

Partie 1

L'ÉTAT DE LA BIODIVERSITÉ DE L'AGRICULTURE DANS LE SECTEUR DE L'ÉLEVAGE





Introduction

L'importance de la biodiversité dans le monde – la variété de ses plantes, de ses animaux et de ses micro-organismes, et des écosystèmes dont ils font partie – est de plus en plus reconnue. La biodiversité de l'agriculture comprend la diversité des plantes cultivées et des animaux domestiques utilisés par l'homme pour la production alimentaire et pour d'autres biens et services. De façon plus ample, elle inclut la diversité des agrosystèmes dont cette production dépend. La capacité des agrosystèmes à conserver et à accroître leur productivité, et à s'adapter aux circonstances changeantes, est fondamentale pour la sécurité alimentaire de la population mondiale.

Les 40, et même plus, espèces d'animaux d'élevage qui apportent leur contribution à l'agriculture et à la production alimentaire actuelles sont le fruit d'une longue histoire de domestication et de développement. Les pressions de la sélection résultant des facteurs de stress environnemental et la reproduction et la sélection contrôlées par l'homme ont produit une grande variété de races génétiquement distinctes¹. Cette diversité, développée au cours de milliers d'années, est une ressource de valeur pour les éleveurs contemporains. Des populations d'animaux d'élevage génétiquement différentes fournissent un plus grand nombre d'opportunités pour vaincre les défis de l'avenir, qu'ils soient associés aux changements environnementaux, aux menaces de maladies émergentes, à la nouvelle connaissance des besoins nutritifs de l'homme, aux fluctuations du marché ou aux besoins changeants de la société.

La première partie du Rapport décrit les origines de la diversité des ressources zoogénétiques actuelles pour l'alimentation et l'agriculture – la domestication et l'histoire des espèces d'animaux d'élevage; elle est suivie par une description de l'état actuel de la diversité des ressources zoogénétiques à l'échelle mondiale et comment cette diversité est menacée par l'érosion génétique. La section suivante décrit les schémas des échanges internationaux de ressources zoogénétiques. Les rôles et les valeurs des ressources zoogénétiques et leurs contributions directes et indirectes à l'existence et à l'économie des différentes régions du monde sont ensuite soulignés. L'importance de la résistance génétique aux maladies pour le secteur de la santé animale est également présentée. La dernière section de la première partie comprend les menaces à la diversité des ressources zoogénétiques dans le monde.

¹ La notion de la race est fondamentale pour la description de la diversité dans l'élevage (voir la partie 4 – section A pour de plus amples détails sur la définition du terme «race»).

Section A

Origines et histoire de la diversité des animaux d'élevage

1 Introduction

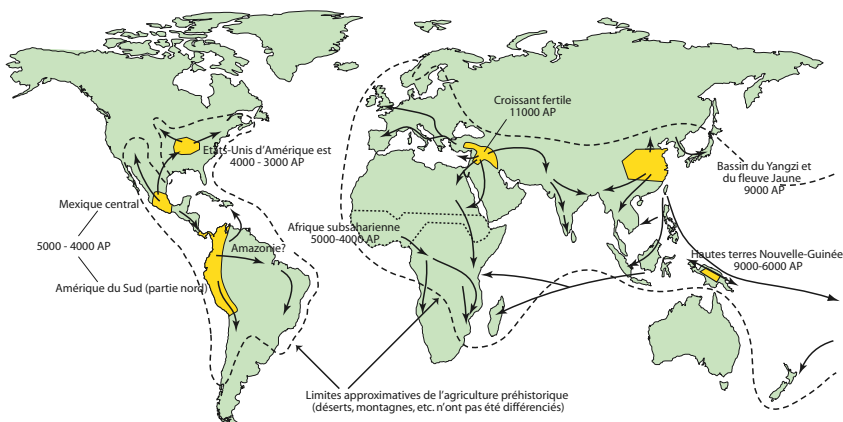
L'histoire des ressources zoogénétiques a débuté entre 12 000 et 14 000 ans, au cours de la révolution agricole du début du Néolithique, par la domestication des principales espèces de cultures et d'élevage. Ce contrôle de la production alimentaire a favorisé d'importants changements démographiques, technologiques, politiques et militaires. La domestication des animaux et des plantes est considérée comme l'un des plus importants développements de l'histoire et l'une des conditions préalables à la naissance des civilisations humaines (Diamond, 2002). Après les événements initiaux de domestication,

l'agriculture s'est rapidement répandue dans presque tous les habitats (Diamond et Bellwood, 2003; figure 2). Ensuite, des milliers d'années de sélections naturelles et planifiées par l'homme, de dérive génétique, de consanguinité et de croisements ont contribué à la diversité des ressources zoogénétiques et ont permis de pratiquer l'élevage dans une grande variété d'environnements et de systèmes de production.

La diversité des ressources zoogénétiques est fondamentale pour tous les systèmes de production. Elle fournit la matière première utile à l'amélioration des races et à l'adaptation aux

FIGURE 2

Carte archéologique des habitats agricoles et de l'extension des cultures néolithiques/formatives, et datations approximatives au radiocarbone



Carte préparée par Clive Hilliker et fournie par Peter Bellwood.

