renouvelée plusieurs fois consécutivement pour différentes alternatives ou scénarii. Les enquêtés doivent donc étudier les trois scénarii qui leurs sont proposés dans chaque ensemble (C) et faire autant de choix qu'il y a d'ensembles considérés. Pour l'individu i , l'utilité du choix j est :

$$U_{ij} = \beta' X_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad [4.1]$$

Dans cette expression, X_{ij} est le vecteur des attributs et β est un vecteur de paramètres à estimer. Cette formulation spécifie que l'utilité est une fonction linéaire des attributs. Cette hypothèse est souvent admise dans les applications empiriques de la MCM (Louviere et *al.*, 2000). Si l'individu i opte pour le choix j , on considérera que U_{ij} procure la plus grande satisfaction parmi les J utilités considérées. De fait, la probabilité que l'individu i choisisse l'option j correspond à la probabilité que l'utilité de cette option soit supérieure à celles associées à toutes les autres options :

$$P(U_{ij} > U_{ik}) \text{ pour } k \neq j$$

La probabilité de choisir une alternative j parmi celles proposées au sein de l'ensemble C de choix est donnée par l'expression suivante:

$$\begin{aligned} P(j/C) &= P[(U_j > U_k), \forall k \in C] \\ &= P[(\beta' X_j - \beta' X_k > \varepsilon_k - \varepsilon_j), \forall k \in C] \\ P(j/C) &= F(\beta' X_j) \end{aligned} \quad [4.2]$$

Ce sont les hypothèses posées quant à la distribution du terme stochastique qui détermineront la forme de la probabilité de choix, et par conséquent le modèle économétrique à considérer pour estimer la fonction d'utilité indirecte de l'agent économique. Les modèles adoptés pour estimer les coefficients de la fonction d'utilité seront explicités ultérieurement. Si la MCM présente des soubassements empruntés de la théorie d'utilité aléatoire et de la démarche multi-attributs de Lancaster, reste à pouvoir la formuler empiriquement pour permettre l'évaluation des RGAs.

II.2 Démarche empirique

La mise en œuvre de la MCM suit un protocole articulé en plusieurs étapes (tableau 4.1). Le choix des attributs est réalisé dans la première étape. Les attributs retenus sont au nombre de cinq et se rapportent à des critères reconnus judicieux en matière de conservation *in situ* des RGAs. La seconde étape a porté sur la construction d'indicateurs pour caractériser les niveaux des attributs. En fonction des données disponibles, différents indicateurs ont été mobilisés pour définir ces niveaux. Chaque attribut peut prendre trois états distincts : élevé, moyen et faible ; le niveau élevé (+) étant supposé le meilleur.

Tableau 4.1 Etapes de mise en œuvre de la méthode des choix multi-attributs

Etapes	Description
Choix des attributs	Identification des attributs pertinents des RGAs. La littérature consultée a permis de dégager cinq attributs jugés pertinents en matière de conservation des RGAs.
Détermination des niveaux des attributs	Les niveaux doivent être vraisemblables, réalistes et recouper les cartes de préférences des agents. Des groupes tests, des tests de questionnaires, des revues de la littérature et des consultations d'experts assurent une sélection des niveaux d'attributs appropriés.
Plan d'expérience	Pour des raisons d'ordre pratique, on utilise généralement des processus factoriels partiels au lieu de processus complets pour présenter un nombre réduit de combinaisons de scénarii.
Construction des ensembles de choix	Les profils identifiés lors de l'étape précédente sont alors regroupés au sein d'ensembles de choix (ou expériences) à présenter aux enquêtés.
Mesure des préférences	Notation, le classement contingent ou le choix.
Estimation économétrique	La procédure la plus souvent adoptée est la méthode du maximum de vraisemblance (probit, logit, logit conditionnel, etc.).

Source : Hanley et *al.* (2001); cité par Dachary-Bernard (2004)

Les niveaux des attributs n'ont pas d'unités de mesure, mais sont de types qualitatifs construits sur la base d'indicateurs. Au cours de la troisième étape, un plan orthogonal des modalités des attributs a été généré par le biais du programme informatique SAS. L'objectif est de ne retenir que le minimum de combinaisons nécessaires à l'étude. Quant à la quatrième étape, elle s'est orientée vers l'élaboration de l'outil d'investigation. Lors de la dernière étape, un test a été effectué auprès d'une dizaine de spécialistes en vue de valider le questionnaire avant le lancement de l'enquête.

II.2.1 Choix des attributs

Déterminer les attributs et l'échantillon d'enquête, c'est définir le cadre de l'étude. Le choix des attributs s'est fondé sur la littérature consultée. Celle-ci a permis d'identifier sept attributs jugés pertinents en matière d'élaboration de programmes de conservation *in situ* des RGAs (tableau 4.2). Il s'agit des deux attributs se rapportant à la diversité génétique (intra- et inter-populations), de quatre types de fonctions (économique, culturelle, environnementale et scientifique) et des caractéristiques spécifiques⁸⁷.

Tableau 4.2 Principaux attributs cités dans la littérature en matière de conservation des RGAs

Auteurs	Attributs	Diversité génétique		Fonctions				C.S.
		Intra	Inter	Ec.	Cu.	Ev.	Sc.	
Gandini et Villa, 2003		-	-	-	** (3)	** (3)	-	-
Mendelsohn, 2003		**	-	**	**	-	-	**
Rege et Gibson, 2003		-	**	**	**	-	-	**
Signorello et al., 2003		**	**	**	**	**	**	-
Simianer et al., 2003		**	**	**	**	**	**	**
Caballero et al., 2002		**	**	-	-	-	-	-
Barker, 2001		**	**	-	-	-	-	**
Laval et al., 2000		**	**	-	-	-	-	-
Ruane, 2000			** (3)	** (2)	** (6)	** (2)	** (2)	-
Chaiwong et al., 1999		**	**	-	-	-	-	-

Ec. : Economique ; Cu. : Culturelle ; Ev. : Environnementale ; Sc. : Scientifique ; C.S. Caractéristique spécifique. *** : critère ainsi indiqué est cité ; - : critère ainsi indiqué n'est pas cité. Les chiffres entre parenthèses représentent le nombre de niveaux considérés pour caractériser les attributs.

Ces dernières sont aussi nombreuses que variées. Selon une pré-enquête, conduite auprès des associations de races, objet de ce travail, il s'est avéré difficile d'intégrer des critères qui relèvent des caractéristiques spécifiques d'importance compte tenu de l'hétérogénéité des deux échantillons de races ovines et caprines considérés⁸⁸. Par ailleurs, la fonction scientifique n'a pas été maintenue en raison du manque d'indicateurs pour la caractériser.

⁸⁷ Les caractéristiques spécifiques concernent les caractères génétiques qui portent sur des aspects de reproduction, de production et/ou d'adaptabilité des races à des environnements spécifiques.

⁸⁸ Une caractérisation des races retenues est donnée sur le tableau 3.2 du troisième chapitre.

Les attributs restants sont donc au nombre de cinq. Selon Miller (1956, cité par Meyer-Waarden, 2005), le nombre d'attributs pouvant être traité convenablement par la mémoire à court terme du cerveau humain est de sept plus ou moins deux, soit entre 5 et 9. D'autres auteurs suggèrent que six (ou moins) est préférable pour éviter que la tâche cognitive demandée à l'interviewé ne soit trop complexe (Green et Srinivasan, 1990). A titre d'exemple, Sy et *al.* (1997) ont considéré six attributs, de deux à trois niveaux, pour analyser les préférences de trois types d'opérateurs intervenant dans la filière de production de viande bovine au Canada.

Tableau 4.3 Attributs retenus pour approcher l'utilité des RGAs

Attributs	Valeur équivalente	Origine/description
Dissemblance génétique	Valeur d'option ou quasi option	- Originalité des RGAs - Dotation d'allèle unique et spécifique
Diversité intra-race	Valeur d'option ou quasi option	- Taux de variabilité génétique - Survie à long terme des populations
Fonction économique	Valeur d'usage direct	- Caractéristiques de productivité ou de qualité (lait, viande, laine, etc.)
Fonction environnementale	Valeur d'usage indirect	- Adaptabilité - Intégration culture/élevage - Aménité paysagère - Tourisme rural
Fonction culturelle	Valeur d'usage indirect et de non-usage	- Patrimoine culturel - Produits typiques - Folklore, cérémonies, traditions, etc.

Les attributs considérés relèvent des valeurs attachées aux ressources génétiques animales. Le tableau 4.3 présente ces attributs ainsi que des indications sur les principales caractéristiques de chacun. Le nombre de profils dépend du nombre des attributs et du nombre des niveaux retenus pour caractériser chaque attribut. Les attributs étant identifiés, l'étape suivante consiste à spécifier les profils objet d'évaluation. Cette étape est très importante car elle conditionne l'interprétation qu'on pourra se faire à leur égard. La principale difficulté, qui pourrait surgir à la démarche d'intégration de l'utilité, concerne la définition même des profils que l'on cherche à évaluer.

La MCM requiert une définition claire et précise des profils soumis à l'évaluation et ce afin de limiter les divergences d'interprétation. Si les profils sont mal spécifiés, les personnes interrogées auront tendance à déterminer leur préférence en fonction d'éléments non spécifiques ou encore de façon parfaitement aléatoire. En effet, le principe de la révélation des préférences dans le cadre de scénarios hypothétiques

impose que l'objet à évaluer soit suffisamment explicite pour s'assurer de son unicité. Les scénarios doivent être conçus de manière à ce que les profils soient perçus de façon identique par tous les individus interrogés. Cette hypothèse est particulièrement importante dans le cas des RGAs et sa violation pourrait aboutir à des résultats qui correspondraient à des profils de différentes natures.

Les races des animaux d'élevage sont des entités spécifiques et il n'existe pas de normes universelles pour quantifier les attributs considérés. Ces normes varient selon les groupes sociaux, les cultures et les personnes. Les races résultent tout simplement d'une construction sociale (Köhler-Rollefson, 2000). La caractérisation des niveaux des attributs s'est effectuée sur la base d'indicateurs. Toute la difficulté est de trouver un compromis entre le choix d'indicateurs (normes) facilement mobilisables pour caractériser les niveaux des attributs, d'une part, et la manière dont les personnes interrogées traiteront l'information, d'autre part. Les attributs, les indicateurs et les niveaux, présentés sur le tableau 4.4, seront repris point par point dans les paragraphes qui suivent. A noter que ces indicateurs doivent être pensés dans le contexte des systèmes d'élevage extensifs en zones marginales.

a. Dissemblance génétique

La première composante de l'utilité porte sur la diversité génétique entre les races. Les méthodes moléculaires de mesure de la diversité génétique donnent des indications sur l'originalité génétique globale des populations. Ces indications permettent d'estimer le degré de dissemblance génétique entre les races. A priori⁸⁹, trois niveaux ont été retenus pour caractériser la dissemblance génétique d'une race. Le niveau élevé est attribué aux races qui sont originales d'un point de vue génétique, c'est à dire les races qui se distinguent des autres et qui contribuent le plus à la diversité génétique de l'espèce. Le niveau faible est attribué aux races qui partagent plus de patrimoine génétique avec d'autres. Un niveau intermédiaire est inséré entre ces deux niveaux.

⁸⁹ Il est à noter que l'enquête s'est déroulée avant la conduite des analyses génétiques en raison du retard constaté dans l'obtention des données moléculaires. Ainsi, les niveaux attribués aux deux composantes de la diversité génétique dans ce chapitre IV, l'ont été de manière qualitative. Par contre, dans le chapitre V, les données précises obtenues sur base des analyses moléculaires ont été utilisées.

Tableau 4.4 Attributs, indicateurs et niveaux retenus pour caractériser l'utilité des RGAs

Critères	Indicateurs	Niveaux	Attribution des niveaux
Dissemblance génétique (diversité inter races)	- Marqueurs moléculaires (microsatellites)	Elevé	- Race qui est plus distincte (originale) d'un point de vue génétique et qui contribue le plus à la diversité génétique de l'espèce
		Moyen	- Niveau intermédiaire entre le niveau élevé et le niveau faible
		Faible	- Race qui partage beaucoup de patrimoine génétique avec d'autres races
Diversité génétique au sein de la race (diversité intra-race)	- Marqueurs moléculaires (microsatellites)	Elevé	- Race présentant un fort taux moyen d'hétérozygotie
		Moyen	- Race présentant un taux moyen d'hétérozygotie qui n'est ni élevé ni faible
		Faible	- Race dont le taux moyen d'hétérozygotie est faible
Fonction économique ^d	- Tendance récente des effectifs	Elevé	- Tendance d'évolution récente des effectifs est croissante
		Moyen	- Tendance d'évolution récente des effectifs est stable
		Faible	- Tendance d'évolution récente est décroissante
Fonction environnementale ^e	- Répartition géographique ; - Possibilités de substitution ;	Elevé	- Race représentée dans un seul pays et difficilement ^a substituable
		Moyen	- Race représentée dans un seul pays et potentiellement ^b substituable - Race répartie sur plusieurs pays et difficilement ^a substituable
		Faible	- Race répartie sur plusieurs pays et potentiellement substituable
Fonction culturelle	- Origine et développement de la race ; - Organisation des éleveurs (livre généalogique ou zootechnique).	Elevé	- Race autochtone disposant de livre généalogique
		Moyen	- Race autochtone sans livre généalogique - Race non autochtone avec livre généalogique
		Faible	- Race non autochtone sans livre généalogique

^a : Pas de substituts connus

^b : Substituts potentiels connus (typologie FEZ)

^d : Les niveaux de la fonction économique ont été réajustés par des considérations de politique de conservation. La procédure poursuivie consiste à revoir à la baisse les niveaux des races bénéficiant d'un programme de conservation

^e : Les résultats de la typologie élaborée par la Fédération Européenne de Zootechnie (FEZ, 2004) ont été mobilisés pour caractériser les processus de substitution entre les races

b. Diversité génétique au sein de la race

Le second critère concerne la diversité génétique intra-race. Hammond (1994 ; cité par Rege et Gibson, 2003) estime que 50% de la variance génétique totale des animaux d'élevage se situe entre les espèces, l'autre moitié étant attribuée à la variation entre les races⁹⁰ au sein des espèces. D'autres travaux ont rapporté que près de la moitié de la variabilité génétique totale, au sein d'une espèce, est expliquée par la variabilité entre les races et le reste est affecté à la variabilité au sein des races pour des caractères standards de production caractérisant un système de production particulier (Thiessen et *al.*, 1984 ; cité par Rege et Gibson, 2003). La diversité génétique intra-race fait référence au taux de variabilité génétique au sein d'une population. Cette variabilité pourrait contribuer à la préservation du potentiel évolutif de la race.

Il est possible d'émettre l'hypothèse suivante : pour une population qui subsiste en effectif très réduit et qui est caractérisée par une très faible variabilité génétique, il est improbable pour que cette population s'adapte à des variations de l'environnement. Sur le plan génétique, assurer la survie à long terme de populations revient à conserver le maximum possible d'allèles et à maintenir un fort taux moyen d'hétérozygotie (Caballero et Toro, 2002). Cet aspect est aussi caractérisé à travers les résultats d'analyses moléculaires. Trois niveaux ont été retenus pour caractériser cet attribut : 1) élevé : ce niveau caractérise les populations de races qui présentent un fort taux moyen d'hétérozygotie ; 2) moyen : ce niveau correspond aux populations qui présentent un taux moyen d'hétérozygotie qui n'est ni élevé ni faible ; et 3) faible : ce niveau est attribué aux populations dont les taux moyens d'hétérozygotie sont faibles.

c. Fonction économique

Pour cette fonction, les tendances⁹¹ récentes d'évolution des effectifs des ressources génétiques ont été considérées en vue de capturer les valeurs d'usage direct des races. Cet indicateur pourrait traduire l'importance économique des produits issus des RGAs dans le sens où l'on émet l'hypothèse suivante : les éleveurs réagissent aux signaux de marché par des réajustements adéquats qui consistent à accroître les effectifs d'une race si les conditions de marché sont favorables et à les réduire dans le cas contraire.

⁹⁰ D'autres estimations suggèrent que la variabilité génétique entre les races d'une même espèce représente approximativement 30 à 50% de la variabilité totale (Hammond et Leitch, 1996 ; cité par Drucker et *al.* (2001).

⁹¹ Cet indicateur est inadéquat pour le cas des systèmes d'élevage intensifs. Pour ces systèmes, l'importance économique est plutôt caractérisée par la productivité et/ou la rentabilité par tête d'animal.

Toutefois, les éleveurs de certaines races à faible effectif bénéficient, dans le cadre de programmes de développement ruraux co-financés par l'Union européenne et les pays membres, de subsides comme instrument d'incitation à la conservation *in situ*. Cet indicateur a été retenu pour réajuster les niveaux considérés.

d. Fonction environnementale

S'agissant du rôle environnemental, la caractéristique génétique la plus impliquée est celle de l'adaptabilité aux conditions biophysiques. Selon une logique simplifiée, l'utilité environnementale d'une race dépend des possibilités de réintroduction ou de substitution de cette race par d'autres qui sont aussi adaptées à cet environnement. En d'autres termes, l'utilité environnementale devient marginale quand une race présente des substituts potentiels et elle reste élevée au fur et à mesure que le nombre de substituts diminue car l'extinction de la race en question pourrait aboutir à un nouvel équilibre environnemental. Un tel constat a constitué le soubassement de la démarche poursuivie pour intégrer cette fonction (tableau 4.4).

Deux indicateurs ont été mobilisés pour saisir la fonction environnementale. Le premier porte sur la répartition géographique (intra- et entre pays) et le second sur les possibilités de substitution d'une race par d'autres. La procédure poursuivie pour l'affectation des niveaux consiste à supposer que plus les chances de substitution, d'une race, sont faibles plus son importance environnementale est élevée. Les résultats de la typologie élaborée par la FEZ ont été mobilisés en vue de capturer ce processus. Celle-ci a été conçue, sur la base d'informations collectées sur les races européennes, pour dégager des groupes similaires en fonction de sept critères : 1) l'origine géographique ; 2) l'histoire et le développement des races ; 3) l'influence d'ancêtre spécifique ; 4) les caractéristiques phénotypiques ; 5) le système d'élevage (intensif, extensif) ; 6) les performances spécifiques ; et 7) les polymorphismes génétiques.

e. Fonction culturelle

L'importance culturelle a été capturée à travers deux types d'indicateurs : l'origine et le développement de la race et de l'organisation des éleveurs et le livre généalogique (LG). Ces deux indicateurs reflètent deux dimensions, l'une historique et l'autre institutionnelle. Le premier indicateur permet d'apporter une dimension historique à la valeur culturelle dans le sens où il permet d'approcher la période au cours de laquelle la

race a pu paraître dans le paysage agricole et rural. Plus longue est cette période, plus l'impact probable sur la vie sociale et culturelle des communautés est grand. De ce point de vue, une race autochtone ne peut être comparée à une autre qui n'a été introduite que récemment dans une région. Quant au second, il joint un aspect institutionnel à cette fonction. Selon ces deux indicateurs, trois niveaux ont été distingués. Le niveau élevé est attribué aux races autochtones pour lesquelles on dispose de LG. Le niveau moyen est accordé aux races autochtones sans LG ; ou à celles non autochtones mais avec LG. Enfin, le niveau faible est affecté aux races non autochtones et ne disposant pas de LG.

II.2.2 Echantillon d'enquête

Le fait que les ressources génétiques animales soient caractérisées par une absence de spécification de droits de propriété rend la question du choix de la population de référence délicate dans la conduite de la MCM. La figure 4.1 résume trois niveaux de définition de l'utilité de ces ressources, les composantes et les opérateurs concernés sont indiqués pour chaque niveau. Si l'on se place au niveau des exploitations (microéconomique), les attributs importants se rapportent aux caractéristiques propres des races (adaptabilité, résistance aux maladies, qualité des produits, etc.). Au niveau amont (macro), ce qui est recherché c'est le maintien de la diversité génétique et des fonctions. Le dernier est un niveau intermédiaire (méso) défini comme une combinaison des deux premiers. Ainsi, plusieurs opérateurs sont concernés par la question de la conservation des RGAs : producteurs, transformateurs, consommateurs, mais aussi les pouvoirs publics dans leur choix de répartition.

S'agissant de la problématique de conservation des races, il faut parvenir à identifier l'ensemble des individus dont le bien-être est susceptible de varier suite à la préservation ou à l'extinction de ces ressources. Toutefois, les races, objet de ce travail, sont réparties dans plusieurs pays de l'UE-15, ce qui rend difficile l'intégration de tous les opérateurs concernés. C'est ainsi que nous avons considéré que le groupe cible sur lequel porte l'étude soit composé de spécialistes qui travaillent dans le domaine de la gestion des ressources génétiques animales et des représentants des associations des éleveurs.

Une base de données de personnes à contacter a été constituée. Celle-ci est composée des représentants d'associations de races au niveau des pays de l'UE-15, des coordinateurs nationaux de la FAO et de la FEZ chargés du suivi et de la gestion des RGAs, des participants au projet Econogene ainsi que d'autres experts agissant dans des domaines rattachés à la gestion de ces ressources. L'échantillon a été constitué de façon

à assurer une représentativité en terme d'orientation disciplinaire (génétique, zootechnie, médecine vétérinaire, etc.) et professionnelle (experts et représentants d'association professionnelle).

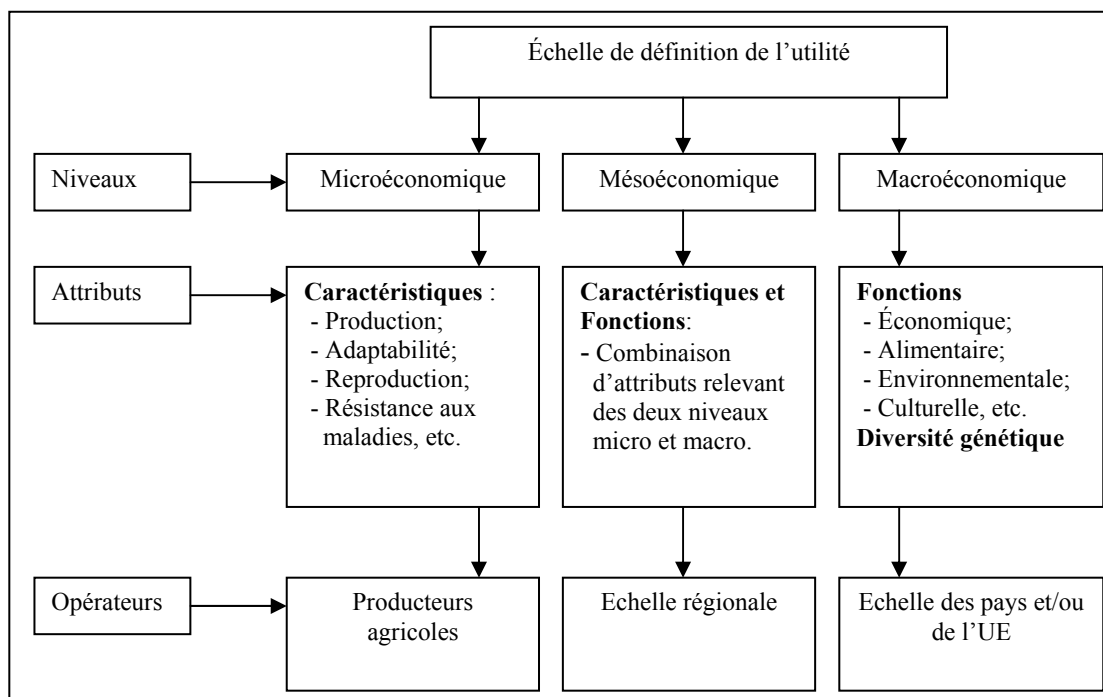


Figure 4.1 Composantes et échelle de définition de l'utilité des RGAs

Evenson (1993, cité par Rege, 1999) précise que les spécialistes sont les seuls à pouvoir comprendre ces processus et les enjeux de la diversité génétique. Toutefois, restreindre l'échantillon aux seuls spécialistes pourrait biaiser les estimations. Ce biais est inhérent à la segmentation de l'échantillon. L'intégration des associations d'éleveurs qui constituent les opérateurs les plus concernés par la conservation *in situ* des animaux d'élevage permet non seulement de caractériser différents points de vue mais aussi de contrebalancer les tendances qui pourraient surgir quant aux opinions des spécialistes sur cette question. Ce choix nous place à l'échelle méso-économique dans le sens où il intègre des opérateurs qui agissent aussi bien à l'échelle régionale (représentants des associations des éleveurs) que nationale et internationale.

II.2.3 Plan expérimental et questionnaire

La MCM s'appuie sur un ensemble de séries de choix composées pour chacune d'elles de trois options ou de scénarios alternatifs. Dans ce type d'expérience, les personnes interrogées sont invitées à choisir celle qu'elles préfèrent, parmi deux options (A et B), décrivant des profils hypothétiques des races en faisant varier les niveaux des attributs. Une option de référence (C) est aussi incluse dans chaque série de choix. Il s'agit du *statu quo* qui traduit ici la situation d'absence d'intervention de conservation.

Le nombre d'attributs est de cinq et le nombre de niveaux correspondant à chacun d'eux s'élève à trois, ce qui porte le nombre de combinaisons possibles à $3^5 \times 3^5$, soit 59.049. Or il est difficilement concevable de demander à un individu d'étudier autant de scénarii et d'être capable de se prononcer sur ces préférences par rapport à toutes ces alternatives. Ce processus de génération « complet » est couramment abandonné au profit d'un processus « fractionnel⁹² » qui sélectionne certaines combinaisons parmi toutes celles envisageables (Kuhfeld, 2000).

En vue de ne retenir que le minimum de combinaisons nécessaires à l'étude, un plan expérimental a été généré moyennant un programme informatique élaboré sur SAS. Ce dernier a été conçu afin de générer un plan d'expériences qui minimise la *D-error* (annexe 4.1), en satisfaisant au mieux les quatre propriétés mentionnées par Kuhfeld (2000), à savoir : 1) l'orthogonalité⁹³ ; 2) l'équilibre en niveau⁹⁴ ; 3) l'écart minimal⁹⁵ ; et 4) l'équilibre en utilité⁹⁶. Le schéma finalement retenu est composé de 18 situations composées chacune de trois options de choix (figure 4.2).

Le questionnaire se compose de trois parties (Annexe 4.2). La première est une partie descriptive qui vise à cerner les perceptions et les attitudes des enquêtés vis-à-vis des processus d'extinction et de conservation des RGAs. Les personnes interrogées sont ensuite invitées à manifester leurs choix à partir de scénarios hypothétiques. Dans cette partie, il est demandé aux répondants d'indiquer leurs choix en fonction des options présentées. La dernière section porte sur des informations socioprofessionnelles (âge, sexe, profession, spécialité, expérience professionnelle, etc.). En vue d'homogénéiser les perceptions des enquêtés, une note de présentation du questionnaire a été conçue. Celle-

⁹² L'inconvénient d'une telle démarche restrictive réside dans le fait que toutes les interactions des attributs pris deux à deux ne sont pas prises en compte.

⁹³ Ce critère est satisfait lorsque les niveaux de chaque attribut varient indépendamment les uns des autres.

⁹⁴ Il est vérifié lorsque les niveaux de chaque attribut apparaissent à la même fréquence.

⁹⁵ Ce critère est validé quand les alternatives de chaque ensemble ne se recoupent pas quant aux niveaux des attributs.

⁹⁶ Cette propriété est satisfaite quand les utilités associées aux alternatives de chaque ensemble sont les mêmes, c'est-à-dire quand chaque alternative d'un même ensemble a autant de chance d'être choisie qu'une autre de ce même ensemble.

ci explique l'objectif de l'enquête, les attributs, les indicateurs et les niveaux considérés pour les caractériser.

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	+	-	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	+	+	
Fonction économique	+	+	
Fonction environnementale	+	+	
Fonction culturelle	O	+	
En matière de conservation, je choisirai l'option:			

(+) correspond au niveau élevé, (O) au niveau moyen et (-) au niveau faible.

Figure 4.2 Exemple type de question relative aux expériences de choix

III. Présentation des résultats

Face au coût élevé d'un sondage par interview à domicile, nous avons fait le choix de réaliser l'enquête par voie postale et par courrier électronique. Ce choix, validé par une pré-enquête auprès d'une dizaine de spécialistes, est aussi justifié par le fait que l'échantillon cible est constitué de personnes localisées dans différents pays et par le souci d'obtenir, dans un délai limité, une bonne représentativité de l'échantillon. L'enquête s'est déroulée au cours de la période étalée entre les mois de mars et juillet 2004. Le questionnaire comporte trois parties et a été traduit en trois langues : l'allemand, l'anglais et le français. Il importe de signaler que l'ordre dans lequel les questions seront présentées ne correspond pas nécessairement à l'ordre dans lequel elles ont été posées aux répondants. Dans les analyses, on a privilégié une séquence logique, sujet par sujet. Cette section met l'accent sur la caractérisation de l'échantillon et traite des perceptions des répondants à l'égard de la problématique d'extinction des RGAs.

III.1 Caractérisation de l'échantillon

Au total, près de 300 personnes ont été contactées dont 143 ont répondu favorablement. Compte tenu des retours à l'envoyeur, le questionnaire a été reçu par 275 personnes. Par ailleurs, six questionnaires n'ont pas été retenus car les répondants n'ont pas pu compléter la totalité des profils. L'enquête effectuée compte ainsi 137 questionnaires, soit un taux effectif de réponse de près de 50%. Le tableau 4.5 présente une caractérisation de l'échantillon.

La représentativité effective du sexe féminin ne s'élève qu'à 25%. Du point de vue âge, la tranche comprise entre 41 et 50 ans est la plus représentée suivie de celle comprise entre 31 et 40 ans. Les plus jeunes (moins de trente ans) ne représentent que 9% de l'échantillon, alors que près d'un répondant sur quatre est âgé de plus de 51 ans. En terme d'instruction, la plupart des répondants dispose d'un diplôme d'ingénieur (ou équivalent) ou d'un doctorat. Notons qu'une faible proportion de l'échantillon (3,64%) n'ont pas de diplôme académique mais disposent plutôt de diplôme issu de formation professionnelle.

Tableau 4.5 Caractérisation de l'échantillon des répondants

Caractéristiques	Modalités	Fréquence	%
Sexe	- Homme	102	74,4
	- Femme	35	25,5
Age	- Moins de 30 ans	13	9,4
	- Entre 31 et 40 ans	40	29,2
	- Entre 41 et 50 ans	50	36,5
	- Plus de 51 ans	34	24,8
Instruction	- Doctorat	61	44,5
	- Diplôme d'ingénieur ou équivalent	49	35,7
	- Licence (Bac +4)	11	8,0
	- Baccalauréat	11	8,0
	- Autres (formation professionnelle)	5	3,6
Spécialité ^a	- Génétique	46	33,5
	- Zootechnie	61	44,5
	- Médecine vétérinaire	11	8,0
	- Agronomie	22	16,0
	- Socio économie	20	14,5
	- Autres (géographie et écologie)	5	3,6
Fonction ^a	- Chercheur	34	24,8
	- Enseignant-chercheur	34	24,8
	- Médecin vétérinaire	5	3,6
	- Administrateur	8	5,8
	- Représentant d'association des éleveurs	52	37,9
	- Autres (ONG, consultant, etc.)	10	7,2
Secteurs d'activités ^a	- Programme de conservation	67	7,6
	- Programme d'amélioration	58	9,4
	- Programme de lutte contre les maladies	12	10,8
	- Organisation professionnelle des éleveurs	58	7,9
	- Management administratif	40	7,8
	- Autres	45	6,5

^a : Pour ces variables, certains répondants ont rapporté plus qu'une modalité.

Pour ce qui est des orientations disciplinaires, les zootechniciens sont les plus représentés (44%) suivis des généticiens (33%). La représentativité des agronomes se limite à 16%, celle des socio-économistes à 14%, et celle des médecins vétérinaire à

8%. Sur le plan professionnel, environ 38% des répondants occupent actuellement des fonctions de représentants d'associations de races, et près de 50% sont soit des enseignants universitaires soit des chercheurs. A l'exception de quatre répondants, les autres ont déclaré avoir déjà travaillé dans des domaines qui sont associés à la gestion des RGAs. Près de la moitié de l'échantillon a bénéficié d'une expérience professionnelle dans le cadre de programme de conservation avec une durée moyenne de plus de six ans. Quant au programme d'amélioration génétique, la durée moyenne est de plus de neuf ans et il touche 42% des répondants. Plus de quatre enquêtés sur dix ont eu l'occasion d'occuper la fonction de représentants d'associations. Les programmes de lutte contre les maladies et ceux relatifs à la gestion administrative intéressent respectivement 9 et 30% des répondants.

III.2 Perception de la problématique d'érosion des RGAs

De manière à faciliter l'accès à l'enquête, la première section du questionnaire a porté sur les perceptions⁹⁷ des répondants vis-à-vis de la problématique d'érosion génétique, les raisons qui justifient la conservation, ainsi que leurs attitudes à l'égard des critères de conservation. Une série de questions, ouvertes et fermées, a permis d'approcher ces attitudes. Le tableau 4.6 récapitule les niveaux d'appréciation des enquêtés à l'égard du processus d'érosion des RGAs.

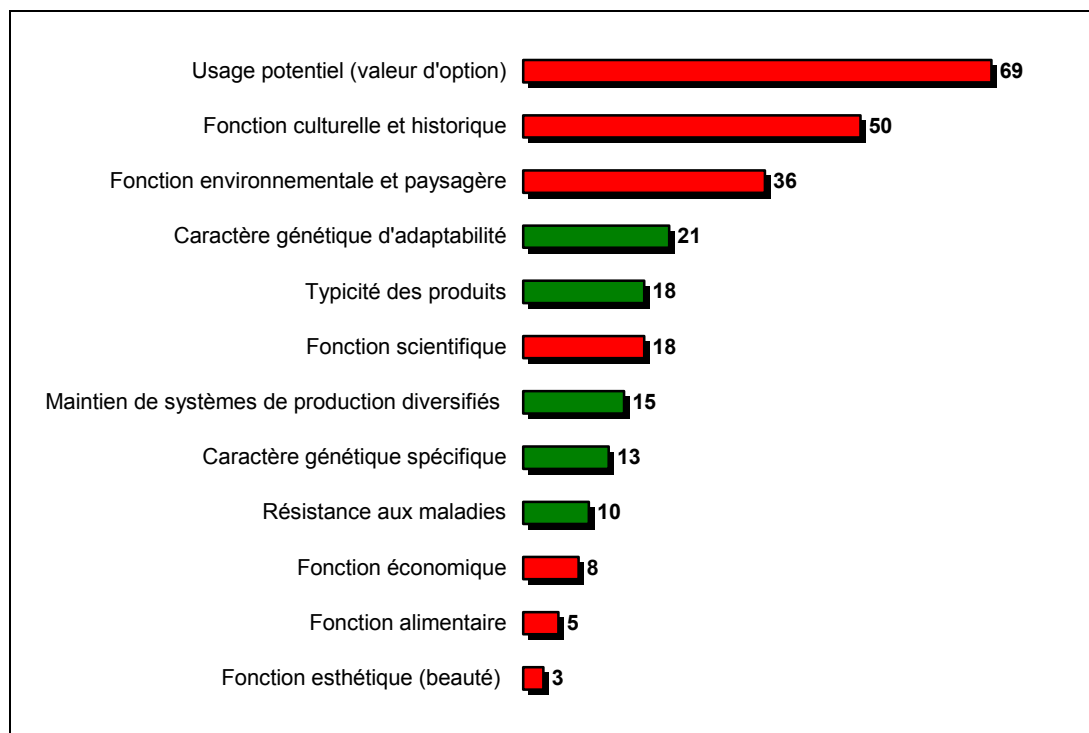
Tableau 4.6 Degré d'importance accordé à la problématique d'érosion des RGAs

Degré d'importance	Fréquence	Fréquence cumulée	Pourcentage	Pourcentage cumulé
Pas du tout important	-	-	-	-
Moins important	2	2	1,46	1,46
Hésitant, indécis	3	5	2,19	3,64
Important	49	54	35,76	39,40
Très important	83	137	60,58	100,00

Une très large majorité, plus de 95%, a jugé que ce problème est important, voire très important, alors que les personnes sans avis sont minoritaires (2%). Les personnes accordant de l'importance à la problématique d'érosion génétique ont été interrogées, par la suite, sur les raisons qui justifient la mise en place de programme de conservation de ces ressources. Cette question ouverte a été synthétisée et les résultats sont présentés sur

⁹⁷ La perception est définie comme le processus par lequel un individu choisit, organise et interprète des éléments d'information externes pour construire une image cohérente du monde qui l'entoure (Kotler et Dubois, 1997).

la figure 4.3. Les raisons avancées peuvent être groupées en deux catégories. La première porte sur les fonctions que les RGAs assurent sur le plan économique, culturel, alimentaire, scientifique, et environnemental. La seconde catégorie intéresse les aspects d'adaptabilité, de résistance aux maladies, de typicité des produits, ainsi qu'aux rôles que jouent les RGAs dans le maintien des systèmes de production.



Les arguments de la première catégorie sont indiqués en rouge et ceux de la seconde catégorie en vert

Figure 4.3 Fréquence des principales raisons avancées pour la préservation des ressources génétiques animales

L'usage potentiel futur de ces ressources a remporté la majorité des suffrages. Plus des deux tiers (69%) des individus considèrent que la conservation de la diversité génétique animale s'inscrit dans une perspective d'assurance vis-à-vis des aléas futurs. Le symbole historique et culturel a été mentionné par près d'un répondant sur deux. Plus du tiers des répondants ont évoqué la fonction environnementale et paysagère parmi les raisons de conservation. Néanmoins, si on associe «fonction environnementale et paysagère», «maintien de systèmes de production diversifiés» et «caractère génétique d'adaptabilité», alors ces trois arguments représentent plus de 70%. Les raisons attachées aux valeurs d'usage direct de ces ressources ne sont évoqués que par 5% des répondants (fonction alimentaire) ; voire 18% (typicité des produits).

III.3 Attitudes vis-à-vis des critères d'éligibilité de l'UE

Après avoir traité des perceptions à l'égard des ressources génétiques animales, nous avons cherché à mettre l'accent sur les attitudes vis-à-vis des critères d'éligibilité requis dans le cadre du programme de conservation *in situ* mis en œuvre à l'échelle de l'Union. Le règlement 445/2002 de la Commission européenne identifie quatre critères : 1) animaux domestiques de races **locales originaires de la zone concernée** ; 2) les races doivent être **menacées d'abandon** (risque d'extinction) ; 3) les races locales doivent jouer un **rôle dans le maintien de l'environnement** ; 3) le nombre des animaux doit être certifié par **un organisme technique**, ou une **organisation/association des éleveurs**, dûment reconnu, qui doit enregistrer et tenir à jour le **livre généalogique ou zootechnique** de la race.

La première question visait à approcher les points de vue des enquêtés sur ces critères : sont ils 1) largement suffisants ; 2) suffisants ; 3) hésitant, indécis ; 4) insuffisants ; ou 5) pas du tout suffisants. Quant à la seconde, elle a cherché à dégager l'importance relative des différents critères sur une échelle d'appréciation allant de 1 (pas du tout important) à 5 (très important). La dernière question, de nature ouverte, a consisté à recueillir des critères supplémentaires jugés pertinents par les répondants. Les résultats agrégés de la première et de la seconde question sont reportés respectivement sur le tableau 4.7 et la figure 4.4.

Tableau 4.7 Attitudes vis-à-vis des critères d'éligibilité adoptés à l'échelle de l'Union européenne

Echelle d'appréciation	Fréquence	Pourcentage
Largement suffisant	17	12,40
Suffisant	72	52,55
Hésitant, indécis	22	16,05
Insuffisant	26	18,97
Pas du tout suffisant	-	-

Plus de 64% ont déclaré que les critères sont suffisants voire largement suffisants, alors que près d'un enquêté sur cinq pense le contraire. Du point de vue importance relative, le risque d'extinction constitue le critère le plus approuvé suivi de l'origine de la race (locale/indigène). Près de 76% des répondants ont accordé le score [5] au risque d'extinction, et sept enquêtés sur dix jugent que l'origine est importante [4] ou très importante [5]. Au regard de l'aspect institutionnel (association/organisation), les jugements sont assez partagés : plus d'une personne sur quatre est sans avis, près de 9%

jugent qu'il n'est pas du tout important [1], alors qu'ils sont plus de 27% à penser le contraire. Cette même tendance a été observée pour le rôle environnemental.

La figure 4.5 présente les fréquences des critères supplémentaires mentionnés. Ces derniers sont classés en trois catégories : les fonctions, les caractéristiques génétiques et des critères intéressant le niveau aval des programmes de conservation. Pour ce qui est de la première catégorie, une très large majorité (73%) suggère que le critère «originalité génétique» devrait être pris en compte comme critère d'éligibilité, alors qu'ils ne sont que 25% à recommander la variation génétique intra-race. Plus de quatre répondants sur dix sont favorables à ce que la fonction culturelle des races soit reconnue explicitement comme critère d'éligibilité.

De leur côté, les partisans de l'intégration de la composante géographique sont près d'un sur quatre. De nombreux commentaires prélevés sur les questionnaires insistent sur le lien qu'il faudrait établir dans la définition même du statut d'extinction d'une race qui se retrouve dans plusieurs pays, en d'autre terme, une race pourrait être à risque d'extinction dans un pays alors qu'elle ne l'est pas dans un autre. Ce débat rejoint celui déjà évoqué dans le chapitre II et confirme la nécessité d'intégrer cette composante dans les orientations de la politique européenne de conservation.

La seconde catégorie couvre le champ des caractères génétiques spécifiques, à savoir la résistance aux maladies (5%) ; les caractères génétiques de valeur (13%); et la typicité des produits (35%). Quant à la troisième catégorie, elle se place au niveau aval des programmes de conservation et concerne les utilisateurs (éleveurs) et les caractéristiques des animaux préservés. Celles-ci portent sur des aspects qui concernent l'âge moyen du troupeau (13%), la dynamique d'évolution des effectifs (22%), l'accouplement en race pure (14%), et l'âge moyen et le nombre des éleveurs (16%).

Certes, l'âge des éleveurs pourrait constituer l'un des paramètres à intégrer dans la mise en place de programmes de conservation. Toutefois, à l'échelle des exploitations agricoles, le développement de l'activité d'élevage des races autochtones dépend d'autres facteurs dont les plus déterminants portent sur l'instruction, les revenus générés à l'échelle des exploitations agricoles, la présence ou l'absence de successeur et aussi aux stratégies de commercialisation des produits adoptées par les éleveurs (Bertaglia, 2004). D'autres critères sont également mentionnés et concernent les références historiques et bibliographiques et la dynamique de la filière de production dans la zone berceau de la race. A titre d'exemple, *une race en région céréalière présente plus de risque d'extinction qu'une race avec moins d'effectif en région pastorale*, rapporte un répondant.