PARTIE 1

circonstances évolutives. Comme il a été mis en évidence par de récentes études moléculaires, la diversité observée au sein des populations et des races indigènes est amplement supérieure à celle observée au sein des équivalents commerciaux. L'éclaircissement des origines et de la distribution de la diversité des animaux d'élevage est essentiel pour leur utilisation actuelle et leur conservation à long terme (Hanotte *et al.*, 2006).

2 Le processus de domestication des animaux d'élevage

Un nombre très limité d'espèces ont été domestiquées avec succès. La domestication était un processus complexe et graduel qui changeait le comportement et les caractéristiques morphologiques des animaux ancestraux (cadre 1). Les circonstances et les pressions qui ont déclenché la domestication des animaux restent aléatoires et auraient pu varier selon la zone géographique et l'espèce.

Les racines de la domestication des animaux sont probablement liées à la tendance répandue des chasseurs-cueilleurs (vraisemblablement partagée par les premiers êtres humains) à apprivoiser ou à gérer les animaux sauvages (Diamond, 2002). Toutefois, ce ne fut qu'à la fin de la période pléistocène que le processus de domestication commença réellement. En ce moment, les changements du climat qui, dans certaines

régions, devint moins prévisible, plus chaud et/ou plus saisonnier ont donné lieu à l'expansion des populations humaines. Ces développements ont déclenché la montée de l'agriculture et affecté la distribution et la densité des espèces sauvages chassées pour s'assurer la nourriture. Dans ces circonstances, le moteur principal de la domestication des animaux aurait pu être le désir de s'assurer la disponibilité des aliments «préférés» – et potentiellement le fait, réalisé plus tard, que quelques espèces domestiquées auraient pu servir de soutien à l'agriculture (par ex. labourer la terre à l'aide des bœufs ou des buffles) ou en tant qu'animaux de somme (par ex. les lamas, les dromadaires, les chameaux bactriens, les chevaux, les ânes et même les bovins).

Parmi les 148 espèces non carnivores d'un poids supérieur à 45 kg, seulement 15 ont été domestiquées. Treize de ces espèces viennent de l'Europe et de l'Asie, et deux sont originaires de l'Amérique du Sud. De plus, seulement six (bovins, moutons, chèvres, porcs, chevaux et ânes) se sont répandues sur tous les continents, tandis que les neuf autres (dromadaires, chameaux bactriens, lamas, alpagas, rennes, buffles domestiques, yaks, vaches de Bali et mithans) sont importantes dans des régions plus délimitées de la planète (adaptation de Diamond, 1999). La proportion est même plus faible dans le cas des oiseaux dont seulement dix espèces (poules, canards domestiques, canards de Barbarie, oies domestiques, pintades, autruches, pigeons, cailles

Cadre 1 Le processus de domestication

Dans le Rapport, les animaux domestiqués sont considérés les espèces élevées en captivité et modifiées par rapport à leurs ancêtres sauvages afin de les rendre plus utiles aux hommes qui contrôlent leur reproduction (sélection), leurs soins (abri, protection contre les prédateurs) et leur approvisionnement alimentaire (Diamond, 2002; Mignon-Grasteau, 2005). La domestication comprend les étapes suivantes: association initiale par la sélection naturelle; stabulation; stabulation avec

reproduction en captivité; et reproduction sélective (modifié de Zeuner, 1963). Les archéologues et les généticiens des animaux utilisent des moyens différents pour éclaircir l'histoire de la domestication, comme l'étude des changements morphologiques des dents, du crâne et des squelettes; et l'établissement des courbes démographiques concernant l'âge et le sexe qui permettent d'identifier les schémas typiques de la domestication (Zeder *et al.*, 2006).

TABEAU 4

Origines et domestication des espèces des animaux d'élevage

| Espèces domestiques | Ancêtres sauvages | Clades ADNmt | Domestications * | Temps | Localisation |
|---|--|-----------------|------------------|---------|---|
| | | | | A.P. | |
| Bovins | Aurochs (3 sous-espèces) (disparues) | | | | |
| <i>Bos taurus taurus</i> | <i>B. primigenius primigenius</i> | 4 | 1 | ~ 8000 | Proche et Moyen-Orient (Asie de l'Ouest) |
| | <i>B. p. opisthonomus</i> | 2 | 1 | ~ 9500 | Afrique du Nord-Est |
| <i>Bos taurus indicus</i> | <i>B. p. nomadicus</i> | 2 | 1 | ~ 7000 | Sous-continent Indien du nord |
| Yaks | Yak sauvage | | | | |
| <i>Poephagus grunniens</i> | <i>P. mutus</i> | 3 | 1 | ~ 4500 | Qinghai-Plateau tibétain |
| Chèvres | Bézoard | | | | |
| <i>Capra ferus</i> | <i>Capra aegragus</i> (3 sous-espèces) | 5 | 2 | ~ 10000 | Proche et Moyen-Orient, sous-continent Indien du nord |
| Moutons | Mouflon asiatique | | | | |
| <i>Ovis aries</i> | <i>Ovis orientalis</i> | 4 | 2 | ~ 8500 | Proche et Moyen-Orient/Turquie (Anatolie centrale) |
| Buffles domestiques | Buffle sauvage d'Asie | | | | |
| <i>B. bubalus bubalus des rivières</i> | | nd | 1 | ~ 5000 | République islamique d'Iran/Iraq, sous-continent Indien |
| <i>B. bubalus carabensis des marais</i> | | nd | 1 | ~ 4000 | Asie du Sud-Est, Chine |
| Porcs | Sanglier | | | | |
| <i>Sus scrofa domesticus</i> | <i>Sus scrofa</i> (16 sous-espèces) | 6 | 6 | ~ 9000 | Europe, Proche et Moyen-Orient, Chine |
| | | | | | Sous-continent Indien, Asie du Sud-Est |
| Chevaux | Disparu | | | | |
| <i>Equus caballus</i> | | 17 | multiples | ~ 6500 | Steppe d'Eurasie |
| Anes | Ane sauvage africain | | | | |
| <i>Equus asinus</i> | <i>Equus africanus</i> | | | ~ 6000 | Afrique du Nord-Est |
| | Ane sauvage de Nubie <i>E. a. africanus</i> | 1 | 1 | | |
| | Ane sauvage de Somalie <i>E. a. somali</i> | 1 | 1 | | |

• suite

PARTIE 1

TABLEAU 4 suite

Origines et domestication des espèces des animaux d'élevage

| Espèces domestiques | Ancêtres sauvages | Clades ADNmt | Domestications * | Temps | Localisation |
|--|--|-----------------|------------------|--------|---|
| | | | | A.P. | |
| Lamas | | | | | |
| <i>Lama glama</i> | 2 sous-espèces | nd | 1 | ~ 6500 | Andes |
| | <i>L. guanicoe guanicoe</i> | | | | |
| | <i>L. guanicoe cacsiliensis</i> | | | | |
| Alpagas | | | | | |
| <i>Vicugna pacos</i> | 2 sous-espèces | nd | 1 | ~ 6500 | Andes |
| | <i>V. vicugna vicugna</i> | | | | |
| | <i>V. vicugna mensalis</i> | | | | |
| Chameaux bactriens | Disparu** | | | | |
| <i>Camelus bactrianus</i> C. b. <i>ferus</i> | | nd | 1 | ~ 4500 | Asie centrale (République islamique d'Iran orientale) |
| Dromadaires | Disparu | | | | |
| <i>Camelus dromedarius</i> | | nd | 1 | ~ 5000 | Péninsule arabe méridionale |
| Poules domestiques | Poule rousse de jungle | | | | |
| <i>Gallus domesticus</i> | <i>Gallus gallus</i> (4 sous-espèces | 5 | 2 | ~ 5000 | Sous-continent Indien |
| | <i>G. g. spadiceus</i> , <i>G. g. jabouillei</i> | | | ~ 7500 | Chine – Asie du Sud-Est |
| | <i>G. g. murghi</i> , <i>G. g. gallus</i>) | | | | |
| | | | | | |

Source: adaptation et mise à jour de Bruford et al. (2003); Hanotte et Jianlin (2005).

*Nombre minimum de domestications.

**Des preuves génétiques récentes suggèrent que les populations sauvages menacées ne sont pas les populations maternelles ancestrales du Bactrien domestique de nos jours (Jianlin et al., 1999).

nd = non déterminé.

et dindes) sont actuellement domestiquées sur environ 10 000 espèces d'oiseaux (la liste exclut les nombreux oiseaux domestiqués à des fins ornementales et récréatives).

A l'exception du sanglier (*Sus scrofa*), les ancêtres et les parents sauvages des principales espèces des animaux d'élevage ont disparu ou sont hautement menacés à cause de la chasse, des modifications à leurs habitats et, dans le cas de

la poule de jungle, du croisement intensif avec les équivalents domestiqués. Chez ces espèces, les animaux domestiques restent les seuls répertoires d'une diversité maintenant largement disparue des ancêtres sauvages (tableau 4). C'est une différence majeure par rapport aux espèces végétales dont les ancêtres sauvages sont généralement disponibles dans les centres d'origine et représentent une importante source

de variation et de caractères adaptatifs pour les futurs programmes de sélection.

Le petit nombre d'espèces animales domestiquées avec succès est amplement expliqué par les caractéristiques nécessaires (ou avantageuses) à la domestication, rarement toutes rencontrées chez une seule espèce. Toutes les principales espèces d'animaux d'élevage ont été domestiquées il y a plusieurs milliers d'années. Il est peu probable que

d'autres espèces de grands mammifères soient domestiquées, au moins dans un avenir proche, comme il a été démontré par le peu de succès des tentatives de domestication de nouvelles espèces (par ex. les oryx, les zèbres, les buffles africains et les différentes espèces de cerfs) au cours du XX^e siècle. Cependant, les prochaines années pourraient voir un développement de l'élevage en captivité d'espèces «non conventionnelles» et de

Cadre 2

Caractérisation moléculaire – un outil pour comprendre les origines et la diversité des animaux d'élevage

Les principaux développements récents en matière de génétique moléculaire ont fourni des outils nouveaux et puissants, appelés marqueurs moléculaires, pour évaluer les origines des espèces des animaux d'élevage et la distribution géographique de leur diversité.

Les polymorphismes des protéines ont été les premiers marqueurs moléculaires utilisés dans l'élevage. Un grand nombre d'études, surtout au cours des années 70, ont documenté la caractérisation du groupe sanguin et des systèmes d'allozymes. Cependant, le niveau de polymorphisme des protéines est souvent faible et, par conséquent, l'applicabilité générale du typage des protéines dans les études sur la diversité est réduite.