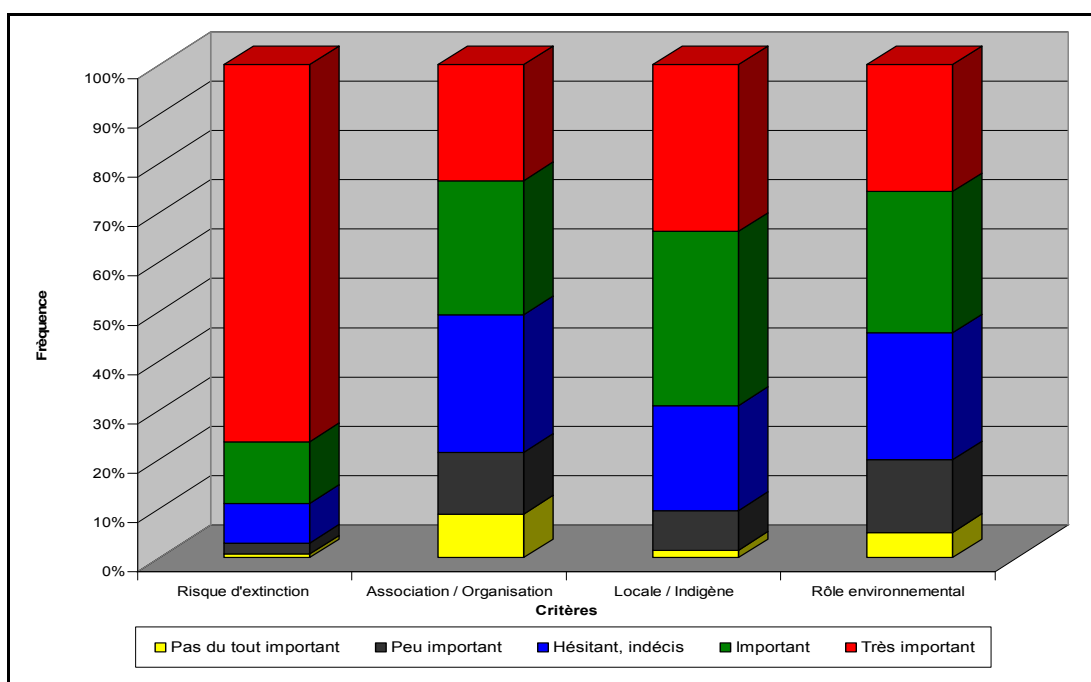
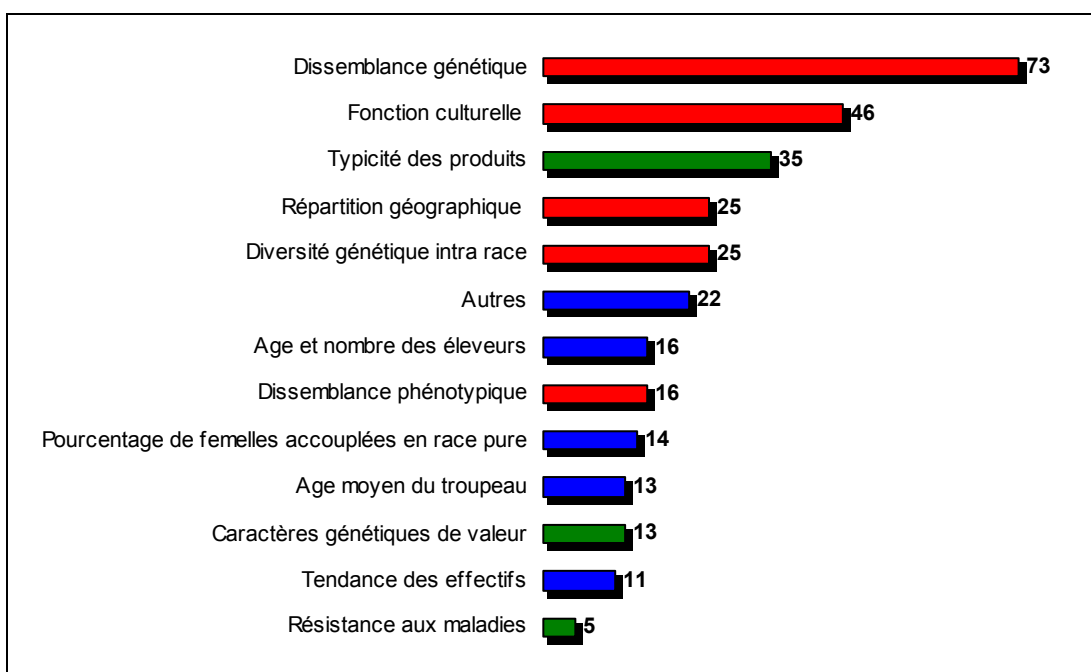


Figure 4.4 Fréquence des scores attribués aux critères d'éligibilité de l'Union européenne



Les critères de la première catégorie sont indiqués en rouge, ceux de la seconde catégorie en vert et ceux de la dernière catégorie en bleu

Figure 4.5 Critères supplémentaires proposés par les répondants

III.4 Attitudes à l'égard des attributs et des indicateurs

Après les questions relatives aux jugements et aux préférences des participants à l'égard du problème d'extinction des ressources génétiques animales, le questionnaire a été orienté vers l'objet même de l'étude, à savoir l'évaluation de profils hypothétiques sur la base des cinq critères retenus. La différenciation des niveaux des critères s'est effectuée par le biais d'indicateurs. Avant de présenter les profils, nous avons présenté aux enquêtés des grilles d'appréciation de leurs jugements à l'égard des attributs et des indicateurs considérés.

Pour les attributs, les enquêtés devraient leur accorder des scores sur une échelle allant de 1 à 5, 1 étant peu important et 5 étant très important. L'affectation des scores n'est pas exclusive, ceci implique que le même individu peut donner le même score aux cinq attributs. Concernant les indicateurs, l'appréciation s'est effectuée sur l'échelle de convenance suivante : 1) tout à fait non convenables; 2) plutôt non convenables; 3) plutôt convenables ; et 4) tout à fait convenables. La figure 4.6 établit les fréquences des scores affectés aux attributs et la figure 4.7 mentionne les fréquences des réponses évoquant la convenance des indicateurs.

Près de 70% des répondants ont attribué un score supérieur à quatre à la dissemblance génétique (figure 4.6). En ce qui concerne la diversité génétique intra-race, les fréquences observées sont de 28% pour le score [5], 31% pour le score [4], 17% pour le score [3], 10% pour le score [2] et 12% pour le score [1]. En considérant le cumul des fréquences des scores dont l'importance est élevée (4 et 5), la fonction environnementale occupe la troisième place avec une fréquence de 47% suivie de la fonction économique (46%) et de la fonction culturelle (41%). Toutefois, plus du tiers de la population interviewée ont attribué de faibles scores à la fonction économique.

Les microsatellites ont été proposés pour caractériser l'originalité et la diversité intra-race. Plus de huit répondants sur dix pensent que cet indicateur est convenable, voire très convenable. Toutefois, près d'un répondant sur quatre considère que les microsatellites ne constituent pas des indicateurs convenables pour approcher la diversité génétique intra-race. Les tendances récentes des effectifs ont été considérées pour dégager les niveaux affectés à la fonction économique. Les opinions des répondants vis-à-vis de cet indicateur sont assez partagés : près de la moitié pense qu'il est convenable et l'autre moitié suggère le contraire.

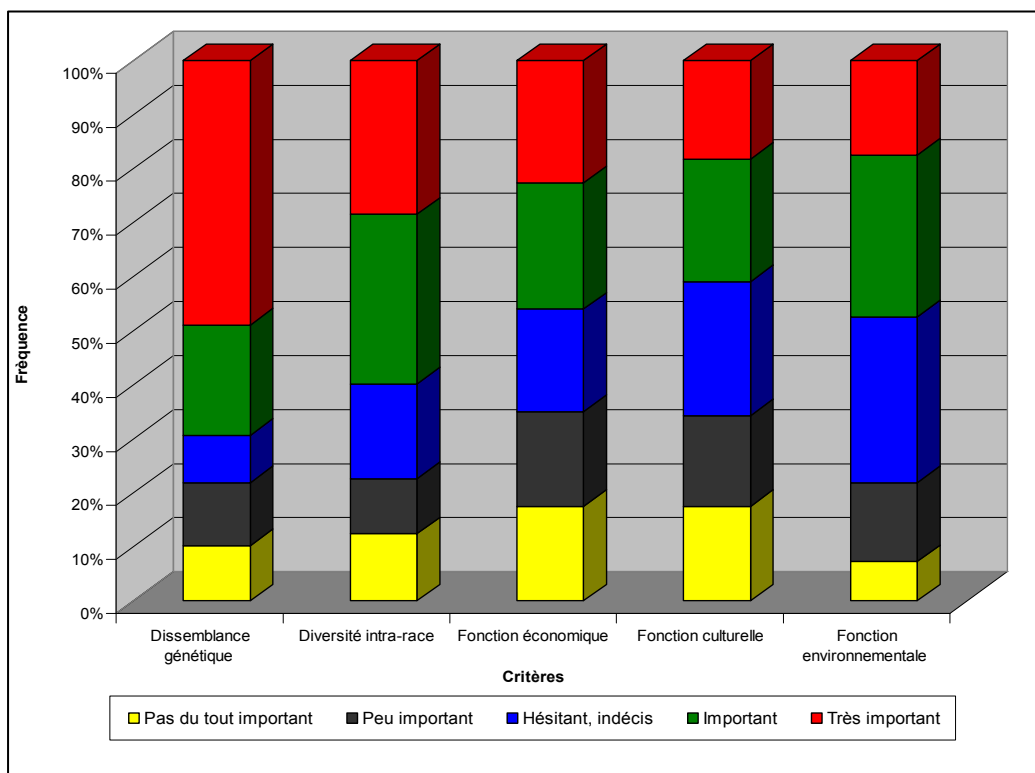
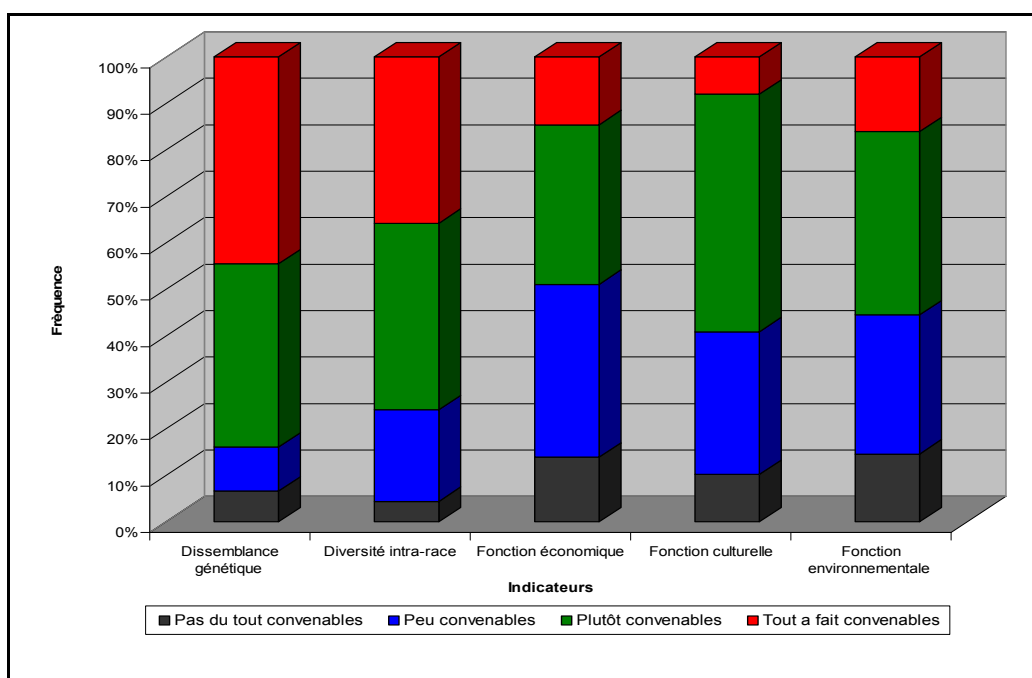


Figure 4.6 Fréquence des scores attribués aux critères considérés



Les indicateurs considérés sont : 1) les marqueurs microsatellites pour caractériser la dissemblance et la diversité intra-race ; 2) les tendances récentes ajustées par des considérations de politique de conservation pour la fonction économique ; 3) l'origine de la race et l'organisation des éleveurs pour la fonction culturelle ; et 4) les possibilités de substitution pour la fonction environnementale.

Figure 4.7 Fréquence des niveaux de convenance des indicateurs utilisés

Environ quatre répondants sur dix pensent que l'origine et le développement de la race et l'aspect institutionnel, ne sont pas convenables pour capturer la valeur culturelle. Une tendance similaire a été observée pour les indicateurs de la fonction environnementale. Les préférences humaines vis-à-vis des attributs d'une ressource génétique et les attitudes à l'égard des indicateurs varient d'un individu à un autre et sont tributaires des perceptions que l'on se fait de l'utilité de chaque attribut. Les résultats présentés ci-dessus restent sommaires et ne permettent pas de capturer une éventuelle différenciation des préférences en fonction de facteurs propres aux répondants, tels que l'éducation, la profession, l'expérience, etc. En vue de mettre l'accent sur cet éventuel lien entre les préférences des répondants, d'une part, et leurs caractéristiques propres, d'autre part, des modèles économétriques ont été estimés. La section suivante présente les modèles empiriques considérés ainsi que les résultats de la MCM.

IV. Analyse des préférences

IV.1 Modèles considérés

La MCM fait recours à des modèles économétriques à choix discrets permettant d'expliquer une variable dépendante qualitative. Celle-ci décrit les choix effectués, par des unités décisionnelles, parmi deux options décrivant des profils hypothétiques (A et B) des RGAs et une option de *statu quo*. Etant donné que la réponse est discrète, les modèles économétriques qui se prêtent le mieux à la formalisation conçue sont les modèles logit. En fonction des hypothèses portant sur la distribution du terme d'erreur (ε_{ij}), deux modèles économétriques ont été identifiés (Ryan et Skåtun, 2004 ; Louviere et *al.*, 2000 ; McFadden, 2000). Il s'agit du logit multinomial (MLM) et du logit emboîté (MLE).

Avant de présenter les développements des deux modèles considérés, il convient de définir certaines grandeurs et paramètres : C : ensemble des alternatives ; U : fonction d'utilité ; V : composante déterministe ; ε : composante aléatoire ; β : vecteur des paramètres à estimer ; et X : vecteur des niveaux des attributs. Cette section est composée de trois parties. La première présente les modèles considérés ainsi que la démarche adoptée pour la construction des variables introduites dans ces modèles et la seconde est consacrée aux résultats.

IV.1.1 Modèle logit multinomial

La première formulation économétrique considère l'option de référence comme une option additionnelle dans l'ensemble de choix. Ceci implique, en termes probabilistiques, que les trois options soient perçues comme étant des substituts parfaits. Dans ce cas, le MLM permet de générer les tendances des choix des répondants. Ces derniers sont supposés opter pour l'une des trois alternatives proposées simultanément. A titre d'exemple, un accroissement de la probabilité de choix de l'option A engendre une réduction, proportionnellement égale, des probabilités de choix des options B et C. Le MLM ne tient pas compte des éventuelles corrélations entre les alternatives. Sa formulation suppose que les termes d'erreur sont indépendamment et identiquement distribués (*iid*) selon une loi *Gumbel* (distribution de valeur extrême de type I) avec paramètre d'échelle μ (Dachary-Bernard, 2004). La probabilité de choisir l'alternative j dans l'ensemble C est :

$$P(j / C) = \frac{e^{\mu V_j}}{\sum_{i \in C} e^{\mu V_i}}$$

où μ désigne l'inverse de l'écart type de la distribution des bruits ε_{ij} . Le MLM est plus restrictif quant aux interactions qu'il permet entre les alternatives. La distribution du terme d'erreur (*Gumbel iid*) implique le calcul d'une probabilité qui impose par sa structure l'indépendance des alternatives non pertinentes⁹⁸ (IANP). Cette propriété implique que *les rapports de vraisemblance de deux choix sont indépendants de tous les autres choix possibles*. Le MLM suppose, dans sa formulation de base, cette hypothèse qui reste difficile à défendre dans le contexte de la réalité qu'on tente de saisir. Empiriquement, il est possible de tester statistiquement les restrictions que cette propriété implique (Hausman et McFadden⁹⁹, 1984). L'avènement du MLE, ou *nested logit*, a permis de relâcher partiellement cette hypothèse forte d'IANP.

⁹⁸ Le terme anglo-saxon est « *independence of irrelevant alternative* ». Cette hypothèse, implique que l'élasticité croisée de la probabilité de répondre j plutôt que k (par rapport à une composante quelconque du vecteur X_i) est la même pour tout $k \neq j$.

⁹⁹ Ce test est basé sur la statistique T suivante : $T = (\beta_r - \beta)' (V_r - V)^{-1} (\beta_r - \beta)$; où β et β_r sont les paramètres estimés par le maximum de vraisemblance pour l'ensemble de choix et l'ensemble restreint ; V et V_r sont les matrices de covariances asymptotiques. La statistique T suit une loi χ^2 à K degrés de liberté (K étant le nombre de paramètres estimés).

IV.1.2 Modèle logit emboîté

Le MLE suppose que la structure des probabilités de choix implique un processus de décision hiérarchique (McFadden, 1974 ; 1978). Il constitue une extension du MLM. Celle-ci vise à tenir compte des corrélations entre les alternatives moyennant la partition de l'ensemble C en deux (ou plus) sous-ensembles que l'on appelle nids (figure 4.8). Ces derniers sont disjoints et leur réunion est l'ensemble C tout entier. Chaque alternative appartient à un seul nid. La variance peut différer entre les sous-ensembles mais l'hypothèse d'IANP est maintenue à l'intérieur de ces derniers.

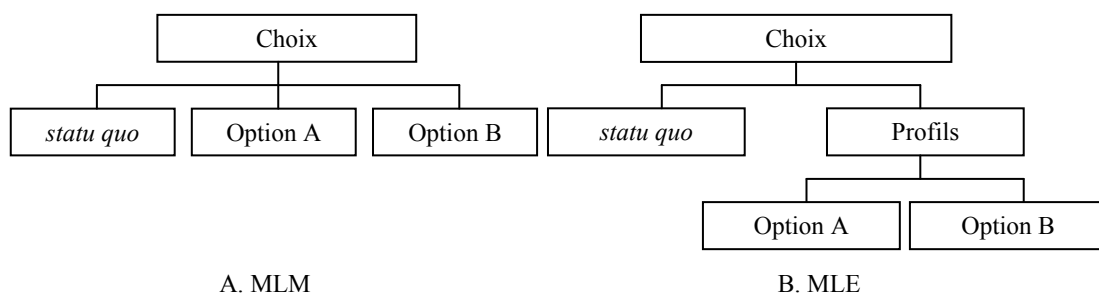


Figure 4.8 Structure des modèles logistiques considérés

Le MLE peut être considéré comme un problème de choix à deux niveaux (ou plus). Supposons que trois alternatives soumises à l'évaluation peuvent être divisées en deux sous-ensembles. On peut logiquement considérer le processus de choix comme suit : l'individu choisit un groupe d'alternatives n puis fait son choix définitif j parmi les différentes alternatives de ce groupe. Ce processus conduit à une structure arborescente. Cette forme hiérarchique n'impose pas nécessairement le fait que le processus de choix des individus soit séquentiel. La seule chose qui s'impose dans ce type de modèle est le groupement des termes d'erreur autorisant un certain relâchement de l'hypothèse d'IANP.

Bien que le MLE fournisse dans bien des cas de meilleurs résultats que le MLM, il ne permet pas de modéliser des situations lorsque les corrélations entre les alternatives sont multiples et complexes, c'est-à-dire, lorsque deux alternatives appartenant à deux nids différents sont corrélées. La fonction d'utilité de chaque alternative se compose d'un terme spécifique à l'alternative et d'un terme associé au nid C_m auquel appartient l'alternative. Pour l'alternative i appartenant au nid C_m , on écrira :

$$U_i = V_i + \varepsilon_i + V_{C_m} + \varepsilon_{C_m}$$

Les termes d'erreur ε_i et ε_{C_m} sont supposés indépendants. Les premiers sont indépendants et identiquement distribués selon une loi *Gumbel* avec paramètre d'échelle égale à μ_m . La distribution de ε_{C_m} est telle que la variable aléatoire $\max_{j \in C_m} U_{jm}$ est distribué selon une loi *Gumbel* avec paramètre d'échelle μ . La probabilité pour un individu de choisir l'alternative i parmi celles de l'ensemble C est donnée par (Dragos, 2005):

$$P(i/C) = P(C_m/C)P(i/C_m)$$

$$\text{avec, } P(C_m/C) = \frac{e^{\mu V_{C_m}}}{\sum_{l=1}^M e^{\mu V_{C_l}}} \text{ et } P(i/C_m) = \frac{e^{\mu_m V_i}}{\sum_{j \in C_m} e^{\mu_m V_j}}$$

Dans le contexte de ce travail, la partition des choix en sous-ensembles vient assez naturellement dans la mesure où l'on peut clairement séparer le choix de l'option du *statu quo* des autres choix. En effet, Dhar (1997) a suggéré que les répondants optent généralement pour l'option du *statu quo* quand aucune des alternatives A et B ne semble être attractive ou quand ils espèrent trouver de meilleures alternatives en continuant le processus d'évaluation. C'est une sorte de préférence psychologique à l'égard du *statu quo* constatée par Baron et Ritov (1994) “ *this is related with findings in the psychological literature, where it has been found that people prefer consequences that arise of inaction over those arising from action since the decision to stay within a status quo has certain psychological advantages*”.

Les résultats des MLE génèrent, entre autres, une estimation des paramètres inclusifs (λ). Ces derniers permettent de tester la validité globale des MLE. En effet, pour qu'un MLE soit consistant à l'égard de la théorie de maximisation de l'utilité aléatoire, les valeurs des paramètres inclusifs doivent être incluses dans l'intervalle $[0, 1]$ et qu'elles n'augmentent pas quand on passe à des niveaux élevés de l'arbre (McFadden, 1981 ; cité par Louviere et *al.*, 2000). Si à titre d'exemple, le paramètre inclusif λ est égal à 1, pour une partition à deux nids, le MLE se réduit à un MLM standard.

IV.2 Construction des variables

La variable dépendante capturant les choix de conservation a été introduite sous forme de variable dichotomique prenant la valeur 1 pour les options sélectionnées et 0 autrement. Comme précisé précédemment, les attributs considérés sont des variables qualitatives dont les niveaux n'ont pas été définis cardinalement et traduisent des

transformations multi-attributs. La distribution des deux types de transformations retenues pour chacun (passage du niveau élevé « + » au niveau moyen « 0 » ou passage du niveau moyen au niveau faible « - ») doit être pris en compte dans les modèles économétriques.

Les variables explicatives exprimant les niveaux des attributs n'ont pas été introduites sous la forme classique de variables à choix binaire. Elles ont été codées selon le principe *d'effect coding*. Ce système permet de procéder à une régression de l'utilité (choix) sur des variables dichotomiques. Le but recherché est de pouvoir s'intéresser au niveau d'utilité de chaque niveau d'attribut. En comparaison avec l'approche conventionnelle, cette démarche présente l'avantage de s'affranchir des problèmes de multicollinéarité et de corrélation entre les variables explicatives et le terme constant du modèle (Louviere et *al.*, 2000). Pour chaque attribut à trois niveaux, deux variables (*effect coding*) sont introduites pour capturer ces niveaux (tableau 4.8).

Tableau 4.8 Codage des variables selon *l'effect coding*

Niveaux des attributs	Variables <i>effect coding</i>		Coefficients
Dissemblance génétique	$DG-EC_{11}$	$DG-EC_{12}$	
Elevé	1	0	β_{11}
Moyen	0	1	β_{12}
Faible	-1	-1	$-\beta_{11}-\beta_{12}$
Diversité génétique intra-race	$DI-EC_{21}$	$DI-EC_{22}$	
Elevé	1	0	β_{21}
Moyen	0	1	β_{22}
Faible	-1	-1	$-\beta_{21}-\beta_{22}$
Fonction économique	$EC-EC_{31}$	$EC-EC_{32}$	
Elevé	1	0	β_{31}
Moyen	0	1	β_{32}
Faible	-1	-1	$-\beta_{31}-\beta_{32}$
Fonction environnementale	$EV-EC_{41}$	$EV-EC_{42}$	
Elevé	1	0	β_{41}
Moyen	0	1	β_{42}
Faible	-1	-1	$-\beta_{41}-\beta_{42}$
Fonction culturelle	$CU-EC_{51}$	$CU-EC_{52}$	
Elevé	1	0	β_{51}
Moyen	0	1	β_{52}
Faible	-1	-1	$-\beta_{51}-\beta_{52}$

Les variables explicatives sont notées avec les extensions $-EC_{j1}$ et $-EC_{j2}$; j varie de 1 à 5. La variable dont l'extension $-EC_{j1}$ prendra la valeur 1 si le niveau élevé est pris par l'attribut en question et 0 autrement. Le second niveau (moyen) de l'attribut sera traduit par la valeur 1 pour la variable avec extension $-EC_{j2}$ qui prendra la valeur 0 sinon. Enfin

le niveau de base (faible), considéré comme le moins bon, sera représenté par la valeur (-1) pour simultanément les deux variables. L'alternative du *statu quo* est donc systématiquement codée (-1) pour chacune des deux variables *d'effect coding*. Le modèle capturant les choix de conservation est formalisé empiriquement de la façon suivante :

$$V_{ij} = ASC-A + ASC-B + \beta_{11}DG-EC_{11} + \beta_{12}DG-EC_{12} + \beta_{21}DI-EC_{21} + \beta_{22}DI-EC_{22} + \beta_{31}EC-EC_{31} + \beta_{32}EC-EC_{32} + \beta_{41}EV-EC_{41} + \beta_{42}EV-EC_{42} + \beta_{51}CU-EC_{51} + \beta_{52}CU-EC_{52}$$

Les variables ainsi indiquées sont associées aux niveaux 1 (élevé) et 2 (moyen) respectivement des attributs dissemblance génétique (DG-EC), diversité intra-population (DI-EC), fonction économique (EC-EC), fonction culturelle (CU-EC) et fonction environnementale (EV-EC). Les coefficients β s sont les paramètres estimés et l'ASC-A et l'ASC-B sont des constantes spécifiques (*alternative specific constant*) aux options A et B introduites en vue de saisir l'éventuelle influence de facteurs spécifiques aux alternatives et de facteurs non observés. Les niveaux de base (faible) ne sont associés à aucune variable, leurs coefficients ne seront pas estimés directement par le modèle. Néanmoins, ils sont calculés par déduction à partir des paramètres estimés¹⁰⁰. Les estimations ont été conduites selon la méthode du maximum de vraisemblance et usage du logiciel LIMDEP 8.8 NLOGIT.

IV.3 Résultats des modèles économétriques

IV.3.1 Modèle logit multinomial

Pour chacun des deux types de modèles retenus, MLM et MLE, deux variantes ont été considérées. Celles-ci se différencient par l'intégration des ASCs. Les tableaux 4.9 et 4.10 récapitulent les résultats des estimations des différents modèles. Les estimations fournissent des indications sur la significativité des coefficients (β s) à travers la statistique de *Student* (*t-statistique*), et la qualité des modèles, en ce qu'ils reconstituent plus ou moins bien les choix observés. Bien que non estimés directement, les coefficients des états de base (niveaux faibles des cinq attributs) ont été déduits et sont aussi présentés sur les tableaux 4.9 et 4.10.

La qualité d'ajustement des modèles est mesurée par l'indicateur *pseudo-R*². Ce dernier est exprimé en fonction de la log-vraisemblance du modèle estimé (LnL_{β}) et la log-vraisemblance du modèle où tous les coefficients sont nuls (LnL_0), c'est-à-dire le

modèle équiprobable où toutes les alternatives ont la même probabilité d'être choisies. L'ajustement statistique est d'autant meilleur que le ratio (LnL_{β}/LnL_0) devient petit. Le pseudo- R^2 étant la différence entre l'unité et ce ratio¹⁰¹, le pouvoir explicatif des variables retenues s'accroît quand ce dernier augmente et vice versa.

Tableau 4.9 Résultats des estimations du logit multinomial « *effect coding* »

Variables	Paramètres	MLM sans ASC		MLM avec ASC	
		Coefficients	t-statistique	Coefficients	t-statistique
DG-EC ₁₁	β_{11}	0,645***	15,298	0,984***	19,687
DG-EC ₁₂	β_{12}	-0,350***	-6,685	-0,158***	-2,906
DI-EC ₂₁	β_{21}	0,492***	9,184	0,743***	13,439
DI-EC ₂₂	β_{22}	-0,381***	-7,800	-0,194***	-3,603
EC-EC ₃₁	β_{31}	0,157***	3,406	0,514***	9,847
EC-EC ₃₂	β_{32}	-0,033	-0,654	-0,012	-0,217
EV-EC ₄₁	β_{41}	0,706***	14,411	0,937***	17,508
EV-EC ₄₂	β_{42}	-0,738***	-13,228	-0,357***	-5,789
CU-EC ₅₁	β_{51}	0,147***	3,458	0,578***	11,341
CU-EC ₅₂	β_{52}	-0,126***	-2,955	-0,034	-0,709
ASC-A	β_{01}	-	-	-2,728***	-17,52
ASC-B	β_{02}	-	-	-2,842***	-17,84
Niveaux de base des cinq attributs ^a					
DG-EC ₁₃	β_{13}	-0,295***	-6,819	-0,826***	-14,735
DI-EC ₂₃	β_{23}	-0,111***	-2,660	-0,549***	-10,084
EC-EC ₃₃	β_{33}	-0,124***	-2,937	-0,502***	-10,051
EV-EC ₄₃	β_{43}	0,033	0,709	-0,580***	-9,417
CU-EC ₅₃	β_{53}	-0,022	-0,521	-0,544***	-10,198
Nombre d'observations		2466,000		2466,000	
Fct. de vraisemblance		-2294,461		-2098,329	
Pseudo- R^2		0,144		0,217	
χ^2 [10]		788,520***		1180,789***	
% prédictions correctes		45,093		49,837	

*** : coefficients ainsi indiqués sont significatifs à 1%. ^a : Les coefficients des états de base ont été calculés sur la base des coefficients des variables capturant les niveaux élevé et moyen selon la procédure suivante : $\beta_{i3} = -(\beta_{i1} + \beta_{i2})$ $i=1, 2, \dots, 5$. Les écarts types (E.T) des coefficients ont été obtenus à partir de la matrice de variances-covariances des coefficients estimés associés aux niveaux élevé et moyen selon l'expression suivante : E.T (β_{i3}) = $[\text{Var}(\beta_{i1}) + \text{Var}(\beta_{i2}) + 2\text{Cov}(\beta_{i1}, \beta_{i2})]^{1/2}$

Pour le MLM, les résultats escomptés laissent supposer que le modèle avec ASCs génère un meilleur ajustement en comparaison avec le modèle sans ASCs. D'une part, le premier permet de générer des prédictions correctes dans près de 50% des cas contre 45% pour le second. D'autre part, le MLM avec ASCs présente un pseudo- R^2 de 0,217

¹⁰⁰ Le niveau de base de chaque attribut correspond à l'opposé de la somme des coefficients estimés pour les autres niveaux de l'attribut (Louviere et al., 2000)

¹⁰¹ Pseudo- $R^2 = 1 - (LnL_{\beta}/LnL_0)$.

contre 0,144 pour le MLM sans ASCs. Henscher et Johnson (1981) considère, pour des valeurs du *pseudo-R*² incluses dans l'intervalle [0,2 ; 0,4], comme signifiant une bonne, voire une très bonne spécification. Les constantes se sont révélées hautement significatives. Ceci a été confirmé par les t-statistiques et par le test de ratio de vraisemblance¹⁰², ce qui signifie qu'il y a influence de facteurs spécifiques aux alternatives et de facteurs non observés. Par ailleurs, l'intégration des constantes n'a pas eu d'effet sur les signes des coefficients.

Le test de spécification de Hausman et McFadden (1984) portant sur la propriété d'IANP a été mené sur le MLM. Toutefois, il mène à une singularité et n'a pas permis d'infirmer cette propriété. La validité éventuelle du MLM devra donc être vérifiée *a posteriori* puisque l'hypothèse d'IANP n'est pour l'instant pas formellement mise en cause. D'autres tests, impliquant l'estimation d'un modèle MLE, ont été conduits et les résultats sont présentés dans la partie suivante.

IV.3.2 Modèle logit emboîté

Rappelons que l'avantage du MLE est de relâcher l'hypothèse forte d'IANP propre au MLM. La partition des choix en sous-ensembles a consisté à séparer l'option de référence (C) des deux autres options (A et B) décrivant des profils hypothétiques des RGAs. Sur les 2466 choix effectués par les répondants, 680 (soit 27,57 %) ont porté sur l'option du *statu quo*. Près de 88% des répondants ont choisi cette option au moins une fois, et environ 60% l'ont sélectionné cinq fois et plus sur un total de 18 choix exprimés par chaque répondant. Selon les choix effectués, le taux de réponse de cette option oscille entre 5,84% et 63,50%. Ces statistiques donnent une indication sur la pertinence de l'inclusion de cette option qui permet, non seulement, de pondérer les utilités, mais aussi de rendre le choix plus réaliste.

¹⁰² Afin de tester la pertinence de l'inclusion des constantes, un test de rapport de vraisemblance a été effectué. Cette statistique vaut 392,26, ce qui permet de conclure au rejet de l'hypothèse nulle ($H_0 : ASC-A = ASC-B = 0$).

Son omission induirait des biais dans l'estimation des paramètres dans le sens où les répondants seraient contraints à opter pour des choix qui ne reflètent pas leurs préférences et par conséquent induirait des biais dans l'estimation des paramètres des modèles économétriques. Selon les t-statistiques, les deux ASCs se sont révélées non significatives (tableau 4.10), ce qui permet de considérer le MLE sans ASCs. Ce dernier reproduit des tendances similaires à celles générées par le MLM avec ASCs : les coefficients capturant l'effet des niveaux des cinq attributs alternent en signe, la part des prédictions correctes est de 50% et le pseudo-R² s'élève à 0,285.

Tableau 4.10 Résultats des estimations du logit emboîté « *effect coding* »

Variables	Paramètres	MLE sans ASCs		MLE avec ASCs	
		Coefficients	t-statistique	Coefficients	t-statistique
DG-EC ₁₁	β_{11}	0,998***	16,608	0,987***	16,792
DG-EC ₁₂	β_{12}	-0,170***	-3,086	-0,158***	-2,889
DI-EC ₂₁	β_{21}	0,758***	10,944	0,747***	10,889
DI-EC ₂₂	β_{22}	-0,197***	-3,591	-0,195***	-3,592
EC-EC ₃₁	β_{31}	0,529***	8,221	0,517***	8,175
EC-EC ₃₂	β_{32}	-0,025***	-0,406	-0,014***	-0,231
EV-EC ₄₁	β_{41}	0,943***	14,930	0,940***	14,951
EV-EC ₄₂	β_{42}	-0,356***	-5,616	-0,357***	-5,714
CU-EC ₅₁	β_{51}	0,580***	8,835	0,581***	8,932
CU-EC ₅₂	β_{52}	-0,023***	-0,466	-0,034***	-0,701
ASC-A	β_{01}	-	-	-2,730	0,000
ASC-B	β_{02}	-	-	-2,844	0,000
Niveaux de base des cinq attributs					
DG-EC ₁₃	β_{13}	-0,828***	-12,559	-0,829***	-12,623
DI-EC ₂₃	β_{23}	-0,561***	-8,420	-0,552***	-8,401
EC-EC ₃₃	β_{33}	-0,504***	-9,739	-0,503***	-9,770
EV-EC ₄₃	β_{43}	-0,587***	-7,846	-0,583***	-7,900
CU-EC ₅₃	β_{53}	-0,557***	-7,923	-0,547***	-7,940
Paramètres inclusifs					
λ_{AB}		0,975***	10,915	0,993***	10,912
λ_C		0,078***	3,475	0,991	0,000
Nombre d'observations		7398,000		7398,00	
Fct. de vraisemblance		-2100,254		-2098,325	
Pseudo-R ²		0,285		0,286	
χ^2		1694,016***		1697,873***	
% Prédictions correctes		49,797		49,837	

*** : coefficients ainsi indiqués sont significatifs à 1%. ^a : Les coefficients des états de base ont été calculés sur la base des coefficients des variables capturant les niveaux élevé et moyen selon la procédure suivante : $\beta_{i3} = -(\beta_{i1} + \beta_{i2})$ $i=1, 2, \dots, 5$. Les écarts types (E.T) des coefficients ont été obtenus à partir de la matrice de variances-covariances des coefficients associés aux niveaux élevé et moyen selon l'expression suivante : E.T (β_{i3}) = $[\text{Var}(\beta_{i1}) + \text{Var}(\beta_{i2}) + 2\text{Cov}(\beta_{i1}, \beta_{i2})]^{1/2}$

Comme précisé précédemment, les paramètres inclusifs (λ) permettent de tester l'hypothèse d'IANP. Le test de Wald donne une indication sur la pertinence de cette hypothèse et par conséquent l'intérêt éventuel de considérer un MLE. Cette statistique utilise la matrice des covariances asymptotiques des deux paramètres inclusifs (Greene, 2003) pour tester l'hypothèse nulle suivante :

$$H_0 : \lambda_{AB} = \lambda_C = 1$$

La valeur du test étant de 2282,36 et suggère ainsi que les deux paramètres inclusifs, associés aux profils A et B (λ_{AB}) et à l'option du *statu quo* (λ_C), se sont révélés statistiquement inférieurs à l'unité au seuil de 1%. Il s'avère donc qu'un MLE sans ASCs est le modèle économétrique le mieux adapté pour l'explication des préférences des répondants. Eu égard à ces résultats, certaines remarques peuvent être formulées sur les paramètres du MLE sans ASCs.

Les paramètres estimés pour chaque niveau des attributs considérés traduisent les préférences des individus (répondant moyen) pour les transformations de ces attributs. La tendance générale observée consiste en une préférence pour des RGAs originales, assurant un rôle environnemental et présentant une diversité intra-population élevée. Les attributs culturel et économique occupent respectivement la quatrième et la cinquième position en termes de priorité de conservation. En effet, les coefficients des variables *effect coding* capturant les niveaux élevés des attributs sont tous positifs et hautement significatifs, ce qui est conforme à ce à quoi on pouvait s'attendre. Cela signifie que les répondants ont attribué une utilité supérieure aux niveaux élevés de ces attributs.

Si l'on retient la variable capturant le niveau élevé de la fonction économique comme variable de normalisation, on déduit que la dissemblance génétique est la plus appréciée par les répondants. Elle est suivie par la fonction environnementale, puis de la diversité intra-race et enfin de l'attribut culturel. Les coefficients des variables capturant les niveaux moyens sont tous négatifs et ceux associés aux fonctions économique et culturelle se sont révélés non significatifs¹⁰³. De façon plus concrète, un coefficient positif de la variable DG-EC₁₁ traduit une appréciation positive d'une ressource génétique originale et *a contrario* un désagrément généré par une ressource moyennement originale sur le plan génétique.

¹⁰³ Il est à noter que la non signification de ces coefficients n'implique pas que les niveaux des attributs qui leurs sont associés ne sont pas importants pour les répondants. Elle implique plutôt que les répondants sont indifférents à l'égard de la démarche proposée pour définir les niveaux des attributs.

IV.4 Importance relative des attributs

Si les préférences des RGAs s'expriment à travers les paramètres estimés des niveaux, qu'en est-il des attributs ? Les analyses de la MCM peuvent être conduites de deux manières différentes. La première intègre les prix pour permettre de dégager l'importance relative que les répondants accordent aux attributs (Dachary-Bernard, 2004). La seconde façon ne prend pas en compte les prix et consiste à dégager les poids (en pourcentage) qu'accordent les individus aux attributs (Sy et *al.*, 1997). Dans ce travail, nous avons opté pour la seconde approche. Un tel choix se justifie par la nature même de la population enquêtée¹⁰⁴ (experts et représentants des associations professionnelles) ; par le fait que les résultats devront être appliqués à deux espèces¹⁰⁵ (caprins et ovins) et par le fait que les races retenues sont localisées dans différents pays de l'Union. Ainsi, il a été difficile de raisonner les prix (coût de conservation) à intégrer dans le dispositif expérimental.

A travers les résultats des modèles estimés, il est possible de dégager l'importance relative (IR) que les enquêtés accordent à chaque attribut. Celle-ci consiste à évaluer, en quelque sorte, le poids qu'accordent les répondants à un attribut par rapport aux autres. Elle donne une indication sur les attributs que les répondants apprécient le plus. Pour chaque attribut, l'importance relative a été évaluée à travers l'expression suivante (Sy et *al.*, 1997):

$$IR_a = \frac{\max(VM_{ja}) - \min(VM_{ja})}{\sum_a [\max(VM_{ja}) - \min(VM_{ja})]}$$

où VM_{ja} est la valeur marginale du niveau j associé à l'attribut a ; le dénominateur de cette expression représente la somme des numérateurs calculés pour chaque attribut. L'amplitude de cette expression est liée au dispositif expérimental utilisé. Sur le tableau 4.11 sont reportés les résultats issus du modèle MLE sans ASCs. La dissemblance génétique est perçue comme l'attribut le plus important. Elle est suivie de la fonction environnementale et de la diversité génétique intra-race. Les fonctions culturelle et économique occupent respectivement la quatrième et la cinquième position. Ces résultats se rapportent à l'ensemble de l'échantillon. D'autres analyses ont été effectuées, selon les caractéristiques propres des répondants.

¹⁰⁴ Dans ce type d'analyse, il faut parvenir à identifier l'ensemble des individus dont le bien-être serait affecté suite à la conservation (ou à l'extinction) des RGAs.

¹⁰⁵ Le diagnostic des PDRs a révélé que les subsides alloués aux éleveurs qui souscrivent des contrats de sauvegarde des animaux domestiques varient aussi bien en fonction des espèces qu'en fonction des pays.

Tableau 4.11 Importance relative des attributs estimés à travers le MLE sans ASCs (répondant moyen)

Attributs	Variables	Coefficient	Amplitude	Importance
Dissemblance génétique	DG-EC ₁₁	0,998		
	DG-EC ₁₂	-0,170	1,826	27%
	Omise	-0,828		
Diversité intra-population	DI-EC ₂₁	0,758		
	DI-EC ₂₂	-0,197	1,319	19%
	Omise	-0,561		
Fonction économique	EC-EC ₃₁	0,529		
	EC-EC ₃₂	-0,025	1,033	15%
	Omise	-0,504		
Fonction environnementale	EV-EC ₄₁	0,943		
	EV-EC ₄₂	-0,356	1,530	22%
	Omise	-0,587		
Fonction culturelle	CU-EC ₅₁	0,580		
	CU-EC ₅₂	-0,023	1,137	17%
	Omise	-0,557		
Score total		-	6,845	100%

IV.5 Régularité des préférences

Les données de l'enquête ont permis, à travers des analyses économétriques, de dégager les tendances globales, mais aussi de tester la conformité des préférences des répondants vis-à-vis des attributs en fonction de leurs caractéristiques socioprofessionnelles. C'est ainsi que des tests ont été effectués en vue de mettre l'accent sur la régularité des préférences des répondants. Ces derniers ont été conduits selon la statistique du rapport de vraisemblance (LR-test) qui permet de tester la régularité des préférences de plusieurs groupes ($G_I, G_{II}, \dots G_N$) de répondants. Elle consiste à estimer séparément un modèle pour chaque groupe considéré pour générer les valeurs des log-vraisemblances ($LV_{GI}, LV_{GII}, \dots LV_{GN}$) et à tester l'hypothèse nulle suivante :

$$H_0 : \beta = \beta'_{GI} = \beta'_{GII} \dots = \beta'_{GN}$$

La statistique du test se formalise ainsi (Louviere et *al.*, 2000):

$$LR = -2 \left[LV_A - \sum_{i=1}^N LV_{Gi} \right] \cong \chi^2(K(L-1))$$

où LV_A représente la fonction log-vraisemblance du modèle agrégé et LV_{Gi} la fonction log-vraisemblance du groupe G_i . Cette statistique suit une distribution du χ^2 avec $K(L-1)$

degrés de liberté ; K étant le nombre de coefficients estimés et L le nombre de traitements (groupes). Ce sont donc, dans un premier temps, des considérations d'ordre micro-économique qui ont été à la base du choix des caractéristiques individuelles mais dans un second temps, des préoccupations d'ordre empirique et économétrique qui ont permis de retenir les groupes considérés.

Les tests ont été effectués en fonction du genre (2 groupes), de l'âge (2 groupes), du niveau d'instruction (3 groupes), de la spécialité (3 groupes), et enfin de la profession (3 groupes). Les résultats montrent que les préférences des répondants varient selon l'âge, l'instruction, la spécialité et la profession (tableau 4.12). Le test relatif au genre n'a pas pu atteindre le niveau de signification souhaité (5%) et suggère ainsi que les préférences du sexe féminin sont similaires à ceux du sexe masculin en matière de conservation des RGAs.

Tableau 4.12 Tests sur la régularité de préférences, conduites selon les MLE sans ASCs, en fonction des caractéristiques individuelles des répondants

Variables	Nombre de groupes	LR-tests	Décisions
Genre	2	11,392	Accepter H_0
Age	2	20,276**	Rejeter H_0
Instruction	3	90,046***	Rejeter H_0
Spécialité	3	64,350***	Rejeter H_0
Profession	3	303,558***	Rejeter H_0

En terme d'instruction, la tendance dégagée suggère que plus le niveau d'éducation augmente plus l'importance accordée aux attributs de diversité génétique (intra- et inter-populations) augmente. En effet, les répondants disposant d'un diplôme de doctorat ont accordé un poids, évalué à 30%, à la dissemblance génétique, contre 24% accordé par les personnes dotées d'un diplôme d'ingénieur ou équivalent. Pour ces deux groupes, la fonction environnementale occupe la seconde place et elle est suivie de la diversité génétique intra-race. Pour ce qui est des fonctions culturelle et économique, elles occupent respectivement la quatrième et la cinquième place, aussi bien selon les ingénieurs que selon les docteurs. Il est à noter, cependant, que les premiers ont attribué plus d'importance à ces deux attributs comparativement aux seconds.

Pour les variables dont les tests se sont révélés significatifs, l'importance relative de chaque attribut a été calculée pour chaque groupe et les résultats sont présentés sur le tableau 4.13. Ainsi, pour les deux groupes d'âge considérés, la dissemblance génétique occupe la première place suivie de la fonction environnementale. Les jeunes (moins de 40 ans) ont accordé plus d'importance à la fonction culturelle comparativement aux plus

âgés (plus de 40 ans). Pour ces derniers, cette fonction est classée dernière parmi les cinq attributs.

Tableau 4.13 Importance relative des attributs (en %) selon les caractéristiques propres des répondants

Variables	Modalités	DG	DI	EC	EV	CU
Age	Moins de 40 ans	25	18	14	23	19
	41 ans et plus	27	20	16	22	15
Instruction	Doctorat	30	21	12	22	15
	Ingénieur ou équivalent	24	20	15	22	18
	Autres	22	15	23	22	17
Spécialité	Génétique	32	25	5	23	14
	Zootchnie	24	17	20	20	19
	Autres	26	17	16	25	16
Profession	Enseignement et recherche	30	21	11	23	15
	Organisation professionnelle	22	14	22	22	20
	Autres	25	24	14	21	16

DG : dissemblance génétique ; DI : diversité génétique intra-race ; EC : fonction économique ; EV : fonction environnementale ; CU : fonction culturelle.

En terme de spécialité et conformément à ce qui a été attendu, les généticiens ont manifesté plus d'intérêt aux deux attributs de diversité génétique et à la fonction environnementale. Pour ces répondants, ces trois attributs totalisent, à eux seuls, 80% de l'importance accordée aux cinq attributs. Par ailleurs, ils ont attribué le score le moins important à la fonction économique. Contrairement à ces derniers, les jugements des zootechniciens ont été plus équilibrés sur les cinq attributs avec une légère priorité accordée à la dissemblance génétique. Enfin, les personnes qui travaillent dans les secteurs de l'enseignement et de la recherche ont affiché des préférences à l'égard de la dissemblance génétique, de la fonction environnementale et de la diversité intra-race. Les personnes qui opèrent dans le cadre d'organisations professionnelles des éleveurs ont exprimé des choix relativement équilibrés à l'égard des cinq attributs.

V. Discussion

Ce chapitre s'est attelée à mettre l'accent sur l'une des principales questions qui se posent en matière de conservation de la biodiversité en général et de celle des RGAs en particulier : que faut-il conserver ? Posée autrement, cette question consiste à identifier les critères pertinents à prendre en compte dans les décisions de conservation. Celle-ci a été approchée à travers une enquête destinée à révéler les préférences d'un échantillon constitué d'experts ainsi que de personnes impliqués dans la gestion de ces ressources. La méthode retenue est la MCM relativement récente au sein de l'économie de l'environnement pour traiter des valeurs de biens non marchands. Cette méthode a pour

principal avantage et intérêt de pouvoir fournir des indications sur l'importance de chaque attribut dans les préférences des individus, plus finement encore pour chaque niveau possible de l'attribut.

Deux modèles économétriques (MLM et MLE) ont pu être estimés sur la base de données collectées à travers une grille d'évaluation de profils hypothétiques soumises aux répondants. Certes, la pertinence d'une analyse économétrique se mesure en dernière instance par la qualité des résultats qu'elle produit. Au regard des résultats escomptés, le MLE paraît plus adéquat dans l'explication des choix effectués. En effet, le passage d'un MLM à un MLE a permis d'améliorer sensiblement la significativité des coefficients, le pseudo- R^2 ainsi que le pourcentage de prédictions correctes. A la différence du MLM, le MLE autorise non seulement le relâchement de l'hypothèse forte d'IANP, mais permet aussi de la tester. Celle-ci n'a pas été formellement rejetée à travers le test de Hausman et McFadden (1984).

Toutefois, la significativité des tests sur les paramètres inclusifs convergent tous vers le rejet du MLM contre le MLE au seuil de 1%. Ainsi, même si le test initial de l'hypothèse d'IANP n'a pas mené à une réponse réellement tranchée, on ne peut pas rejeter l'idée qu'un MLE puisse être le mieux adapté pour décrire les préférences des répondants. Sur la base des résultats du MLE sans ASCs, des indicateurs d'aide à la décision publique ont pu être générés, et même s'ils n'autorisent pas à se prononcer sur les mesures de conservation des RGAs à adopter, ils ont permis de formuler quelques premiers avis, conditionnés évidemment par les caractéristiques de l'échantillon. Les parties suivantes discutent les tendances observées en fonction des attributs.

V.1 Diversité génétique

Le premier aspect considéré concerne la diversité génétique. Celle-ci correspond à une valeur future (valeur d'option ou de quasi option) considérée comme une prime de risque pour se garantir un plus grand choix de consommation et/ou de production dans l'avenir. Deux critères sont considérés pour caractériser la diversité génétique : la dissemblance génétique (diversité génétique entre les races) et la diversité génétique au sein des races. Les marqueurs microsatellites ont constitué les indicateurs pour évaluer les niveaux de ces deux attributs.

Les résultats ont montré que le maintien de la diversité génétique pour un usage potentiel constitue la principale raison avancée par les répondants pour la préservation des RGAs. Près de 70% des répondants considèrent l'originalité de la race comme critère

important de conservation. Ce chiffre s'élève à environ 60% pour la diversité intra-race. Ces deux composantes ont été suggérées comme critères supplémentaires d'éligibilité dans les programmes de conservation : une très large majorité (73%) a recommandé l'inclusion de la dissemblance, alors qu'ils ne sont que 25% à mentionner la variation intra-race. Concernant les indicateurs (microsatellites), la plupart des répondants (80%) jugent qu'ils sont convenables pour caractériser les deux attributs de la diversité génétique.

Les résultats agrégés (répondant moyen) des modèles MLE ont pu dégager que l'importance de la dissemblance génétique s'élève à 27%, et à 19% pour la diversité intra-race, soit respectivement la première et la troisième place dans le classement des cinq attributs. Toutefois, les tests ont révélé une hétérogénéité des préférences en fonction des caractéristiques propres des répondants. Pour l'essentiel, l'importance de ces deux attributs augmente avec l'âge et l'instruction. Selon la spécialité, les généticiens ont accordé les meilleurs poids à ces deux attributs. En fonction de la profession, les personnes qui opèrent dans des institutions de recherche et/ou d'enseignement universitaire apprécient plus ces deux attributs comparativement aux représentants des éleveurs.

V.2 Fonction économique

La principale cause qui explique le processus d'extinction des RGAs est vraisemblablement inhérente à des considérations économiques. Les signaux de marché et la rentabilité économique constituent des indicateurs pertinents pour évaluer le risque d'extinction d'une ressource génétique ; plus la rentabilité économique de la ressource en question est grande plus le risque d'extinction diminue. Réciproquement, les races qui sont en danger d'extinction sont habituellement celles perçues comme non profitables économiquement. Toutefois, les conditions de marché et les systèmes de prix pourraient changer rapidement et certaines ressources considérées comme rentables actuellement pourraient devenir moins bénéfiques dans le futur et vice-versa.

La fonction économique a été retenue pour approcher les valeurs d'usage direct des ressources génétiques, en d'autres termes, à risque d'extinction égal, faudrait-il préserver des races qui génèrent une rentabilité élevée ou d'autres dont les produits ne font plus l'objet d'une demande de marché ? Vu le manque d'information économique sur les races retenues et compte tenu du fait qu'elles sont localisées, dans leur majorité, dans des zones marginales, nous avons considéré un indicateur basé sur la variation

récente des effectifs. Les attitudes des répondants à l'égard de cet indicateur sont assez partagées. La moitié considère qu'il est convenable, alors que l'autre moitié pense le contraire.

Cette fonction n'a pas été bien appréciée par les répondants. En effet, celle-ci n'a été évoquée que par 8% des enquêtés comme raison justifiant la mise en place de programme de conservation. Aussi, le classement des cinq attributs selon leur importance relative pour l'ensemble de l'échantillon, a révélé que cette fonction est la moins approuvée. Néanmoins, les représentants des éleveurs et les zootechniciens accordent plus d'importance à cette fonction. Les premiers ont accordé le même poids à cette fonction que ceux attribués à la dissemblance génétique et à la fonction environnementale, alors que les seconds l'ont classée second critère prioritaire derrière la dissemblance génétique.

V.3 Fonction environnementale

Près de 70% des répondants ont évoqué la fonction environnementale et paysagère comme raison de conservation. Les résultats agrégés du MLE ont montré que cette fonction occupe la seconde place, derrière la dissemblance génétique, en terme d'importance relative. Cette tendance globale s'est aussi manifestée à travers les analyses effectuées en fonction des caractéristiques propres des répondants. Ces résultats viennent confirmer l'orientation de la politique européenne qui considère le rôle environnemental des RGAs comme condition préalable à leur intégration dans des programmes de conservation.

Contrairement aux zones à fort potentiel de production, dans les zones marginales, les activités agricoles, en général, et les activités d'élevage, en particulier, sont à l'origine d'externalités positives. Les éleveurs produisent indirectement des paysages en conservant, entretenant, et modelant des espaces agricoles et l'association polyculture-élevage limite les atteintes à l'environnement. Les productions animales sont traditionnellement associées aux cultures ; la disponibilité de sous-produits végétaux comme aliment du bétail ; l'utilisation des litières et des déjections animales pour le maintien du taux de matière organique et de la fertilité des sols traduisaient cette intégration entre différentes activités de production à l'échelle de l'exploitation agricole ; en d'autres termes, les sous-produits sont utilisés comme intrants pour une autre activité productive.

La fonction environnementale d'une race pourrait être conceptualisée en faisant référence aux bénéfices environnementaux directs et indirects qui seraient perdus en cas d'abandon de l'activité d'élevage de cette race dans une zone donnée. Les races qui ont une longue histoire de transhumance dans les parcours de montagne en été et dans les plaines en hiver, présentent une contribution de valeur aux caractéristiques écologiques de la région (Warren, 1998). Elles pourraient aussi contribuer indirectement à l'économie de la région via le tourisme rural (Gandini et Oldenbroek, 1999).

Le cas des bovins des Alpes en France est une illustration de l'intégration de l'élevage dans l'environnement. En effet, caractérisés par une productivité faible, ces bovins, fortement intégrés au paysage de montagne, ont perdu leur intérêt économique au détriment du cheptel spécialisé. Ce type d'élevage continue à exister grâce aux subsides payés aux éleveurs. En absence de subsides, les parcours de montagne devraient être abandonnés. Ces subsides ne sont pas alloués pour la production mais plutôt pour préserver les avantages environnementaux conditionnés par le maintien de ce système d'élevage (Mendelsohn, 2003).

V.4 Fonction culturelle

La fonction culturelle est souvent évoquée comme critère de conservation (Gandini et Villa, 2003 ; Köhler-Rollefson, 2000 ; Ruane, 1999). En effet, l'extinction d'une race pourrait engendrer non seulement un affaiblissement du *pool* génétique de l'espèce à laquelle elle appartient, mais également une érosion des pratiques traditionnelles attachées à son élevage et à l'utilisation de ses produits ainsi que la perte d'opportunité de rendre les zones marginales économiquement viables. Ruane (2000) suggère que par analogie à des biens, tels que les peintures ou les constructions spécifiques, considérés comme patrimoines culturels, les RGAs constituent aussi une partie de l'héritage culturel et historique d'une communauté. Aussi, la charte nationale pour la gestion des ressources génétiques, qui est le résultat d'une réflexion collective d'experts, de scientifiques et de politiques en France, reconnaît explicitement la dimension sociale et culturelle de ces ressources (BRG, 1999).

Les résultats de ce travail restent controversés quant à l'importance accordée à cette fonction. D'une part, le symbole historique et culturel a été mentionné par près d'une personne sur deux comme raison de conservation et environ 46% des répondants ont suggéré l'intégration de cette fonction comme critère d'éligibilité de l'Union européenne. D'autre part, l'importance relative accordée à cet attribut, parmi les cinq

retenus, ne s'élève qu'à 17%, occupant ainsi l'avant dernière position. En fonction des caractéristiques propres des répondants, cette fonction s'est révélée plus appréciée par les jeunes (moins de 40 ans), par les personnes dotées d'un diplôme d'ingénieur ou équivalent, par les zootechniciens et par les représentants des associations professionnelles.

Cette fonction a été caractérisée à travers des indicateurs qui portent sur l'origine et le développement de la race et l'aspect institutionnel. Près de 40% des répondants considèrent que ces deux indicateurs ne sont pas convenables pour capturer la valeur culturelle. A ce niveau se pose alors la question : quels indicateurs retenir pour caractériser cette fonction ? Cette question a fait l'objet de très peu de recherches empiriques et aucune méthodologie n'a été conçue pour analyser ce type de valeur. Récemment, Gandini et Villa (2003) ont proposé une démarche méthodologique pour approcher cette valeur. Celle-ci intègre un ensemble d'indicateurs destinés à capturer la valeur historique, le rôle dans les systèmes de production, le rôle dans le paysage, la gastronomie, le folklore, les travaux manuels ainsi que les formes d'expressions artistiques.

Chapitre V. Modélisation de la problématique de conservation des RGAs : Intégration des composantes génétique, économique et politique

I. Introduction

Choisir les races à préserver revient à élaborer et à pondérer des critères de conservation. Actuellement, les décisions de conservation reflètent les valeurs, les perceptions et les incertitudes des communautés et des sociétés à l'égard de ces ressources (Metrick et Weitzman, 1998). Dans le cadre de cette thèse, cette question a été abordée sous trois angles distincts : politique, génétique et économique.

Le premier angle, objet du second chapitre, s'est focalisé sur la politique de conservation de l'Union en mettant l'accent sur ses principales tendances, d'une part, et sur les déterminants des décisions des choix de conservation moyennant un modèle économétrique, d'autre part. Cette démarche, qualifiée de positive, visait à capturer et à expliquer ce qui se fait, ou plutôt ce qui est observé, en matière de conservation au niveau de l'UE-15. Les résultats ont montré que les programmes de conservation initiés à l'échelle de l'Union opèrent indépendamment des risques d'extinction et que les races autochtones disposant de caractéristiques génétiques d'intérêt présentent des chances élevées de bénéficier de ces programmes.

Le second angle se place au niveau génétique. Les analyses effectuées au troisième chapitre ont illustré la complexité de l'arbitrage à faire en matière de conservation entre les aspects de diversité intra- et inter-populations. Les résultats ont montré que, globalement, les races originales génétiquement présentent de faibles taux d'hétérozygotie et vice versa. Ce constat a été observé aussi bien chez les populations ovines et caprines considérées dans ce travail ainsi qu'à travers les résultats d'autres travaux de recherche.

Le dernier angle s'est attaché à analyser les critères de conservation et leur pondération par le biais d'une analyse économique intégrant les points de vue d'un échantillon d'experts. A travers cette démarche normative, nous avons cherché à établir ce qui devrait être fait compte tenu des perceptions et des attitudes des experts sur cette question. Les critères recueillis sont nombreux et portent sur les fonctions, les caractéristiques, l'originalité génétique et la diversité intra-population. Les résultats des modèles agrégés ont permis de montrer que la diversité inter-populations est perçue comme l'attribut le plus important par les répondants. Néanmoins, les tests effectués ont révélé une hétérogénéité des préférences qui varient selon l'âge, l'instruction, la spécialité et la profession des répondants.

Le présent chapitre vise à intégrer les résultats des trois chapitres précédents dans des modèles d'optimisation. Le développement d'un cadre pour raisonner l'affectation des ressources budgétaires de conservation constitue actuellement une thématique de recherche qui intéresse les biologistes, les économistes et les décideurs politiques (Önal, 2003). Il est de nature méthodologique et vise à synthétiser et à établir les liens entre les trois composantes (politique, génétique et économique) traitées dans les chapitres précédents dans des modèles bioéconomiques (figure 5.1). A ce stade, nous ne cherchons pas à valider et/ou à recommander un modèle qui soit parfaitement adapté à la problématique de conservation des RGAs.

Ce qui est plutôt recherché c'est de concevoir des modèles, en retenant l'approche Weitzman comme cadre de réflexion et les races ovines et caprines comme objet de recherche, et à comparer les résultats de ces modèles en faisant varier, à chaque fois, les paramètres de la fonction objectif. Certains modèles considèrent uniquement la composante diversité inter-populations utilisant les deux types de distances présentés au chapitre III (Reynolds et Nei) alors que d'autres, en plus de cette composante, intègrent d'autres critères de conservation pondérés selon l'approche adoptée au chapitre IV.

Ce chapitre est composé de trois sections. La première section présente le cadre adopté pour l'estimation des probabilités de survie des races ovines et caprines, d'une part, et la structure des modèles d'optimisation considérés, d'autre part. La seconde section est consacrée à la présentation des résultats des modèles et la dernière section consiste en une discussion.

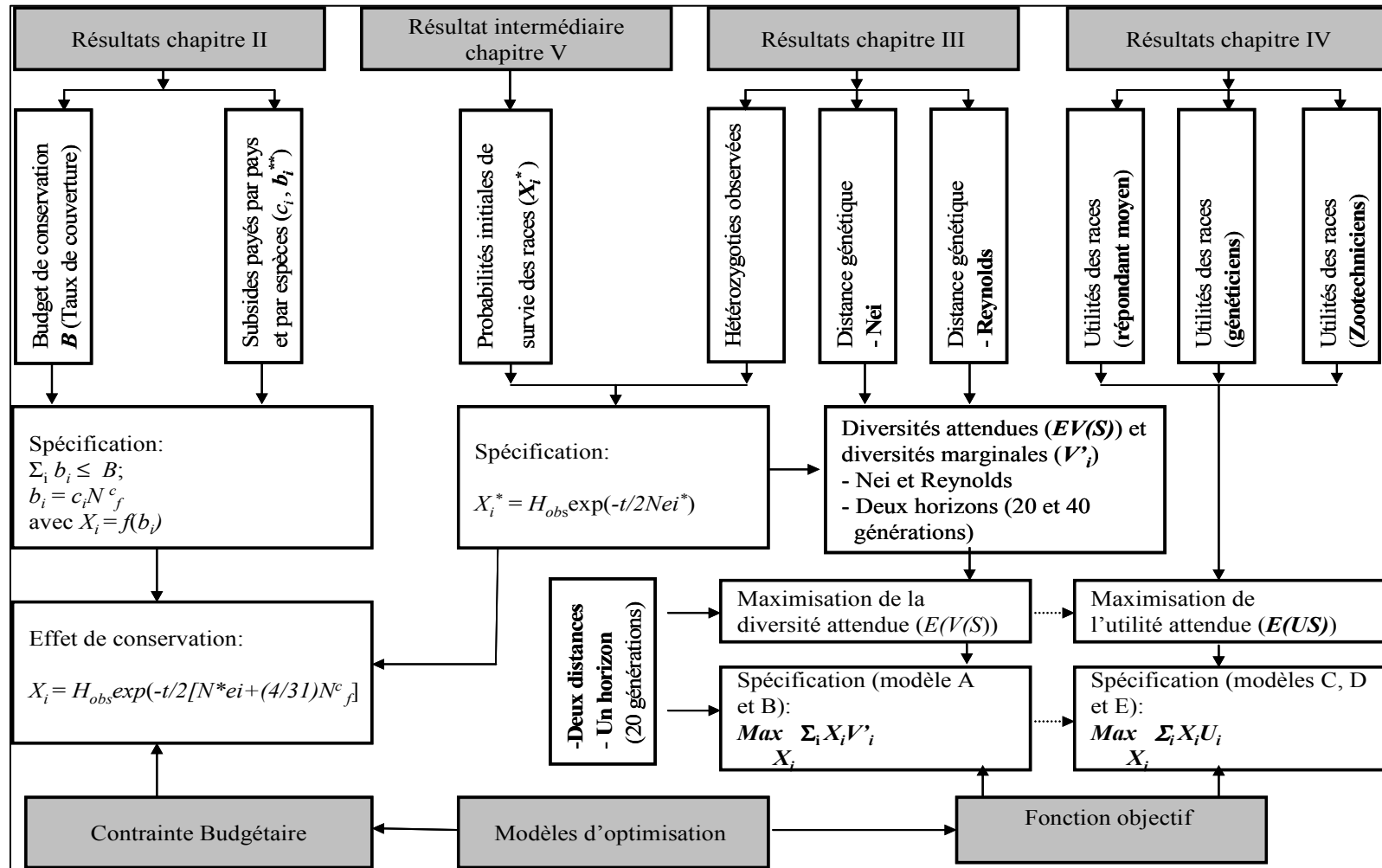


Figure 5.1 Vue d'ensemble de l'intégration des composantes politique, génétique et économique dans des modèles bioéconomiques

II. Approche méthodologique

Pour Weitzman, la problématique de conservation de la biodiversité est illustrée ainsi : Noé doit sauvegarder de nombreuses espèces (fonction objectif) étant donné la capacité limitée de son arche (contrainte). Selon une vision contemporaine, la capacité de l'arche de Noé correspond au budget de conservation et la fonction objectif englobe deux composantes distinctes : la diversité attendue et l'utilité attendue. La problématique de conservation est ainsi résumée dans un modèle d'optimisation.

De manière générale, les modèles de programmation mathématique appliqués à la conservation consistent à déterminer les niveaux des variables de décision qui maximisent une fonction objectif sous contraintes budgétaires qui définissent implicitement un ensemble convexe par rapport aux variables de décision. L'élaboration de ces modèles requiert la spécification de la fonction objectif, des contraintes et des paramètres. Cette section présente la démarche poursuivie pour la construction des modèles. Elle est composée de deux parties. La première partie présente la démarche adoptée pour l'estimation des probabilités de survie initiales des races ovines et caprines. La seconde partie expose les liens entre les différentes composantes ainsi que la structure des modèles d'optimisation considérés.

II.1 Probabilités de survie

En vue de générer les diversités marginales, l'approche de Weitzman requiert l'estimation des probabilités de survie ou d'extinction. L'évaluation de ces risques est l'un des intérêts des inventaires qui existent au niveau européen ou mondial. Cette partie se propose de mettre l'accent sur la démarche poursuivie pour estimer les probabilités de survie initiales des races objet de ce travail. Elle est composée de trois sous parties. La première présente les systèmes de classification des risques les plus cités dans la littérature. La seconde réalise une synthèse des approches empiriques conçues pour estimer ces probabilités et la dernière section est consacrée à la présentation du cadre adopté dans ce travail.

II.1.1 Systèmes de classification des risques d'extinction

Par rapport aux concepts complexes de diversité génétique intra- et inter-populations, les règles pratiques conçues pour définir les risques d'extinction des RGAs restent trop simplistes (Simianer, 2005). Ces règles s'établissent sur une combinaison de critères simples qui s'appuient souvent sur les effectifs des animaux en reproduction et leur dynamique et/ou le taux de consanguinité estimé sur la base de la taille efficace des populations. Ces systèmes se fondent sur la notion de Population Minimale Viable¹⁰⁶ (PMV) introduite par Shaffer (1990). Les populations qui n'atteignent pas le minimum viable sont considérées à risque d'extinction. La priorité d'une politique de conservation serait d'accroître et de garder les effectifs de ces populations au-dessus des seuils définis.

Trois systèmes de classification des risques d'extinction sont souvent évoqués dans la littérature. Il s'agit des systèmes élaborés par l'Organisation pour l'Alimentation et l'Agriculture (FAO), la Fédération Européenne de Zootechnie (FEZ) et le Conservatoire Américain des Races de Bétail (CARB). Selon la FAO (Scherf, 2000), les races sont classées en six catégories (tableau 5.1) en fonction de la taille totale de population, du nombre de femelles reproductrices et de la tendance d'évolution des effectifs. Néanmoins, des facteurs additionnels sont considérés dans le cas où une race serait à la limite entre deux catégories. Ces derniers portent sur le nombre de mâles utilisés en insémination artificielle, le nombre de doses de semences ou le nombre d'embryons en stock, le nombre de troupeaux ainsi que l'existence de programme de conservation.

La démarche conçue par la FEZ considère qu'une race est menacée de disparition lorsque son potentiel génétique (allèles et associations d'allèles) risque d'être entièrement ou partiellement perdu par la modification des fréquences génétiques due aux facteurs croisement, consanguinité, dérive génétique et sélection artificielle. Ce système a été conçu sur la base de la notion de taille efficace¹⁰⁷ (N_e) comme critère principal de classification (FEZ, 1998). Ce dernier est supposé capturer les processus de consanguinité et de dérive génétique.

¹⁰⁶ La PMV est définie comme étant la plus petite population isolée ayant 99% de chances de se maintenir sur 1000 ans (Shaffer, 1981) ou, plus raisonnablement, 95% de chances de persistance sur 100 ans (Soulé, 1987) malgré la stochasticité démographique, environnementale et génétique ou les catastrophes naturelles.

¹⁰⁷ Elle représente le nombre idéal d'individus contribuant de façon égale au pool gamétique et possédant la fréquence allélique et les niveaux de consanguinité observés dans la population. Cette valeur peut être estimée en fonction du nombre d'individus reproducteurs lorsque des facteurs comme le système de reproduction, le sex-ratio ou la fertilité sont connus.

La procédure consiste à calculer la taille efficace de chaque population sur la base des effectifs des animaux en reproduction et à estimer, par la suite, le coefficient de consanguinité à un horizon de 50 ans (F_{50}) en prenant en compte le nombre de générations pour chaque espèce d'animaux domestiques. Selon cette démarche, ce système identifie cinq catégories (tableau 5.2). En vue d'apporter des ajustements à ce système, d'autres critères sont pris en compte : 1) brassage génétique et croisement entre individus appartenant à différentes races ; 2) tendance des effectifs des femelles reproductrices ; et 3) nombre de troupeaux. Des niveaux seuils sont définis pour chaque facteur et l'ajustement consiste à revoir à la baisse le statut des populations qui n'atteignent pas les seuils fixés (Simon et Buchenauer, 1993).

Le système suggéré par le CARB (Bixby, 1994) est basé sur les effectifs des animaux en reproduction enregistrés annuellement en Amérique du nord et dans le monde (tableau 5.3). Contrairement aux systèmes FAO et FEZ qui se situent à l'échelle des pays, les critères adoptés par le CARB prennent en compte la rareté d'une population aussi bien au niveau national qu'au niveau international.

En conclusion, ces différents systèmes sont basés non seulement sur les effectifs absolus des animaux mais intègrent également d'autres critères qui varient d'un système à l'autre. Deux remarques ressortent à travers la comparaison des trois systèmes présentés ci-dessus et du système adopté à l'échelle de l'UE-15 qui a fait l'objet d'une présentation au chapitre II. La première remarque touche le fait que les trois systèmes (FAO, FEZ et CARB) subdivisent les races domestiques en plusieurs catégories. Toutefois, ni la FAO ni le CARB ne prennent en compte l'espèce, alors que la FEZ associe la dimension spécifique dans la classification des risques d'extinction. Celle-ci est capturée à travers le nombre de générations estimé pour une période de 50 ans.

La seconde remarque concerne l'effectif seuil en dessous duquel une race est considérée à risque d'extinction. Ils sont élevés dans les systèmes CARB et UE-15 comparativement aux autres systèmes. A titre d'exemple, le tableau 5.4 donne une synthèse comparative des seuils définis par chaque système pour le cas des ovins et caprins. Le seuil recommandé par l'Union est 6 à 8 fois plus élevé que ceux de la FEZ et de la FAO. Par conséquent de nombreuses races acquièrent le statut d'éligibilité aux programmes de conservation alors qu'elles ne sont pas considérées à risque d'extinction ni par la FEZ ni par la FAO.

Tableau 5.1 Catégories de risque selon la classification de la FAO (Scherf, 2000)

Catégories de risque	Effectifs			Critères additionnels
	Femelles	Mâles	Population	
Disparue	0	ou 0		Impossible de recréer la population
Critique	≤ 100	ou ≤ 5	ou ≤ 120, décroissante et FARP ≤ 80%.	
Critique maintenue				Critique + PC
En danger	≤ 1000	ou ≤ 20	ou entre 81 et 99, croissante et FARP > 80% ; ou entre 1001 et 1200, décroissante et FARP < 80%.	
En danger maintenue				En danger + PC
Situation normale	> 1000 et	> 20	> 1200 et croissante	

FARP : pourcentage de femelles accouplées en race pure. PC : Programme de conservation.

Tableau 5.2 Catégories de risque d'extinction selon la FEZ (1998)

Catégories de risque	$F-50^a$	Nombre efficace correspondant (N_e) par espèce			
		Porcine	Ovine/Caprine	Bovine	Equine
Critique	> 40 %	< 41	< 25	< 17	< 14
Menacée	26-40 %	41-65	25-39	17-27	14-21
Peu menacée	16-25 %	66 -110	40-66	28-46	22-36
Potentiellement en danger	5-15 %	111-303	67-200	47-139	37-111
Situation normale	< 5 %	> 304	> 201	>140	> 112

^a : Accroissement de la consanguinité estimé pour un horizon de 50 ans en pourcentage.

$F(50) = 1 - (1 - 1/2N_e)^g$; g étant le nombre de générations en 50 ans d'élevage estimé à 33 pour les porcs, 20 pour les ovins et caprins, 14 pour les bovins, et 11 pour les chevaux (Simon et Buchenauer, 1993). $N_e = 4NmNf / (Nm + Nf)$; Nm et Nf sont respectivement les effectifs des mâles et femelles en reproduction.

Table 5.3 Risk categories of the American Livestock Breeds Conservancy (Bixby, 1994)

Risk category	Annual registrations		Additional criteria
	North America	World wide	
Critical	< 200	< 2000	
Rare	< 1000	< 5000	
Watch	< 2500	< 10.000	Or genetic concerns/limited distribution
Recovering	> 2500	> 10.000	Was in higher risk categories and needs monitoring

Tableau 5.4 Synthèse comparative des différents systèmes de classification des risques d'extinction pour le cas des ovins et caprins

Paramètres	FAO	FEZ	UE-15	CARB	
				Amérique du nord	Monde
Effectifs seuils ^a	1.200	1.560	10.000	2.500	10.000
Tailles efficaces ^b	155	201	1.290	323	1.290
F-50 (%)	6,25	5	0,77	3,05	0,77

^a : Ces effectifs sont exprimés en fonction des femelles reproductrices. ^b : les tailles efficaces ont été calculées en retenant le sex-ratio (mâles / femelles = 1/30) considéré par la FEZ.

II.1.2 Travaux empiriques

La revue des travaux de recherche a permis d'identifier cinq types d'approches d'évaluation des risques d'extinction (tableau 5.5): 1) approche conçue sur la base d'une somme pondérée de critères ; 2) la consultation des experts; 3) approche basée sur les marqueurs moléculaires ; 4) approche basée sur les systèmes établis (FAO, FEZ et CARB) ; et 5) l'analyse de viabilité des populations (AVP).

Tableau 5.5 Approche d'évaluation des probabilités d'extinction

Auteurs	Unité biologique	Approches
Reist-Marti et <i>al.</i> (2003)	Races	Somme pondérée de critères
Weitzman (1993)	Espèces	Consultation des experts
Garcia et <i>al.</i> (2005)	Races	Marqueurs moléculaires
Mendonça et <i>al.</i> (2003)	Espèces	Systèmes de classification
Bennewitz et <i>al.</i> (2005)	Races	Analyse de viabilité des populations

La première approche consiste à établir et à pondérer des critères jugés pertinents en matière d'extinction. Celle-ci a été développée par Reist-Marti et *al.* (2003) pour le cas des races bovines africaines. Le schéma conçu prend en compte dix facteurs¹⁰⁸. Différentes modalités ont été fixées pour chaque facteur et des poids ont été attribués à chaque modalité¹⁰⁹.

La seconde approche opère à travers la consultation des experts. Celle-ci a été mobilisée par Weitzman (1993) pour évaluer les risques d'extinction de 15 espèces. L'auteur a souligné que les points de vue des experts sont identiques quand il s'agit

¹⁰⁸ Les facteurs considérés sont : 1) la taille totale de la population ; 2) ses fluctuations au cours du temps, 3) la répartition géographique, 4) le brassage génétique, 5) l'organisation des éleveurs, 6) l'établissement de schéma de conservation, 7) la situation politique du pays concerné, 8) les caractéristiques spécifiques de la race, 9) son importance socioculturelle ; et 10) la fiabilité des données.

¹⁰⁹ Le poids accordé à la taille de population est trois fois plus élevé que ceux attribués aux autres critères.

d'établir un classement ordinal des espèces en fonction de leur vulnérabilité à l'égard des processus d'extinction. Néanmoins, il a remarqué plus de désaccord entre les experts au sujet des valeurs absolues des probabilités d'extinction.

Le modèle de Weitzman considère uniquement la diversité inter-populations et ignore la diversité intra-population. Garcia et *al.* (2005) ont élaboré une alternative qui permet à la fois d'évaluer les probabilités d'extinction et d'intégrer la diversité génétique intra-population à cette approche. Celle-ci considère l'extinction au sens génétique, en d'autres termes, elle intervient quand à chaque locus, au sein du génome, le même allèle est fixé pour tous les individus de la population. Ces derniers présentent alors exactement le même génotype et sont homozygotes pour tous les *loci*. Plus une population est homozygote, plus elle est génétiquement mise en danger. En se basant sur la théorie des processus de diffusion et en supposant que la dérive génétique constitue l'unique facteur affectant l'extinction des populations, un modèle a été élaboré pour estimer les risques d'extinction. Le quatrième type consiste à adopter un système de classification donné (FAO, FEZ, CARB ou autres), comme base de référence et à attribuer, de façon arbitraire, une probabilité d'extinction à chaque classe (De Mendonça et *al.*, 2003).

Le dernier type porte sur l'analyse de viabilité des populations (AVP). Celle-ci est une évaluation quantitative de tous les facteurs, ainsi que de leurs interactions, qui agissent et contribuent au déclin ou à l'extinction à court et à long terme des populations (Boyce, 1992 ; cité par Lindenmayer et *al.*, 1995). L'objectif de l'AVP est de prédire la manière dont la gestion des ressources peut modifier les paramètres influençant les risques d'extinction. Des programmes informatiques tels que RAMAS, ALEX et VORTEX ont été conçus pour l'AVP. Toutefois, l'extension des applications empiriques de ces modèles est restée limitée pour le cas des espèces et une seule application a été entreprise récemment pour le cas des RGAs. Celle-ci a porté sur cinq races bovines originaires d'Allemagne (Bennewitz et Meuwissen, 2005).

La principale remarque qui ressort de cette synthèse concerne le caractère incomplet, subjectif et arbitraire des approches méthodologiques développées pour estimer les probabilités d'extinction. Ce constat s'explique par le fait que les résultats issus des différentes approches ne peuvent être validés car les valeurs réelles de ces probabilités ne peuvent être obtenues avec précision. L'approche basée sur une somme pondérée de critères est simple à mettre en œuvre, mais soulève des questions quant au choix des critères et leur pondération. L'approche proposée par Garcia et *al.* (2005) a permis d'intégrer la diversité génétique intra-population. Elle se base sur les marqueurs moléculaires et elle est qualifiée de “ *purement génétique* ”.

Cependant, cette approche suppose, d'une part, que le processus d'extinction dépend uniquement de la dérive génétique, et d'autre part, elle ne prend en compte ni les facteurs démographiques, qui constituent le fondement de base des systèmes présentés dans la première section, ni d'autres facteurs dont l'impact sur la survie des populations serait vraisemblablement significatif. En effet, il est de plus en plus admis que le processus d'extinction des petites populations, à court terme, est tributaire aussi bien de facteurs démographiques que de facteurs génétiques (Bruford, 2004).

Enfin, les modèles de l'AVP permettent d'intégrer d'autres dimensions, notamment la dimension stochastique, à l'analyse de la viabilité des populations. Toutefois, ces modèles présentent des limites qui ont restreint leur extension, surtout le volume d'informations et de données, généralement non disponibles, qu'ils requièrent pour leur application. Globalement, aucun de ces modèles n'est entièrement satisfaisant. Ainsi, l'approche retenue dans ce travail se base sur un cadre théorique ayant pour fondement les apports de la génétique quantitative, d'une part, et sur des considérations empiriques faisant référence au système de la FEZ (1998), d'autre part.

II.1.3 Cadre adopté

Si une population est de taille réduite et si son mode de reproduction ne lui permet pas d'échanger des gènes avec d'autres populations, elle peut être fortement mise en danger par le processus de consanguinité, auquel peuvent s'ajouter les conséquences de la dérive génétique. En effet, lorsque l'effectif d'une population est limité, le passage d'une génération à la suivante provoque un échantillonnage d'allèles dont certains se maintiennent et sont copiés au fil des générations, alors que d'autres disparaissent¹¹⁰. Ces phénomènes s'accompagnent d'un déficit d'hétérozygotes par rapport à ce qui serait attendu, sous l'hypothèse d'un équilibre de *Hardy Weinberg*, au vu des fréquences alléliques moyennes dans la grande population (H_0). Le concept de coefficient de consanguinité¹¹¹ ($F(t)$) est utilisé pour évaluer ces phénomènes et leurs conséquences sur l'hétérozygotie. Celui-ci correspond à la diminution de l'hétérozygotie à la génération t :

$$F(t) = \frac{H_0 - H_t}{H_0} \quad (5.1)$$

¹¹⁰ Ces tirages aléatoires provoquent une fluctuation des fréquences des différents allèles présents dans le patrimoine génétique de la population, dérive génétique, ainsi que la concentration de gènes identiques, consanguinité.

¹¹¹ A l'échelle de l'individu, ΔF est défini comme la probabilité pour qu'en un locus pris au hasard les deux allèles soient identiques par descendance, c'est à dire qu'ils proviennent de la copie d'un même allèle présent chez un ancêtre commun au père et à la mère de l'individu.

Dans le cas de sexes séparés, cas des races des animaux d'élevage, la consanguinité dépend du nombre d'individus qui participent à la reproduction. On utilise la notion de taille efficace¹¹² (N_e) pour capturer le déclin de l'hétérozygotie d'une génération à une autre. Celle-ci est désignée comme étant le nombre d'individus d'une population « idéale » soumise à un même degré de dérive génétique que la population considérée, aux mêmes variations des fréquences alléliques ou à la même diminution de la diversité génétique (Wright, 1978). Pour une population disposant de N_m mâles et N_f femelles qui participent au processus de reproduction, la taille efficace est :

$$N_e^* = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f} \quad (5.2)$$

Les petites populations perdraient leur niveau d'hétérozygotie à un taux évalué à (Simon et Buchenauer, 1993):

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e^*}$$

Sous l'hypothèse que la taille efficace de population reste constante au fil des générations, une estimation de la consanguinité, à une génération t , est donnée par l'expression suivante (Falconer et Mackay, 1996) :

$$F(t) = 1 - \left(1 - \frac{1}{2N_e^*}\right)^t$$

En fonction de la proportion initiale d'hétérozygote (H_0) de la population de base, l'extrapolation de la proportion d'hétérozygote (H_t), pour une génération t , est donnée par :

$$H_t = H_0 \left(1 - \frac{1}{2N_e^*}\right)^t \quad (5.3)$$

Ainsi, quand t tend vers l'infini, H_t tend vers zéro, à un taux inversement proportionnel à la taille efficace de population. En absence de sélection, de mutation et de migration, à long terme les individus de la population deviendraient complètement homozygotes pour chaque locus du génome.

¹¹² N_e est la taille efficace d'une population fictive qui perdrait sa variabilité génétique au même taux que la population réelle qu'on considère.

La proportion d'hétérozygote va progressivement diminuer dans une population de taille finie, même si le processus de reproduction se fait totalement au hasard. Ce phénomène sera d'autant plus rapide que la taille efficace de population sera faible. L'expression 5.3 a été retenue comme mesure des probabilités de survie¹¹³ des races et elle a été estimée à travers l'approximation exponentielle¹¹⁴ suivante (Lynch et Walsh, 1998):

$$X_i^* = H_{ti} \cong H_{0i} \exp\left(\frac{-t}{2Ne_i^*}\right) \quad (5.4)$$

Sous cette formulation, les chances de survie d'une race dépendent du nombre de générations (t), de la taille effective de population (N^*e) et des fréquences alléliques de départ (H_0). Pour le cas des ovins et caprins, l'intervalle entre deux générations est estimé à 2,5 ans (Simon et Buchenauer, 1993). *A priori*, deux horizons de planification ont été retenus. Le premier s'étend sur 50 ans (20 générations) et le second sur 100 ans (40 générations). Les proportions initiales d'hétérozygotie (H_0) ont été approchées, pour chaque race, à travers les résultats des analyses intra-populations effectuées au chapitre III sur la base d'une trentaine de marqueurs moléculaires.