Les polymorphismes basés sur l'ADN sont actuellement les marqueurs préférés pour les enquêtes moléculaires en matière de diversité génétique. Les marqueurs d'ADN polymorphiques indiquant les différents modèles d'hérédité mendélienne peuvent s'étudier dans presque toutes les principales espèces d'animaux d'élevage. Ils incluent normalement la boucle D et les séquences du cytochrome B dans l'ADN mitochondrial (hérédité maternelle), les polymorphismes d'un seul nucléotide (SNP) spécifiques du chromosome Y et les microsatellites (hérédité paternelle) et les microsatellites autosomiques (hérédité biparentale). Les microsatellites autosomiques ont été isolés en grande quantité dans la plupart des espèces

d'animaux d'élevage. Les listes recommandées, préparées par la FAO et la Société internationale de génétique animale (ISAG), des marqueurs de microsatellites autosomiques pour les études en matière de diversité génétique sont disponibles à l'adresse Internet <http://www.fao.org/dad-is>.

Les marqueurs génétiques fournissent différents niveaux d'informations sur la diversité génétique. Les loci des microsatellites autosomiques sont habituellement utilisés pour déterminer les estimations sur la diversité et la différenciation des populations, le calcul des distances génétiques, l'estimation des parentés et des mélanges génétiques entre populations. Les séquences d'ADN mitochondrial sont les marqueurs préférés pour les études concernant la domestication, car la ségrégation de la lignée d'ADN mitochondrial dans une population d'élevage peut se manifester uniquement par la domestication d'une femelle sauvage ou par l'incorporation d'une femelle dans un troupeau domestique. De façon plus particulière, les séquences d'ADN mitochondrial sont utilisées pour identifier les progéniteurs sauvages putatifs, le nombre de lignées maternelles et leurs origines géographiques. Enfin, l'étude d'un polymorphisme à chromosome Y diagnostiqué permet de détecter et de quantifier facilement et rapidement le mélange génétique dépendant du père.

Reproduction et adaptation de FAO (2005).

PARTIE 1

petite taille (parfois appelé «micro bétail») propres à la consommation humaine, qui pourraient revêtir une plus grande importance, au moins au niveau local ou régional (BOSTID, 1991; Hanotte et Mensah, 2002).

Les caractéristiques importantes ou essentielles pour mettre en place une domestication efficace sont le comportement, tel que le manque d'agressivité envers les humains; un instinct grégaire prononcé, comme les hiérarchies de dominance qui poussent à «suivre le chef» et permettent de remplacer le chef par un homme; la tendance à ne pas paniquer en cas de perturbations; la capacité de procréer en captivité; des caractères physiologiques, comme un régime alimentaire dont l'homme peut facilement s'occuper (domestication des herbivores plutôt que des carnivores); un taux de croissance rapide; des intervalles de vêlages relativement courts; et des grandes portées (Diamond, 2002).

Les ancêtres de la plupart des espèces d'animaux d'élevage ont actuellement été identifiés (tableau 4). Il est également connu que plusieurs espèces et races domestiques actuelles proviennent de plus d'une population ancestrale et que, dans certains cas, il y a eu un mélange ou une introgression entre des espèces qui ne se reproduisent pas habituellement entre eux à l'état sauvage. Ces mélanges génétiques (admixture) entre populations et ces hybridations se sont probablement produits après les premières domestications. Ils ont souvent été liés aux migrations de l'homme, au commerce ou simplement ont été le résultat du besoin des sociétés agricoles d'obtenir de nouveaux phénotypes comme, par exemple, le mélange génétique entre les taurins et les zébus, la présence d'un pool génique bovin chez les yaks et les vaches de Bali, l'hybridation des porcs d'Asie avec les races européennes, le croisement entre les dromadaires et les chameaux bactériens et (comme il a été révélé par des récentes études génétiques) le mélange génétique intense entre les deux camélidés domestiques de l'Amérique du Sud (lamas et alpagas) (Kadwell *et al.*, 2001).

3 Les ancêtres et les origines géographiques de nos animaux d'élevage

Un des aspects les plus intéressants de l'intersection entre l'archéologie et la génétique a été la documentation concernant les sites de domestication des animaux d'élevage (Zeder *et al.*, 2006), l'archéologie agissant en guise de guide pour la recherche génétique et la génétique fournissant le soutien à certaines théories archéologiques controversées ou révélant la possibilité de nouvelles origines géographiques des espèces d'élevage et leur diversité. Plus particulièrement, il est à présent reconnu que presque toutes les principales espèces d'élevage sont le résultat de domestications multiples dans différentes zones géographiques (tableau 4 et figure 3) et que souvent, après les premières domestications, se sont produites des introgressions génétiques entre parents sauvages et leurs descendants domestiques.

Apparemment, les domestications indépendantes n'étaient forcément pas culturellement indépendantes. Certaines domestications indépendantes auraient pu représenter le mouvement de quelques animaux domestiqués vers une nouvelle zone, les signatures génétiques des fondateurs introduits ayant été ensuite submergées par le recrutement d'animaux locaux sauvages (Zeder *et al.*, 2006). En revanche, les anciennes signatures des domestications locales auraient pu être cachées par l'arrivée plus récente d'animaux provenant d'autres centres d'origine. Les informations ostrogothiques des sites archéologiques et les études sur l'ADN d'anciens animaux sont d'importants outils pour aborder ces questions.