II.2 Modèles d'optimisation

II.2.1 Fonction objectif

Conformément à ce qui a été présenté au chapitre I (section V.2), chaque race i entre comme argument dans la fonction objectif de Noé à plusieurs titres : pour sa valeur d'usage, sa valeur d'existence ou sa valeur esthétique, mais aussi pour sa contribution à la diversité phylogénétique pouvant découler d'une valeur d'option ou de quasi option. Pour un ensemble S formé de N races, la fonction objectif ($\phi(S)$) se présente comme la somme de l'utilité attendue, $E(U(S))$, et de la diversité attendue, $E(V(S))$:

$$\phi(S) = EV(S) + EU(S)$$

¹¹³ Alternativement, la probabilité d'extinction ($P_i^* = 1 - X_i^*$) a été approchée comme étant la proportion d'hétérozygotie perdue au cours des générations.

¹¹⁴ Pour $Ne > 10$, l'approximation utilisée est la suivante : $(1+x)^t = \exp(-xt)$ pour $|x| < 1$.

Cette formulation présente une limite d'ordre méthodologique : la fonction objectif à optimiser est une somme de deux entités qui ne s'expriment pas dans les mêmes unités. Cette limite a été contournée moyennant un réajustement méthodologique qui a consisté à considérer deux types de fonction objectif. Le premier type considère une fonction objectif qui porte uniquement sur la diversité espérée (dissemblance génétique), alors que le second maximise l'utilité attendue générée à travers la démarche normative conçue au chapitre IV sur la base de cinq critères dont l'un porte sur la dissemblance génétique.

i. Diversité attendue

Selon Weitzman (1992, 1993), la diversité espérée d'un ensemble S formé de N races est donnée par l'équation¹¹⁵ (1.5, chapitre I section V.2). Celle-ci s'exprime en fonction des probabilités de survie. Les budgets de conservation agissent sur ces probabilités. La question est de savoir comment les variations des probabilités de survie affectent la diversité attendue de l'ensemble : plus la diversité attendue est affectée par l'accroissement des chances de survie d'une race, plus elle deviendrait prioritaire pour les actions de conservation. L'incidence de l'accroissement de la probabilité de survie sur la diversité espérée est capturée à travers le concept de diversité marginale :

$$V'_i = \frac{\partial E(V(S))}{\partial X_i}$$

L'équation (1.5) est une fonction non linéaire par rapport aux X_i . Moyennant un développement de Taylor de premier ordre, Weitzman (1998) a considéré une approximation linéaire de la diversité attendue :

$$Max_{X_i} \sum_{i=1}^N V'_i X_i \quad (5.5)$$

Sous cette formulation, l'objectif recherché consiste à maximiser l'accroissement de la diversité espérée au cours d'un horizon de planification. Chaque population est caractérisée par sa diversité marginale, V'_i , qui exprime l'impact sur la diversité de l'ensemble d'un accroissement donné des chances de sa survie. Pour chaque espèce, deux modèles ont été réalisés : le premier considère les diversités marginales calculées selon la distance de Nei et le second porte sur les diversités marginales générées à

¹¹⁵ La diversité espérée est donnée par : $EV(S) = \sum_k P(K) V(K)$.

travers les distances de Reynolds. Les diversités marginales ont été générées par le programme informatique élaboré par Simianer (2001) sur la base des deux matrices de distances présentées au chapitre III pour les races ovines et caprines et des vecteurs des probabilités de survie calculés à travers l'équation 5.4.

ii. Utilité attendue

Le chapitre IV s'est attaché à évaluer l'utilité des RGAs sur la base de cinq attributs par la MCM. L'échantillon qui a servi à cette analyse est constitué de spécialistes et de représentants des associations professionnelles. Les attributs considérés portent sur la dissemblance génétique, la diversité génétique intra-population, la fonction économique, la fonction environnementale et la fonction culturelle. Chaque attribut prend trois états distincts (élevé, moyen et faible), le niveau élevé étant le niveau supposé le meilleur. Les niveaux des attributs sont d'ordre qualitatif et construits sur la base d'indicateurs. Les analyses économétriques effectuées ont révélé que le MLE sans ASC produit le meilleur ajustement. Les résultats de ce modèle ont été utilisés pour générer une fonction d'utilité. Afin de générer des mesures positives, les utilités des races, calculées selon les résultats des MLE, ont été normalisées¹¹⁶ selon une procédure articulée en cinq étapes :

1. identifier les niveaux de chaque critère pour chaque race selon la procédure décrite au tableau 4.4 du chapitre IV;
2. affecter les coefficients (β_s) correspondants aux niveaux des critères pour chaque race et additionner ces coefficients ;
3. identifier le niveau minimum (résultats de l'étape 3) et le retrancher pour toutes les races ;
4. additionner l'unité (1) pour toutes les races pour éviter d'avoir une valeur nulle ;
5. identifier le niveau maximum (résultats étape 4) et diviser les résultats pour toutes les races par ce maximum ;

Selon cette procédure, les utilités normalisées (U_i) des races sont toutes supérieures strictement à zéro et inférieures ou égales à 100 et la fonction objectif se présente sous l'expression :

$$Max_{X_i} \sum_{i=1}^N U_i X_i \quad (5.6)$$

¹¹⁶ Cette procédure a permis de considérer des utilités strictement positives pour toutes les races plutôt que des utilités négatives ou nulles.

Pour chaque espèce, trois modèles ont été considérés. Le premier modèle porte sur les résultats des MLE sans ASCs générés pour l'ensemble de l'échantillon¹¹⁷ (répondant moyen). Le second et le troisième modèle considèrent respectivement les résultats correspondant aux répondants généticiens et zootechniciens.

II.2.2 Contraintes

Une action de conservation *in situ* requiert un certain coût et le budget global qu'il est possible de mobiliser est limité. Quelles races faudrait-il protéger ? Et quelle est la part du budget à allouer à chaque race pour sa conservation ? Ces deux questions ont été analysées dans le formalisme suivant. Soit $X_i \in]0, 1]$ la probabilité de survie de la race i . Une action de conservation en sa faveur permettra de faire varier sa probabilité entre deux bornes :

$$X_i^* \leq X_i \leq X_i^{**}, \quad \forall i, \quad X_i^* > 0 \text{ et } X_i^{**} \leq 1$$

où X_i^* correspond à la menace qui pèse sur la race i en absence de mesure de conservation et X_i^{**} s'obtient si toutes les mesures de protection ont été consenties. Pour les cas extrêmes, X_i^* est nulle et X_i^{**} est égale à 1. Une action de conservation engendre des coûts. Soit b_i le coût associé à une politique de conservation en faveur de la race i et désignons par B le budget total consacré à la conservation de l'ensemble formé de N races. La contrainte budgétaire s'énonce alors :

$$\sum_{i=1}^N b_i \leq B \quad (5.7)$$

L'allocation du montant b_i à la conservation de la race i induirait un accroissement de sa probabilité de survie en la faisant passer de X_i^* à X_i selon une fonction probabiliste, $f(b_i)$, supposée monotone, croissante et satisfaisant les conditions initiales suivantes :

$$X_i = f(b_i), \quad \text{avec } f(0) = X_i^* \text{ et } f(b_i) \leq X_i^{**}, \forall b_i \quad (5.8)$$

D'une part, ces propriétés indiquent que sans programme de conservation, la probabilité de survie restera à sa limite inférieure X_i^* . D'autre part, elles stipulent que la

¹¹⁷ Les coefficients de ce modèle sont reportés sur le tableau 4.9 du chapitre IV.

probabilité de survie ne peut pas dépasser sa limite supérieure X_i^{**} : plus les coûts de conservation augmentent, plus les chances de survie augmentent. Weitzman avait opté pour une forme fonctionnelle linéaire, de type Leontief, pour caractériser cette relation :

$$f_i(b) = \min \left[\frac{b}{b_i^{**}} (X_i^{**} - X_i^*) + X_i^*, X_i^{**} \right] \quad (5.9)$$

Le paramètre b_i^{**} ($b_i^{**} > 0$) correspond au budget maximum requis pour la conservation de la race i . Le problème de décision économique peut alors être énoncé comme suit : comment allouer le budget de conservation B de sorte à maximiser les fonctions objectifs (Equations 5.5 et 5.6) tout en respectant la contrainte budgétaire (Equation 5.7) et les relations qui expriment l'incidence des coûts de conservation sur les probabilités de survie (équation 5.8).

Weitzman (1998) a caractérisé la solution de ce problème sous les hypothèses suivantes : 1) toutes les races sont indépendantes; et 2) les fonctions probabilistes caractérisant les liens entre les coûts de conservation et les probabilités de survie sont linéaires et prennent la forme donnée par l'équation (5.9). La première hypothèse est consistante dans le contexte des animaux d'élevage dans le sens où l'extinction d'une race ne présente aucun effet sur la survie des autres races de l'ensemble. Quant à la seconde hypothèse, elle est simple à mettre en œuvre, mais elle reste hypothétique (Baumgartner, 2004 ; Simianer et *al.*, 2003).

En effet, la forme linéaire n'est pas généralement adaptée car elle suppose que le changement de probabilité engendré par une augmentation d'une unité de coût de conservation est identique quel que soit le niveau de probabilité. En réalité, il est vraisemblable que l'accroissement marginal des niveaux de probabilités ne soit pas constant. Dans l'une des premières applications du modèle de Weitzman aux RGAs, Simianer et *al.* (2003) a considéré que la forme linéaire est restrictive et a opté pour trois formes non linéaires. Aussi dans le contexte des espèces, Baumgartner (2004) a adopté une fonction racine carrée pour caractériser cette relation. La littérature sur le choix d'une forme fonctionnelle appropriée ne fournit, à l'heure actuelle, aucune réponse définitive. En l'absence de consensus sur ce sujet, nous avons fait le choix de tester et d'étudier la performance de la forme retenue pour l'estimation des probabilités de survie donnée par l'équation (5.4).

II.2.3 Forme fonctionnelle et budget de conservation

Rappelons que les probabilités de survie initiales ont été estimées sur la base des tailles efficaces actuelles (N^*e) en absence de programmes de conservation. A l'échelle

de l'Union, les budgets de conservation sont alloués par individus « brebis reproductrice » alors que la forme fonctionnelle retenue s'exprime en fonction des tailles efficaces des populations. C'est ainsi que nous avons converti l'expression de la taille efficace donnée par l'équation (5.2) pour quelle puisse s'exprimer en fonction des sujets femelles en adoptant le sex-ratio (1/30) adopté par la FEZ :

$$Ne_i = \frac{4}{31} N_f \quad (5.10)$$

N_f est le nombre de femelles reproductrices. La démarche suivie suppose qu'un programme de conservation aura comme effet d'accroître le nombre de sujets femelles de la population, par N_f^c , c'est à dire, le nombre de femelles bénéficiant effectivement de subsides de conservation. En appliquant l'approximation donnée par l'équation (5.10), la probabilité de survie pour une race bénéficiant d'un programme de conservation de N_f^c femelles reproductrices est alors donnée par :

$$X_i = H_0 \exp \left[\frac{-t}{2(Ne_i^* + (4/31) * N_f^c)} \right] \quad (5.11)$$

H_0 , t et N_e^* sont des constantes positives ; par rapport à la variable N_f^c , cette fonction est monotone, croissante et concave. Le comportement de cette fonction sera illustré à travers cinq exemples à la section IV.2. Le budget (b_i) alloué à la conservation d'une race i est fonction des coûts unitaires c_i (euros/brebis) et de l'effectif conservé N_f^c :

$$b_i = c_i * N_f^c$$

Les coûts unitaires appliqués dans les modèles de programmation correspondent aux subsides payés par pays et par femelles reproductrices (tableau 5.6). A noter que pour le cas de la Grande Bretagne et du Portugal, n'ayant pas intégré la conservation des ovins et caprins dans leurs PDRs, nous avons appliqué les montants moyens observés à l'échelle de l'Union. Pour rendre le modèle plus réaliste, nous avons supposé un effectif maximum de conservation de 1200 brebis reproductrices, soit le seuil fixé par la FAO. Les niveaux maxima des budgets qui correspondent à la conservation de cet effectif sont reportés sur les deux dernières colonnes du tableau 5.6. Les coûts fixes, supposés varier selon les pays, n'ont pas été considérés.

Enfin, comme il a été présenté au chapitre II, les dépenses potentielles de conservation sont estimées à environ 40 millions euros, alors que les budgets alloués à la conservation à l'échelle de l'Union se limitent à près de 8 millions euros, soit un taux de couverture de 20%. Les budgets de conservation (B) considérés dans les modèles d'optimisation ont été estimés sur la base des coûts potentiels de conservation des 28 races ovines et 21 races caprines et du taux de couverture observé au niveau de l'Union (tableau 5.7). Ces budgets représentent 20% des dépenses totales requises pour maintenir les effectifs des populations considérées au-delà du seuil fixé par la FAO.

Tableau 5.6 Coûts unitaires et budgets maxima considérés dans les modèles d'optimisation selon le pays d'origine des races

Pays	Sigle	Coûts unitaires (c_i en euros/femelles)		Budgets maxima ^b (b_i^{**})	
		Ovins	Caprins	Ovins	Caprins
Allemagne	DE	10	15	12.000	18.000
Autriche	AT	-	3	-	3.600
Espagne	ES	18	18	21.600	21.600
France	FR	18	18	21.600	21.600
Grande Bretagne ^a	GB	15	-	18.000	-
Grèce	GR	17	17	20.400	20.400
Italie	IT	22	29	26.400	34.800
Portugal ^a	PT	15	16	18.000	19.200

^a: La Grande Bretagne n'a pas intégré la composante conservation dans son PDR. Le Portugal n'a pas retenu les races ovines et caprines dans son PDR. Pour ces deux pays, on a appliquée les montants moyens observés à l'échelle de l'Union.

^b: Ces budgets correspondent à la conservation de 1200 individus (seuil de la FAO).

Source : adapté de Signorello et *al.* (2003)

Tableau 5.7 Budgets de conservation considérés dans les modèles d'optimisation

Espèces	Dépenses potentielles ^a	Taux de couverture ^b	Budgets considérés (B)
Ovine	570.000	20 %	114.000
Caprine	502.000	20 %	100.000

^a: Budgets requis pour la conservation de 1200 femelles reproductrices. ^b: Taux de couverture (en termes de budgets de conservation) observés à l'échelle de l'Union.

Formellement, le modèle d'optimisation est donné par :

$$\text{Maximiser}_{\{X_i, b_i\}_{i=1,2,\dots,N}} E[V(S)] \text{ ou } E[U(S)]$$

Sous contraintes :

$$\sum_{i=1}^N b_i \leq B$$

$$X_i = H_0 \exp \left[\frac{-t}{2(Ne^* + (4/31) * N_f^c)} \right]$$

$$b_i = c_i * N_f^c$$

$$b_i \leq b_i^{**} \text{ et } X_i^c \leq 1.$$

C'est un problème typique de programmation stochastique dont les variables de décision portent explicitement sur les b_i et implicitement sur les X_i . Au total, dix modèles ont été élaborés sur GAMS (*General Algebraic Modeling System*), soit cinq modèles pour chaque espèce :

1. Modèle A : maximise la diversité attendue sur la base de la distance de Nei ;
2. Modèle B : maximise la diversité attendue sur la base de la distance de Reynolds ;
3. Modèle C : maximise l'utilité attendue générée pour l'ensemble de l'échantillon (répandant moyen) ;
4. Modèle D : maximise l'utilité attendue générée pour les répondants généticiens ;
5. Modèle E : maximise l'utilité attendue générée pour les répondants zootechniciens.

III. Résultats

III.1 Probabilités de survie

Les paramètres mobilisés pour l'estimation des probabilités de survie initiales selon l'équation 5.4 sont reportés sur les annexes 5.1 et 5.2 respectivement pour les races ovines et caprines. Pour les races ovines, les tailles efficaces oscillent entre 57 (ITALT) et 269.419 (GBSBF) avec une moyenne de 17.373. Les coefficients de consanguinité (exprimés en pourcentage) correspondants varient de 0,0002 (GBSBF) à 0,8772 (ITALT). Si l'on considère le système FEZ, six races ovines seulement, soit 21%, présentent des tailles efficaces inférieures au seuil fixé qui est de 201 pour les ovins et caprins. Néanmoins, 21 races ovines présentent des tailles efficaces inférieures au seuil

de l'UE-15 qui s'élève à 10.000 femelles reproductrices, soit l'équivalent d'une taille efficace d'environ 1.290.

Parmi ces 21 populations, cinq (DERHO, GRKAL, GRPIL, GRSKO et FRTHM) ont été incluses dans les PDRs¹¹⁸ cofinancés par l'UE-15 et les Etats membres. A noter que la race DEBBS bénéficie aussi de programme de conservation *in situ* malgré que son effectif dépasse le niveau seuil de l'Union. Pour le cas des caprins, les tailles efficaces oscillent entre 4 (ITGMO) et 536.775 (GRGRC). Parmi les 21 populations caprines, trois (ITGMO, ATPIZ et ITGIR) sont considérées à risque d'extinction selon le système FEZ et 12 remplissent le critère d'éligibilité aux PDRs initiés à l'échelle de l'UE-15. Parmi ces dernières, huit races (ATPIZ, ATTAS, DETWZ, FRPYR, FRROV, ITARG, ITBIO et ITGIR) ont été retenues dans les PDRs. La race GRSKO originaire de la Grèce bénéficie aussi de programme de conservation *in situ* bien que son effectif dépasse sensiblement le seuil fixé au niveau de l'Union.

Les coefficients de corrélation entre les tailles efficaces et les taux d'hétérozygotie observée sont de 0,16 pour les 28 populations ovines et de 0,32 pour les 21 populations caprines. A ce niveau se pose la question suivante : quels sont parmi les paramètres mobilisés (Ne^* et H_{obs}), ceux qui déterminent les tendances de ces probabilités ? Sur les figures 5.2 et 5.3 sont présentés les paramètres et les probabilités de survie de 21 races ovines et de 12 races caprines dont les tailles efficaces sont en dessous du seuil fixé par l'UE-15. Deux remarques ressortent de la lecture de ces figures. La première remarque concerne le fait que les probabilités de survie, estimées pour deux horizons (20 et 40 générations), suivent la même tendance que celle enregistrée pour l'hétérozygotie observée.

A titre d'exemple, la race ITGDP qui ne compte que 416 comme taille efficace présente la probabilité de survie la plus élevée car elle dispose du niveau maximum d'hétérozygotie observée parmi les 21 populations ovines considérées. A l'autre extrémité, la taille efficace de la race GBEXH s'élève à 1266 mais elle n'est classée qu'en neuvième position selon la probabilité de survie correspondant à un horizon de 20 générations. Ceci s'explique par son taux d'hétérozygotie qui n'est que de 0,64. Les mêmes tendances ont été observées pour les douze populations caprines. La seconde remarque porte sur les écarts entre les probabilités de survie et les taux d'hétérozygotie observée en fonction des tailles efficaces des populations. Ces écarts deviennent de plus en plus élevés quand on passe des races présentant des tailles efficaces élevées aux races disposant de tailles efficaces faibles.

¹¹⁸ L'inclusion des races dans les PDRs est indiquée sur la troisième colonne du tableau 5.11 pour les ovins et le tableau 5.12 pour les caprins.

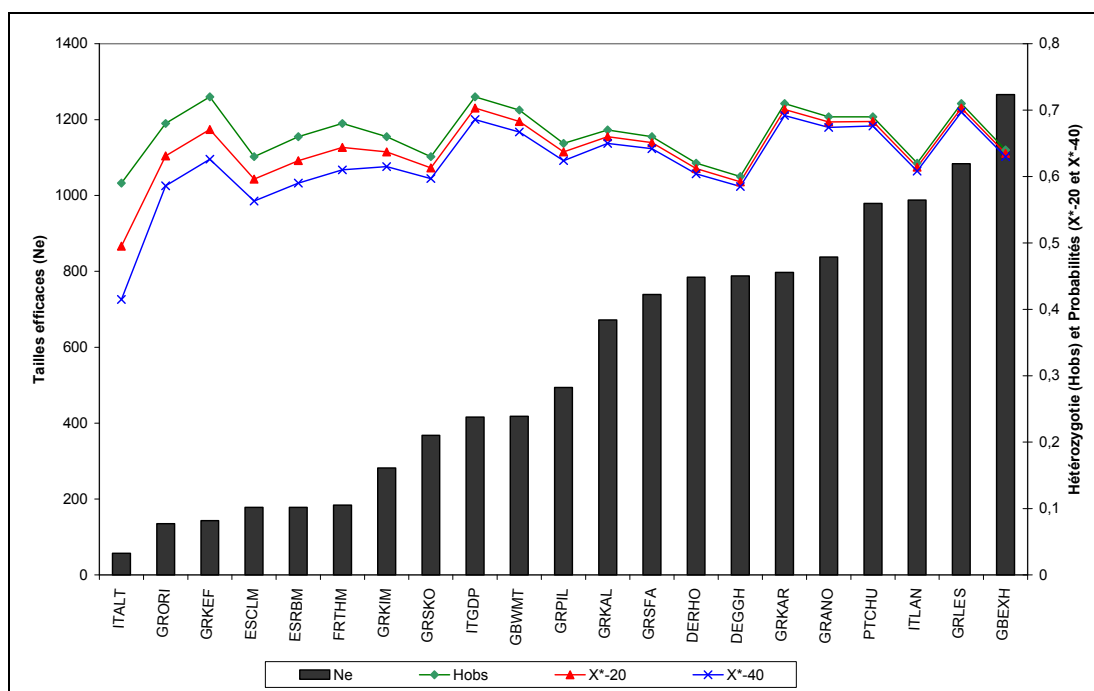


Figure 5.2 Tendances des probabilités de survie de 21 races ovines selon les paramètres mobilisés (N^* et H_{obs}) pour les estimer

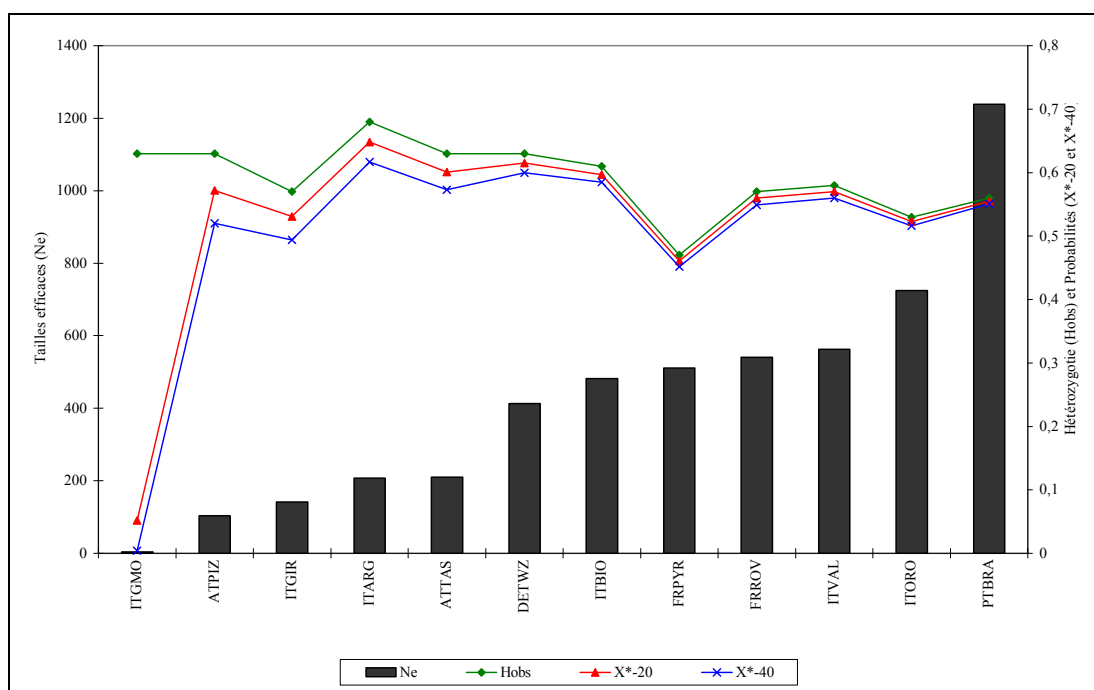


Figure 5.3 Tendances des probabilités de survie de 12 races caprines ovines selon les paramètres mobilisés (N^* et H_{obs}) pour les estimer

Il est à noter que l'équation 5.4 a été générée sous certaines hypothèses (absence de sélection, de mutation et de migration et accouplement aléatoire). Toutefois, dans le contexte réel, chaque race reste un cas particulier du fait de son mode de conduite, notamment celui de la reproduction (fertilité, prolificité, âge de mise bas, insémination artificielle, âge à la réforme, etc) et du mode d'accouplement (libre, planifié, etc). Ce constat suggère un réajustement de l'équation retenue afin de tenir compte des caractéristiques propres des races.

Selon les deux horizons retenus, le passage de 20 à 40 générations engendre, globalement, de faibles réductions des probabilités de survie. En effet, pour le cas des ovins, si l'on considère un horizon de 40 générations (100 ans), l'intervalle de variation des probabilités de survie est compris entre 0,415 et 0,697 avec une moyenne de 0,634. Le pourcentage de réduction entre 20 et 40 générations est en moyenne de 2,46%. Ce dernier oscille entre 0,0037% pour la race GBSBF et 16,22% pour la race ITALT. Pour les caprins et à l'exception de la race ITGMO, les pourcentages de variation, entre les probabilités de survie calculées pour des horizons de 20 et 40 générations, sont compris entre 0,0018 (GRGRC) et 9,167 (ATPIZ). Toutefois, pour le cas particulier de la race ITGMO, la probabilité de survie passe de 0,052 à 0,004, soit une part de réduction d'environ 92%. Ceci s'explique par la nature même de l'approche adoptée pour estimer les probabilités de survie qui suppose un processus de fixation d'allèles au fil des générations et qui présente plus d'effet sur les petites populations comparativement aux grandes.

III.2 Diversités attendues et diversités marginales

III.2.1 Diversités attendues

Au chapitre III, les diversités actuelles des 28 races ovines et 21 races caprines ont été calculées selon le programme informatique conçu par Simianer (2001) dans un contexte déterministe selon deux types de distances¹¹⁹ (Nei et Reynolds). Le sous-programme 2 de ce programme a été utilisé pour calculer les diversités attendues et les diversités marginales des races considérées selon les deux types de distances retenues au chapitre III et selon deux horizons de planification, 20 et 40 générations. Ces mesures ont été générées sur la base des matrices de distances et des vecteurs de probabilités d'extinction (tableau 5.8).

¹¹⁹ Les résultats sont présentés sur le tableau 3.8 pour les ovins et 3.10 pour les caprins.

Pour le cas des ovins, la diversité actuelle s'élève à 1,592 selon la distance de Reynolds. Selon cette distance, les diversités attendues sont estimées à 1,018, pour un horizon de 20 générations et à 0,994 pour un horizon de 40 générations, soit respectivement des taux de réduction d'environ 36% et 37%. Si l'on considère la distance de Nei, la diversité actuelle étant de 4,541, les taux de réduction sont estimés à environ 35% et 37% pour les deux horizons de planification considérés.

Tableau 5.8 Diversités actuelles et diversités attendues des 28 races ovines et 21 races caprines estimées pour deux horizons de planification (20 et 40 générations) et selon deux types de distances (Reynolds et Nei)

Distances	Mesures de diversités (D.)	28 races ovines		21 races caprines	
		Nombre de générations		Nombre de générations	
		20	40	20	40
Reynolds	D. actuelle ^a	1,592	1,592	1,309	1,309
	D. attendue ^b	1,018	0,994	0,722	0,702
	Ecart type	0,185	0,186	0,170	0,170
	Réduction ^c (%)	36,05	37,56	44,84	46,37
Nei	D. actuelle ^a	4,541	4,541	2,986	2,986
	D. attendue ^b	2,922	2,855	1,666	1,619
	Ecart type	0,504	0,507	0,382	0,383
	Réduction ^c (%)	35,65	37,12	44,20	45,78

^a : Diversité actuelle $V(S)$. ^b : Diversité attendue $E(V(S))$.

^c : Part de réduction : $(V(S)-E(V(S)))/V(S)*100$

En ce qui concerne les races caprines, les diversités actuelles s'élèvent à 1,309 et à 2,986 respectivement selon les distances de Reynolds et Nei. Pour ces deux distances, les diversités attendues sont estimées à 0,722 et à 1,666 au cours de 20 générations et à 0,702 et à 1,619 au cours de 40 générations. Les taux de réduction oscillent entre 44% et 46%. Les résultats qui suivent portent sur un seul horizon (20 générations) et les deux distances (Nei et Reynolds).

III.2.2 Diversités marginales

Les diversités marginales normalisées¹²⁰ des races ovines et caprines estimées pour un horizon de 20 générations sont reportées respectivement sur les annexes 5.3 et 5.4. Sur les figures 5.4 et 5.5 sont présentées les diversités marginales normalisées générées sur la base des deux distances (Nei et Reynolds) respectivement pour les ovins et caprins. Elles indiquent le gain marginal, en termes de diversité attendue, suite à l'amélioration des probabilités de survie des races.

¹²⁰ Les diversités marginales ont été normalisées de sorte à ce que leur somme soit égale à 100.

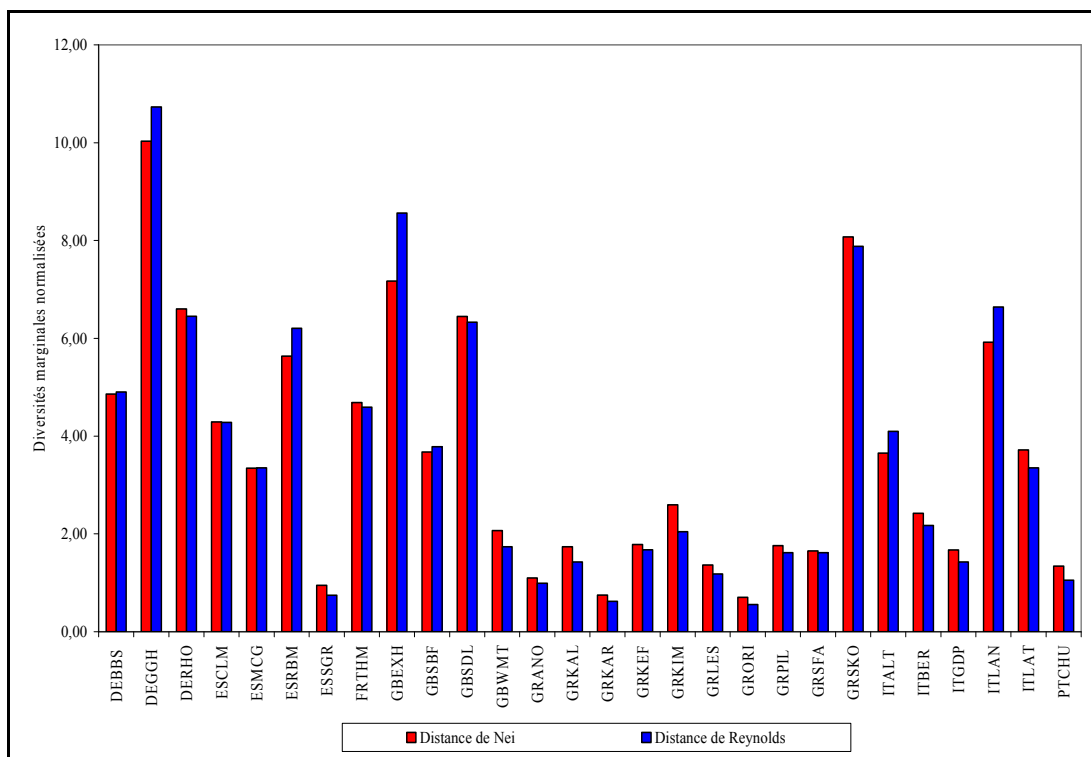


Figure 5.4 Diversités marginales normalisées des 28 races ovines selon les distances de Nei et de Reynolds pour un horizon de 20 générations

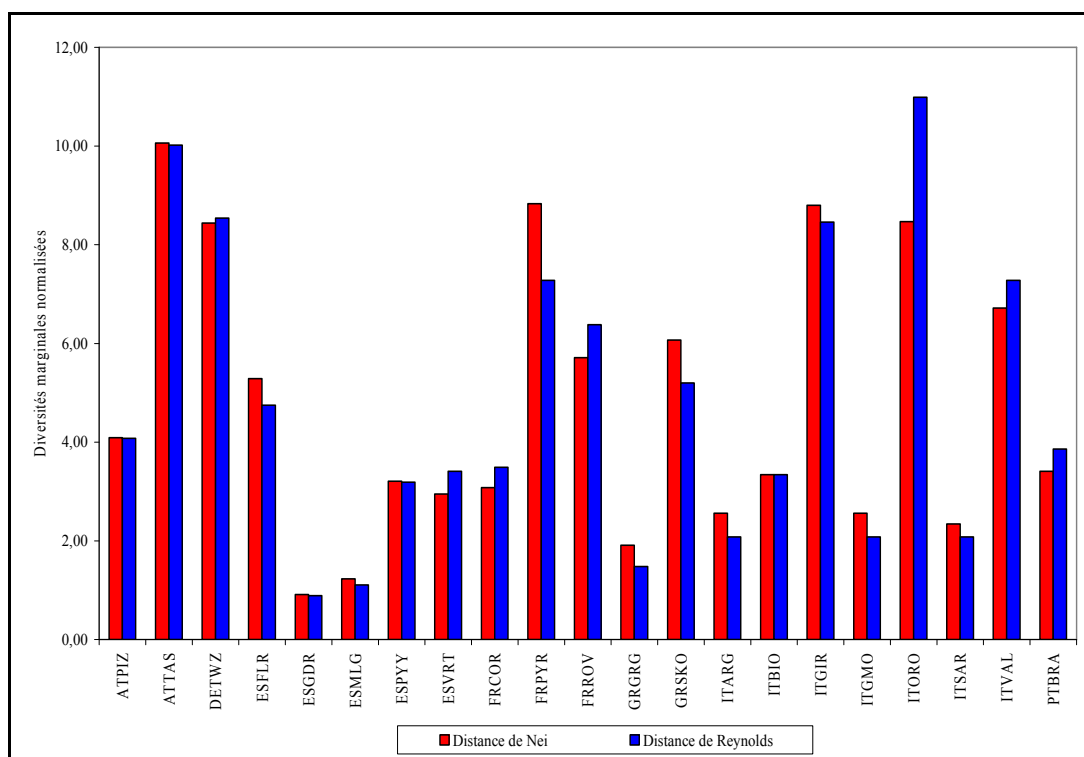


Figure 5.5 Diversités marginales normalisées des 21 races caprines selon les distances de Nei et de Reynolds pour un horizon de 20 générations

Globalement, les diversités marginales reproduisent les mêmes tendances que celles observées pour les contributions relatives générées dans un contexte déterministe au chapitre III : les corrélations entre les diversités marginales et les contributions relatives sont toutes positives, supérieures à 0,94 et hautement significatives.

Selon la distance de Nei, les diversités marginales des races ovines sont comprises entre 0,70 (GRORI) et 10,03 (DEGGH). Dix races présentent des diversités marginales supérieures à 4 et pour trois races (ESSGR, GRKAR et GRORI), elles sont inférieures à 1. La race ITALT, considérée comme la plus menacée, présente une diversité marginale évaluée à près de 3,65 occupant ainsi la treizième position parmi les 28 races ovines. Ceci s'explique par le fait que cette race présente des liens étroits avec la race FRTHM. La distance de Nei entre ces deux races n'est que de 0,193¹²¹, soit près de 39% du niveau maximum enregistré pour cette distance pour les races ovines. Aussi, ces deux races appartiennent à un groupe formé de 17 races allant de DEBBS à FRTHM (figure 3.4 du chapitre III). Ainsi, même si cette race disparaissait, il existe de faibles chances pour que les races de ce groupe disparaissent en totalité car certaines d'entre elles présentent des probabilités de survie élevées.

Si l'on considère la distance de Reynolds, l'amplitude de variation va de 0,56 (GRORI) à 10,73 (DEGGH) sachant que pour sept races (ESRBM, GBSDL, DERHO, ITLAN, GRSKO, GBEXH et DEGGH), les diversités marginales dépassent 6. La race DEGGH occupe la première position selon les deux distances utilisées. Ceci s'explique par le fait que cette race est considérée comme la plus distante des autres races aussi bien selon la distance de Reynolds que selon la distance de Nei.

La confrontation des résultats issus des deux distances, en termes de classements des races selon leurs diversités marginales, a révélé que dans 16 cas sur 28 (soit environ 57%) les classements sont identiques. Pour les autres races, les classements diffèrent sensiblement, soit à une classe près (7 cas) voire plus (5 cas). A titre d'exemple, la race ITLAN est classée quatrième selon la distance de Reynolds mais sixième selon la distance de Nei.

Pour les races caprines, les diversités marginales varient de 0,91 (ESGDR) à 10,06 (ATTAS) selon la distance de Nei. Sur la base de la distance de Reynolds, la race ESGDR occupe la dernière position avec une diversité marginale de 0,93, tandis que la race ITORO dont la diversité marginale s'élève à 10,06 vient en première position. La conformité des classements selon les deux distances n'a été observée que pour six cas (soit 28%). Comparativement aux races ovines, les classements des races caprines selon

¹²¹ Les distances génétiques entre les races ovines sont données sur le tableau 3.7 au chapitre III.

les deux distances sont plus différenciés. Les cas de certaines races sont illustratifs. La population FRPYR occupe la seconde position selon la distance de Nei, alors qu'elle est classée sixième selon la distance de Reynolds. Aussi, la race DETWZ, occupant la troisième position selon la distance de Reynolds, vient en cinquième position selon la distance de Nei.

III.2.3 Potentiel de conservation

Weitzman (1993) avait proposé un autre indicateur pour élaborer les priorités de conservation. Il s'agit du potentiel de conservation (E_i) qui se prête mieux à la notion d'élasticité qui est largement utilisée en économie pour mesurer le lien entre deux variables. L'auteur qualifie cet indicateur comme suit : *It is the single most useful species-alert indicator in the absence of specific knowledge about preservation cost trade-offs*. Le potentiel de conservation est donné par l'expression:

$$E_i = \frac{\frac{\partial E(V(S))}{\partial X_i}}{\frac{E(V(S))}{X_i}}$$

Cet indicateur mesure l'incidence de la variation relative (en pourcentage) de la probabilité de survie sur la variation relative (en pourcentage) de la diversité attendue. Les diversités marginales donnent plutôt des indications sur les variations absolues. Il serait donc intéressant de voir comment le classement des races change quand on passe du concept de diversité marginale au concept de potentiel de conservation selon les deux distances utilisées, d'une part, et de voir la concordance des résultats générés sur la base des deux distances selon le potentiel de conservation, d'autre part.

Pour le cas des ovins, le potentiel de conservation oscille entre 0,71 (GRORI) et 9,40 (DEGGH) selon la distance de Nei (figure 5.6). Sept races ovines présentent un potentiel de conservation supérieur à 5 alors que pour onze races, il est inférieur à 2. Pour seize cas, le classement des races selon les diversités marginales coïncide avec celui établi sur la base du potentiel de conservation. Pour les autres cas, les classements varient au moins par une classe : la race GRPIL est classée dix-neuvième selon la diversité marginale et vingt-deuxième selon le potentiel de conservation. Si l'on considère la distance de Reynolds, le potentiel de conservation est compris entre 0,50 (GRORI) et 10,07 (DEGGH) et l'adéquation des classements selon les deux indicateurs est observée pour 19 cas, soit près de 68%.

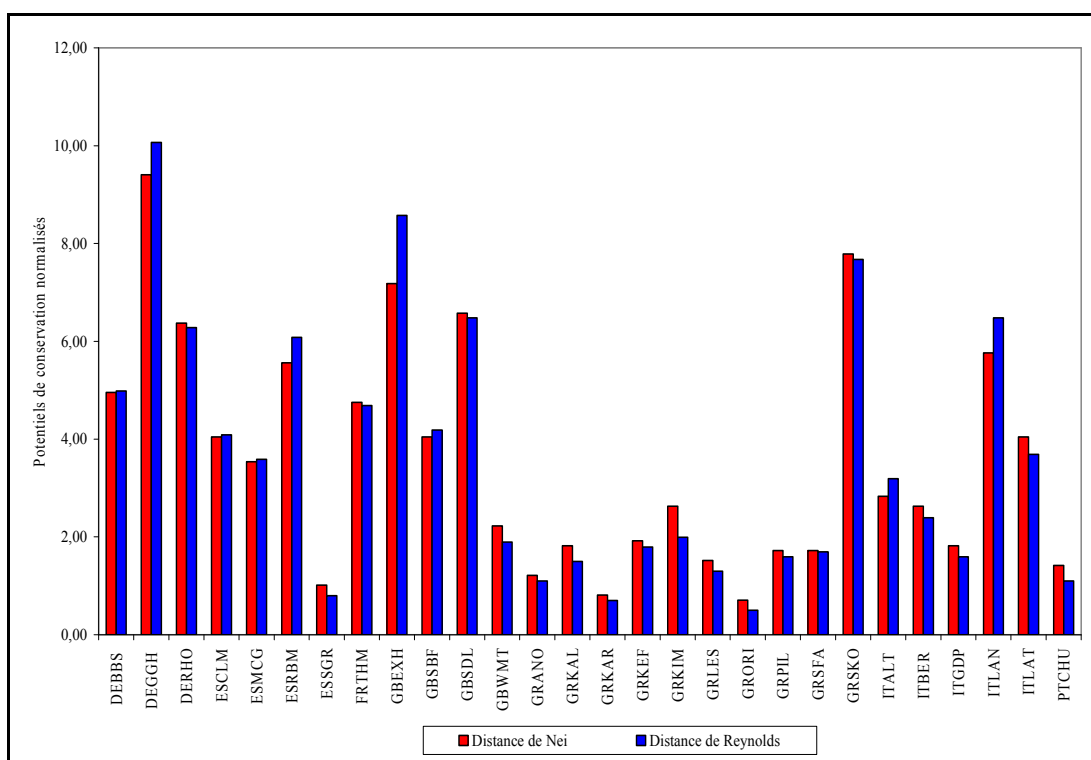


Figure 5.6 Potentiels de conservation normalisés des 28 races ovines selon les distances de Nei et de Reynolds pour un horizon de 20 générations

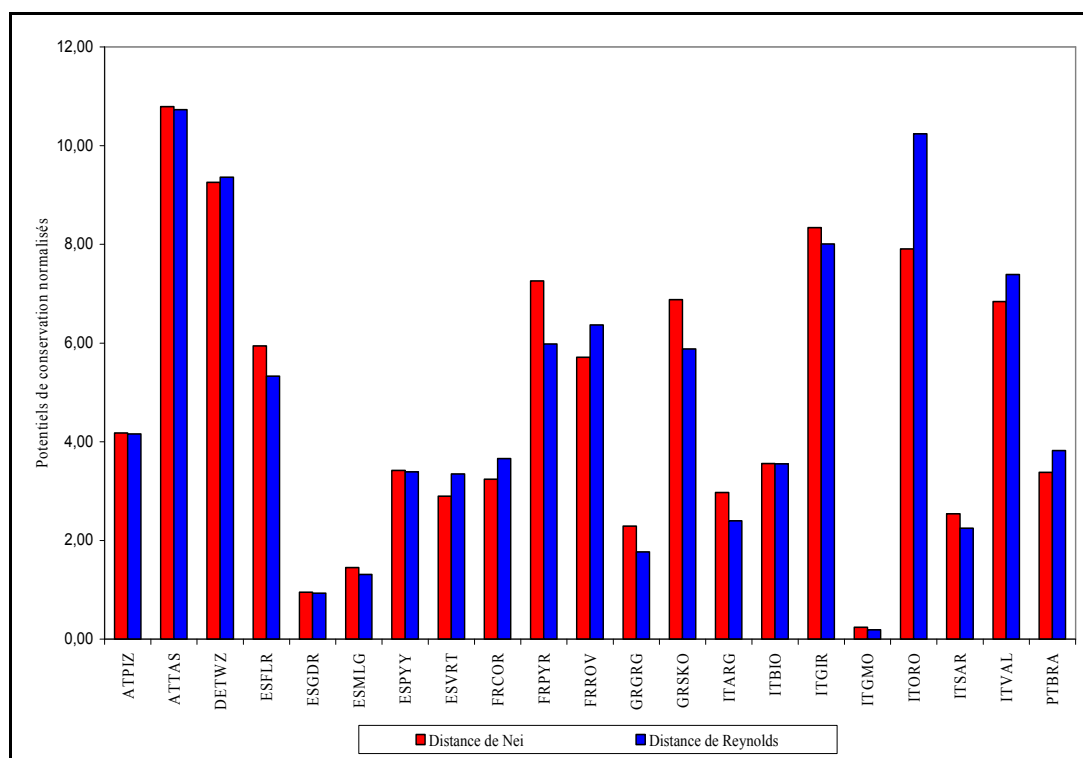


Figure 5.7 Potentiels de conservation normalisés des 21 races caprines selon les distances de Nei et de Reynolds pour un horizon de 20 générations

En ce qui concerne les races caprines, l'amplitude de variation du potentiel de conservation va de 0,24 (ITGMO) à 10,79 (ATTAS) selon la distance de Nei. Selon cette même distance, la convergence des classements en fonction des diversités marginales et des potentiels de conservation n'est observée que pour cinq cas. Pour ce qui est de la distance de Reynolds, le niveau minimum (0,19) du potentiel de conservation est enregistrée pour la race ITGMO et le niveau maximum (10,73) pour la race ATTAS. Selon cette distance, le classement selon le potentiel de conservation concorde avec celui basé sur la diversité marginale pour huit cas, soit 38%. Il est à souligner que les écarts observés entre les classements basés sur ces deux indicateurs (V'_i et E_i) s'explique par le fait que, contrairement à la diversité marginale qui est davantage déterminée par les distances génétiques entre les races, le potentiel de conservation dépend aussi bien de ces distances que des probabilités de survie.