La domestication semble avoir eu lieu dans au moins 12 régions de la planète (figure 3). Il est intéressant de noter que tous les centres de domestication ne sont pas étroitement associés à l'habitat original de nos espèces domestiques (voir figure 2). Si dans certains cas (par ex. le croissant fertile), les centres de domestication des cultures et de l'élevage sont interconnectés, dans d'autres cas, la domestication des cultures et des animaux

d'élevage semble s'être produite en grande mesure de façon indépendante. Tout en ayant encore des incertitudes sur l'existence de centres de domestication pour certaines espèces, les zones géographiques suivantes sont d'importants centres primaires d'origine et, par conséquent, de diversité des espèces d'élevage: la chaîne andine de l'Amérique du Sud (lama, alpaga, cobaye); l'Amérique centrale (dinde, canard de Barbarie); l'Afrique du Nord-Est (bovin, âne); l'Asie du Sud-Ouest, y compris le croissant fertile (bovin, mouton, chèvre, porc); la vallée de l'Hindou (bovin, chèvre, poule, buffle des rivières); l'Asie du Sud-Est (poule, vache de Bali); la Chine orientale (porc, poule, buffle des marais); le plateau de l'Himalaya (yak); et l'Asie du Nord (renne). En outre, la partie méridionale de la Péninsule arabe est considérée la région d'origine du dromadaire, tandis que le chameau bactrien pourrait avoir ses origines dans la région correspondant aujourd'hui à la République islamique d'Iran et le cheval viendrait des steppes eurasiennes.

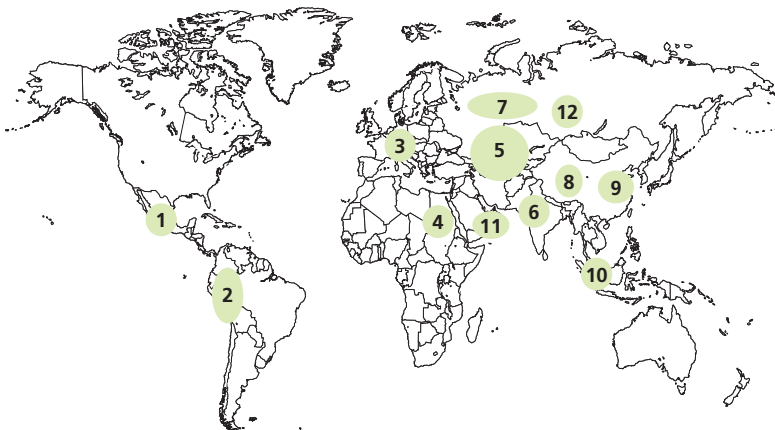
Si la domestication est survenue en plusieurs endroits, elle s'est également produite en des temps différents. La datation exacte des

domestications s'est toutefois démontrée particulièrement difficile. Les animaux qui subissaient le processus initial de domestication n'auraient pas été différents de façon significative de leurs ancêtres sauvages et les dates basées sur les marqueurs morphologiques sous-estiment sans aucun doute la période des domestications (Dobney et Larson, 2006). Le processus de datation moléculaire, tout en étant indépendant des changements morphologiques, est normalement caractérisé par des amples taux d'erreur et souvent se base sur des points de calibrage incertains. Les approches comprenant les techniques de profil démographique conçues pour identifier les premières tentatives de gestion des animaux par l'homme et le calibrage des montres moléculaires en utilisant les informations sur l'ADN ancien fournissent de nouvelles voies menant à la détermination des dates de la domestication (Zeder *et al.*, 2006).

Les nouvelles informations archéologiques et génétiques améliorent constamment notre compréhension des origines des espèces d'élevage. Le premier animal domestiqué a été le chien. Cela s'est produit il y a au moins 14 000 ans – l'animal

FIGURE 3

Principaux centres de domestication – relevant des renseignements archéologiques et de la génétique moléculaire



1) dinde 2) cobaye, lama, alpaga, 3) porc, lapin 4) bovin, âne 5) bovin, porc, chèvre, mouton, chameau bactrien 6) bovin, poule, buffle des rivières 7) cheval yak, 8) porc, buffle des marais, poule 10) poule, porc, vache de Bali 11) dromadaire 12) renne.

PARTIE 1

étant utilisé pour la chasse et le gardienage. Où la domestication initiale s'est produite n'est pas clair, mais plusieurs lignées maternelles ont été découvertes chez les chiens modernes – indiquant de multiples introgressions de leur ancêtre sauvage, le loup gris (*Canis lupus*) de l'ancien Monde. Les chiens domestiques n'ont apparemment pas été domestiqués de façon indépendante dans le Nouveau Monde, les lignées mitochondriales identifiées jusqu'à présent dans les Amériques étant d'origine européenne (Wayne *et al.*, 2006).