Enfin, si l'on compare les classements selon les potentiels de conservation issus des deux distances, on constate que pour les ovins la convergence des classements est enregistrée pour seize cas (57%) alors que pour les caprins, elle n'a été observée que pour cinq cas (24%). Ceci s'explique par les propriétés des deux distances retenues. Une discussion sur ces propriétés est fournie à la section IV.3.

III.3 Utilités des races

Les utilités normalisées, selon la procédure décrite dans la section II.2.1, des races ovines et caprines sont reportées respectivement sur les tableaux 5.9 et 5.10. Il est à rappeler que ces utilités ont été estimées moyennant les résultats des modèles MLE sans ASCs sur la base de cinq critères : diversité inter-populations, diversité intra-population et les fonctions économique, environnementale et culturelle. Pour caractériser le premier attribut, les niveaux élevés ont été affectés au tiers des races qui présentent les plus grandes diversités marginales (V'_i) ; les niveaux faibles au tiers des races présentant les plus petites diversités marginales et les niveaux moyens aux autres races. Ces niveaux ont été caractérisés sur la base des résultats de la distance de Reynolds.

Le second attribut a été caractérisé sur la base du taux d'hétérozygotie observée (H_{obs}). La procédure suivie est la suivante : le niveau élevé est accordé aux races présentant un taux supérieur strictement à 0,65 ; le niveau moyen est attribué aux races présentant un taux compris entre 0,60 et 0,65 ; et le niveau faible est attribué aux races présentant un taux inférieur strictement à 0,60. Pour ce qui est des fonctions, les niveaux ont été caractérisés selon la procédure décrite dans le tableau 4.4 du chapitre IV. Des

indications sur l'attribution des niveaux des trois fonctions pour chaque race sont données sur les tableaux 5.11 et 5.12 respectivement pour les races ovines et caprines.

III.3.1 Races ovines

Si l'on considère les résultats issus du modèle MLE associé à l'ensemble de l'échantillon d'experts, les utilités normalisées des races ovines varient de 19 à 100 sachant que sept races présentent des utilités supérieures à 70 (tableau 5.9). Les races GRKAL et GRPIL présentent un seul niveau élevé (diversité intra-population), un niveau moyen (fonction environnementale) et trois niveaux faibles correspondant aux attributs diversité inter-populations, fonction économique et fonction culturelle. A l'autre extrémité, se trouve la race GBSDL qui compte quatre niveaux élevés (diversité intra- et inter-populations, fonction environnementale et fonction culturelle) et un niveau faible (fonction économique).

Bien que les deux populations ITLAT et GBSBF soient caractérisées par quatre niveaux élevés (diversité intra-population, fonctions économique, environnementale et culturelle) et un niveau moyen (diversité inter-populations), elles ne viennent qu'en seconde position derrière GBSDL. Ceci s'explique par les poids qui ont été accordés (répondant moyen) aux cinq attributs. Ces derniers sont de 27% pour la dissemblance génétique (diversité inter-populations), 19% pour la diversité intra-population, 15% pour la fonction économique, 22% pour la fonction environnementale et 17% pour la fonction culturelle (section III.3.3 du chapitre IV). Les résultats des modèles considérant uniquement le groupe de répondants généticiens produisent, globalement, la même tendance que celle observée pour l'ensemble de l'échantillon. Le coefficient de corrélation entre les utilités normalisées issues de ces deux types de modèles s'élève à 0,95.

Le passage aux utilités normalisées estimées sur la base du modèle intégrant le groupe de répondants zootechniciens a engendré quelques différences par rapport au modèle agrégé intégrant la totalité des répondants. Les zootechniciens ont attribué des poids plus ou moins équilibrés aux cinq attributs. C'est ainsi que, selon le MLE sans ASCs des répondants zootechniciens, les races ITLAT et GBSBF sont passées en première position, alors que la race GBSDL est reléguée en troisième position. Les populations GRKAL et GRPIL viennent toujours en bas du classement.

III.3.2 Races caprines

Les races caprines présentent des utilités normalisées qui varient de 25,41 à 100 selon les résultats issus de modèle associant l'ensemble de l'échantillon. Avec trois niveaux élevés correspondant aux attributs portant sur les fonctions, un niveau moyen pour l'attribut diversité intra-population et un niveau faible pour l'attribut diversité inter-populations, la race ITGMO occupe la première place. La race ITSAR totalise trois niveaux moyens (diversité intra-population, fonctions environnementale et culturelle) et deux niveaux faibles (diversité inter-populations et fonction économique) et elle est classée dernière.

Si l'on considère les résultats issus de modèles estimés pour les répondants généticiens, la race ATTAS occupe la première position, alors que la race ITGMO est reléguée à la septième position. La première position est caractérisée, entre autres, par un niveau élevé de diversité inter-populations. Cet attribut a bénéficié d'un poids de 32% par les répondants généticiens. Toutefois, la population ITGMO a repris la tête du classement selon les résultats correspondant aux répondants zootechniciens.

III.4 Races retenues par les modèles d'optimisation

Pour chaque espèce, ovine et caprine, cinq modèles d'optimisation ont été élaborés selon la formulation algébrique décrite dans la section II.2.3. Ces derniers se différencient par les coefficients considérés dans la fonction objectif. Les deux premiers modèles considèrent uniquement les diversités marginales générées sur la base des distances de Nei (modèle A) et de Reynolds (modèle B). Les trois autres modèles examinent plutôt les utilités des races estimées à travers les modèles MLE sans ASCs du chapitre IV : Le modèle (C) se rapporte aux résultats de l'ensemble de l'échantillon (répondant moyen); le modèle (D) aux résultats du sous échantillon formé exclusivement par les répondants généticiens et le modèle (E) aux résultats des répondants zootechniciens. Ces modèles ont été élaborés sur GAMS qui constitue un véritable langage de programmation compilé et dédié à la résolution de problème d'optimisation. Cette section présente les races retenues par les différents modèles.

Tableau 5.9 Utilités normalisées des races ovines générées à travers les modèles MLE sans ASCs pour l'ensemble de l'échantillon (répondant moyen), pour le sous échantillon formé de généticiens et pour le sous échantillon formé de zootechniciens

Code	Diversité		Fonctions			Utilités normalisées					
	Inter ^a	Intra ^b	EC ^c	EV ^d	CU ^e	Echantillon		Génétique		Zootechnie	
DEBBS	+	+	0	0	0	72,96	(07)	73,47	(06)	63,38	(09)
DEGGH	+	0	+	0	+	76,80	(04)	63,15	(08)	78,81	(04)
DERHO	+	0	-	0	+	57,16	(17)	56,85	(12)	53,53	(17)
ESCLM	0	0	+	0	0	43,14	(19)	27,64	(24)	47,01	(19)
ESMCG	0	+	-	+	0	66,34	(08)	64,49	(07)	60,55	(13)
ESRBM	+	+	0	0	0	72,96	(06)	73,47	(05)	63,38	(08)
ESSGR	-	+	+	0	+	60,24	(14)	44,10	(18)	65,15	(07)
FRTHM	+	+	-	0	+	75,31	(05)	75,60	(04)	69,29	(05)
GBEXH	+	0	0	0	+	66,27	(09)	62,34	(09)	61,79	(12)
GBSBF	0	+	+	+	+	97,43	(03)	78,41	(03)	100,00	(02)
GBSDL	+	+	-	+	+	100,00	(01)	100,00	(01)	92,35	(03)
GBWMT	0	+	0	0	+	62,22	(10)	53,20	(13)	59,92	(14)
GRANO	-	+	0	0	-	28,11	(25)	26,76	(25)	24,81	(26)
GRKAL	-	+	-	0	-	19,00	(28)	21,27	(27)	16,55	(28)
GRKAR	-	+	+	0	+	60,24	(13)	44,10	(17)	65,15	(06)
GRKEF	0	+	+	0	0	61,29	(12)	46,39	(16)	62,77	(11)
GRKIM	0	+	-	0	+	53,12	(18)	47,71	(14)	51,66	(18)
GRLES	-	+	0	0	0	38,26	(23)	35,67	(22)	33,97	(23)
GRORI	-	+	-	0	0	29,15	(24)	30,18	(23)	25,71	(25)
GRPIL	-	+	-	0	-	19,00	(27)	21,27	(26)	16,55	(27)
GRSFA	-	+	0	0	0	38,26	(22)	35,67	(21)	33,97	(22)
GRSKO	+	0	-	0	+	57,16	(16)	56,85	(11)	53,53	(16)
ITALT	0	-	-	0	+	28,05	(26)	17,89	(28)	30,23	(24)
ITBER	0	+	+	0	0	61,29	(11)	46,39	(15)	62,77	(10)
ITGDP	-	+	-	0	+	40,61	(21)	37,80	(20)	39,88	(21)
ITLAN	+	0	-	0	+	57,16	(15)	56,85	(10)	53,53	(15)
ITLAT	0	+	+	+	+	97,43	(02)	78,41	(02)	100,00	(01)
PTCHU	-	+	-	0	+	40,61	(20)	37,80	(19)	39,88	(20)

^a : Pour caractériser cet attribut, les niveaux élevés ont été affectés au tiers des races qui présentent les plus grandes diversités marginales ; les niveaux faibles au tiers des races présentant les plus petites diversités marginales et les niveaux moyens aux autres races. ^b : Cet attribut a été caractérisé sur la base du taux d'hétérozygotie observée (H_{obs}). La procédure suivie est la suivante : le niveau élevé est attribué aux races présentant un taux supérieur strictement à 0,65 ; le niveau moyen est attribué aux races présentant un taux compris entre 0,60 et 0,65 ; et le niveau faible est attribué aux races présentant un taux inférieur strictement à 0,60. ^c : Fonction économique ; ^d : Fonction environnementale ; ^e : Fonction culturelle. Les niveaux de ces fonctions ont été caractérisés selon la procédure décrite dans le tableau 4.4 du chapitre IV. Des indications sur les indicateurs de ces trois attributs correspondant à chaque race sont données sur le tableau 5.11. (+), (0) et (-) indiquent respectivement les niveaux élevé, moyen et faible. Les chiffres entre parenthèses indiquent le classement des races

Tableau 5.10 Utilités normalisées des races caprines générées à travers les modèles MLE sans ASCs pour l'ensemble de l'échantillon (répondant moyen), pour le sous échantillon formé de généticiens et pour le sous échantillon formé de zootechniciens

Code	Diversité		Fonctions			Utilités normalisées		
	Inter ^a	Intra ^b	EC ^c	EV ^d	CU ^e	Echantillon	Génétique	Zootechnie
ATPIZ	0	0	0	0	+	69,63 (14)	60,14 (16)	64,22 (13)
ATTAS	+	0	0	0	+	99,31 (02)	100,00 (01)	86,52 (02)
DETWZ	+	0	0	0	0	83,99 (07)	89,11 (02)	68,59 (11)
ESFLR	0	0	0	+	-	73,75 (12)	71,39 (10)	63,88 (14)
ESGDR	-	-	0	+	-	47,78 (19)	41,40 (18)	41,79 (19)
ESMLG	-	+	+	0	0	75,93 (11)	63,03 (12)	72,84 (08)
ESPY	-	0	+	0	0	51,66 (18)	36,23 (19)	52,91 (16)
ESVRT	0	-	0	+	-	64,50 (15)	55,56 (17)	56,70 (15)
FRCOR	0	-	-	0	0	32,88 (20)	25,57 (21)	28,66 (20)
FRPYR	+	-	0	0	+	90,06 (05)	84,17 (06)	79,33 (05)
FRROV	+	-	0	-	+	84,19 (06)	80,82 (08)	77,74 (06)
GRGRG	-	+	0	0	0	61,86 (16)	61,88 (13)	51,32 (17)
GRSKO	0	0	0	0	+	69,63 (13)	60,14 (15)	64,22 (12)
ITARG	-	+	-	+	0	82,69 (08)	88,90 (03)	70,04 (09)
ITBIO	0	0	-	+	+	90,47 (03)	87,16 (04)	82,94 (03)
ITGIR	+	-	-	0	+	77,89 (10)	76,32 (09)	68,89 (10)
ITGMO	-	0	+	+	+	100,00 (01)	82,00 (07)	100,00 (01)
ITORO	+	-	0	0	+	90,06 (04)	84,17 (05)	79,33 (04)
ITSAR	-	0	-	0	0	25,41 (21)	27,23 (20)	20,94 (21)
ITVAL	+	-	0	0	-	61,17 (17)	60,55 (14)	49,83 (18)
PTBRA	0	-	-	+	+	81,22 (09)	71,34 (11)	75,75 (07)

^a : Pour caractériser cet attribut, les niveaux élevés ont été affectés au tiers des races qui présentent les plus grandes diversités marginales ; les niveaux faibles au tiers des races présentant les plus petites diversités marginales et les niveaux moyens aux autres races. ^b : Cet attribut a été caractérisé sur la base du taux d'hétérozygotie observée (H_{obs}). La procédure suivie est la suivante : le niveau élevé est attribué aux races présentant un taux supérieur strictement à 0,65 ; le niveau moyen est attribué aux races présentant un taux compris entre 0,60 et 0,65 ; et le niveau faible est attribué aux races présentant un taux inférieur strictement à 0,60. ^c : Fonction économique ; ^d : Fonction environnementale ; ^e : Fonction culturelle. Les niveaux de ces fonctions ont été caractérisés selon la procédure décrite dans le tableau 4.4 du chapitre IV. Des indications sur les indicateurs de ces trois attributs correspondant à chaque race sont données sur le tableau 5.12. (+), (0) et (-) indiquent respectivement les niveaux élevé, moyen et faible. Les chiffres entre parenthèses indiquent le classement des races

Source : FEZ (2006) et Signorelle et Pappalardo (2003)

Tableau 5.11 Indicateurs mobilisés pour caractériser les fonctions des races ovines

Fonctions	Economique		Environnementale			Culturelle		
	Tendance	PDR ^a	Pr.Py ^b	Gr / SGr ^c	Substituts ^d		Autoch.	LG ^e
					Pays	Europe		
DEBBS	Croissante	Oui	Oui	Mnt / Brg	2	17	Non	Oui
DEGGH	Croissante	Non	Oui	Hth / Sch	3	6	Oui	Oui
DERHO	Stable	Oui	Oui	Hth / Nrd	5	31	Oui	Oui
ESCLM	Croissante	Non	Oui	Lcw / Cht	3	7	Oui	Non
ESMCG	Décroissante	Non	Oui	ND	-	-	Non	Oui
ESRBM	Stable	Non	Oui	Lcw / Cht	3	7	Oui	Non
ESSGR	Croissante	Non	Oui	Lcw / CICW	4	5	Oui	Oui
FRTHM	Stable	Oui	Oui	Lcw / IFc	2	11	Oui	Oui
GBEXH	Stable	Non	Oui	Mnt / BH	8	15	Oui	Oui
GBSBF	Croissante	Non	Oui	ND	-	-	Oui	Oui
GBSDL	Décroissante	Non	Oui	ND	-	-	Oui	Oui
GBWMT	Stable	Non	DM	ND	-	-	Oui	Oui
GRANO	Stable	Non	DM	ND	-	-	Non	Non
GRKAL	Stable	Oui	DM	ND	-	-	Non	Non
GRKAR	Croissante	Non	Oui	Mnt / Zcl	12	29	Oui	Oui
GRKEF	Croissante	Non	Oui	Mnt / Zcl	12	29	Oui	Non
GRKIM	Décroissante	Non	Oui	Mnt / Zcl	12	29	Oui	Oui
GRLES	Stable	Non	Oui	Mnt / Zcl	12	29	Oui	Non
GRORI	Décroissante	Non	Oui	Mnt / Zcl	12	29	Oui	Non
GRPIL	Stable	Oui	DM	ND	-	-	Non	Non
GRSFA	Stable	Non	Oui	Mnt / Zcl	12	29	Oui	Non
GRSKO	Stable	Oui	Oui	Mnt / Zcl	12	29	Oui	Oui
ITALT	Décroissante	Non	Oui	Mlk / SEM	2	16	Oui	Oui
ITBER	Croissante	Non	Oui	Mnt / Brg	7	17	Non	Oui
ITGDP	Décroissante	Non	Oui	Mrn / IM	4	4	Oui	Oui
ITLAN	Décroissante	Non	Oui	Mnt / SLE	3	5	Oui	Oui
ITLAT	Croissante	Non	Oui	ND	-	-	Oui	Oui
PTCHU	Décroissante	Non	Oui	Lcw / Cht	3	7	Oui	Oui

^a: Cette colonne identifie les races retenues dans les PDRs. ^b: Cette colonne identifie les races qui se retrouve dans un seul pays. ^c: Cette colonne indique le groupe (Gr) et le sous groupe auxquels appartient la race selon la typologie de la FEZ ; les groupes et sous groupes considérés sont : Mnt / Brg : *Mountain / Bergamasca* ; Hth / Sch : *Heath / Schnucken* ; Hth / Nrd : *Heath / Nordic* ; Lew / IFc : *Local Coarsewool / Italian French Coarsewool* ; Mnt / Zcl : *Mountain / Zackel* ; Mlk / SEM : *Milksheep / South European Milksheep* ; Mrn / IM : *Merino / Italian Merino* ; Mnt / SLE : *Mountain / Semi lop Eared* ; Lcw / Cht : *Local Coarsewool / Churra Type* ; Lcw / CICW : *Local Coarsewool / Common Iberian Coarsewool* ; Mnt / BH : *Mountain / British Hill* ; ND : non défini. ^d: Ces deux colonnes donnent le nombre de substituts potentiels de la race en question aussi bien à l'échelle du pays qu'à l'échelle de l'Europe ; ^e: Cette colonne identifie les races qui disposent de livre généalogique. DM : donnée manquante.

Source : FEZ (2006) et Signorelle et Pappalardo (2003)

Tableau 5.12 Indicateurs mobilisés pour caractériser les fonctions des races caprines

Fonctions	Economique	Environnementale			Culturelle			
	Tendance	PDR ^a	Pr.Py ^b	Groupe ^c	Substituts ^d		Autoch.	LG ^e
					Pays	Europe		
ATPIZ	Croissante	Oui	Non	ND	-	-	Oui	Oui
ATTAS	Croissante	Oui	Non	ND	-	-	Oui	Oui
DETWZ	Croissante	Oui	Oui	Tgb	3	9	Non	Oui
ESFLR	Stable	Non	Oui	ND	-	-	Non	Non
ESGDR	Stable	Non	Oui	ND	-	-	Non	Non
ESMLG	Croissante	Non	Oui	MAG	0	10	Non	Oui
ESPY	Croissante	Non	Oui	Sm	0	9	Non	Oui
ESVRT	Stable	Non	Oui	ND	-	-	Non	Non
FRCOR	Décroissante	Non	Oui	Sm	0	9	Oui	Non
FRPYR	Croissante	Oui	Non	ND	-	-	Oui	Oui
FRROV	Croissante	Oui	Non	Br	0	6	Oui	Oui
GRGRG	Stable	Non	Oui	Sm	1	9	Oui	Non
GRSKO	Croissante	Oui	Oui	Sm	1	9	Oui	Oui
ITARG	Stable	Oui	Oui	ND	-	-	Non	Oui
ITBIO	Stable	Oui	Oui	ND	-	-	Oui	Oui
ITGIR	Stable	Oui	Oui	Sw	2	4	Oui	Oui
ITGMO	Croissante	Non	Oui	ND	-	-	Oui	Oui
ITORO	Stable	Non	Non	ND	-	-	Oui	Oui
ITSAR	Décroissante	Non	Oui	Sm	3	9	Non	Oui
ITVAL	Stable	Non	Oui	Sm	3	9	Non	Non
PTBRA	Décroissante	Non	Oui	ND	-	-	Oui	Oui

^a : Cette colonne identifie les races retenues dans les PDRs. ^b : Cette colonne identifie les races qui se retrouvent dans un seul pays. ^c : Cette colonne indique le groupe auquel appartient la race selon la typologie de la FEZ ; les groupes considérés sont : Tgb : *Toggenburg* ; MAG : *Maltese / Alpine / Garganica* ; Sm : *Southern Multicolored* ; Br : *Black or Red* ; Sw : *Southern White* ; ND : non défini. ^d : Ces deux colonnes donnent le nombre de substituts potentiels de la race en question aussi bien à l'échelle du pays qu'à l'échelle de l'Europe selon la typologie FEZ. ^e : Cette colonne identifie les races qui disposent de livre généalogique.

Source: FEZ (2006) et Signorelle et Pappalardo (2003)

III.4.1 Races ovines

Au total, neuf races ovines ont bénéficié de budgets de conservation qui varient selon les cinq modèles (tableau 5.13). Parmi celles-ci, cinq races (ESCLM, ESRBM, FRTHM, GRKEF et ITALT) ont été retenues par les cinq modèles, une race (GRORI) par quatre modèles (A, C, D et E), une race (GRKIM) par trois modèles (C, D et E), une race (GRSKO) par deux modèles (A et B) et une race (DEGGH) par un seul modèle (B). A noter que deux races seulement, parmi les neuf retenues, bénéficient actuellement de programme de conservation *in situ* dans le cadre des PDRs. En termes d'effectifs d'animaux conservés, le modèle (D), avec un effectif qui s'élève à 6.290, produit le niveau maximum et le modèle (A) a permis de conserver le niveau minimum, soit 6.145 individus.

La race FRTHM a été retenue par les cinq modèles qui leur ont toujours attribué le niveau maximum du budget de conservation, soit l'équivalent de la conservation de 1200 femelles reproductrices. La taille efficace de cette race est de 184 et elle est classée 22^{ème}, parmi les 28 populations considérées, selon sa probabilité de survie. Cette race vient en neuvième position selon les classements établis sur la base des diversités marginales et des potentiels de conservation pour les deux distances (Nei et Reynolds). Selon les cinq critères retenus pour caractériser l'utilité, cette population présente trois niveaux élevés (diversité intra- et inter-populations et fonction culturelle), un niveau moyen (fonction environnementale) et un niveau faible (fonction économique). Ces niveaux ont permis de générer des utilités normalisées de cette race évaluées à 75,31 (5^{ème} position) pour l'ensemble de l'échantillon d'experts, à 75,60 (4^{ème} position) pour le groupe des généticiens, et à 69,29 (5^{ème} position) pour le groupe des zootechniciens. Deux raisons expliquent la rétention de cette race par tous les modèles. D'une part, elle présente une probabilité de survie initiale faible, et d'autre part, les coefficients qui lui sont associés dans la fonction objectif restent élevés comparativement aux autres races de l'ensemble.

La population espagnole ESRBM a bénéficié du niveau maximum du budget de conservation sous les modèles A, B, C et D et de près de 98% de ce budget sous le modèle E. Cette race se classe septième selon la diversité marginale et le potentiel de conservation (toutes distances confondues) et 23^{ème} selon la probabilité de survie. Quant à ses indicateurs d'utilité, ils prennent les niveaux élevés pour les deux attributs de diversité génétique (intra- et inter-populations) et moyens pour les fonctions (économique, environnementale et culturelle). Ces niveaux lui ont permis d'occuper la

sixième, la cinquième et la huitième position respectivement selon les modèles élaborés pour l'ensemble de l'échantillon, pour le groupe des généticiens et pour le groupe des zootechniciens.

La race grecque GRKEF présente la particularité d'avoir bénéficié des niveaux maxima de budget de conservation sous les modèles considérant l'utilité (C, D et E) et des parts de budgets de l'ordre de 55% et de 53% respectivement pour les modèles A et B. Sa taille efficace n'est que de 143 et sa probabilité de survie est estimée à 0,671 occupant ainsi la 11^{ème} position, ou alternativement la 17^{ème} position selon sa vulnérabilité à l'égard des processus d'extinction. Ses utilités normalisées oscillent entre 46,39 (répondants généticiens) et 62,77 (répondants zootechniciens). Du point de vue diversité génétique inter-populations, elle ne vient qu'en 18^{ème} position pour les deux indicateurs (V'_i et E_i) et pour les deux distances.

La population espagnole ESCLM présente une tendance inverse à celle enregistrée pour la population GRKEF. En effet, les modèles A et B ont accordé respectivement près de 95% et 98% du budget maximum de conservation prévu initialement à cette race, alors que les parts de budget qui lui ont été attribuées sous les modèles C, D et E ne sont que de 56, 38 et 64%. Ceci s'explique par le fait que les utilités normalisées associées à cette race sont faibles et varient entre 27,64 (répondants généticiens) et 47,01 (répondants zootechniciens). Une tendance similaire a été observée pour la race italienne (ITALT).

La race GRSKO a été retenue exclusivement par les modèles A et B qui ne lui ont attribué qu'environ 60% du niveau maximum du budget de conservation. Cette race vient en seconde position selon les indicateurs de diversité inter-populations (V'_i et E_i) selon la distance de Nei et en troisième position selon la distance de Reynolds. A l'autre extrémité, la race GRKIM n'a été retenue que par les modèles C, D et E. Le même constat est attribué à la race GRORI qui a bénéficié de budgets de conservation sous les modèles considérant l'utilité (C, D et E) et d'une part de budget estimé à 2% sous le modèle A. Enfin, la race allemande DEGGH, considérée comme la plus distincte sur le plan génétique, n'a bénéficié que de l'équivalent de conservation de 17 individus sous le modèle B.

Tableau 5.13 Répartition des budgets et des effectifs des animaux conservés selon les cinq modèles pour les races ovines

Code	PDRs ^a	Budgets (b_i) de conservation					Effectifs (N^c_{ij}) d'animaux retenus				
		Diversités marginales		Utilités			Diversités marginales		Utilités		
		Modèles		Modèles			Modèles		Modèles		
		A	B	C	E	F	A	B	C	D	E
DEGGH	Non	-	172	-	-	-	-	17	-	-	-
ESCLM	Non	20.496	21.098	12.076	8.279	13.739	1.139	1.172	671	460	763
ESRBM	Non	21.600	21.600	21.600	21.600	21.142	1.200	1.200	1.200	1.200	1.175
FRTHM	Oui	21.600	21.600	21.600	21.600	21.600	1.200	1.200	1.200	1.200	1.200
GRKEF	Non	11.315	10.798	20.400	20.400	20.400	666	635	1.200	1.200	1.200
GRKIM	Non	-	-	3.696	6.374	3.135	-	-	217	375	184
GRORI	Non	362	-	12.763	17.225	10.872	21	-	751	1013	640
GRSKO	Oui	12.227	12.332	-	-	-	719	725	-	-	-
ITALT	Non	26.400	26.400	21.864	18.522	23.112	1.200	1.200	994	842	1.051
Total	-	114.000	114.000	114.000	114.000	114.000	6.145	6.149	6.233	6.290	6.213

^a: Cette colonne identifie les races retenues dans le cadre des PDRs. Les chiffres indiqués en gras correspondent aux niveaux maxima de budget de conservation.

III.4.2 Races caprines

Pour les races caprines, les résultats des modèles d'optimisation sont exposés sur le tableau 5.14. A l'exception du modèle (B), élaboré sur la base des diversités marginales générées selon la distance de Reynolds, les quatre autres modèles (A, C, D et E) ont retenu les mêmes races : Il s'agit de deux races autrichiennes (ATPIZ et ATTAS), d'une race allemande (DETWZ) et de trois races italiennes (ITARG, ITGIR et ITGMO). En plus de ces six races, le modèle (B) a intégré la race française FRPYR. Parmi ces sept races retenues (tous modèles confondus), six bénéficient de programme de conservation dans le cadre des PDRs. Selon les modèles considérés, les effectifs des animaux conservés varient de 6.201 (modèle B) à 5.627 (modèle E), soit 574 animaux de différence.

Les cinq modèles considérés ont alloué le niveau maximum du budget de conservation à la race ITGMO qui n'a pas été incluse dans les PDRs. Cette race présente les caractéristiques suivantes : 1) elle est classée dernière en terme de probabilité de survie et présente une taille efficace de quatre ; 2) elle occupe respectivement la seizième et la dix-septième position selon les classements établis sur la base des diversités marginales calculées à travers les distances de Nei et Reynolds ; 3) elle vient en dernière position, parmi les 21 races caprines, selon son potentiel de conservation aussi bien selon la distance de Nei que selon la distance de Reynolds ; 4) en termes d'utilités, elle présente le niveau maximum (100) enregistré aussi bien pour l'ensemble de l'échantillon (répondant moyen) que pour le sous échantillon formé par les répondants zootechniciens.

Les deux races autrichiennes ATPIZ et ATTAS ont aussi bénéficié des niveaux maxima des budgets de conservation pour les cinq modèles considérés. Leurs tailles efficaces s'élèvent respectivement à 104 et à 210 et elles occupent la treizième et la huitième position en fonction de leurs probabilités de survie. La race ATPIZ est classée dixième selon sa diversité marginale et son potentiel de conservation (toutes distances confondues).

Concernant la race ATTAS, elle présente les niveaux maxima des diversités marginales de Nei, des potentiels de conservation de Nei et de Reynolds et vient en seconde position, derrière ITORO, pour ce qui est des diversités marginales de Reynolds. Cette race présente aussi le niveau maximum (100) d'utilité générée à travers le sous-échantillon constitué de généticiens et vient en seconde position pour ce qui est des utilités estimées pour l'ensemble de l'échantillon (répondant moyen) et pour le sous échantillon constitué par les zootechniciens.

Tableau 5.14 Répartition des budgets et des effectifs des animaux conservés selon les cinq modèles pour les races caprines

Code	PDRs ^a	Budgets (b_i) de conservation					Effectifs (N^c_j) d'animaux retenus				
		Diversités marginales		Utilités			Diversités marginales		Utilités		
		Modèles		Modèles			Modèles		Modèles		
		A	B	C	E	F	A	B	C	D	E
ATPIZ	Oui	3.600	3.600	3.600	3.600	3.600	1.200	1.200	1.200	1.200	1.200
ATTAS	Oui	3.600	3.600	3.600	3.600	3.600	1.200	1.200	1.200	1.200	1.200
DETWZ	Oui	17.906	18.000	1.870	2.422	827	1.194	1.200	125	161	55
FRPYR	Oui	-	1.050	-	-	-	-	58	-	-	-
ITARG	Oui	5.294	4.150	24.679	25.956	24.489	183	143	851	895	844
ITGIR	Oui	34.800	34.800	31.452	29.622	32.684	1.200	1.200	1.085	1.021	1.127
ITGMO	Non	34.800	34.800	34.800	34.800	34.800	1.200	1.200	1.200	1.200	1.200
Total	-	100.000	100.000	100.000	100.000	100.000	6.176	6.201	5.660	5.678	5.627

^a: Cette colonne identifie les races retenues dans le cadre des PDRs. Les chiffres indiqués en gras correspondent aux niveaux maxima de budget de conservation.

La population FRPYR n'a été retenue que par le modèle (B), considérant les diversités marginales issues de la distance de Reynolds, qui ne lui a attribué que l'équivalent de la conservation de 58 brebis reproductrices. Cette race présente le second niveau de risque d'extinction derrière la race ITGMO ; elle occupe la seconde place selon la diversité marginale de Nei et la sixième place selon celle de Reynolds.

Pour le cas des deux populations italiennes (ITARG et ITGIR) et de la population allemande (DETWZ), elles ont été retenues par les cinq modèles mais les budgets qui leurs ont été consacrés diffèrent d'un modèle à l'autre. Les modèles A et B ont affecté à peu près le niveau maximum du budget de conservation à la race DETWZ. Selon les indicateurs de diversité inter-populations, cette population occupe au moins la cinquième position (toutes distances confondues). Par ailleurs, si l'on considère les modèles conçus sur les utilités (C, D et E), cette race n'a pu bénéficier que d'une part de budget allant de 5% (modèle E) à 13% (modèle D). Il est à noter que selon ses niveaux d'utilité, cette race occupe la septième position pour l'ensemble de l'échantillon, la seconde position pour les répondants généticiens et la onzième position pour les répondants zootechniciens.

La race ITARG présente une tendance inverse de celle enregistrée pour la race DETWZ. Les modèles (A et B) considérant les diversités génétiques entre races ne lui ont attribué que 15 et 12% des niveaux maxima des budgets de conservation, alors que les modèles considérant les utilités (C, D et E) lui ont consacré respectivement 71, 75 et 70%. Quant à la dernière race (ITGIR), les modèles A et B lui ont affecté les niveaux maxima de budget de conservation et les modèles C, D et E lui ont attribué des parts budgétaires qui varient de 85% (modèle D) à 94% (modèle E).

IV. Discussion

IV.1 Probabilités de survie

Le cadre mobilisé pour estimer les probabilités d'extinction combine des données moléculaires et des données démographiques dans une relation exponentielle qui associe la perte d'hétérozygotie au coefficient de consanguinité. Même si ce n'est pas démontré en pratique, il a été mis en évidence que la consanguinité présente des effets négatifs aussi bien sur la *fitness* que sur la survie des populations (Keller, 2002 ; Reed et *al.*, 2003 ; Frankham, 2003). L'effet de la consanguinité sur la *fitness* et la survie des populations à faible effectif constitue actuellement un sujet de recherche aussi bien sur le

plan théorique (Lynch et *al.*, 1995 ; Lande, 1998) que sur le plan empirique (Saccheri et *al.*, 1998).

Il est évident que la consanguinité augmente l'homozygotie au sein des populations à des niveaux plus élevés que ceux attendus après croisements aléatoires. Cette perte de variation génétique peut réduire le potentiel évolutif d'une espèce en diminuant ses capacités d'adaptation et de résistance aux changements biotiques et abiotiques de l'environnement (Soulé, 1980 ; Simberloff, 1988 ; Avise, 1996) ainsi que sa capacité à combattre les pathogènes (Huenneke, 1991). Elle est particulièrement sensible dans les petites populations, lorsque la dérive génétique et la consanguinité deviennent des processus évolutifs relativement importants (Lacy, 1987 ; Barret et Kohn, 1991 ; Ellstrand et Elam, 1993).

Lacy (1987) a modélisé les effets de la dérive et d'autres facteurs comme les mutations, les phénomènes de migration et la subdivision des populations sur 100 générations, d'une population d'effectif variant de 20 à 500 individus, et a montré que la dérive génétique est la force la plus importante contrôlant la réduction de la variabilité génétique. Lorsque les effectifs de populations restent petits pendant une longue période, les effets d'échantillonnage génétique, non représentatifs de la population originelle, s'accumulent. Dans ce cas, la perte de diversité génétique est d'autant plus grave qu'il y aura non seulement réduction du nombre d'allèles, surtout rares, mais aussi fixation d'allèles délétères.

La perte de diversité influence la performance des individus à travers la dépression de consanguinité. Celle-ci est considérée comme l'une des principales causes d'extinction des petites populations. Des considérations théoriques suggèrent qu'en règle générale, les petites populations sont particulièrement vulnérables aux extinctions par appauvrissement génétique dû à la dérive génétique, à la fixation d'allèles délétères ou à la stochasticité des facteurs démographiques (Soulé, 1980 ; Shaffer, 1981 ; Lande, 1988 ; Simberloff, 1988 ; Barret et Kohn, 1991 ; Menges, 1991 ; Lande, 1998).

Dans le contexte des espèces, de nombreux modèles ont montré une corrélation positive entre le risque d'extinction et la dépression de consanguinité (Lande, 1994 ; Lynch et *al.*, 1995, Frankham, 1998 ; Tanaka, 1998). Une autre étude a montré que le risque d'extinction augmente avec la consanguinité (Saccheri et *al.*, 1998). Dans le contexte des RGAs, l'évolution de la consanguinité est généralement progressive et présente des effets différenciés sur les caractéristiques des populations. Verrier et *al.* (2001) distinguent trois cas de figure :

1. Les caractères présentant une forte dépression de consanguinité. Parmi ces derniers, on trouve principalement des aptitudes de reproduction et de viabilité : fertilité, taille de portée et taux de survie.
2. Les caractères très peu affectés par la consanguinité, voire pas du tout. C'est le cas de caractères très héritable comme les caractéristiques de composition d'un produit.
3. Les caractères soumis à des effets maternels, comme le poids à la naissance ou au sevrage chez les mammifères, sont affectés à la fois par la consanguinité des jeunes sur lesquels s'effectue la mesure et par la consanguinité de leur mère.

Il est à noter, cependant, que les effets de la dérive génétique et de la consanguinité ne sont pas toujours néfastes. Une population soumise à ces processus peut évoluer différemment de la population d'origine et créer ainsi une population nouvelle et originale, si les conditions pour sa survie sont par ailleurs assurées. De même, une population manifestant un fort taux de consanguinité peut se perpétuer avec une combinaison de caractères intéressante si la majorité des gènes néfastes (fardeau génétique) à l'état homozygote est éliminée. Dans tous les cas, disposant d'une variabilité génétique plus faible, les populations soumises aux processus de consanguinité et de dérive génétique possèdent moins de possibilités d'évolution pour l'avenir, elles sont moins susceptibles de s'adapter à un grand nombre de situations et les progrès génétiques potentiels sont plus faibles.

IV.2 Comportement de la forme fonctionnelle retenue

La lecture des résultats portant sur les races retenues a soulevé deux constats. Le premier constat se place au niveau des deux ensembles de races ovines et caprines et concerne le fait que certaines races disposant d'utilités, de diversités marginales et/ou de potentiels de conservation élevés n'ont pas bénéficié de programme de conservation. A titre d'exemple, la race ovine GBSDL n'a pas été retenue par les modèles C et D bien qu'elle dispose du niveau élevé d'utilité parmi les 28 populations ovines. Aussi, la race caprine ITORO n'a pas bénéficié de programme de conservation sous les modèles A et B bien qu'elle soit classée en première position selon la diversité marginale de Reynolds et en quatrième position selon celle de Nei.

Le second constat se place au niveau même des races retenues par les différents modèles. D'une part, certaines races ont bénéficié du niveau maximum du budget correspondant à la conservation *in situ* de l'équivalent du seuil fixé par la FAO (1200

individus). En effet, sous les modèles A et B spécifiant des fonctions objectifs élaborées sur la base des diversités marginales estimées respectivement selon les distances de Nei et Reynolds, trois races ovines (ESRBM, FRTHM et ITALT) et quatre races caprines (ATPIZ, ATTAS, ITGIR et ITGMO) ont pu recevoir les niveaux maxima de budgets de conservation. D'autres part, certaines populations (ESCLM, GRKEF, GRORI, GRSKO, FRPYR et ITARG) n'ont bénéficié que de parts variables de budget qui n'atteignent pas les niveaux maxima.

Certes, dans ce type de modélisation, deux paramètres déterminent la rétention des populations par les modèles. Il s'agit des coefficients attribués aux races dans la fonction objectif (V'_i ou U_i) et des effets de conservation. L'approche conçue suppose que l'affectation des budgets (b) pour la conservation d'une race (i) engendre un accroissement des chances de sa survie, ou effet de conservation (ΔX_i), en faisant passer sa probabilité de survie de son niveau initial X_i^* (sans programme de conservation) à un niveau, X_i^b , correspondant à un programme de conservation dont le coût s'élève à b . Cet accroissement produira une amélioration de la diversité attendue ou de l'utilité attendue :

$$E^b(V(S)) > E^*(V(S)) \text{ ou } E^b(U(S)) > E^*(U(S))$$

L'effet de conservation (ΔX_i) dépend du niveau initial de survie de la race et de l'effectif¹²² (N_f^c) d'animaux conservés :

$$\Delta X_i = X_i^b - X_i^* = f(X_i^*, N_f^c)$$

L'effet de conservation suit la même tendance que celle indiquée par la forme fonctionnelle donnée par l'équation 5.11 car ces deux fonctions ne diffèrent que par une constante. En vue de capturer les implications de cette forme fonctionnelle, nous avons considéré le cas de cinq races caprines dont trois (ATPIZ, ITGIR et ITGMO) ont été complètement retenues par les modèles A et B et deux (DETWZ et ITARG) n'ont été retenues que partiellement par les mêmes modèles. Ceci est illustré à travers des simulations conduites pour ces cinq races sur la base de trois scénarios qui correspondent à la conservation de 100, 600 et de 1200 individus.

¹²² L'effet de conservation dépend aussi des coûts unitaires de conservation. Cette formulation a été retenue pour simplifier l'explication.

Cette illustration se limite aux modèles A et B et permet de mettre l'accent sur les implications des trois scénarios sur les effets de conservation, d'une part, et sur les accroissements des diversités attendues, d'autre part. Sur le tableau 5.15, les cinq races sont présentées par ordre ascendant en fonction des probabilités de survie initiales. Si l'on considère les effets de conservation (ΔX_i) correspondant aux trois scénarios de conservation, un constat se dégage : la race ITGMO, considérée comme la plus menacée, présente les niveaux les plus élevés d'effets de conservation pour les trois scénarios. On devrait s'attendre alors à ce que les effets de conservation diminuent quand on passe des races avec probabilités de survie faibles aux races disposant de probabilités de survie élevées ; ce qui n'est pas le cas.

En effet, la race ITGIR présente une probabilité de survie inférieure à celle enregistrée pour la race ATPIZ mais, en termes d'effets de conservation, c'est plutôt ATPIZ qui engendre le niveau élevé d'accroissement. Le même constat a été observé pour les deux autres populations DETWZ et ITARG. Ceci s'explique par le fait que les effets de conservation dépendent davantage des tailles efficaces initiales des populations : plus la taille efficace initiale de population est faible plus l'effet de conservation est élevé et vice versa. Les tailles efficaces des cinq populations sont de 4 (ITGMO), 141 (ITGIR), 104 (ATPIZ), 413 (DETWZ) et 207 (ITARG)

En termes d'incidence sur les diversités attendues, les accroissements correspondant aux trois scénarios de conservation ont été calculés et les résultats sont reportés sur les six dernières colonnes du tableau 5.15. Ce sont les trois populations ITGMO, ITGIR et ATPIZ qui engendrent les niveaux les plus élevés des accroissements des diversités attendues sous les modèles A et B pour les trois scénarios. Ceci explique le fait que ces trois races soient complètement retenues par les deux modèles.

Par ailleurs, les accroissements des diversités attendues associés aux races DETWZ et ITARG sont différenciés et dépendent des scénarios de conservation. Ainsi, sous le modèle A, la race DETWZ produit des accroissements des diversités attendues, sous le premier et le dernier scénarios, plus élevés que ceux engendrés par la race ITARG, alors que pour le second scénario, c'est le contraire qui est observé. Sous le modèle B, les accroissements engendrés par DETWZ sont supérieurs ou égaux à ceux produits par ITARG. A noter que le modèle (A) a attribué les équivalents de conservation de 1194 individus à la race DETWZ et de 183 à la race ITARG. Ces chiffres s'élèvent à 1200 et à 143 respectivement pour ces deux races sous le modèle B.

Tableau 5.15 Effets de conservation et accroissements des diversités attendues pour cinq races caprines (ITGMO, ITGIR, ATPIZ, DETWZ et ITGIR) selon trois scénarios de conservation

Races	Scénarios	Probabilités (X_i) et effets de conservation (ΔX_i)			Effet sur la fonction objectif					
		X_i	ΔX_i	$\Delta X_i/X_i^*$	Modèle A			Modèle B		
					E(V(S)) (1)	$\Delta E(V(S))$ (2)	(2)/(1)	E(V(S)) (1)	$\Delta E(V(S))$ (2)	(2)/(1)
ITGMO	SPC ^a	0,052	-	-	56,034	-	-	56,149	-	-
	100	0,349	0,297	5,705	56,794	0,760	0,014	56,767	0,618	0,011
	600	0,557	0,505	9,715	57,327	1,293	0,023	57,200	1,051	0,019
	1200	0,592	0,540	10,376	57,416	1,382	0,025	57,273	1,124	0,020
ITGIR	SPC ^a	0,531	-	-	56,034	-	-	56,149	-	-
	100	0,534	0,003	0,006	56,085	0,051	0,0009	56,175	0,026	0,0005
	600	0,544	0,013	0,025	56,246	0,212	0,0038	56,259	0,110	0,0020
	1200	0,551	0,020	0,038	56,349	0,315	0,0056	56,319	0,170	0,0030
ATPIZ	SPC ^a	0,572	-	-	56,034	-	-	56,149	-	-
	100	0,578	0,006	0,011	56,058	0,024	0,0004	56,174	0,025	0,0004
	600	0,596	0,024	0,042	56,132	0,098	0,0017	56,247	0,098	0,0018
	1200	0,606	0,034	0,060	56,173	0,139	0,0025	56,288	0,139	0,0025
DETWZ	SPC ^a	0,6149	-	-	56,034	-	-	56,149	-	-
	100	0,6154	0,0005	0,0007	56,037	0,0032	0,0001	56,153	0,0032	0,0001
	600	0,6173	0,0024	0,0038	56,053	0,0193	0,0003	56,169	0,0195	0,0003
	1200	0,6190	0,0041	0,0066	56,067	0,0338	0,0006	56,184	0,0342	0,0006
ITARG	SPC ^a	0,648	-	-	56,034	-	-	56,149	-	-
	100	0,650	0,002	0,003	56,039	0,005	0,00009	56,154	0,005	0,0001
	600	0,657	0,009	0,013	56,057	0,023	0,00041	56,168	0,019	0,0003
	1200	0,661	0,013	0,021	56,067	0,033	0,00059	56,176	0,027	0,0005

^a : Sans programme de conservation.

En conclusion, il paraît que les différentes formulations considérées dans la modélisation de la problématique de conservation privilégient les populations dont les tailles efficaces sont faibles : à l'exception de la race DEGGH, les huit autres populations retenues par les modèles présentent les plus petites tailles efficaces de l'ensemble des races ovines considérées. Le même constat a été observé pour les races caprines.

IV.3 Distances utilisées

A quelques exceptions près, les résultats issus des deux distances utilisées restent globalement identiques, mais le choix de la meilleure distance à considérer pour caractériser la diversité génétique entre les races domestiques reste une question ouverte dans le débat scientifique. Dans une synthèse récente, Baumung et *al.* (2004) ont recensé plus d'une dizaine de distances utilisées dans les travaux de recherche sur la biodiversité. Par ailleurs, l'usage des distances génétique diffère selon qu'on se place dans une vision axée sur la conservation ou une vision orientée plutôt vers la génétique des populations.

La première vision considère les distances génétiques comme mesure de dissimilitude entre populations à un moment donné sans prendre en compte les forces évolutives ayant produit de telles différences. Par contre, la seconde vision met davantage l'accent sur les hypothèses des modèles supposés avoir générer les différences constatées “*genetic distance is not an abstract, idealized measure of differentness ; it is an estimate of a parameter of the model which is thought to have generated the differences we see*” (Felsenstein, 2000).

Tableau 5.16 Propriétés des distances génétiques de Reynolds et de Nei

Propriétés	Reynolds et <i>al.</i> (1983)	Nei (1978)
Euclidienne	Non	Non
Modèle d'évolution	Pure dérive génétique	Mutation-dérive
Hypothèses d'application	Absence de sélection, de migration et de mutation	Absence de sélection et de migration
Horizon d'évolution	Court	Long

Source : adapté de Reif et *al.* (2005)

Chacune des deux distances considérées, dans ce travail, présente des propriétés spécifiques et reste appropriée pour un modèle particulier d'évolution (tableau 5.16). Comme il a été présenté au chapitre III, la divergence des populations dépend de quatre facteurs évolutifs : la sélection, les mutations, la dérive génétique et le flux génique ou migration. La distance de Reynolds se base sur le coefficient de coancestralité (θ) pour

évaluer les dissimilitudes entre populations. En fonction de ce coefficient, cette distance s'exprime (Reif et *al.* 2005) :

$$D_R = -\ln(1 - \theta)$$

Pour deux populations fixées pour tous les *loci* (complètement homozygotes), θ prend la valeur 1 et la distance de Reynolds est indéfinie. Cette distance a été conçue en supposant qu'une population ancestrale s'est subdivisée en plusieurs populations qui ont divergé sous l'effet de la dérive génétique. Sous une telle hypothèse, la distance de Reynolds croît, approximativement, de façon linéaire avec le temps de divergence des populations (SanCristobal et *al.*, 2003) :

$$E(D_R) = t \left[\frac{1}{4N_i} + \frac{1}{4N_j} \right]$$

t étant le nombre de générations après divergence; N_i et N_j sont les tailles efficaces des deux populations i et j considérées. Cette distance reste appropriée pour analyser les relations phylogénétiques et les dissimilitudes entre populations si l'on suppose que les processus de mutation et de sélection sont négligeables et que la dérive génétique constitue la force majeure à l'origine de la différenciation des populations.

A la différence de la distance de Reynolds, celle de Nei considère un modèle mutation-dérive et elle est destinée à mesurer le nombre moyen de différences de codons entre populations après leur divergence¹²³. Cette distance stipule que si les populations sont totalement similaires, c'est à dire présentant les mêmes allèles avec les mêmes fréquences, on aura alors $D_N = 0$. Si elles sont totalement différentes (n'ayant aucun allèle en commun), alors la distance de Nei est indéfinie. Cette distance reste appropriée sous trois hypothèses : 1) absence de sélection ; 2) équilibre mutation-dérive ; et 3) les dissimilitudes entre populations ne sont pas trop larges (Reif et *al.*, 2005). Sous ces trois hypothèses, la distance de Nei est supposée croître selon une tendance linéaire et proportionnelle au temps de divergence (Laval et *al.*, 2002) :

$$E(D_N) = 2\mu t$$

où μ est le taux de mutation par locus et par génération et t le temps de divergence des populations en générations.

¹²³ L'expression de cette distance est donnée à la section II.3.4 du chapitre III.

Cette expression suppose que la subdivision de la population ancestrale était instantanée et complète et que chaque population, issue de cette subdivision, disposait d'une taille efficace constante égale à la taille efficace de la population ancestrale (Kalinowski, 2002). Il est reconnu que les mutations présentent des effets faibles sur la diversité génétique en comparaison avec les autres forces et de ce fait elles pourraient être négligées pour les scénarios d'évolution de court terme. Toutefois, la négligence des processus de sélection pour le cas des RGAs reste difficile à défendre. A noter que les microsatellites sont neutres à l'égard de la sélection et présentent des taux de mutations plus élevés que ceux observés pour d'autres marqueurs tels que les enzymes et ADN mitochondriaux. Pour les petites distances, les deux distances de Nei et Reynolds sont approximativement liées par l'expression suivante (Laval et *al.*, 2002):

$$E(D_N) = E(D_R) \frac{H_0}{1 - H_0}$$

H_0 est le taux d'hétérozygotie de la population ancestrale. Par ailleurs, si ces deux distances présentent une valeur évolutive, elles ne sont pas considérées comme distances métriques car elles ne vérifient pas l'inégalité triangulaire¹²⁴. La distance de Reynolds reste adéquate à des temps de divergence courts où les mutations sont négligeables (Eding et Laval, 1999 ; Laval et *al.*, 2002 ; Reif et *al.*, 2005). Cette hypothèse reste acceptable pour le cas des races des animaux d'élevage élevées en Europe (Casellas et *al.*, 2004).

Conclusion

Ce chapitre a permis de mettre l'accent sur l'intégration de différentes composantes dans des modèles bioéconomiques de conservation des RGAs. Trois constats ressortent de la démarche appliquée. Le premier constat se rapporte au fait que la démarche d'optimisation adoptée pourrait être inversée en ayant recours au principe de la dualité tout en intégrant des analyses de sensibilité. Dans le cas de la problématique de conservation des RGAs, le modèle de maximisation pourrait être transformé en un modèle de minimisation des coûts de conservation assujetti à des niveaux de diversité et/ou d'utilité donnés. La dualité a des conséquences importantes en matière de modélisation dans le sens où elle offre d'autres façons de modéliser la problématique de conservation. Ainsi, de nombreuses relations qui sont difficilement compréhensibles

¹²⁴ Elle implique qu'il soit plus court de passer directement de X à Y que de passer par un intermédiaire Z .

quand elles sont envisagées directement, deviennent simples, voire même évidentes, quand elles sont envisagées en utilisant l'analyse de la dualité.

Quant à l'analyse de sensibilité, elle se concentre sur l'étude des domaines dans lesquels peuvent varier les données du modèle d'optimisation sans que sa base optimale ne change. Plus spécifiquement, elle cherche à déterminer dans quel intervalle peut varier un coefficient (V_i' , U_i' , X_i^* , c_i et b_i) sans que la base optimale ne change. On pourrait par exemple simuler des scénarios d'accroissement ou de réduction du budget global (B) de conservation et/ou des coûts de conservation des races (c_i) et voir l'effet sur les races retenues.

Le second constat concerne les paramètres et les données pour l'élaboration de ces modèles. Ces derniers requièrent une base importante de données sur les aspects génétiques, économiques et politiques qui ne sont pas faciles à mobiliser dans le contexte actuel. Ce constat a été souligné par Metrick et Weitzman (1998): *The defining limitation of the economics of biodiversity preservation is the lack of a common denominator or natural anchor. As a society, we have not even come close to defining what is the objective. What is biodiversity? In what units is it to be measured? ...Until we as a society ... decide what is our objective, all the scientific data imaginable will not help economists to guide policy.* Ce constat plaide pour la consolidation et l'extension des efforts déjà entrepris à l'échelle de l'Union en matière de collecte et d'organisation des données sur la diversité des RGAs.

Enfin, le dernier constat porte sur les équations qui permettent d'établir les liens entre les différentes composantes de la problématique de conservation. En effet, cette thématique se situe à la frontière de disciplines traitant de différents aspects (génétique, économique et politique) qui devraient être associés moyennant des équations dans les modèles bioéconomiques. Le nombre d'études concernant la diversité des RGAs est encore trop faible pour pouvoir généraliser les mécanismes relatifs à la dynamique des petites populations. Les recherches dans ce sens n'ont pas encore fourni de réponses claires et précises sur certaines questions : quel cadre retenir pour approcher le risque d'extinction ? Quelle forme fonctionnelle considérer pour établir les liens entre risque d'extinction et budget de conservation ? A notre sens, les recherches doivent être orientées vers des travaux empiriques pour apporter des réponses à ces questions.

Chapitre VI. Conclusion et implications

I. Principales conclusions

La problématique de conciliation entre des impératifs de préservation de la diversité des ressources génétiques animales et du caractère fini des ressources financières disponibles est au centre de la réflexion conduite dans les précédents chapitres. Cette problématique a été analysée sous trois angles différents : politique, génétique et économique. Les implications des résultats émanant de ce travail sont d'ordre empirique et méthodologique. D'abord, nous présentons les principales conclusions qui sont déduites à travers les démarches prospectives conduites aux chapitres II, III et IV. L'ensemble permet d'établir une synthèse de ces résultats accompagnés de recommandations destinées aux opérateurs concernés par cette problématique. Les implications méthodologiques mettent l'accent sur les limites de l'approche de Weitzman et sur les perspectives de son extension pour le cas des RGAs.

I.1 Diversité génétique

Dans une perspective de conservation des espèces, le principe général consiste à accorder la priorité aux espèces considérées, d'un point de vue phylogénétique, comme uniques, par opposition aux espèces les moins différenciées génétiquement (Vane-Wright *et al.*, 1991 ; Crozier, 1992 ; Faith, 1992 ; Krajewski, 1994). L'idée sous-jacente réside dans le fait que l'extinction d'une espèce engendre une perte de diversité au phylum auquel appartient cette espèce. La réduction de la diversité sera d'autant plus importante quand l'espèce éteinte présente de faibles liens génétiques aux autres espèces et vice versa.

Si la notion d'espèces est plus ou moins clairement définie, celle de race ne l'est pas. En effet, la littérature consultée a permis de recenser une multitude de définitions de race allant de celles basées sur des considérations génétiques associant le concept de race à une population panmictique (Falconer et Mackay, 1996) à des définitions plus large prenant en compte des aspects socio-économiques et culturels (Köhler-Rollefson, 2000).

Par ailleurs, le terme race est le plus souvent utilisé pour désigner des populations individualisées d'une même espèce ayant des caractères morphologiques et physiologiques bien distincts des autres populations, c'est à dire un génotype moyen individualisé que l'homme s'est attaché à maintenir parfois depuis très longtemps, mais qu'il peut faire évoluer dans le temps en fonction d'impératifs socio-économiques, politiques ou institutionnels. Ces différences présentent des prolongements en matière de conservation.

La mesure de diversité proposée par Weitzman s'inscrit dans la logique de conservation des espèces. Celle-ci a fait l'objet d'une discussion par Thaon d'Arnoldi et *al.* (1998) qui ont souligné que cette mesure présente des propriétés désirables, notamment la propriété de monotonie qui suggère que l'extinction d'une espèce réduit la diversité totale de l'ensemble. Ce constat reste valable pour le cas des espèces qui sont considérées comme des entités distinctes et non échangeables. Toutefois, s'agissant des races des animaux d'élevage, cette approche ignore complètement la diversité intra-population qui constitue une part importante de la variabilité totale.

Dans sa métaphore, Weitzman (1998) assimile les races aux bibliothèques et les allèles aux livres. Sa préoccupation est de conserver le maximum de livres (allèles) distincts compte tenu des valeurs attachées aux bibliothèques (races) qui les contiennent. Les deux distances utilisées (Nei et Reynolds) expriment plutôt la proximité ou l'éloignement entre races en fonction des fréquences alléliques. Ainsi, deux races très proches l'une de l'autre disposent des mêmes allèles, d'une part, et de fréquences alléliques semblables, d'autre part. Une grande distance entre deux races peut être due soit à la présence d'allèles privés (allèles présents dans une race et absents dans l'autre et vice versa) soit à de fortes différences des fréquences pour les allèles communs.

Selon les résultats escomptés, il s'est avéré que les races présentant une diversité intra-population élevée disposent d'allèles privés mais leur contribution à la diversité de l'ensemble reste marginale. A titre d'exemple, la race portugaise PTBRA dispose de six allèles privés mais sa contribution moyenne à la diversité de l'échantillon des caprins n'est que de 1,52%. Ce constat laisse conclure que l'approche de Weitzman appliquée aux RGAs pourrait aboutir à la conservation de populations consanguines ne possédant que des allèles présents dans d'autres populations, qui sont très éloignées des autres populations et qui contribueraient fortement à la diversité génétique entre populations. En d'autres termes faudrait-il préserver la race allemande DEGGH qui est apparue comme la plus distincte alors qu'elle se classe dernière pour ce qui de la diversité intra, ou la race GRKAR qui est la moins originale mais qui a gardé une large part de sa diversité initiale ?

A ce niveau se pose alors la question suivante : quelle mesure de la diversité génétique est la plus appropriée pour le cas des RGAs ? La réponse à cette question dépend de l'usage futur que l'on projette faire de cette diversité. A travers les résultats du chapitre II, il s'est avéré que les objectifs de conservation au niveau des pays de l'Union sont sous-tendus, entre autres, par une logique d'utilisation potentielle future. Bennewitz et *al.* (2006) distinguent deux scénarios dans cette stratégie. Le premier scénario consiste à supposer que les conditions futures pourraient orienter les schémas d'amélioration génétique vers la création de nouvelles races synthétiques, à travers les croisements. Dans ce cas, les programmes de conservation doivent privilégier les races distinctes disposant de caractères génétiques d'intérêt.

Le second scénario suppose que l'on va continuer à utiliser des races « commerciales » et que les races locales vont servir comme réservoirs de gènes ou de complexes de gènes pour les races commerciales. Selon ce scénario, les programmes de conservation doivent être conçus de sorte à préserver le maximum d'allèles possibles. Les résultats de ce travail ainsi que d'autres travaux ont montré que les races disposant d'une richesse allélique élevée sont les moins différenciées génétiquement et vice versa.

A l'heure actuelle, il est difficile de se prononcer sur le scénario le plus approprié. En effet, les choix de conservation sont tributaires non seulement des caractéristiques génétiques mais aussi des changements imprévisibles qui pourraient affecter les contextes socio-économiques, politiques et environnementaux dans lesquels les RGAs évoluent. En plus de ces considérations, les décisions de conservation devraient prendre en compte d'autres critères. Ces derniers se réfèrent aux autres valeurs, en plus de la variabilité génétique, que représentent les RGAs considérées comme bien quasi-public. Cette question fera l'objet de la section suivante.

I.2 Critères de conservation

Le second chapitre s'est focalisé sur la politique de conservation de l'Union en mettant l'accent sur ses principales tendances, d'une part, et sur les déterminants des décisions des choix de conservation moyennant un modèle économétrique, d'autre part. Dans le quatrième chapitre, on s'est attaché à analyser les critères de conservation et leur pondération par le biais d'une analyse économique intégrant les points de vue d'un échantillon d'experts. Les critères recueillis sont nombreux et portent sur les fonctions, les caractéristiques, l'originalité génétique et la diversité intra-population.

Le tableau 6.1 donne une synthèse globale des critères ou attributs de conservation. La première colonne reprend les quatre dimensions considérées dans l'approche de

Weitzman : 1) utilité ; 2) dissemblance génétique ; 3) budget et coût de conservation ; et 4) risque d'extinction. Des travaux empiriques ont examiné la pertinence de ces dimensions en vérifiant si les décisions de protection réelles, prises dans le cadre de la loi américaine sur la protection des espèces en danger d'extinction, ont été conformes à la prescription du modèle de l'Arche de Noé. D'après les résultats escomptés, il apparaît que seule la grandeur associée à l'utilité est significative pour expliquer les choix réels. Plus précisément, c'est la valeur charismatique ou emblématique des espèces qui semble avoir prévalu pour les porter sur la liste des espèces en danger (Metrick et Weitzman, 1996, 1998 ; Dawson et Shogren, 2001).

Dans le cas des RGAs, les quatre dimensions du modèle de Weitzman sont interdépendantes. D'une part, une race économiquement viable présente un risque d'extinction faible et vice versa, d'autre part la viabilité d'une race dépend de facteurs socio-économiques, politiques et institutionnels. Les RGAs présentent pour l'homme d'autres valeurs que celles associées aux espèces sauvages. Ruane (2000) a proposé un cadre empirique (deuxième colonne du tableau 6.1), pour définir les priorités de conservation des RGAs, qui comporte sept critères : 1) l'espèce à laquelle la race appartient ; 2) le risque d'extinction ; 3) caractères génétiques d'importance économique ; 4) le rôle environnemental ; 5) caractères génétiques d'importance scientifique ; 6) le rôle culturel ; et 7) l'unicité (dissemblance génétique). Ce cadre a été illustré à travers le cas d'une trentaine de races élevées au Norvège. A noter que ces critères n'intègrent pas la diversité intra-population.

A travers les résultats de l'enquête réalisée dans ce travail, les répondants ont proposé d'autres critères en plus de ceux considérés par Ruane (2000). Ces derniers concernent la diversité intra-population, la répartition géographique, la dissemblance phénotypique, la résistance aux maladies, les produits typiques ainsi que des considérations intéressant le niveau aval des programmes de conservation (âge et nombre des éleveurs, pourcentage de femelles accouplées en race pure, âge moyen des troupeaux et tendance d'évolution des effectifs).

Sur la base de cinq critères de conservation, l'application de la MCM (répondant moyen) a montré que la diversité inter-populations est perçue comme l'attribut le plus important suivie de la fonction environnementale et de la diversité intra-population. Les fonctions économique et culturelle viennent respectivement en quatrième et cinquième position. Les tests effectués ont aussi révélé une hétérogénéité des préférences qui varient selon l'âge, l'instruction, la spécialité et la profession des répondants.

Tableau 6.1 Synthèse des critères de conservation

Critères Metrick et Weitzman (1998)	Critères Ruane (2000)	Résultats du chapitre IV		Résultats du chapitre II	
		Critères évoqués par les experts	Attributs considérés dans la MCM	Indicateurs des attributs de la MCM	Indicateurs retenus (modèle probit)
Utilité	F. Economique	F. Economique - Produits typiques - Résistance maladies	F. Economique	- Tendance d'évolution des effectifs	- Caractéristiques spécifiques
	F. Environnementale	F. Environnementale - Dissemblance phénotypique - Caractéristique d'adaptabilité	F. Environnementale	- Répartition géographique - Possibilité de substitution (typologie FEZ)	Répartition géographique - intra-pays - inter-pays
	F. Culturelle	F. Culturelle	F. Culturelle	- Origine de la race - Organisation des éleveurs	- Origine de la race - Organisation éleveurs
	F. Scientifique				
- Dissemblance	- Dissemblance	- Dissemblance - Diversité intra-race	Dissemblance Diversité intra-race	- Marqueur moléculaire (microsatellites) - Marqueur moléculaire (microsatellites)	
Risque d'extinction	Risque d'extinction	Risque d'extinction - Taille de population - Tendance des effectifs			Risque d'extinction - Taille de population - Tendance des effectifs - Nombre de troupeaux
Coût de conservation		- Ages et nombre d'éleveurs - Distribution géographique - Pourcentage de femelles accouplées en race pure - Age moyen des troupeaux			Approches de conservation - <i>In situ</i> - <i>ex situ</i>

F. : Fonction.

L'analyse de la politique de conservation initiée à l'échelle de l'UE-15 a révélé que même si les textes énonçant la nécessité de prendre en compte les diverses fonctions de l'élevage remontent à plus d'une dizaine d'années, la volonté explicite de tenir compte de la multifonctionnalité de l'élevage n'est apparue que récemment dans la réglementation officielle de l'Union. Les objectifs ainsi affichés en termes de « fonctions environnementales » apportent une nouvelle dimension à la problématique de conservation des ressources génétiques animales.

Si les fonctions environnementales des races sont réellement prises en compte, elles confèrent une importance nouvelle aux exploitations qui ne sont pas souvent les plus compétitives sur les marchés mais qui inscrivent leur activité dans un système complexe associant l'élevage des animaux au contexte environnemental. Ces systèmes qui ont été écartés du bénéfice d'une partie du soutien public doivent être mieux intégrés dans les dispositifs de la PAC. Cette intégration requiert un ajustement des orientations de la politique de conservation des RGAs de l'Union. Les objectifs de conservation doivent non seulement chercher à maintenir les effectifs des races menacées au-dessus d'un certain seuil, mais aussi inciter les éleveurs à opter pour des modes de conduite (traditionnels) favorable à l'environnement.

L'analyse économétrique des choix de conservation a permis d'identifier les facteurs qui affectent la probabilité d'inclusion des races dans les PDRs. Cette analyse a montré que les programmes de conservation mis en œuvre au sein de l'UE-15 opèrent indépendamment du niveau du danger de disparition des races. Les objectifs de conservation ne se limitent pas exclusivement aux aspects définis par la réglementation européenne (autochtone, livre généalogique, risque d'extinction, etc). D'autres dimensions associées à la répartition géographique ainsi qu'aux caractéristiques spécifiques dont sont dotées les races sont aussi prises en compte.

Les tendances dégagées de cette analyse permettent de consolider les remarques relevées par Simon (1999). En analysant le premier programme de conservation adopté à l'échelle de l'Union relatif au règlement 2078/92, ce dernier a conclu que les objectifs de conservation dans les pays de l'Union sont sous-tendus par une logique d'utilisation potentielle future et pour des raisons culturelles. Ces objectifs sont bien différents des objectifs de conservation pour l'utilisation durable actuellement présentés comme prioritaire par la FAO pour les pays en voie de développement.

II. Implications

II.1 Implications empiriques

Les analyses effectuées dans ce travail se sont focalisées sur la question suivante : que faut-il conserver ? Posée autrement, cette question consiste à définir et à pondérer des critères de conservation. Malgré l'intérêt porté aux RGAs, les travaux de recherche n'ont pas encore fourni de réponses claires quant aux choix des races pour la conservation. Pourtant, l'efficacité des programmes de conservation dépend largement de cette question. A travers les résultats de ce travail, certaines implications ont pu être identifiées. Celles-ci constituent une ébauche d'une vision globale pour la conservation des RGAs. Cette vision est articulée en quatre volets (figure 6.1) : un volet protection situé en amont et concerne les politiques macroéconomiques ; un volet conservation ; un volet valorisation par l'utilisation et un volet recherche.

II.1.1 Volet protection

Réorienter les politiques afin d'atténuer et/ou minimiser les distorsions des marchés et des politiques

La synthèse, présentée à la section III du chapitre I, a permis d'identifier de nombreux facteurs qui sont à l'origine de l'extinction des RGAs : facteurs politiques, économiques, institutionnels, environnementaux, démographiques, génétiques, etc. Par ailleurs, le facteur le plus déterminant influant sur la diversité génétique des animaux de ferme est la mondialisation des échanges (Tisdell, 2003). En effet, la demande en rapide expansion de produits de l'élevage est satisfaite, pour l'essentiel, par des systèmes de production intensifs basés sur quelques espèces et races d'animaux à haut niveau d'intrants et de rendements.

A titre d'exemple, un nombre très limité de races commerciales garantit plus du tiers de l'offre mondiale de porc, tandis qu'une minorité de races pondeuses commerciales assurent quelque 85% de la production d'œufs. Aussi, certaines races bovines laitières à rendement élevé ou leur croisements représentent les deux tiers de l'offre mondiale de lait (FAO, 2006). Cette tendance couplée à des règlements sanitaires plus rigoureux excluent les petits fermiers qui conservent l'essentiel des ressources zoogénétiques indigènes. Ces derniers ont été défavorisés par les mesures d'incitation qui ont favorisé

les races spécialisées. L'atténuation ou la minimisation de ces effets requiert des réglementations prenant en compte les externalités négatives de la production animale intensive à faire payer par les producteurs moyennant un système de taxation. De telles réglementations permettraient de réduire les écarts de rentabilités économiques entre les races spécialisées et les races indigènes.

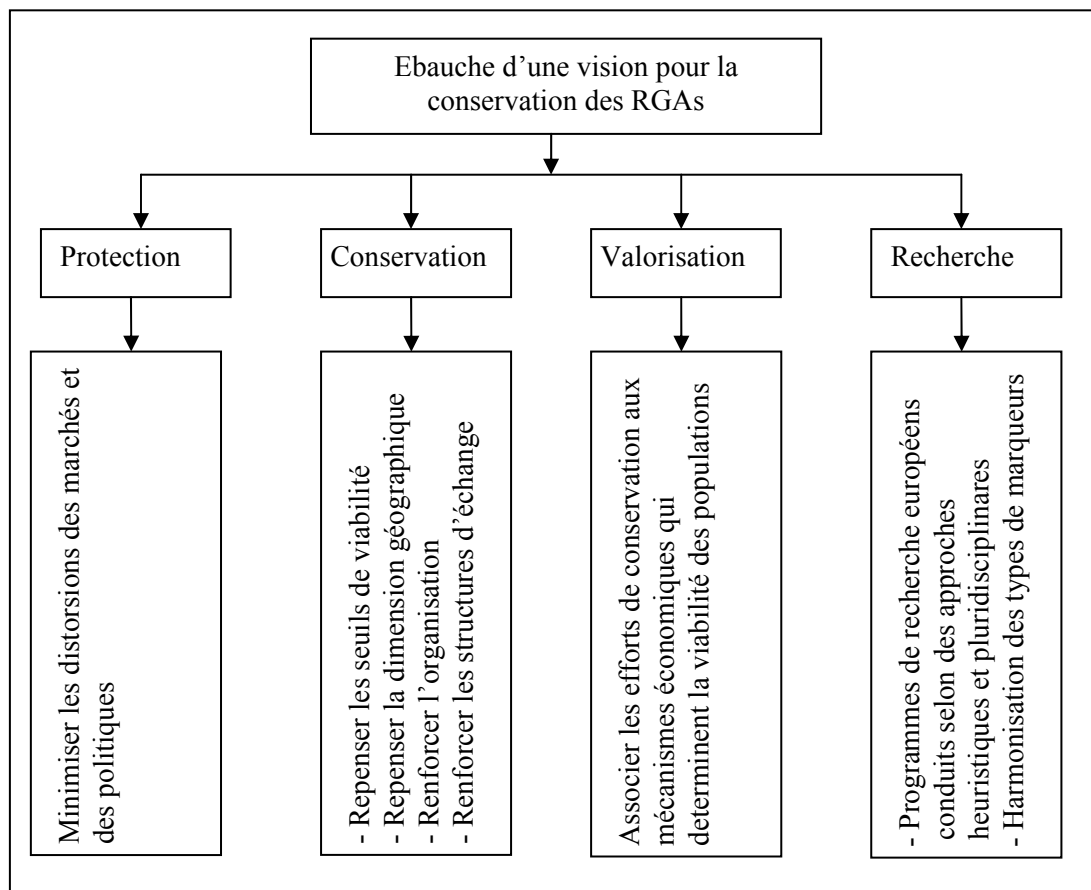


Figure 6.1 Ebauche d'une vision pour la conservation des RGAs

II.1.2 Volet conservation

Repenser les seuils de viabilité des populations

Dans la pratique, l'estimation des seuils de viabilité des populations dans toute sa complexité se heurte au caractère très limité des connaissances actuelles. Les systèmes proposés actuellement (FAO, FEZ, CARB, UE) restent incomplets. Le système adopté à l'échelle de l'Union présente la particularité de considérer des niveaux seuils très élevés et par conséquent de nombreuses races qui ne sont pas considérées à risque d'extinction par les systèmes FAO et/ou FEZ sont éligibles aux programmes de conservation. Ce

constat appelle une révision à la baisse des seuils fixés par l'Union. Quoiqu'il en soit, l'identification des seuils de viabilité et leurs implications en matière de choix de conservation est un enjeu majeur et son étude gagnera probablement en pertinence si elle intègre les compétences des sciences de la nature et des sciences sociales et économiques.

Repenser la dimension associée à la répartition géographique des races élevées au sein de l'Union

Les décideurs politiques comme les experts s'accordent à considérer la spécificité de la race, son usage potentiel futur et son rôle culturel comme critères de conservation. Les aspects liés à la répartition géographique de la race sont pris en compte par les politiques dans le sens où les races qui se retrouvent dans un seul pays présentent de forte chance d'être retenues par les PDRs. Ceci s'explique par le fait que la réglementation européenne privilégie les races dites locales (autochtones) qui jouent un rôle environnemental.

Toutefois, les investigations menées par Yarwood et *al.* (2003) ont révélé que de nombreuses races sont à risque d'extinction mais localisées dans d'autres zones que leur zone d'origine. Certaines ne se retrouvent même plus dans leur zone d'origine. Ces races sont supposées être exclues des PDRs. Aussi, des crises telles que celle de la maladie de la vache folle (encéphalopathie subaiguë spongiforme transmissible bovine ou ESB) ou celle de la tremblante du mouton (*scrapie*) ont révélé que la concentration géographique d'une race dans une localité déterminée augmente les risques épidémiologiques.

A noter que la politique de l'Union restreint les subsides aux races locales originaires de la zone concernée. Ceci constitue un danger potentiel dans la mesure où cette concentration augmente la vulnérabilité des animaux à l'égard des maladies infectieuses. Ce constat plaide en faveur d'une révision des orientations de la politique de conservation de l'Union. Une telle révision devrait prendre en compte, non seulement la localité d'origine, mais aussi l'aire de distribution géographique des races dans son ensemble.

Renforcer l'organisation

La FAO estime que la reproduction pour les systèmes de production à faible coefficient d'intrants demeurera une responsabilité du secteur public, mais pourrait être appuyée par des coopératives de producteurs ou des initiatives communautaires.

Néanmoins, nombreux sont les pays qui n'ont aucun cadre juridique pour l'enregistrement des animaux de races autochtones ou pour la création d'associations de production animale. La mise en place de tels programmes, en particulier au sein de communautés ayant peu ou pas d'expériences de conservation, exige un important renforcement des capacités d'organisation de même qu'une formation.

Renforcer les structures d'échange d'expériences et accorder une attention particulière aux Etats de l'Union à économie en transition

L'analyse effectuée au chapitre II s'est limitée aux programmes de conservation adoptés par l'Union en collaboration avec les pays membres. Par ailleurs, au niveau des pays de l'Union, d'autres programmes de conservation se déroulent, à des échelles régionales ou nationales, et les soutiens financiers correspondants ne touche pas les éleveurs eux-mêmes mais les structures au sein desquelles ils sont organisés. Il serait donc intéressant d'étendre l'investigation du chapitre II à une analyse comparative des stratégies de conservation poursuivie par chaque Etat membre.

En effet, selon des experts de la FAO (2006), plusieurs pays, dont certains font partie de l'Union, ne disposent pas de programme intégré de conservation, alors que d'autres sont plus avancés et disposent de politiques sur leurs ressources zoogénétiques. C'est à ce titre que se justifie le renforcement des structures d'échange d'expériences et de coopération (Centre régional européen, FEZ, etc.) sur la gestion et la conservation des RGAs entre pays de l'Union. Cette coopération devrait aboutir à des inventaires complets de l'étendue, de la répartition, des caractéristiques de base, des résultats comparatifs et de la situation actuelle des races européennes indigènes.

L'Union européenne tend à homogénéiser la réglementation en matière de conservation sans prendre en compte les situations économiques des Etats membres. Selon les études réalisées par Hall et Ruane (1993), il s'est avéré qu'il existe une corrélation positive, observée au niveau de pays européens, entre la proportion de races disparues au vingtième siècle et le produit national brut par habitant. Une attention particulière devrait être accordée aux races présentes dans les pays de l'Union à économie en transition.

II.1.3 Volet valorisation par l'utilisation

Associer les efforts de conservation aux mécanismes économiques qui déterminent la viabilité des populations

Parmi les résultats relevés à travers le modèle probit du chapitre II, il s'est avéré que de nombreuses races (113 sur un total de 265) intégrées dans les PDRs avaient déjà bénéficié de programmes de conservation *in situ*. Un tel constat suggère que la stratégie poursuivie par les pays de l'Union devrait être élargie en vue d'associer les efforts de conservation aux mécanismes économiques qui déterminent la viabilité des races menacées d'extinction. Une stratégie porteuse qui semble rencontrer l'agrément des décideurs et des producteurs consiste à subordonner la conservation à l'utilisation.

Ces considérations ont été soulignées par Gandinni et Pizzi (2003). Ces derniers suggèrent une stratégie qui, outre des mesures d'incitations directes accordées aux éleveurs qui souscrivent des contrats de conservation, inclurait des mécanismes permettant de rendre économiquement viable les races menacées d'abandon (*Self-sustainability*). Cette perspective s'inscrit dans une démarche globale visant non seulement à conserver les races, mais aussi à les réinsérer dans des créneaux économiques rentables.

Selon Gandinni et Oldenbroek (1999), une telle perspective serait réalisable à travers ce qui suit : 1) établissement des performances économiques des races menacées ; 2) amélioration des infrastructures et de l'assistance technique ; 3) optimisation des systèmes de production ; 4) amélioration génétique; et 5) exploration des possibilités permettant d'accroître les valeurs marchandes des produits issus de races menacées (typicité des produits, labels, appellation d'origine protégée, produit de terroir, attraction touristique, etc.) et des circuits de commercialisation.

Certes, l'intégration de ces aspects dans la stratégie de conservation engendrerait une augmentation des coûts à court et moyen terme. Toutefois, cette approche pourrait être plus efficace à long terme car les coûts de conservation sont censés diminuer au fur et à mesure que les races acquièrent une certaine autonomie dans leur développement. En effet, dans le contexte actuel des produits industrialisés et standardisés, il existe un réel engouement pour les produits dits traditionnels qui s'appuient sur la notion de terroir pour affirmer leur typicité.

La littérature consultée a permis d'identifier plusieurs exemples qui permettent de consolider cette vision. Aux Pays Bas, Kuit et Van der Meulen (1999) ont relevé que les

produits de certaines races bovines locales, élevées dans des réserves naturelles, sont considérés de haute qualité par les consommateurs. Les investigations ont montré que certains circuits de commercialisation de ces produits (notamment produits organiques et niches de marchés) permettent de générer un accroissement de prix évalué à près de 20%.

Rodriguez et *al.* (1999) ont identifié sept races locales bovines au Portugal produisant des viandes d'appellation d'origine protégée (AOP¹²⁵) permettant ainsi aux fermiers d'accroître leurs revenus. Deux races locales bovines sont présentes au nord de l'Espagne : *Asturiana de los valles* et *Asturiana de la Montana*. La première race a été soumise à une pression de sélection qui s'est manifestée par un accroissement de son potentiel de production mais aussi par une perte de ses aptitudes maternelles. A l'opposé, la seconde race présente de bonnes aptitudes maternelles, une meilleure adaptation aux conditions des zones de montagne, mais un potentiel de production faible (Osoro et *al.* 1999). Des tests effectués auprès de consommateurs ont permis de relever que la qualité de viande de la seconde race est supérieure à celle de la première (Osoro et *al.*, 2001 ; cité par Rook et *al.*, 2004).

En Norvège, grâce à une stratégie de commercialisation réussie, l'effectif de la race ovine *Gammelnsk Sau*, qui comptait moins de 1000 femelles en 1990, a considérablement augmenté récemment (Ruane, 2000). Certaines exploitations agricoles, au Royaume Uni, utilisent des races traditionnelles comme attraction touristique (Yarwood et Evans, 1999). En France, la loi d'orientation agricole et la mise en place des contrats territoriaux d'exploitation font bien ressortir la nécessité d'un changement partiel des objectifs et des méthodes de l'agriculture et d'élevage de races locales (Avon, 2000). A travers ces exemples, il paraît évident que les races locales menacées pourraient conforter leurs effectifs à travers une forte valorisation de leurs produits, moyennant des filières courtes de valorisation ou des filières de niche très ciblées, qui constituent des alternatives potentielles pour dégager un revenu économique suffisant.

II.1.4 Volet recherche

Vers des programmes de recherche européens conduits selon des approches heuristiques et pluridisciplinaires

¹²⁵ L'Appellation d'Origine Protégée désigne la dénomination d'un produit dont la production, la transformation et l'élaboration doivent avoir lieu dans une aire géographique déterminée avec un savoir-faire reconnu et constaté.

Suite à la dernière réforme, la PAC s'oriente actuellement vers une réduction des subventions moyennant le découplage et l'incitation des agriculteurs à opter pour des systèmes de production extensifs. Cette réforme serait-elle définitive ou ouvrira-t-elle une nouvelle phase de changements ? Comment les agriculteurs de l'Union, qui sont encore marqués par l'option productiviste, réagiraient-ils à cette réforme ? Les systèmes de production vont-ils s'orienter vers une agriculture semi-intensive ? Tant de questions qui peuvent nourrir la recherche scientifique.

En matière de recherche sur les RGAs, les indicateurs et méthodes actuellement proposés sont généralement partiels et ne permettent pas de raisonner la problématique de conservation en tenant en compte les apports des différentes disciplines. Selon les investigations conduites dans ce travail, il s'est avéré qu'il existe un grand écart entre les résultats scientifiques et les besoins en matière de prise de décision pour la conservation, ce qui complique le problème de choix des races pour la conservation.

En effet, les recherches zootechniques et socio-économiques classiques ne comblent plus cet écart. Ces recherches sont de plus en plus rares que ce soit au niveau national ou au niveau de l'Union européenne. De nos jours, on parle surtout de biologie moléculaire, de biotechnologie, etc., et d'autres choses dites modernes. Certes, ces secteurs produisent de la connaissance scientifique, mais n'apportent quasi aucune valeur ajoutée aux systèmes de production existants et n'assurent aucune connexion entre les préoccupations politiques et les orientations des éleveurs.

A notre sens, une réorientation de la recherche, via la conception de programmes conduits selon une approche plus heuristique intégrant les secteurs de la zootechnie, de la génétique et de la socio-économie, est nécessaire. Cette approche heuristique qui est indispensable à l'optimisation de la gestion des RGAs demeure toujours difficilement prise en compte. Nous constatons, combien il est indispensable que l'Union incite les chercheurs en sciences biologiques et des chercheurs en sciences économiques et sociales à monter des programmes en commun.