Les chèvres ont été domestiquées il y a au moins 10 000 ans dans les montagnes du Zagros du croissant fertile (Zeder et Hesse, 2000). Le bédard (*Capra aegragus*) a été probablement un des premiers ancêtres de la chèvre domestique, mais il est possible que d'autres espèces, comme *C. falconeri*, aient contribué au patrimoine génétique des espèces domestiques. Actuellement, cinq lignées maternelles mitochondriales distinctes ont été identifiées chez les chèvres domestiques (Luikart *et al.*, 2001; Sultana *et al.*, 2003; Joshi *et al.*, 2004). Une de ces lignées est prédominante du point de vue numérique et est présente partout dans le monde, tandis qu'une deuxième lignée semble être d'origine contemporaine. Elles reflètent probablement le processus primaire de domestication des chèvres dans le croissant fertile, là où les informations archéologiques suggèrent y avoir deux à trois zones de domestication (les montagnes Zagros, les montagnes Taurus, la vallée du Jordan). Les autres lignées sont plus limitées dans leur distribution géographique et pourraient correspondre à des domestications ou à des introgressions supplémentaires dans d'autres régions, y compris la vallée de l'Hindou (Fernández *et al.*, 2006).

Les moutons ont été aussi probablement domestiqués pour la première fois dans le croissant fertile, il y a environ entre 8 000 et 9 000 ans. Les informations archéologiques semblent indiquer deux emplacements indépendants de domestication des moutons en Turquie – la vallée supérieure de l'Euphrate, dans la région orientale de la Turquie, et l'Anatolie centrale (Peters *et al.*, 1999). Trois espèces de mouton

sauvage (l'urial, *Ovis vignei*; l'argali, *O. ammon*; et le mouflon eurasiens, *O. musinomorientalis*) ont été considérés les ancêtres du mouton domestique (Ryder, 1984) ou du moins avoir introgressé quelques races locales. Cependant, une étude génétique récente n'a indiqué aucune contribution de la part de l'urial ou de l'argali (Hiendleder *et al.*, 1998). Ce résultat soutient l'hypothèse selon laquelle le mouflon asiatique (*O. orientalis*), présent dans une vaste région s'étendant de la Turquie jusqu'au moins la République islamique d'Iran, est le progéniteur unique des moutons domestiques. Le mouflon européen (*O. musinomor*) est actuellement considéré un descendant du mouton sauvage. Quatre lignées maternelles principales d'ADN mitochondrial ont été enregistrées chez les moutons domestiques (Hiendleder *et al.*, 1998; Pedrosa *et al.*, 2005; Tapio *et al.*, 2006), dont une ou deux pourraient correspondre à des domestications distinctes et les autres à une introgression sauvage successive. Jusqu'à présent, aucune association claire n'a été décrite entre ces lignées d'ADN mitochondrial et les variétés phénotypiques des moutons (par ex. le mouton à queue grasse, à queue fine et à fesses grasses).

L'ancêtre du porc domestique est le sanglier (*Sus scrofa*). D'amples trouvailles zooarchéologiques indiquent que les porcs ont été domestiqués il y a environ 9 000 ans, au Proche-Orient. Les matériaux trouvés dans plusieurs sites en Anatolie orientale montrent les changements graduels survenus dans la morphologie et les profils démographiques des porcs au cours de plusieurs milliers d'années, fournissant la preuve du processus de domestication et de ses conséquences morphologiques. Les éléments archéologiques et génétiques indiquent un deuxième centre de domestication important en Asie de l'Est (Chine) (Guiffra *et al.*, 2000). Au moins 16 sous-espèces distinctes de sanglier ont été décrites en Eurasie et en Afrique du Nord et, probablement sans aucune surprise, une récente enquête sur la diversité de l'ADN mitochondrial parmi les porcs domestiques eurasiens et les sangliers a révélé un

cadre complexe de la domestication des porcs, comprenant au moins cinq ou six centres différents dans l'aire de distribution géographique des espèces sauvages (Larson *et al.*, 2005).

La domestication des bovins a été documentée de façon particulièrement détaillée, et indique clairement trois domestications initiales distinctes pour trois sous-espèces d'aurochs distinctes (*Bos primigenius*). Le *B. primigenius primigenius*, domestiqué dans le croissant fertile il y a environ 8 000 ans, et le *B. p. opisthonomus*, il y a au moins 9 000 ans, dans la région nord-orientale du continent africain (Wendorf et Schild, 1994), sont respectivement les ancêtres des bovins sans bosse *B. taurus* du Proche-Orient et d'Afrique. On croit actuellement que les zébus à bosse (*Bos indicus*) ont été domestiqués plus tard, il y a environ 7 000 ou 8 000 ans, dans la vallée de l'Hindou de l'actuel Pakistan (Loftus *et al.*, 1994; Bradley *et al.*, 1996; Bradley et Magee, 2006). Un quatrième centre de domestication a été récemment suggéré en Asie de l'Est (Mannen *et al.*, 2004), mais s'est-il produit de façon indépendante ou représente-t-il l'introgression des aurochs locaux dans les bovins originaires du Proche-Orient?

L'ancêtre du buffle domestique (*Bubalus bubalus*) est sans doute le buffle asiatique sauvage. Deux types principaux ont été reconnus, en se basant sur leurs phénotypes, leurs caryotypes et les études récentes sur l'ADN mitochondrial (Tanaka *et al.*, 1996): le buffle des rivières, dans le sous-continent Indien, au Proche et Moyen-Orient, et en Europe de l'Est, et le buffle des marais, en Chine et dans les pays de l'Asie du Sud-Est. Les deux types s'hybrident dans la région nord-orientale du sous-continent Indien. Ils ont été probablement domestiqués séparément. Les centres probables de domestication du buffle des rivières ont été la vallée de l'Hindou et/ou les vallées de l'Euphrate et du Tigre il y a environ 5 000 ans, et le buffle des marais a été domestiqué en Chine, il y a au moins 4 000 ans, avec l'émergence de la culture rizicole.

Le débat sur les dates et sur les emplacements de domestication du cheval (*Equus caballus*) est encore en cours. L'ancêtre du cheval domestique

a disparu. Deux espèces ont été considérées comme les ancêtres sauvages – le cheval tarpan (*E. ferus*) et le cheval de Przewalski (*E. przewalskii*). Le cheval de Przewalski, même si étroitement lié à l'ancêtre sauvage, n'est probablement pas le progéniteur direct des espèces domestiques (Olsen *et al.*, 2006; Vilà *et al.*, 2006). Il est difficile d'évaluer si les restes archéologiques relèvent du cheval sauvage ou domestique. Des preuves substantielles repérées au nord du Kazakhstan (culture Botai) soutiennent la thèse selon laquelle les chevaux ont été domestiqués dans cette région au cours de l'Âge du cuivre entre 3700 et 3100 avant J.-C. (Olsen, 2006). Des études moléculaires récentes indiquent que la diversité du cheval du côté maternel provient probablement de plusieurs populations dans différentes régions géographiques. Cependant, les données à disposition ne sont pas concluantes pour trancher sur le fait qu'il y aurait eu une seule domestication et une introgression successive ou des domestications indépendantes multiples (Vilà *et al.*, 2001; Jansen *et al.*, 2002).

Contrairement au cheval, la domestication de l'âne (*Equus asinus*) semble avoir suivi un processus beaucoup plus simple. Les études sur l'ADN mitochondrial ont confirmé l'origine africaine de l'âne domestique et ont exclu l'âne sauvage asiatique comme possible progéniteur (Beja-Pereira *et al.*, 2004). Deux lignées mitochondriales suggèrent deux domestications. La première est étroitement liée à l'âne sauvage de Nubie (*E. asinus africanus*), qui vit encore aujourd'hui à l'état sauvage dans le Soudan nord-oriental, près de la mer Rouge. La seconde montre des affinités avec l'âne sauvage de Somalie (*E. asinus somaliensis*). L'âne aurait donc une origine africaine, même si la domestication dans une région voisine (péninsule arabe ou croissant fertile) ne peut pas être exclue. Les éléments archéologiques repérés en Egypte suggèrent un centre africain de domestication de l'âne et une date de domestication se plaçant entre 6 000 et 6 500 ans (Clutton-Brock, 1999).

Le yak domestique (*Poephagus grunniens*) est endémique de l'Asie centrale et adapté aux environnements froids et montagneux. L'élevage

PARTIE 1

des yaks est répandu dans les hauts-plateaux de l'Asie centrale et, grâce à son introduction, l'occupation durable de toute l'année des régions se trouvant aux plus grandes altitudes du plateau de l'Himalaya a été possible. Il pourrait être lié à l'établissement des populations tibétaines-birmanaises dans cette région. Actuellement, on peut encore trouver des yaks sauvages (*P. mutus*) sur le Qinghai-plateau tibétain, mais ils pourraient avoir été largement introgressés avec le yak domestique marronisé. Trois lignées d'ADN mitochondrial ont été identifiées. Cependant, les distributions géographiques similaires de la diversité d'ADN mitochondrial suggèrent une domestication unique dans la partie orientale du Qinghai-plateau tibétain plutôt que des domestications multiples (Qi, 2004; Guo *et al.*, 2006). Des études moléculaires indiquent également que la diffusion de yaks domestiques a suivi deux routes migratoires différentes en partant du centre de domestication: le yak a atteint le «Pamir Knot» suivant une route en direction occidentale en passant par l'Himalaya et les montagnes Kunlun; et a atteint la Mongolie et ce qui est aujourd'hui la Fédération de Russie, suivant une route en direction nord en passant par le sud du désert de Gobi et les montagnes de l'Altaï (Qi *et al.*, en imprimerie).

De même que pour le yak, la domestication du renne (*Rangifer tarandus*) a permis aux communautés pastorales de s'installer dans des habitats largement non adaptés à l'élevage. La connaissance sur la domestication du renne est très limitée. Le renne sauvage a probablement été la dernière espèce de mammifères à être domestiquée. Les éléments archéologiques les plus anciens de la domestication du renne ont été découverts dans les montagnes de l'Altaï en Sibérie et ont été datés à environ il y a 2 500 ans; ils indiquent qu'à cette époque, on montait les rennes (Skjenneberg, 1984). Il n'existe aucune information fiable sur les façons dont la domestication du renne a atteint l'Europe; elle aurait pu se développer de façon indépendante en Scandinavie ou être adoptée par les peuples

scandinaves grâce aux contacts de communautés de pasteurs du nord de l'Eurasie. On croit que l'élevage des rennes a été développé parmi les Scandinaves vers 1600 après J.-C.. Le renne sauvage est connu sous le nom de caribou en Amérique du Nord; il n'a jamais été domestiqué dans ce continent (Clutton-Brock, 1999).