Harmonisation des types de marqueurs à considérer dans les projets de recherche paneuropéens

Nous n'avons pas pu intégrer certains aspects qui ont été proposés par les répondants dans l'analyse des déterminants des choix de conservation observés à l'échelle de l'UE-15 à travers le modèle probit. A titre d'exemple, les répondants ont proposé l'intégration de la diversité intra- et inter-populations comme critères d'éligibilité aux programmes de conservation. Toutefois, les données requises pour mesurer ces deux composantes de la

diversité génétique ne sont pas disponibles pour la majorité des races élevées dans les Etats membres. C'est ainsi que les efforts de collecte de données sur les races, initiés par la FEZ depuis les années 1980, doivent être poursuivies et consolidés. A titre d'exemple, la caractérisation de la diversité génétique requiert la disponibilité de données sur les marqueurs moléculaires. Une harmonisation des types de marqueurs à considérer dans les projets de recherche paneuropéens devrait être prise en compte dans la stratégie de recherche de l'Union.

II.2 Implications méthodologiques

La problématique de conservation des RGAs a été abordée, tout au long de ce travail, en retenant l'approche développée par Weitzman comme cadre de réflexion. Ce dernier cherche à affecter les ressources de conservation de manière rationnelle selon un modèle d'optimisation stochastique. Le point fort de ce cadre réside dans le fait qu'il permet de combiner trois composantes distinctes : génétique (dissemblance), économique (utilité) et politique (budget et coût de conservation). Ce cadre reste adéquat pour le cas des espèces mais il présente deux limites majeures pour le cas des races des animaux d'élevage. La première limite concerne le fait qu'il tient compte uniquement de la diversité entre populations et ignore la diversité intra-population.

La seconde limite porte sur les valeurs et services rendus à la société par les RGAs indépendamment de leur contribution à la diversité génétique. A ce jour, une seule application empirique a pu intégrer certaines caractéristiques génétiques, en plus de la diversité entre populations, dans l'approche de Weitzman (Simianer et *al.*, 2003). Par ailleurs, les RGAs présentent d'autres types de valeurs en plus de ceux associés à la diversité entre populations et aux caractéristiques génétiques d'intérêt. Le concept courant de valeur économique totale fournit un cadre utile à la description des différents types de valeur économique attribuée aux RGAs. Ce cadre fait une distinction entre les valeurs utilitaires (directes, indirectes, d'option et/ou quasi-option) et les valeurs non utilitaires (valeur d'existence).

Ces valeurs sont supposées être capturées à travers la composante de l'utilité dans l'approche de Weitzman. Toutefois, les races des animaux d'élevage diffèrent tant en matière de production (lait, laine, viande, etc) que sur le plan des services qu'elles rendent à la société : services environnementaux, socio-économiques, scientifiques et culturels. La prise en compte de tous ces aspects constitue un défi quant à l'élaboration de programme de conservation. Nous résumons et discutons ci-après les principales implications méthodologiques associées à l'extension de l'approche de Weitzman pour

le cas des RGAs à travers les composantes de diversité génétique, de risque d'extinction et de l'utilité.

II.2.1 Composante diversité génétique

Comme il a été souligné auparavant, l'approche de Weitzman ignore complètement la diversité intra-population et ne prend pas en compte la taille de population (Caballero et Toro, 2002). En effet, au niveau d'une espèce d'animaux domestiques, deux stratégies sont possibles : 1) préserver une variation génétique entre races grâce au maintien des races menacées ; 2) améliorer la gestion de la variabilité génétique au sein même des races dominantes. La première stratégie cherche à maximiser la diversité des ressources génétique et s'inscrit dans la logique de conservation des espèces, alors que la seconde repose sur l'hypothèse que la variabilité génétique disponible permettra toujours d'adapter les populations aux changements de leur environnement. Toutefois, les partisans de la première stratégie craignent que cette évolution soit impossible en cas de changement brutal de l'environnement (De Rochambeau, 1998).

Des recherches récentes tentent d'intégrer et/ou de concilier ces deux notions de diversité. Chaiwong et Kinghorn (1999) ont accordé un poids, à la variabilité entre populations, cinq fois plus élevé que celui attribué à la variabilité intra-population. D'autres travaux de recherche s'orientent vers l'élaboration d'une mesure de diversité qui tiendrait compte simultanément de la diversité intra- et de la diversité inter-populations (Bennewitz et *al.*, 2006 ; Caballero et Toro, 2002, Eding et *al.*, 2002 ; Eding et Meuwissen, 2001).

Cette mesure se base sur le concept de coefficient de parenté qui correspond à la probabilité pour qu'un allèle pris au hasard à un locus donné chez un individu soit identique par descendance à un allèle pris au hasard au même locus chez l'autre individu. Le coefficient moyen de parenté entre deux populations indique la fraction d'allèles que deux populations ont en commun à travers un ancêtre commun (Eding et *al.*, 2002). Cette mesure permet d'associer et de décomposer la diversité totale en trois composantes : a) diversité à l'intérieur des individus, b) diversité entre individus et c) la diversité génétique entre races. Les deux premières composantes correspondent à la diversité intra-race.

Cette nouvelle méthode, connue sous l'appellation *core set method*, constitue une alternative à la mesure de diversité proposée par Weitzman dans le contexte des races des animaux d'élevage. Selon Eding et *al.*, (2002), elle présente les avantages suivants :

1. Elle est facile à mettre en œuvre comparativement à la méthode de Weitzman qui requiert plus de temps de calcul car elle se base sur un algorithme récursif¹²⁶.
2. Les diversités intra- et inter-populations sont pris en compte simultanément et mesurées dans les mêmes unités. Ceci signifie qu'une population consanguine pourrait présenter une contribution relative faible à la diversité de l'ensemble. La mesure de Weitzman favorise les populations présentant les fréquences alléliques extrêmes et indirectement les populations présentant des coefficients de consanguinité élevés.
3. Le coefficient moyen de parenté présente des liens étroits avec les concepts de taille efficace et de coefficient de consanguinité.

Globalement, la méthode de Weitzman appliquée aux RGAs favorise les populations consanguines présentant des fréquences alléliques différentes de celles de la population ancestrale, alors que celle basée sur le coefficient de parenté privilégie les populations non-consanguines et présentant des fréquences alléliques proches de celles de la population ancestrale. Cette mesure constitue une alternative prometteuse pour mesurer la diversité génétique des races des animaux d'élevage. Il est à noter, pourtant, que certaines précautions doivent être prises en compte quant à son application. Généralement, les grandes populations présentent une diversité génétique élevée comparativement aux petites et de ce fait elles seront avantagées par la méthode du coefficient de parenté (Caballero et Toro, 2002).

II.2.2 Composante risque d'extinction

Le risque d'extinction constitue une information essentielle pour orienter les politiques de conservation. Concevoir un cadre sur la base de critères objectifs pour estimer le risque d'extinction reste difficile car de nombreux facteurs sont impliqués. La section II.1 du chapitre V a mis l'accent sur les systèmes adoptés pour approcher le risque d'extinction au niveau européen (FEZ et UE-15), de l'Amérique du nord (CARB) et mondial (FAO). Ces différents systèmes présentent deux points communs. D'une part, ils s'appuient tous sur la notion de population minimale viable définie sur la base de facteurs démographiques. D'autre part, ils définissent le risque d'extinction comme une mesure de vraisemblance qui suppose que sous certaines conditions (actuelles et/ou prévues) une race pourrait disparaître au cours d'une période de temps.

¹²⁶ Les programmes informatiques conçus ne permettent pas de traiter plus d'une trentaine de populations.

Par ailleurs, ces systèmes se différencient par d'autres facteurs (tableau 6.2). Le système adopté par l'Union européenne a été conçu pour des raisons politiques en vue d'allouer des subsides aux éleveurs qui souscrivent des contrats de sauvegarde des animaux domestiques. Ce système fixe un seuil pour chaque espèce et aucune explication n'a été avancée pour justifier les seuils retenus qui sont plus élevés comparativement aux autres systèmes. Le système FEZ se base sur le concept de coefficient de consanguinité estimé à travers la taille efficace de population qui s'exprime en fonction des nombres de mâles et femelles en reproduction. Cette expression¹²⁷, proposée par Wright (1931 ; cité par Simon et Buchenauer, 1993), suppose un certain nombre d'hypothèses (absence de sélection, accouplement aléatoire, etc).

Tableau 6.2 Critères retenus dans les systèmes de classification des risques d'extinction conçus par UE-15, la FEZ, la FAO et le CARB

Critères	UE-15	FEZ	FAO	CARB
Echelle	Pays membres	Pays	Pays	Amérique du nord et monde
Espèces	×	×		
Taille de population			×	
Tendance des effectifs		×	×	
Femelles en reproduction	×	×	×	×
Femelles accouplées en RP ^a		×	×	
N. mâles en reproduction		×	×	×
Taille efficace		×		
N. de troupeaux		×	×	
Brassage génétique		×		
N. mâles utilisés en IA ^b			×	
N. doses de semences			×	
Programme de conservation			×	
Répartition géographique				×
Organisation des éleveurs	×			

^a : Race pure. ^b : Insémination artificielle.

Ces hypothèses restent inappropriée dans le cas des races des animaux d'élevage dans le sens où les éleveurs et les institutions de recherche, dans leur mode de conduite de la reproduction, privilégient les animaux qui présentent les meilleures qualités génétiques. Par conséquent les taux de consanguinité sont supposés être plus élevés pour les RGAs comparativement aux populations sauvages pour lesquelles les accouplements se font de manière aléatoire. Le taux de consanguinité dépend non seulement de l'hérédité des caractères génétiques sélectionnés mais aussi du type et de l'intensité de la sélection (Gandini et *al.*, 2004). Contrairement au système de la FEZ qui fixe des

¹²⁷ Il s'agit de l'expression donnée par l'équation 5.2 au chapitre V.

niveaux seuils pour chaque espèce en fonction du nombre de générations, le système FAO établit des règles pour toutes les espèces confondues. Néanmoins, les différences, en terme de seuils fixé, entre ces deux systèmes restent mineures. Quant au système CARB, il se distingue par l'intégration de considérations géographiques dans le sens où il tient compte des effectifs d'une race en Amérique du nord et dans le reste du monde.

Certes, il serait difficile, voire impossible, de concevoir un cadre qui tiendrait compte de tous ces facteurs ainsi que de leurs interactions, mais il serait souhaitable d'orienter la recherche vers l'élaboration d'un système uniforme qui tiendrait compte de facteurs objectifs. Récemment, Gandini *et al.* (2004) ont proposé de considérer le taux de croissance démographique et sa variabilité dans le temps comme indicateurs de viabilité de population. A notre sens, ces deux indicateurs permettent de capturer les effets des causes politiques (politiques agricoles touchant au secteur de l'élevage), économiques (compétitivité des produits) et environnementales (sécheresses récurrentes).

Par ailleurs, compte tenu des expériences passées et des progrès enregistrés dans le domaine de la recherche, d'autres considérations sont à prendre en compte en plus de ces deux indicateurs. Il s'agit de considérations géographiques et institutionnelles discutées à la section II.1.2 et de considérations génétiques. En effet, les facteurs génétiques interviennent aussi dans le processus d'extinction : consanguinité et dérive génétique. L'impact de ces facteurs est d'autant plus élevé que la taille de population est faible. Les considérations génétiques concernent davantage la mise en œuvre de programme de conservation et pourraient être analysées selon l'approche de l'analyse de viabilité des populations.

Cette analyse permet: 1) d'identifier les relations de causes à effets en matière de biologie de conservation ; 2) de mettre sur pied un système de surveillance et de détection de la durabilité et de l'intégrité des écosystèmes ; 3) de fournir un outil d'aide à la décision pour identifier les actions efficaces de gestion de conservation d'un taxon menacé d'extinction. Elle s'appuie sur des modèles pour simuler la dynamique d'évolution des populations en prenant en compte différents types de stochasticité: stochasticité démographique¹²⁸ ; stochasticité environnementale¹²⁹ ; catastrophes naturelles¹³⁰ et variabilité génétique¹³¹.

¹²⁸ La stochasticité démographique reflète la variation et la dynamique des paramètres démographiques d'une population (sexe-ratio de la progéniture, taille de portée, etc). Elle présente un effet négatif sur la croissance à long terme. L'importance de cette stochasticité est inversement proportionnelle à la taille de population.

¹²⁹ La stochasticité environnementale se rapporte aux événements imprévisibles du climat, des ressources alimentaires et autres facteurs biotiques qui affectent tous les individus d'une population.

¹³⁰ Elles représentent les cas extrêmes de l'incertitude environnementale (ouragans, grands feux, etc.). On distingue ces événements de la catégorie précédente parce qu'ils sont plus extrêmes et moins communs.

¹³¹ Elle est due aux variations aléatoires de la composition génétique des populations. La perte de diversité sera d'autant plus élevée quand la taille de population diminue.

II.2.3 Composante utilité

La méthode des choix multi-attributs a été mobilisée en vue d'estimer les poids qu'accordent les participants à l'enquête, réalisée et présentée au chapitre IV, aux cinq critères de conservation proposés. Cette méthode présente l'avantage de mesurer la préférence globale d'une ressource et conduit souvent à des résultats plus proches de la réalité (Meyer-Waarden, 2005). Elle admet également toujours la simplification suivante : la valeur d'un produit est égale à la somme de la valeur de ses attributs, en d'autres termes, additivité simple, qui est l'une des hypothèses de la théorie du choix rationnel.

La MCM a été utilisée pour identifier les caractères génétiques les plus appréciés par les éleveurs des pays en voie de développement. Pour ces pays, la stratégie adoptée par la FAO s'inscrit dans la logique de la conservation par l'utilisation à travers la sélection et les croisements. Tano et *al.* (2003) ont appliqué la MCM pour le cas des races bovines élevées dans des pays d'Afrique d'Ouest où le bétail réalise des fonctions multiples et où les systèmes d'élevage sont caractérisés par des niveaux d'intrants faibles ou modérés. Les résultats ont montré que les éleveurs apprécient plus les caractères génétiques associés à la résistance aux maladies, aux performances de reproduction, les gains de poids ainsi que les rendements laitiers. Au Mexique, les éleveurs de porcs ont manifesté plus d'intérêt pour le gain quotidien moyen et la résistance aux maladies (Scarpa et *al.*, 2003a).

La validité des résultats escomptés à travers la MCM a été testée par Scarpa et *al.* (2003b) dans le contexte d'élevage bovin au Kenya. Les résultats générés à travers la MCM ont été confrontés à ceux générés à travers l'analyse hédoniste¹³² dont le principe consiste à considérer un marché de substitution sur lequel sont échangés des biens et services, dont les avantages représentent des attributs ou des caractéristiques. Les auteurs ont comparé les valeurs de certains caractères génétiques générés par la MCM à celles obtenues par l'analyse hédoniste des transactions réelles effectuées par la même population d'éleveurs, dans les mêmes marchés et pour la même période. Les tests effectués ont montré que les résultats issus des deux méthodes sont similaires.

La MCM présente certains avantages, notamment celui de minimiser certains problèmes techniques associés à la méthode d'évaluation contingente, tels que le

¹³² L'analyse hédoniste consiste à comparer les prix de biens semblables afin d'obtenir la valeur intrinsèque que les acheteurs assignent aux attributs environnementaux particuliers du bien. Cette technique est fondée sur l'hypothèse que les marchés fonctionnent relativement bien, et ne serait pas applicable dans les cas de distorsion du marché par des facteurs politiques ou d'échec du marché.

comportement stratégique¹³³ des répondants. Les désavantages de cette technique sont que les réponses sont hypothétiques et de ce fait biaisées (de la même manière que l'évaluation contingente) et que la présence d'un grand nombre d'attributs ou d'options peut rendre le choix très complexe. L'analyse économétrique des données produites par cette technique est également assez complexe.

D'autres approches pourraient être mobilisées, notamment l'analyse multicritère, pour traiter de la problématique de conservation. Les méthodes d'aide à la décision multicritères désignent généralement un ensemble de méthodes permettant d'agréger plusieurs critères avec l'objectif de sélectionner une ou plusieurs actions, options ou solutions. Elle vise à fournir des outils qui permettront de progresser dans la résolution d'un problème de décision où plusieurs objectifs, souvent contradictoires, doivent être pris en compte. La divergence des objectifs nécessite la recherche d'une solution des meilleurs compromis possibles. A la différence d'un problème uni-critère à résoudre, le problème multicritère n'a pas de solution unique mais des solutions de meilleurs compromis.

Ce travail a porté sur des races élevées dans des pays de l'Union et localisées, dans leur majorité, dans des zones marginales. C'est pour cette raison que nous avons fait le choix de nous placer à un niveau méso-économique intégrant des opérateurs régionaux (représentants des associations professionnels) et internationaux (coordinateurs nationaux FAO et FEZ ainsi que d'autres experts). La principale difficulté rencontrée lors du déroulement de l'enquête concerne le fait que certains répondants n'ont pas pu effectuer les choix proposés car ils disposent d'une connaissance limitée des enjeux liés à la conservation des RGAs. Ceci constitue une contrainte majeure de l'application de ce type de méthode aux caractéristiques et aux fonctions des RGAs.

Le choix de la méthode appropriée et de l'intensité adéquate des efforts visant à améliorer la compréhension du groupe de sondage de la complexité de la diversité biologique constitue un problème pour les méthodes basées sur les préférences déclarées. Ce problème n'est pas spécifique au cas des RGAs mais concerne le concept de biodiversité en général qui reste difficilement compréhensible par le public (Christie et *al.*, 2006 ; Spash et Hanley, 1995 ; Luthbert, 2002). A titre d'exemple, un sondage réalisé en Grande Bretagne a révélé que 26% seulement des répondants connaissaient le terme biodiversité (DEFRA, 2002). Ce constat plaide en faveur de l'élaboration d'une stratégie de sensibilisation et de vulgarisation des enjeux de la biodiversité à travers les

¹³³ Ce biais survient lorsque le répondant pense aux conséquences ultérieures de l'enquête. Il adopte alors un comportement stratégique de « passager clandestin » et ne révèle pas ses préférences.

masses médias (documentaires radiotélévisés, campagne d’affichage, organisation de journées d’information, etc).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aberle, K.S., Hamann, H., Drogemuller, C., and Distl, O.,** 2004. Genetic diversity in German draught horse breeds compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of microsatellite DNA markers. *Animal Genetics*, 35: 270-277.
- Achmann, R., Curik, I., Dovic, P., Kavar, T., Bodo, I., Habe, F., Marti, E., Soelkner, J., and Brem, G.,** 2004. Microsatellite diversity, population subdivision and gene flow in the Lipizzan horse. *Animal Genetics*, 35(4):285-292.
- Adamowicz, W., Boxall, P., Williams, M., and Louviere, J.,** 1998. Stated Preferences Approaches for Measuring Passive use Values: Choice Experiments and Contingent Valuation. *American Journal Of Agricultural Economics*, 80(1):64-75.
- Adamowicz, W., Louviere, J., and Williams, M.,** 1994. Combining Revealed and Stated Preference Methods for Valuing Environmental Amenities. *Journal of Environmental Economics and Management*, 26 : 271-292.
- Ajmone Marsan, P., and Econogene Consortium,** 2005. Overview of Econogene, an European project that integrates genetics, socio-economics and geo-statistics for the sustainable conservation of sheep and goat genetic resources. International workshop. The role of biotechnology for the characterisation and conservation of crop, forestry, animal and fishery genetic resources. Villa Gualino, Turin, Italy.
- Álvarez, I., Gutiérrez, J.P., Royo, L.J., Fernández, I., Gómez, E., Arranz, J.J., and Goyache, F.,** 2005. Testing the usefulness of the molecular coancestry information to assess genetic relationships in livestock using a set of Spanish sheep breeds. *J. Anim. Sci.*, 83:737-744.
- Anderson, S.,** 2003. Animal genetic resources and sustainable livelihoods. *Ecological Economics*, 45(3):331-339.
- Aranguren-Méndez, J., Jordana, J., and Gomez, M.,** 2001. Genetic diversity in Spanish donkey breeds using microsatellite DNA markers. *Gent. Sel. Evol.*, 33:433-442.
- Arranz, J.J., Bayón, Y., San Primitivo, F.,** 1998. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites. *Animal Genetics*, 29:435-440.
- Arrow, K.J., Fisher, A.,** 1974. Environmental Preservation, Uncertainty, and Irreversibility. *Quarterly Journal of Economics*, 88: 312-319.
- Aulong, S., Erdlenbruch, K., Figuières, C.,** 2005. Un tour d'horizon des critères d'évaluation de la diversité biologique. *Economie publique*, n°16 :3-46.
- Avise, J.C.,** 1996. Introduction: The scope of conservation genetics. In *Conservation Genetics. Case histories from nature*. Chapman & Hall, New York. Avise J.C. & Hamrick J.L. (eds.), pp. 1-9.

- Avon, L., Danchin-Burge, C., 2000.** Bilan de vingt ans d'actions de conservation des races locales françaises de ruminants. Colloque FAIR 2000, Rambouillet : les races locales, enjeux et appétits.
- Baldock, D., Bennett, H., 2002.** Trends in agricultural policies since 1960. Paper prepared for high-level Pan-European Conference on Agriculture and Biodiversity: Towards Integrating Biological and Landscape Diversity for Sustainable Agriculture in Europe, 5-7 June 2002, Paris.
- Barker, J.S.F., 2001.** Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. *Can. J. Forest Res.* 31: 588-595.
- Barker, J.S.F, Tan, S.G., Moore, S.S., Mukherjee, T.K., Matheson, J.L., Selvaraj, O.S., 2001.** Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (*Capra hircus*). *J. Anim. Breed. Genet.* 118:213-233.
- Barker, J. S. F., 1999.** Conservation of livestock breed diversity. *Animal Genetic Resources Information*, 25:33-43.
- Barker, J. S. F., Bradley, D. G., Fries, R., Hill, W. G., Nei, M., and Wayne R. K., 1993.** An integrated global programme to establish relationships among the breeds of each animal species. *Animal production and health paper*. Food and Agriculture Organisations, Rome.
- Baron, J., Ritov, I., 1994.** References points and omission bias. *Organizational Behavior and Human Decision Process*, 59 : 475-498.
- Barrett, S.H., and Kohn, J.R., 1991.** Genetic and evolutionary consequences of small population size in plants: Implications for Conservation. *In: Genetics and Conservation of rare plants*. D.A. Falk & K.E. Holsinger (eds). Oxford University Press, 3-30.
- Bateman, I., Carson, R.T., Day, B., Hanemann, W.M., Hanley, N., Hett, T., Jones-Lee, M., Loomes, G., Mourato, S., Ozdemiroglu, E., Pearce, D.W., Sugden, R., and Swanson, J., 2004.** Economic valuation with stated preference technique: Cheltenham: Edward Elgar.
- Baumgartner, S., 2004.** Optimal investment in multi-species protection: interacting species and ecosystem health. *EcoHealth journal consortium* :101-110.
- Baumung R., Simianer, H., and Hoffmann, I., 2004.** Genetic diversity studies in farm animals – a survey. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121(6): 361-373.
- Belkhir K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., and Bonhomme, F., 1998.** GENETIX 4.04, Logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université' de Montpellier II, Montpellier, France.
- Bennewitz J., Kantanen J., Tapio I., Li M.H., Kalm, E., Vilkki, J., Ammosov, I., Ivanova, Z., Kiselyova, T., Popov, R., Meuwissen, T.H., 2006.** Estimation of breed contributions to present and future genetic diversity of 44 North Eurasian cattle breeds using core set diversity measures. *Genet. Sel. Evol.*, 38(2):201-220.

- Bennewitz, J., and Meuwissen, T.H.E.,** 2005. Estimation of Extinction Probabilities of Five German Cattle Breeds by Population Viability Analysis. *Journal of Dairy Science*. 88:2949-2961.
- Bertaglia, M.,** 2004. Livestock biodiversity conservation: the case of sheep and goat breeds in European marginal areas. PhD thesis, Kiel-Allemagne.
- Signal, E.M.,** 1998. Using an Ecological Understanding of Farmland to Reconcile Nature Conservation Requirements, EU agriculture policy and word trade agreements. *J. App. Ecol.*, 35: 949-954.
- Billot, A., Thisse, J. F.,** 1995. Modèles de choix individuels discrets : Théorie et applications à la microéconomie. *Revue économique*, 46(3) :921-931.
- Bishop, M. D., Kappes, S. M., Keele, J. W., Stone R. T., Sunden, S. L. F., and Hawkins, G. A.,** 1994. A genetic linkage map for cattle. *Genetics*, 136 : 619–639.
- Bixby, D.E.,** 1994. Taking stock : The North American Livestock Census. American Livestock Breeds Conservancy, Pittsboro. 182 pp.
- Boichard, D., Le Roy, P., Leveziel, H., Elsen, J.M.,** 1998. Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale. *INRA Productions Animales*, 11 : 67-80.
- Bonnieux, F., Desaignes, B.,** 1998. Economie et politiques de l'environnement. Edition Dalloz-Sirey, Paris.
- BRG (Bureau des ressources génétiques),** 1999. Charte Nationale pour la gestion des ressources génétiques. Editions BRG, 100p.
- BRG,** 2000. Des clés pour la gestion des ressources génétiques. Quelques acquis du troisième colloque national. Toulouse 9-11 octobre 2000, 48p.
- Brown, A.H.D., and Weir, B.S.,** 1983. Measuring genetic variability in plant populations. In: Tanksley SD, Orton TJ, editors. *Isozymes in Plant Genetics and Breeding, Part A*. Elsevier Science, Amsterdam, Netherlands, pp. 219–238.
- Bruford, M.W.,** 2004. Conservation Genetics of UK Livestock: From Molecules to Management. Pp 151-169. In *Farm Animal Genetic Resources*. Eds. G. Simm, B. Villanueva and S. Townsend. Nottingham University Press, Nottingham, UK.
- Buchanan, F.C., Adams, L.-J., Littlejohn, R.P., et al.,** 1994. Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites, *Genomics*, 22:397-403
- Burstin, J., Charcosset, A.,** 1997. Relationships between phenotypic and marker distance: theoretical and experimental investigations. *Heredity* 78:477-483
- Caballero, A., and Toro, M.A.,** 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics*, 3:289-299.

- Cañón, J., Alexandrino, P., Bessa, I., Carleos, C., Carretero, Y., Dunner, S., Ferran, N., Garcia, D., Jordana, J., Laloe, D., Pererira, A., Sanchez, A. and Moazami-Goudarzi, K., 2001.** Genetic Diversity Measures of Local European Beef Cattles for Conservation Purposes. *Genetics, Selection and Evolution*, 33(3):311-332.
- Casellas, J., Jiménez, N., Fina, M., Tarrés, J., Sánchez, A., and Piedrafita, J., 2004.** Genetic diversity measures of the bovine Alberes breed using microsatellites : variability among herds and types of coat colour. *J. Anim. Breed. Genet.*, 121 :101-110.
- Commission of the European Communities (CCE), 2003.** Commission Staff Working Document EU Rural Development Monitoring Data –Synthesis Report 2001. SEC (2003) 1482. Brussels, 23/12/2003.
- Chaiwong, N., Kinghorn, B.P., 1999.** Use of genetic markers to aid conservation decisions for groups of rare domestic breeds. In *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*, Vol. 13, pp. 365-368.
- Christie, M., Hanley, N., Warren, J., Murphy, K., Wright, R., Hyde, T., 2006.** Valuing the diversity of biodiversity. *Ecological Economics*, 58:304-317.
- Cicia, G., D’Ercole, E., and Marino, D., 2003.** Valuing farm animal genetic resources by means of contingent valuation and a bio-economic model: the case of the Pentro horse. *Ecological Economics*, 45(3): 445-459.
- Cropper, M.L., Evans, W.N., Berardi, S.J., Ducla-Soares, M.M., and Portney, P.R., 1992.** The determinants of pesticide regulation: a statistical analysis of EPA decision making. *Journal of Political Economy*, 100: 175-197.
- Crozier, R.H., 1992.** Genetic diversity and the agony of choice. *Biological conservation*, 61:11-15.
- Cunningham, E.P., 1995.** Global Impact Domain - Animal Genetic Resources. Working document *Livestock and the Environment: Finding a Balance*. FAO/World Bank/USAID. Rome.
- Cunningham, E.P., Dooley, J.J., Splan, R.K., and Bradley, D.G., 2001.** Microsatellite diversity, pedigree relatedness and contributions of founder lineages to thoroughbred horses. *Animal Genetics*, 32:360-364.
- Dachary, B., 2004.** Une évaluation économique du paysage : une application de la méthode des choix multi-attributs aux Monts d'Arrée. *Economie et statistique*, n° 373 : 57-80
- Damary, P., 2002.** Conférence paneuropéenne à haut niveau sur l’agriculture et la biodiversité : vers une intégration de la diversité biologique et paysagère pour une agriculture durable. Maison de l’UNESCO, Paris, France.
- Dawson, D., and Shogren, J.F., 2001.** An update on priorities and expenditures under the endangered species act. *Land Economics*, 77:527-532.
- DEFRA, 2002.** Survey of Public Attitudes to Quality of Life and to the Environment - 2001. DEFRA, London.

- De Mendonça, M.J.C., Sachsidá, A., Loureiro, P.R.A., 2003.** A study on the valuing of biodiversity: the case of three endangered species in Brazil. *Ecological Economics*, 46 : 9-18.
- De Rochambeau, H., 1998.** La diversité génétique chez les animaux domestiques: Description et gestion. *Comptes rendues de l'académie d'agriculture de France*, 84(6):81-95.
- Delbaere, B., 2002.** Incidences des politiques agricoles sur la diversité biologique et paysagère. Conférence paneuropéenne à haut niveau sur l'agriculture et la biodiversité. Maison de l'UNESCO, Paris 5-7 juin 2002.
- Dhar, R., 1997.** Consumer Preference for a No-Choice Option," *Journal of Consumer Research*, 24 (2), 215–31.
- Diez-Tascón, C., Littlejohn, R.P., Almeida, P.A.R., Grawford, A.M., 2000.** Genetic variation within the Merino sheep breed : analysis of closely related populations using microsatellites. *Animal Genetics*, 31:243-251.
- Donald, P.F., Pisano, G., Rayment, M.D., Pain, D.J., 2002.** The common agricultural policy, EU enlargement and the conservation of Europe's farmland birds. *Agricultural Ecosystems and Environment*. 89:167-182.
- Donnay, I., 2003.** Recent advances in the cryoconservation of oocytes and embryos. Atelier sur la cryoconservation des ressources génétiques animales en Europe. Salon International de l'agriculture. Paris, 23 Février 2003.
- Dragos, C., 2005.** Spécification de la structure arborescente du modèle Nested Logit par une méthode d'analyse des données – application au marché roumain d'automobile-. Document de Recherche N° 2005-10. Faculté de Droit, d'Economie et de Gestion, Laboratoire d'Economie d'Orléans-FRE CNRS 2783.
- Drucker, A., Gomez, V., and Anderson, S., 2001.** The economic Valuation of farm animal genetic resources: a survey of available methods. *Ecological Economics*, 36: 1-18.
- Eding, H., Crooijmans, R.P.M.A., Groenen, M.A.M., Meuwissen, T.H.E., 2002.** Assessing the contribution of breeds to genetic diversity in conservation schemes. *Gent. Sel. Evol.*, 34:613-633.
- Eding, J.H., Meuwissen, T.H.E., 2001.** Marker based estimates of between and within population kingships fort the conservation of genetic diversity. *J. Anim. Breed. Genet.*, 118:141-159.
- Eding, J. H., and Laval, G., 1999.** Measuring genetic uniqueness in livestock. Pages 33–58 in *Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources*. J. K. Oldenbroek, ed., DLO Inst. Anim. Sci. and Health. Lelystad, The Netherlands.
- Ellstrand, N.C., and Elam, D.R., 1993.** Population genetic consequences of small population size: Implications for conservation. *Ann. Rev. Ecol. Systematic*, 24: 217-242.

- European Association of Animal Production**, 2004. EAAP-Animal Genetic Data Bank, Department of Animal Breeding and Genetics, School of Veterinary Medicine, Hannover. Online database accessible at the URL: <http://www.tiho-hannover.de/einricht/zucht/eaap/>.
- European Commission**, 1997. AGENDA 2000: For a stronger and wider union, COM (97) 2000, Bruxelles.
- European Commission**, 1998. State of application of regulation (EEC) No 2078/92: Evaluation of agri-environment programmes. DG VI, Working Document, VI/7655/98., Bruxelles.
- European Commission**, 1999. Agriculture, environment, rural development: Facts and figures-A Challenge for Agriculture. Luxembourg, Office for Official Publications of the European Communities.
- European Commission**, 2001. Biodiversity action plan for agriculture, COM(2001) 162 Final, Bruxelles.
- European Union**, 2002. Commission Regulation (EC) No. 445/2002 of 26th February 2002. Official Journal of the European Communities, 15.3.2002, L74/1-34.
- Faith, D.P.**, 1992. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61:1-10.
- Falconer, D. S., and Mackay, T. F. C.**, 1996. Introduction to quantitative genetics, 4th edn Harlow, UK: Longman.
- Fan, B., Wang, Z. G., Li, Y. J., Zhao, X. L., Liu, B., Zhao, S. H., Yu, M., Li, M. H., Chen, S. L., Xiong, T. A., and Li, K.**, 2002. Genetic variation analysis within and among Chinese indigenous swine populations using microsatellite markers. *Anim. Genet.*, **33** : 422-427.
- Fang, M., Hu, X., Braunschweig, M., Hu, L., Du, Z., Feng, J., Zhang, Q., Wu, C., and Li, N.**, 2005. The Phylogeny of Chinese indigenous pig breeds inferred from microsatellite marker. *Animal Genetics*, 36:7-13.
- FAO**, 1999. The Global Strategy for the management of Farm Animal Genetic Resources. FAO, Rome, Italy.
- FAO**, 2000. World Watch List for Domestic Animal Diversity (third ed.), FAO, Rome, Italy.
- FAO**, 2004. DAD-IS Database. Rome : Food and Agriculture Organisation. Accessed February-April 2004.
- FEZ**, 1998. Assessment of the degree of endangerment of livestock breeds. Working group on Animal Genetic Resources, Warsaw. 64 pp.
- Filser, M.**, 1994. Le comportement du consommateur. Précis de gestion, Paris, Dalloz, 426 p.

- Frankham, R.**, 2003. Genetics and conservation biology. *Comptes Rendues Biologies*, 326 :22-29.
- Frankham, R.**, 1998. Inbreeding and extinction: A threshold effect. *Cons. Biol.*, 12: 665-675.
- Franklin, I.R.**, 1980. Evolutionary change in small populations. *In: Conservation biology: an evolutionary-ecological perspective*. M.E. Soulé & B.A. Wilcox (eds.). Sinauer, Sunderland, Massachusetts, 135-150.
- Gandini, G.C., Ollivier, L., Danell, B., Distl, O., Georgoudis, A., Groeneveld, E., Martyniuk, E., Van Arendonk, J.A.M., Woolliams, J.A.**, 2004. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livestock Production Science*, 91:173-182.
- Gandini G.C., and Oldenbroek J.K.**, 1999. Choosing the conservation strategy. In: Oldenbroek J.K. (ed), *Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources*. ID-DLO, Lelystad, The Netherlands, pp. 11-31.
- Gandini, G. C., Villa, E.**, 2003. Analysis of the cultural value of local livestock breeds : a methodology. *J. Anim. Breed. Gent.*, 120 :1-11.
- Gandini, G.C., Pizzi, F.**, 2003. In situ and ex situ conservation techniques: financial aspects. In *Proceeding of the Workshop on Cryoconservation of Animal Genetic Resources in Europe*. Paris, February 23, 2003.
- Garcia, D., Corral, N. and Cañón, J.**, 2005. Combining Inter- and Intrapopulation Information with the Weitzman Approach to Diversity Conservation. *Journal of Heredity*, 96 (6) : 704-712.
- Garcia, D., Corral, N. and Cañón, J.**, 2002. Further developments on Weitzman's approach to asses conservation of genetic diversity. 7th Word Congress on Genetics Applied to livestock Production. Montpellier France.
- Gauthier, C.**, 1998. Donner une valeur à la biodiversité. *Cahiers d'économie et sociologie rurales*, n° 46-47 : 5-27.
- Gibson, D.**, 1996. The effects of horse grazing on species-rich grassland. Research report No. 164, English nature, Peterborough.
- Grandall, K. A., Bininda-Emonds, O. R. P., Mace, G. M., and Wayne, R. K.**, 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology : returning to the original meaning of evolutionarily significant units. *Trends in Ecology and Evolution*, 15: 290-295.
- Green, P. E., Srinivasan, V.**, 1990. Conjoint analysis in marketing: New developments with implications for research and practice, *Journal of Marketing*, 54(4): 3-19.
- Greene, W.H.**, 2005. *Econometric Analysis*. International Edition, Fifth Edition. New York University.
- Guignot, F.**, 2005. Cryoconservation des espèces domestiques. *INRA, Prod. Anim.*, 18(1):27-35.

- Hall, S.J.G., Ruane, J., 1993.** Livestock breeds and their conservation: a global review. *Conserv. Biol.*, 4:815-825
- Hanley, N., Macmillan, D., Wright, R.E., Bullock, C., Simpson, I., Parsisson, D., and Crabtree, B., 1998.** Contingent Valuation versus Choice Experiments: Estimating the Benefits of Environmentally Sensitive Areas in Scotland. *Journal of Agricultural Economics*, 49(1):1-15.
- Hanslik, S., Harr, B., Brem, G., and Schlötterer, C., 2000.** Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian populations. *Animal Genetics*, 31(8):31-38.
- Hausman, J., and McFadden, D., 1984.** Specification tests for the multinomial logit model. *Econometrica*, 52:1219-1240.
- Hedrick, P.W., Gutierrez-Espeleta, G., and Lee, R.N., 2001.** Founder effect in an island population of bighorn sheep. *Molecular Ecology*, 10:851-857.
- Henry de Frahan, B., Elouhichi, K., Harmignie, O., Polomé, P., Van Huylenbroeck, G., Buysse, J., Lauwers, L., Fernagut, B., 2004.** La Politique Agricole Commune. Regards économique, n°19.
- Hensher D.A., Johnson L.W., 1981.** *Applied Discrete Choice Modelling*, Wiley, New York.
- Hueneke, L.F., 1991.** Ecological implications of genetic variations in plant populations. *In: Genetics and Conservation of rare plants*. D.A. Falk & K.E. Holsinger (eds). Oxford University Press, 31-44.
- Hussain, A., Zhang, D., and Armstrong, J.B., 2004.** A Conjoint Analysis of Deer Hunters' Preferences on Hunting Leases in Alabama. *International Working Paper Series N° 123*. Forest Policy Center. Auburn Alabama 36849.
- ILRI, 2000** (International Livestock Research Institute). *Livestock strategy to 2010: Making the livestock Revolution for the poor*. ILRI, Nairobi, Kenya.
- Jabbar, M., and Diedhiou, M., 2003.** Does breed matter to cattle farmers and buyers?: Evidence from West Africa. *Ecological Economics*, 45(3):461-472.
- Jordana, J., Alexandrino, P., Beja-Pereira, A., Bessa, I., Canon, J., Carretero, Y., Dunner, S., Laloe, D., Ferrand, N., Moazami-Goudarzi, K., Sanchez, A., Ferrand, N., 2003.** Genetic structure of eighteen local South European beef cattle breeds by comparative F-statistics analysis. *J. Anim. Breed. Genet.* 120: 73–87.
- Kalinowski, S. T., 2002.** How many alleles per locus should be used to estimate genetic distances? *Heredity* 88, 62–65.
- Kantanen, J., Olsaker, I., Holm, L. E., Lien, S., Vilkki, J., Brusgaard, K., Eythorsdottir, E., Danell, B., Adalsteinsson, S., 2000.** Genetic diversity and population structure of 20 North. European cattle breeds. *J. Hered.* 91: 446–457.

- Keller, L.F., Waller, D.M.**, 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trends Ecol Evol* 17: 230-241.
- Khazri, O., Lasserre, P.**, 2004. L'état vierge: Un support de mesure de la biodiversité. *VertigO- La revue en sciences de l'environnement*, Vol. 15, n°3.
- Köhler-Rollefson, I.** 2000. Management of Animal Genetic Diversity at Community Level. GTZ Programme Agrobiodiversity in Rural Areas. GTZ, Eschborn, Germany.
- Kotler, P., Dubois, B.**, 1997. Marketing Management. 9ème Edition, Publi-Union Editions.
- Krajewski, C.**, 1994. Phylogenetic measures of biodiversity: a comparison and critique. *Biol. Conserv.* 69, 33–39.
- Kuhfeld, W.F.**, 2000. Multinomial Logit, Discrete Choice Modelling – An Introduction to Designing Choice Experiments and Collecting, Processing and Analysing Choice Data with the SAS system, SAS Institute Inc. (www.sas.com).
- Kuit, G., van der Meulen, H.S.**, 1999. Beef from nature reserves: a market view. In: Laker, J.P., Milne, J.A. (Eds.), *Livestock Production in the European LFAs: Meeting Future Economic, Environmental and Policy Objectives Through Integrated Research*, Proceeding of the 2nd International Conference of the LSIRD Network, Bray, Dublin, Ireland. Macaulay Land Use Research Institute, Aberdeen, pp. 145-154.
- Lacy, R.C.**, 1987. Loss of genetic diversity from managed populations : interacting effects of drift, mutation, immigration, selection and subdivision. *Conservation Biology*, 1: 143-158.
- Laliberté, H.Y.**, 1998. Caractérisation de la variabilité et des distances génétiques des bovines de race canadienne, Suisse-brune et Holstein à l'aide du polymorphisme des caséines et des marqueurs microsatellites. Mémoire présenté au département de biologie en vue de l'obtention du grade de maitre en sciences (M.Sc). Faculté des sciences, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Québec, Canada.
- Lamotte, M.**, 1995. A propos de la biodiversité. *Courier de l'environnement de l'INRA*, n°24 :5-12.
- Lancaster, K.**, 1966. A New Approach to Consumer theory. *Journal of political Economy*, 74: 132-57.
- Lande, R.**, 1994. Risk of populations' extinction from fixation of new deleterious mutations. *Evol.*, 48, 1460-1469.
- Lande R.C.**, 1988. Genetics and demography in biological conservation. *Science*, 241, 1455-1460.
- Lande, R.**, 1998. Anthropogenic, ecological and genetic factors in extinction. In *Conservation in a Changing World* (ed. G. M. Mace, A. Balmford and J. R. Ginsberg). Cambridge University Press, Cambridge.

- Laval, G., Iannuccelli, N., Legault, C., Milan, D., Groenen, M.A.M., Giuffra, E., Andersson, L., Nissen, P.H., Jorgensen, C.B., Beeckmann, P., Geldermann, H., Foulley, J.L., Chevalet, C., Ollivier, L., 2000.** Genetic diversity of eleven European pig breeds. *Genet. Sel. Evol.* 32: 187-203.
- Laval, G., Sancristobal, M., and Chevalet, C., 2002.** Measuring genetic distances between breeds: use of some distances in various short term evolution models. *Genet. Sel. Evol.* 34:481–507.
- Lemus-Flores, C., Ulloa-Arvizu, R., Ramos-Kuri, M., Estrada, F.J., and Alonso, R.A., 2001.** Genetic analysis of Mexican Hairless pig populations. *J. Anim. Sci.* 79 (26):3021-3026.
- Li, M.H., Zhao, S.H., Bian, C., Wang, H.S., Wei, H., Liu, B., Yu, M., Fan, B., Chen, S.L., Zhu, M.J., Li, S.J., Xiong, T.A., Li, K., 2002.** Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. *Genet. Sel. Evol.* 34:729-744.
- Lindenmayer, D. B., Burgman, M.A., Akçakaya, H.R., Lacy, R.C., and Possingham, H. P., 1995.** A review of three models for metapopulation viability analysis: ALEX, RAMAS/Space, and VORTEX. *Ecological Modelling*, 82:161-174.
- Loftus, R.T., Ertugrul, O., Harba, A.H., El-Barody, M.A.A., MacHugh, D.E., Park, S.D.E., and Bradley, D.G., 1999.** A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Molecular Ecology*, 8:2015-2022.
- Louviere, J., 1992.** Experimental choice analysis: introduction and overview. *Journal of business research*, 24:89-96.
- Louviere, J., 1998.** Analyzing Decision-Making - Metric Conjoint Analysis. Beverly Hills: Sage Publication, Inc.
- Louviere, J., Hensher, D. and Swait, J., 2000.** Stated Choice Methods: Analysis and Application. Cambridge University Press: Cambridge, UK.
- Loyat, J., Petit, Y., 2002.** La politique agricole commune (PAC) : un enjeu de société. 2^{ème} édition. Réflexe Europe.
- Luthbert, M., 2002.** Survey of the public's understanding of and attitudes towards biodiversity. Unpublished Report:SNH.
- Lusk, J. L., Roosen, J., and Fox, J. A., 2003.** Demand for Beef Cattle Administered Growth Hormones or Fed Genetically Modified Corn: A Comparison of Consumers in France, Germany, The United Kingdom, and the United States. *American Journal of Agricultural Economics*, (1):16-29.
- Lynch, M. and Walsh, B., 1998,** Genetics and analysis of quantitative traits. Sinauer Association, Sunderland, Mass., US. 980pp.
- Lynch, M., Conery, J., and Bürger, R., 1995.** Mutation accumulation and the extinction of small populations. *American Naturalist* 146: 489-518.

- Macdonald, D., Crabtree, J.R., Weisinger, G., Dax, T., Stamou, N., Fleury, P., Guttierrez Lazpita, J., Gibon, A., 2000.** Agricultural abandonment in mountain areas of Europe: environmental consequences and policy responses. *Journal of Environmental management*, 59: 47-69.
- Manski, C.F., 1977.** The structure of random utility models. *Theory and decision*, 8:229-254.
- Martínez, A.M., Delgado, J.V., Rodero, A., Vega-Pla, J.L., 2000.** Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Animal Genetics*, 31(5):295:301.
- Mateus, J.C., Penedo, M.C.T., Alves, V.C., Ramos, M., and Rangel-Figueiredo, T., 2004.** Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics*, 35 (2):106-113.
- McFadden, D., 1974.** Conditional Logit Analysis of Qualitative Choice Behaviour. In Zarembka, P. (ed) *Frontiers in Econometrics*. New York: Academic Press, pp 105-142.
- McFadden, D., 1975.** The revealed preference of a public bureaucracy: theory. *The Bell Journal of Economics*, 6:55-72.
- McFadden, D., 1976.** The revealed preference of a public bureaucracy: empirical evidence. *The Bell Journal of Economics*, 7:401-416.
- McFadden, D., 1978.** Modelling the Choice of Residential Location. In A. Karlquist et al., eds., *Spatial Interaction Theory and Planning Models*. Amsterdam: North Holland.
- McFadden, D., and Train, K., 2000.** Mixed MNL Models for Discrete Response. *Journal of Applied Econometrics*, 15(5) :447-470.
- MacHugh, D.E., Shriver, M.D. Loftus, R.T., Cunningham, P., and Bradley, D.G., 1997.** Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of Taurine and Zebu cattle (*Bos tauricus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 146: 1071-1086.
- MacHugh, D.E., Loftus, R.T., Cunningham, P., Bradley, D.G., 1998.** Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Animal Genetics*, 29: 333-340.
- McHugh, D., 1997.** Molecular evidence that echiurans and pogonophorans are derived annelids. *Proc Natl Acad Sci. USA*, 94:8006–8009.
- Mendelsohn, R., 2003.** The Challenge of Conserving Indigenous Domesticated Animals. *Ecological Economics*, 45 (3):501-510.
- Menges, E.S., 1991.** The application of minimum viable population theory to plant. In D.A. Falk & K.E. Holsinger (eds.), *Genetics and Conservation of rare plants*, 45-61. Oxford University Press, New York, NY.
- Metrick, A., Weitzman, M.L., 1996.** Patterns of behavior in endangered species preservation. *Land Economics*, 72:1-16.

- Metrick, A., Weitzman, M.L.**, 1998. Conflicts and choices in biodiversity preservation. *Journal of Economic Perspectives*, 12(3):21-34.
- Meyer-Waarden, L., Zeitoun, H.**, 2005. Une comparaison empirique de la validité prédictive de la méthode de composition, de l'analyse conjointe et de l'analyse conjointe hybride. *Recherche et Applications en Marketing*, 20 (3):1-20.
- Mitteau, M.**, 2004. Le cinquième colloque national : un dialogue pour la diversité génétique. *La lettre du BRG*, n°20.
- Moazami-Goudarzi, K., Laoe, D., Furet, J.P., Grosclaude, F.**, 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics*, 28 :338-345.
- Mommens, G., Peelman, L. J., Van Zeveren, A., D'Ieteren, G., Wissocq, N.**, 1999. Microsatellite variation between an African and five European taurine breeds results in a geographical phylogenetic tree with a bison out group. *J. Anim. Breed. Genet.* 116: 325–330.
- Mountford, H., Keppler, J.H.**, 1999. Financing incentives for protection of biodiversity. *The Science of the Total Environment*, 240:133-144.
- Nehring, K., Puppe, C.**, 2002. A theory of diversity. *Econometrica*, 70: 1155-98.
- Nei, M.**, 1972. Genetic distance between populations; *Am. Nat.* 106: 283–292
- Nei, M.**, 1975. *Molecular Population Genetics and Evolution*. North-Holland, Amsterdam.
- Nei, M.**, 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89:583-590.
- OCDE**, 1994. Incitations économiques à la conservation et l'utilisation durable de la diversité biologique : Cadre conceptuel et lignes directrices pour les études de cas. Monographie de l'environnement n° 97. Paris.
- OCDE**, 2002. Manuel d'évaluation de la biodiversité : Guide à l'intention des décideurs.
- Ollivier, L., SanCristobal, M., Foulley, J.L., Legault, C., Laval, G., Milan, D., Caritez, J.C, Burgaud, G., Gruand, J., Boscher, M.Y., Amigues, Y., Barret, J., Hassenfratz, C., Luquet, M., Labroue, F., Chevalet, C.**, 2004. Analyse de la diversité de quelques races et lignées porcines françaises à l'aide de marqueurs génétiques dans le cadre d'un vaste projet européen. *Journées Recherche Porcine*, 36 : 265-274.
- Onal, H.**, 2003. Preservation of Species and Genetic Diversity. *American Journal of Agricultural Economics*, 85: 437-447.
- Osoro, K., Celaya, R., Martinez, A., Vasallo, J.M.**, 1999. Development of sustainable systems in marginal heathland regions. *LSIRD Network Newsletter* (6).

- Peter, C., Bruford, M., Perez, T., Dalamitra, S., Hewitt, G., Erhardt, G., and the ECONOGENE Consortium**, 2006. Population structure of 57 European and Middle Eastern marginal sheep breeds. Submitted to Journal of Heredity.
- Rausser, G.C., Freebairn, J.W.**, 1974. Estimation of policy preference functions: an application to U.S. beef quotas. *Review of Economics and Statistics*, 56:437-449.
- Reif, J.C., Melchinger, A.E., and Frisch, M.**, 2005. Genetical and Mathematical Properties of Similarity and Dissimilarity Coefficients Applied in Plant Breeding and Seed Bank Management. *Crop Sci.*, 45:1-7.
- Raymond, M., Rousset, R.R.**, 2001. genepop (version 3.3): Population genetics software for exact tests and ecumenism. Available from <http://www.cefe.cnrs-mop.fr/>. (updated from Raymond & Rousset 1995, *Journal of Heredity* 86, 248–249).
- Reed, D.H., Frankham, R.**, 2003. Correlation between Fitness and Genetic Diversity. *Conservation Biology*, 17(1):230-237.
- Rege, J.E.O.** (ed), 1999. Economic Valuation of Animal Genetic Resources. Proceedings of an FAO/ILRI Workshop held at FAO Headquarters, Rome, Italy, 15-17 March 1999. ILRI, Nairobi, Kenya.
- Rege, J.E.O., and Gibson J.P.**, 2003. Animal genetic resources and economic development: issues in relation to economic valuation. *Ecological Economics*, 45 (3): 319-330.
- Reist-Marti, S.B., Simianer, H., Gibson, J., Hanotte, O., and Rege, J.E.O.**, 2003. Weitzman's approach and conservation of breed diversity: an application to African cattle breeds. *Conservation Biology*, 17(5): 1299-1311.
- Reynolds, J., Weir, B., et Cockerham, C.**, 1983, Estimation for the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779.
- Rodriguez, A.M., Pinto de Andrade, L., Varazze Rodrigues, J.**, 1999. Extensive beef cattle production in Portugal: the added value of indigenous breeds in beef production market. In: Laker, J.P., Milne, J.A., (Eds.), *Livestock Production in the European less Favored Areas: Meeting Future Economic Environmental and Policy Objectives Through Integrated Research*. In: Proceedings of the 2nd International Conference of the LSIRD Network Bray, Dublin, Ireland 3-5 December 1998. Macaulay Land Use Research Institute, Aberdeen, pp. 61-70.
- Rook, A.J., Dumont, B., Isselstein, J., Osoro, K., Wallis de Vries, M.F., Parente, G., and Mills, J.**, 2004. Matching type of grazing animal to desired biodiversity outcomes - a review. *Biological conservation*, 119(2):137-150.
- Ruane, J.**, 2000. A Framework for Prioritising Domestic Animal Breeds for Conservation Purposes at National Level: a Norwegian Case Study. *Conservation Biology*, 14(5):1385-1393.
- Ruane, J.**, 1999. A Critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal genetic resources. *J. Anim. Breed. Gent.*, 116: 317-323.

- Ryan, M., and Skatum, D., 2004.** Modeling non demanders in choice experiments. *Health economics*, 13:397-402.
- Saccheri, I., Kuussaari, M., Kankare, M., Vikman, P., Fortelius, W., and Hanski, I., 1998.** Inbreeding and extinction in a butterfly metapopulation. *Nature*, 392: 491-494.
- Saitbekova, N., Gaillard, C., Obexer-Ruff, G., Dolf, G., 1999.** Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. *Animal Genetics*, 30:36-41.
- SanCristobal, M., Chevalet, C., Foulley, J.-L., and Ollivier, L., 2003.** Some methods for analysing genetic marker data in a biodiversity setting, example of the PIGBIODIV data. *Arch. Zootec.*, 52: 173-183.
- Scarpa, R., Drucker, A., Anderson, S., Ferraes-Ehuan, N., Gómez, V., Risopatrón, C. R., and Rubio-Leonel, O., 2003a.** Valuing animal genetic resources in peasant economies: the case of the “hairless” creole pigs in Yucatan. *Ecological Economics*, 45:427-443.
- Scarpa, R., Ruto, E., Kristjanson, P., Radeny, M., Drucker, A., and Rege, J.E.O., 2003b.** Valuing indigenous cattle breeds in Kenya: an empirical comparison of stated and revealed preference value estimates. *Ecological Economics*, 45:409-426.
- Scherf, B.D., 2000.** World watch list for domestic animal diversity, 3rd edition. FAO, Rome. 725 pp.
- Schmid, M., Saitbekova, N., Gaillard, C., and Dolf, G., 1999.** Genetic diversity in Swiss cattle breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 116, 1–8.
- Séré & Steinfeld, 1996.** World livestock production systems: current status, issues and trends (*Systèmes de production animale dans le monde : état actuel, problèmes et tendances*). *Animal production and health* , article n°127. FAO. Rome.
- Shaffer, M. L., 1981.** Minimum population sizes for species conservation. *BioScience*, 31: 131-134.
- Shaffer, M. L., 1990.** Population viability analysis. *Conservation Biology*, 4: 39-40.
- Signorello, G., Pappalardo, G., 2003.** Domestic animal biodiversity conservation: a case study of rural development plans in the European Union. *Ecological Economics*, 45(3) 487-499.
- Simberloff, D., 1988.** The contribution of population and community biology to conservation science. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 19, 473-511.
- Simianer, H., 2005.** Use of molecular markers and other information for sampling germplasm to create an animal genebank. International workshop, 5-7 March 2005, Turin, Italy: "The role of biotechnology for the characterisation and conservation of crop, forestry, animal and fishery genetic resources", pp:37-41.
- Simianer, H., 2002.** Noah's dilemma: Which breeds to take aboard the arc? 7th Word Congress on Genetics Applied to livestock Production (WCGALP) CD-Rom, Communication N° 26-02.

- Simianer, H., Marti, S.B., Gibson, J., Hanotte, O., and Rege, J.E.O., 2003.** An approach to the optimal allocation of conservation funds to minimize loss of genetic diversity between livestock breeds. *Ecological Economics*, 45(3): 377-392.
- Simianer, H., 2001.** Description of three programs to compute the Weitzman diversity and to allocate resources in order to maximize efficiency of conservation with the methodology described by simianer et al. (2001). Applied Genetics Network, Stuttgart, Germany.
- Simon, D.L., 1999.** European approaches to conservation of farm animal genetic resources. *Animal Genetic Resources Information*, 25:77-97.
- Simon, D.L., Buchenauer, D., 1993.** Genetic diversity of European livestock breeds. Results of monitoring genetic resources by the EAAP Working Group on Animal Genetic Resources. EAAP Publication N° 66.
- Small, R.W., Poulter, C., Jeffreys, D.A, and Bacon, J.C, 1999.** Towards sustainable grazing for biodiversity: an analysis of conservation grazing projects and their constraints. English Nature Research report No. 316. English Nature Peterborough.
- Soulé, M.E., 1980.** Thresholds for survival : maintaining fitness and evolutionary potential. Pages 151-170 in M.E Soulé and B.A. Wilcox, editors. *Conservation Biology : an evolutionary, ecological perspective*. Sinauer, Sunderland, MA.
- Spash, C.L., Hanley, N., 1995.** Preferences, information and biodiversity preservation. *Ecological Economics*, 12:191-208.
- Stahlberger-Saitbekova, N., Schläpfer, J., Dolf, G., and Gaillard, C., 2001.** Genetic relationships in Swiss sheep breeds based on microsatellite analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 118(6):379-387.
- Sy, H.A., Farminow, M. D., Johnson, G. V., and Crow, G., 1997.** Estimating the Values of Cattle Characteristics Using an Ordered Probit Model. *American Journal of Agricultural Economics*, 79(2): 463-476.
- Tanaka Y., 1998.** Theoretical aspects of extinction by inbreeding depression. *Res. Popul. Ecol.*, 40 : 79-286.
- Tano, K., Kamuanga, M., Faminow M.D., and Swallow, B., 2003.** Using Conjoint Analysis to Estimate Farmers' Preferences for Cattle Traits in West Africa. *Ecological Economics*, 45: 393-407.
- Thaon d'Arnoldi, C., Foulley, J. L., Ollivier, L., 1998.** An overview of Weitzman approach to diversity. *Genetics Selection Evolution*, 30: 149-161.
- Thomas, A., 2000.** *Econométrie des variables qualitatives*. Dunod, Paris 2000.
- Tisdell, C., 2003.** Socio-economic causes of loss of animal genetic diversity: analysis and assessment. *Ecological Economics*, 45(3): 365-376.

- Vane-Wright, R.I., Humphries, C.J. and Williams, P.H., 1991.** What to protect—systematics and the agony of choice. *Biological Conservation*, 55: 235-254.
- Vanhala, T.K., Van Rijn, C.P.E., Buntjer, J., Stam, P., Nevo, E., H., and Van Eeuwijk, F.A., 2004.** Environmental, phenotypic and genetic variation of wild barley (*Hordeum spontaneum*) from Israel *Euphytica*, 137:297-309.
- Vermersch, D., 2001.** La multifonctionnalité : Mise en œuvre du cadre analytique de l'OCDE : une revue de la littérature en France. INRA Economie Rennes.
- Verrier, E., Brabant, Ph., et Gallais, A., 2001.** Effets des régimes de reproduction. Institut National Agronomique Paris-Grignon. Document disponible à l'adresse : <http://www.inapg.inra.fr/dsa/uvf/GQ/GQ5/GQ5.PDF>.
- Warren, J.T., 1998.** Conservation biology and agroecology in Europe. *Conservation Biology*, 12:499-500.
- Weir, B.S., Cockerham, C.C., 1984.** Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 54 : 1626-1637.
- Weitzman, M.L., 1992.** On diversity. *The Quarterly Journal of Economics*, 107 (2): 363-405.
- Weitzman, M.L., 1993.** What to preserve? An application of Diversity Theory to Crane Conservation. *The Quarterly Journal of Economics*, 108(1):157-183.
- Weitzman, M.L., 1998.** The Noah's ark problem. *Econometrica*, 66 (6): 1279-1298.
- Wollny, C.B.A., 2003.** The need to conserve farm animal genetic resources through community-based management in Africa: Should policy makers be concerned. *Ecological Economics*, 45(3): 341-351.
- Wright, S., 1978.** *Evolution and the Genetics of Populations*, Vol. 4: Variability Within and Among Natural Populations. University of Chicago Press, Chicago.
- Yang, S.L., Wang, Z.G., Liu, B., Zhang, G.X., Zhao, S., H., Yu, M., Fan, B., Li, M.H., Xiong, T.A., Li, K., 2003.** Genetic variation and relationships of eighteen Chinese indigenous pig breeds. *Genetic Selection Evolution*. 35 :657-671.
- Yang, L., Zhao, S.H., Li, K., Peng, Z.Z., and Montgomery, G.W., 1999.** Determination of genetic relationships among five indigenous Chinese goat breeds with six microsatellites markers. *Anim. Genet.* 30:452-455.
- Yarwood, R., and Evans, N., 2003.** Livestock, Locality and EU Agri-environmental Policy in Wales: New Directions for Applied Animal Geography *Applied Geography*, 23: 137-157.
- Yarwood, R., Evans, N., 1999.** The changing geography of rare livestock breeds in Britain. *Geography*, 84:80-87.
- Zhang, D., 2002.** Marqueurs moléculaires: Outils de choix pour le génotypage des plantes. 12^{ème} Colloque sur les recherches fruitières. Les apports de la biologie moléculaire en arboriculture fruitière. Bordeaux-30-31 mai 2002.

ANNEXES

Annexe 4.1 : Recherche d'efficience

Dans le cas d'un modèle à choix discret logit multinomial, l'équation (4.2) s'exprime de la façon suivante :

$$P_{ni} = \frac{\exp(\beta' X_{ni})}{\sum_{j=1}^J \exp(\beta' X_{nj})}$$

où P_{ni} est la probabilité de l'individu n de choisir l'alternative i parmi les J offertes dans l'ensemble. Cette probabilité est estimée par le maximum de vraisemblance. La matrice des variances-covariances de ces estimateurs β ainsi obtenus est notée Ω et s'exprime ainsi :

$$\Omega = \left[\sum_{n=1}^N \sum_{j=1}^J Z_{nj} P_{nj} Z_{nj} \right]^{-1} ; \text{ avec } Z_{nj} = X_{nj} - \sum_{i=1}^J X_{nj} P_{ni}$$

Déterminer un ensemble d'expériences efficient suppose donc que la taille de cette matrice des variances-covariances soit minimale. Plusieurs mesures de l'amplitude de l'erreur sont envisageables. La plus intuitive est *l'erreur-A*, moyenne de la variance autour des K paramètres estimés du modèle :

$$Erreur - A = \frac{trace(\Omega)}{K}$$

Cette mesure pose cependant des problèmes dans ce cadre d'efficience d'expériences. C'est pourquoi une autre mesure lui est préférée dans la littérature, *l'erreur-D* :

$$Erreur - D = |\Omega|^{1/K}$$

Source : adapté de Dachary-Bernard (2004)

Annexe 4.2 questionnaire sur les critères à prendre en compte en matière de conservation des races des animaux d'élevage

Questionnaire sur les critères à prendre en compte en matière de conservation des ressources génétiques animales

Cher (e) s participant (e) s,

Le présent questionnaire est articulé en trois sections:

- Section A:** Perceptions du problème d'érosion génétique des animaux d'élevage et critères à prendre en compte dans l'élaboration des priorités de conservation *in situ* des ressources génétiques animales ;
- Section B:** Evaluation de profils hypothétiques, de ressources génétiques animales, élaborés sur la base de cinq critères ;
- Section C :** Informations générales.

Les informations collectées seront essentielles pour le développement et la validation de modèles visant l'intégration de différents critères, outre la diversité génétique, dans l'élaboration de programmes de conservation *in situ* des animaux d'élevage. Compte tenu des contraintes budgétaires, de tels modèles sont très importants pour une conservation efficiente et soutenable de la diversité des ressources génétiques animales.

Informations supplémentaires

- Ce questionnaire est adressé aux experts et aux associations professionnelles des éleveurs ;
 - Le questionnaire prend en moyenne 30 à 45 minutes (test du questionnaire) ;
 - Ce questionnaire est en format Word (.doc). Nous vous prions de bien vouloir remplir ce questionnaire sur ordinateur ou à la main et de l'envoyer par Email, par voie postale ou par Fax aux adresses figurant en haut de cette page, de préférence avant le 30 mars 2004.
 - **Comment remplir le questionnaire :** Pour répondre aux questions, des cases en couleur verte, , ont été conçues à cette fin. Il suffit de cliquer à l'intérieur de ces cases et de répondre aux questions de l'enquête.
-

Section A : PERCEPTION DU PROBLEME D'EROSION GENETIQUE DES ANIMAUX D'ELEVAGE ET CRITERES A PRENDRE EN COMPTE EN MATIERE DE CONSERVATION

1. Environ 30% des races des animaux d'élevage sont à risque d'extinction et on estime que 1% de ces ressources disparaît chaque année. Quel degré d'importance attachez-vous au problème d'érosion génétique des animaux d'élevage?

Merci de bien vouloir cocher la case (X) qui correspond à votre réponse

Degré d'importance	Votre appréciation
Très important	☐
Important	☐
Hésitant, indécis	☐
Moins important	☐
Pas du tout important	☐

- 1.1 Si vous pensez que ce problème est important, quelles sont, selon vous, les principales raisons qui plaident pour la conservation de la diversité des ressources génétiques animales?

- a) ☐
- b) ☐
- c) ☐
- d) ☐

- 1.2 Si au contraire vous pensez que ce problème n'est pas prioritaire, pourriez vous indiquer les raisons de votre point de vue :

- e) ☐
- f) ☐
- g) ☐
- h) ☐

2. Pour qu'une race soit éligible à un programme de conservation *in situ*, dans le cadre des programmes de développement ruraux co-financés par l'Union européenne et les pays membres, trois critères sont retenus (Règlement 445/2002 de la Commission), il s'agit de:

- Animaux domestiques de races locales originaires de la zone concernée ;
- Les races doivent être menacées d'abandon (risque d'extinction);
- Les races locales doivent jouer un rôle dans le maintien de l'environnement ;
- Le nombre des animaux doit être certifié par un organisme technique, ou une organisation/association des éleveurs, dûment reconnu, qui doit enregistrer et tenir à jour le livre généalogique ou zootechnique de la race.

2.1 Sur une échelle d'appréciation de 1 à 5, 1 étant le moins important et 5 étant le plus important, pouvez vous indiquer le degré de pertinence des critères d'éligibilité retenus dans le cadre des programmes de conservation :

Critères	Echelle d'appréciation					Votre appréciation
	Peu pertinent			Très pertinent		
Race menacée d'abandon (risque d'extinction)	1	2	3	4	5	☐
Organisme technique ou organisation/association des éleveurs	1	2	3	4	5	☐
Race locale originaire de la zone concernée	1	2	3	4	5	☐
Rôle dans le maintien de l'environnement	1	2	3	4	5	☐

2.2 Globalement, qu'en pensez-vous de ces critères?

- Largement suffisants ☐
- Suffisants ☐
- Hésitant, indécis ☐
- insuffisants ☐
- Pas du tout suffisants ☐

2.3 Pourriez vous indiquer d'autres critères que vous jugez importants en matière de conservation des ressources génétiques animales:

- a) ☐
- b) ☐
- c) ☐
- d) ☐

3. Le processus d'extinction des ressources génétiques engendre de nombreuses conséquences. Sur le tableau ci-dessous sont reportées 10 principales conséquences. En adoptant un système de classement sur une échelle de 1 à 10, ***1 étant le moins important et 10 le plus important***, indiquez à quel point vous vous sentez concerné par le problème d'érosion qui touche les races des animaux d'élevage :

Conséquences	Importance
Réduction de la diversité génétique inter races (diversité génétique entre les races)	
Réduction de la diversité génétique au sein des races (diversité intra race)	
Perte de caractères génétiques d'importance économique	
Perte de caractères génétiques d'importance scientifique	
Perte de caractères d'adaptabilité à des environnements spécifiques	
Perte de caractère génétique unique	
Perte de produits typiques	
Homogénéisation des produits	
Homogénéisation et fragilisation des systèmes de production	
Perte de patrimoine historique et culturel	

Section B : EVALUATION DE PROFILS HYPOTHETIQUES DES RESSOURCES GENETIQUES ANIMALES

En matière de conservation *in situ* des animaux d'élevage, l'élaboration de priorités de conservation suscite, de nos jours, un débat entre les spécialistes. Dans le cadre de ce travail, nous avons retenu, en ***plus du risque d'extinction***, cinq critères les plus invoqués dans la littérature : la dissemblance génétique de la race, la diversité génétique au sein de la race, la fonction économique, la fonction environnementale et la fonction culturelle. A partir d'indicateurs disponibles, trois niveaux ont été retenus pour caractériser chaque critère : ***élevé (+)***, ***moyen (O)*** et ***faible (-)***. Nous vous prions de vous référer à la note de présentation pour vous informer sur les critères, les indicateurs et les niveaux considérés.

1. Pourriez vous classer ces critères sur une échelle de 1 à 5 (***1 : peu important; 5 : très important***) :

Critères	Votre appréciation
Dissemblance ou originalité génétique de la race	☐
Diversité génétique au sein de la race	☐
Fonction économique de la race	☐
Fonction culturelle de la race	☐
Fonction environnementale	☐

2. Selon vous, jusqu'à quel niveau les indicateurs utilisés permettent-ils de capturer les niveaux des critères considérés ?

Merci de bien vouloir cocher la case (X) qui correspond à votre réponse.

Critères	Indicateurs	Moins de 25%	Entre 25 et 50 %	Entre 50 et 75 %	Entre 75 et 100 %
Dissemblance génétique de la race	Marqueurs moléculaires	☐	☐	☐	☐
Diversité génétique au sein de la race	Marqueurs moléculaires	☐	☐	☐	☐
Fonction économique	Tendance récente des effectifs	☐	☐	☐	☐
Fonction culturelle	Origine et développement de la race et organisation des éleveurs	☐	☐	☐	☐
Fonction environnementale	Répartition géographique et Possibilités de substitution ;	☐	☐	☐	☐

3. Cette section de l'enquête porte sur l'évaluation de profils hypothétiques des races des animaux d'élevage. Ces profils ont été construits sur la base des cinq critères retenus. Au total, 18 questions sont considérées dans cette section. Pour chaque question, trois options sont présentées : Options A et B décrivent deux profils hypothétiques de races et l'option C concerne une situation (de statut quo) qui correspond au cas pour lequel les deux options A et B ne seront pas retenues selon votre point de vue.

Imaginez-vous dans une situation où vous pourriez décider de conserver la race A (choisir l'option A), la race B (choisir l'option B) ou de ne rien conserver (option C) : Quelle option choisissez-vous ? Nous vous prions, de bien vouloir, indiquer pour chaque question votre choix en matière de conservation (***Choix d'une seule option pour chaque question***).

Question 3.1 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	☐	☐	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	+	+	
Fonction économique	☐	☐	
Fonction environnementale	-	+	
Fonction culturelle	+	-	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.2 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	☐	+	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	☐	-	
Fonction économique	-	+	
Fonction environnementale	☐	+	
Fonction culturelle	☐	-	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.3 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	+	-	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	+	+	
Fonction économique	+	+	
Fonction environnementale	+	+	
Fonction culturelle	☐	+	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.4 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	+	☐	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	☐	-	
Fonction économique	☐	☐	
Fonction environnementale	-	-	
Fonction culturelle	-	☐	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.5 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	☐	☐	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	-	+	
Fonction économique	+	-	
Fonction environnementale	+	☐	
Fonction culturelle	+	☐	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.6 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	-	☐	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	☐	☐	
Fonction économique	+	-	
Fonction environnementale	☐	+	
Fonction culturelle	+	+	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.7 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	+	-	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	-	+	
Fonction économique	-	☐	
Fonction environnementale	-	☐	
Fonction culturelle	☐	-	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.8 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	☐	+	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	☐	+	
Fonction économique	+	-	
Fonction environnementale	-	-	
Fonction culturelle	☐	+	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.9 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	-	-	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	☐	-	
Fonction économique	-	☐	
Fonction environnementale	+	-	
Fonction culturelle	-	+	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.10 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	+	☐	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	-	-	
Fonction économique	-	+	
Fonction environnementale	☐	☐	
Fonction culturelle	+	+	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.11 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	+	-	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	☐	☐	
Fonction économique	☐	+	
Fonction environnementale	+	☐	
Fonction culturelle	+	☐	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.12 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	+	+	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	+	☐	
Fonction économique	+	☐	
Fonction environnementale	☐	☐	
Fonction culturelle	-	+	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.13 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	-	+	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	-	☐	
Fonction économique	+	☐	
Fonction environnementale	-	+	
Fonction culturelle	-	☐	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.14 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	-	-	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	-	☐	
Fonction économique	☐	-	
Fonction environnementale	+	-	
Fonction culturelle	☐	-	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.15 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	☐	☐	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	-	☐	
Fonction économique	☐	+	
Fonction environnementale	☐	-	
Fonction culturelle	-	-	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.16 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	-	+	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	+	+	
Fonction économique	-	+	
Fonction environnementale	-	-	
Fonction culturelle	+	O	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.17 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	-	+	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	+	-	
Fonction économique	O	-	
Fonction environnementale	O	O	
Fonction culturelle	O	-	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Question 3.18 Merci de bien vouloir cocher (X) l'option qui selon vous est la plus préférée

Critères	Option A	Option B	Option C
Dissemblance génétique	O	-	Aucune des solutions A et B proposées
Diversité génétique intra-race	+	-	
Fonction économique	-	-	
Fonction environnementale	+	+	
Fonction culturelle	-	O	
En matière de conservation, je choisirai l'option:	☐	☐	☐

Section C : INFORMATIONS GENERALES

1. Pays : ☐
2. Genre : ☐ (M/F)
3. Veuillez, s'il vous plaît, indiquer dans quelle tranche se situe votre âge :
 - Moins de 30 ans ☐
 - Entre 31 et 40 ans ☐
 - Entre 41 et 50 ans ☐
 - Plus de 51 ans ☐
4. Veuillez, s'il vous plaît, indiquer votre diplôme d'études dans la case correspondante:
 - Doctorat ☐
 - Diplôme d'ingénieur ou équivalent ☐
 - Licence (Bac +4) ☐
 - Baccalauréat ☐
 - Autres (à spécifier :) ☐
5. Veuillez, s'il vous plaît, indiquer votre spécialité dans la case correspondante:
 - Génétique : ☐
 - Zootechnie : ☐
 - Médecine vétérinaire : ☐
 - Agronomie : ☐
 - Socio-économie : ☐
 - Autres (à spécifier :) ☐
6. Veuillez, s'il vous plaît, indiquer votre fonction dans la case correspondante:
 - Chercheur : ☐
 - Enseignant-chercheur (Professeur) ☐
 - Médecine vétérinaire : ☐
 - Administrateur : ☐
 - Représentant d'association des éleveurs: ☐
 - Autres (à spécifier :) ☐
7. Avez vous travaillé, au cours de votre carrière professionnelle, sur des domaines qui soient directement ou indirectement liés à la gestion des ressources génétiques animales ?
☐ (oui/non)

7.1 Si oui, de quelles types d'activités s'agit-il et quelle est la durée que vous avez consacré à chaque activité:

Secteur d'activités	(oui/non)	Durée consacrée
- Programme de conservation	☒	ans.
- Programme d'amélioration génétique	☒	ans.
- Programmes de lutte contre les maladies	☒	ans.
- Organisation professionnelle	☒	ans.
- Gestion administrative	☒	ans.
- Autres (à spécifier :)	☒	ans.

Annexe 5.1 Tailles efficaces (N_e), coefficients de consanguinité (F %) et probabilités de survies des races ovines estimées pour les horizons 20 (X^*-20) et 40 générations (X^*-40)

Code	Tailles efficaces et coefficients de consanguinité			H_{obs}	Probabilités de survie	
	N_e	F (%)	Source (méthode ^a)		X^*-20	X^*-40
DEBBS	1653	0,0302	Enquête (2/2)	0,65	0,646	0,642
DEGGH	788	0,0635	FEZ (1/1)	0,60	0,592	0,585
DERHO	785	0,0637	FEZ (1/1)	0,62	0,612	0,604
ESCLM	178	0,2809	FEZ (2/1)	0,63	0,596	0,563
ESMCG	77850	0,0006	FEZ (1/1)	0,67	0,67	0,670
ESRBM	178	0,2809	FEZ (2/1)	0,66	0,624	0,590
ESSGR	83012	0,0006	FEZ (1/1)	0,69	0,69	0,690
FRTHM	184	0,2717	FEZ (2/1)	0,68	0,644	0,610
GBEXH	1266	0,0395	FEZ (2/1)	0,64	0,635	0,630
GBSBF	269419	0,0002	Enquête (2/2)	0,69	0,69	0,690
GBSDL	25182	0,002	Enquête (2/1)	0,65	0,65	0,649
GBWMT	418	0,1196	Enquête (2/2)	0,70	0,683	0,667
GRANO	838	0,0597	Enquête (1/1)	0,69	0,682	0,674
GRKAL	672	0,0744	Enquête (1/1)	0,67	0,66	0,650
GRKAR	797	0,0627	FEZ (2/2)	0,71	0,701	0,692
GRKEF	143	0,3497	FEZ (2/2)	0,72	0,671	0,626
GRKIM	282	0,1773	Enquête (1/1)	0,66	0,637	0,615
GRLES	1084	0,0461	FEZ (2/2)	0,71	0,703	0,697
GRORI	135	0,3704	FEZ (2/2)	0,68	0,631	0,586
GRPIL	494	0,1012	Enquête (1/1)	0,65	0,637	0,624
GRSFA	739	0,0677	FEZ (2/2)	0,66	0,651	0,642
GRSKO	368	0,1359	FEZ (2/1)	0,63	0,613	0,597
ITALT	57	0,8772	FEZ (2/1)	0,59	0,495	0,415
ITBER	14311	0,0035	FEZ (2/1)	0,69	0,69	0,689
ITGDP	416	0,1202	FEZ (2/1)	0,72	0,703	0,686
ITLAN	988	0,0506	FEZ (2/1)	0,62	0,614	0,608
ITLAT	3230	0,0155	FEZ (2/1)	0,70	0,698	0,696
PTCHU	979	0,0511	FEZ (1/2)	0,69	0,683	0,676

^a : La FEZ adopte deux méthodes pour estimer les effectifs des femelles (numérateur) et deux méthodes pour estimer les effectifs des mâles (dénominateur). Ainsi pour le numérateur, 1 correspond à l'effectif des femelles enregistrées dans un livre généalogique et 2 caractérise l'effectif total des femelles reproductrices pondéré par le pourcentage des femelles accouplées en race pure. Pour le dénominateur, 1 correspond à l'effectif des mâles et 2 estime l'effectif des mâles en retenant le sex-ratio m/f=1/30.

Annexe 5.2 Tailles efficaces (N_e), coefficients de consanguinité (F %) et probabilités de survies des races caprines estimées pour les horizons 20 (X^*-20) et 40 générations (X^*-40)

Code	Tailles efficaces et coefficients de consanguinité H_{obs}			Probabilités de survie		
	N_e	F (%)	Source (méthode ^a)	X^*-20	X^*-40	
ATPIZ	104	0,4808	FEZ (1/1)	0,63	0,572	0,520
ATTAS	210	0,2381	FEZ (1/1)	0,63	0,601	0,573
DETWZ	413	0,1211	FEZ (1/1)	0,63	0,615	0,600
ESFLR	4571	0,0109	FEZ (2/1)	0,63	0,629	0,627
ESGDR	3378	0,0148	FEZ (2/1)	0,59	0,588	0,587
ESMLG	36734	0,0014	FEZ (1/1)	0,66	0,660	0,660
ESPY Y	1329	0,0376	FEZ (1/1)	0,60	0,596	0,591
ESVRT	15951	0,0031	FEZ (2/1)	0,55	0,550	0,549
FRCOR	2721	0,0184	FEZ (2/1)	0,59	0,588	0,586
FRPYR	511	0,0978	FEZ (2/1)	0,47	0,461	0,452
FRROV	541	0,0924	FEZ (2/1)	0,57	0,560	0,549
GRGRG	536775	0,0001	FAO (2/2)	0,67	0,670	0,670
GRSKO	1358	0,0368	FEZ (2/1)	0,64	0,635	0,631
ITARG	207	0,2415	FEZ (2/1)	0,68	0,648	0,617
ITBIO	482	0,1037	FEZ (2/1)	0,61	0,597	0,585
ITGIR	141	0,3546	FEZ (2/1)	0,57	0,531	0,494
ITGMO	4	12,5	FEZ (2/1)	0,63	0,052	0,004
ITORO	725	0,069	FEZ (2/1)	0,53	0,523	0,516
ITSAR	3880	0,0129	FEZ (2/1)	0,61	0,608	0,607
ITVAL	563	0,0888	FEZ (2/1)	0,58	0,570	0,560
PTBRA	1239	0,0404	FAO (2/2)	0,56	0,555	0,551

^a : La FEZ adopte deux méthodes pour estimer les effectifs des femelles (numérateur) et deux méthodes pour estimer les effectifs des mâles (dénominateur). Ainsi pour le numérateur, 1 correspond à l'effectif des femelles enregistrées dans un livre généalogique et 2 caractérise l'effectif total des femelles reproductrices pondéré par le pourcentage des femelles accouplées en race pure. Pour le dénominateur, 1 correspond à l'effectif des mâles et 2 estime l'effectif des mâles en retenant le sex-ratio m/f=1/30.

Annexe 5.3 Diversités marginales normalisées (V'_i) et potentiels de conservation normalisés (E_i) des 28 races ovines calculés pour l'horizon 20 générations selon les distances de Nei et Reynolds

Code	Mesures normalisées				Classements			
	Distance de Nei		Distance de Reynolds		Distance de Nei		Distance de Reynolds	
	V'_i	E_i	V'_i	E_i	V'_i	E_i	V'_i	E_i
DEBBS	4,86	4,95	4,90	4,99	8	8	8	8
DEGGH	10,03	9,40	10,73	10,07	1	1	1	1
DERHO	6,60	6,37	6,45	6,28	4	5	5	6
ESCLM	4,29	4,04	4,28	4,09	10	12	10	11
ESMCG	3,34	3,54	3,35	3,59	14	13	14	13
ESRBM	5,63	5,56	6,20	6,08	7	7	7	7
ESSGR	0,95	1,01	0,74	0,80	26	26	26	26
FRTHM	4,69	4,75	4,59	4,69	9	9	9	9
GBEXH	7,17	7,18	8,56	8,57	3	3	2	2
GBSBF	3,67	4,04	3,78	4,19	12	11	12	10
GBSDL	6,45	6,57	6,33	6,48	5	4	6	5
GBWMT	2,07	2,22	1,74	1,89	17	17	17	17
GRANO	1,10	1,21	0,99	1,10	25	25	25	25
GRKAL	1,74	1,82	1,43	1,50	20	20	22	22
GRKAR	0,75	0,81	0,62	0,70	27	27	27	27
GRKEF	1,78	1,92	1,67	1,79	18	18	18	18
GRKIM	2,60	2,63	2,05	1,99	15	16	16	16
GRLES	1,36	1,52	1,18	1,30	23	23	23	23
GRORI	0,70	0,71	0,56	0,50	28	28	28	28
GRPIL	1,76	1,72	1,61	1,60	19	22	20	21
GRSFA	1,65	1,72	1,61	1,69	22	21	19	19
GRSKO	8,07	7,79	7,88	7,68	2	2	3	3
ITALT	3,65	2,83	4,09	3,19	13	14	11	14
ITBER	2,42	2,63	2,17	2,39	16	15	15	15
ITGDP	1,67	1,82	1,43	1,60	21	19	21	20
ITLAN	5,92	5,76	6,64	6,48	6	6	4	4
ITLAT	3,72	4,04	3,35	3,69	11	10	13	12
PTCHU	1,34	1,42	1,05	1,10	24	24	24	24

Annexe 5.4 Diversités marginales normalisées (V'_i) et potentiels de conservation normalisés (E_i) des 21 races caprines calculés pour l'horizon 20 générations selon les distances de Nei et Reynolds

Code	Mesures normalisées				Classements			
	Distance de Nei		Distance de Reynolds		Distance de Nei		Distance de Reynolds	
	V'_i	E_i	V'_i	E_i	V'_i	E_i	V'_i	E_i
ATPIZ	4,09	4,18	4,08	4,16	10	10	10	10
ATTAS	10,06	10,79	10,02	10,73	1	1	2	1
DETWZ	8,44	9,26	8,54	9,36	5	2	3	3
ESFLR	5,29	5,94	4,75	5,33	9	8	9	9
ESGDR	0,91	0,95	0,89	0,93	21	20	21	20
ESMLG	1,23	1,45	1,11	1,31	20	19	20	19
ESPY Y	3,21	3,42	3,19	3,39	13	12	15	14
ESVRT	2,95	2,90	3,41	3,35	15	16	13	15
FRCOR	3,08	3,24	3,49	3,66	14	14	12	12
FRPYR	8,83	7,26	7,28	5,98	2	5	6	7
FRROV	5,71	5,71	6,38	6,37	8	9	7	6
GRGRG	1,91	2,29	1,48	1,77	19	18	19	18
GRSKO	6,07	6,88	5,20	5,88	7	6	8	8
ITARG	2,56	2,97	2,08	2,40	17	15	18	16
ITBIO	3,34	3,56	3,34	3,55	12	11	14	13
ITGIR	8,80	8,34	8,46	8,01	3	3	4	4
ITGMO	2,56	0,24	2,08	0,19	16	21	17	21
ITORO	8,47	7,91	10,99	10,24	4	4	1	2
ITSAR	2,34	2,54	2,08	2,25	18	17	16	17
ITVAL	6,72	6,84	7,28	7,39	6	7	5	5
PTBRA	3,41	3,38	3,86	3,82	11	13	11	11