La domestication du chameau bactrien (*Camelus bactrianus*) aurait pu se produire dans la région qui est actuellement la République islamique d'Iran ou, plus à l'est, dans le Kazakhstan du sud, la Mongolie du nord-ouest ou la Chine du nord (Bulliet, 1975; Peters et von den Driesch, 1997). La première preuve de domestication des chameaux bactriens provient du site de Sahr-i Sokta, dans la région centrale de la République islamique d'Iran, où ont été découverts des os de chameaux, du fumier et des fibres datant d'environ 2600 avant J.-C. (Compagnoni et Tosi, 1978).

Des études génétiques récentes indiquent que les populations de chameau sauvage (*C. ferus*) du désert de Gobi, qui ont hybridé avec succès avec les espèces domestiques, ne sont probablement pas les ancêtres maternels directs des chameaux domestiques ou sauvages (Jianlin, *et al.*, 1999). A présent, l'ancêtre sauvage du dromadaire à une bosse (*C. dromedarius*) a disparu. La domestication des espèces a probablement débuté il y a environ 5 000 ans, dans la partie sud-orientale de la péninsule arabe.

L'origine des camélidés de l'Amérique du Sud est à présent connue, le guanaco (*Lama guanicoe*) et la vigogne (*Vicugna vicugna*) étant respectivement les espèces ancêtres du lama domestique (*Lama glama*) et de l'alpaga (*Vicugna pacos*) (Kadwell *et al.*, 2001). Les éléments archéozoologiques suggèrent que les Andes péruviennes centrales sont le centre d'origine de l'alpaga, il y a environ 6 000/7 000 ans. Le lama a été probablement domestiqué au cours de la même période dans les Andes, autour du lac Titicaca. Des introgressions à grande échelle entre les deux espèces domestiques ont été révélées (Wheeler *et al.*, 2006) – un processus d'hybridation continue commencé probablement avec la conquête espagnole qui a

Cadre 3 L'histoire de l'élevage en Afrique

L'histoire de l'élevage en Afrique a été jusqu'à récemment controversée et peu comprise. Cependant, l'analyse des marqueurs génétiques des populations d'animaux autochtones provenant de toutes les régions du continent a révélé les événements principaux de l'histoire de l'élevage en Afrique (figure 4). Les premiers bovins africains ont leur origine dans le continent probablement il y a environ 8 000 ans. Le ou les centres de domestication restent inconnus, mais les informations archéologiques suggèrent qu'elle aurait pu se produire dans la partie nord-orientale du continent (Wendorf et Schild, 1994). Ces premiers bovins africains étaient des *Bos taurus* sans bosse. Au début, ils se sont diffusés vers le nord et vers le sud aux limites des forêts pluviales tropicales. A présent, les seuls descendants vivants de ces bovins sont les races tolérantes au trypanosome de l'Afrique de l'Ouest (par ex. les N'dama et les Baoulé), les Kuri et la race Sheko de l'Éthiopie. Toutes ces populations sont actuellement croisées de façon intensive avec les zébus (*Bos indicus*), et leur composition génétique unique est en train de disparaître par des mélanges génétiques déséquilibrés entre populations.

Les zébus sont arrivés en Afrique beaucoup plus tard. La première preuve de la présence de bovins à bosse est fournie par les peintures d'un tombeau égyptien de la douzième dynastie du deuxième millénaire avant J.-C. Ces animaux ont probablement été portés en Égypte en nombre limité comme trésor de guerre et, par conséquent, ne sont pas associables à leur présence postérieure en Afrique. Cependant,

on croit que les zébus étaient présents en petites quantités dans la partie orientale du continent, probablement il y a 2 000 ans déjà, après les premiers contacts avec le monde arabe ou grâce au commerce maritime intercontinental. Après cette arrivée, la première introgression des gènes de zébu a eu lieu avec les bovins taurins d'Afrique. La vague principale d'introductions de zébus s'est probablement vérifiée lors des établissements arabes le long de la côte orientale de l'Afrique, autour du VII^e siècle après J.-C. La plus importante diffusion interne de zébus a probablement suivi le mouvement des pasteurs (par ex. Fulani à travers du Sahel) et a été certainement accélérée par l'épidémie de peste bovine à la fin du XIX^e siècle.

L'Afrique du Sud a été la dernière partie du continent à avoir un système d'élevage pastoral de bovins. Les données génétiques excluent un mouvement d'animaux provenant de la partie occidentale du continent. Il semble que les troupeaux se soient dispersés vers le sud, en provenant de la région des Grands-Lacs qui, il y a 2 000 ans, était le site noyau des Bantous de l'est. Ces fermiers sont ensuite entrés en contact avec les chasseurs-cueilleurs San qui leur ont pris des animaux. Les influences du centre de domestication du Proche-Orient sont actuellement visibles dans les parties nord-est, nord-ouest et sud du continent. Cette dernière est probablement le résultat d'un établissement de fermiers européens dans cette région du continent.

Adapté de Hanotte *et al.* (2002).

détruit les structures d'élevage traditionnelles et la gestion des deux espèces.

L'ancêtre des vaches de Bali est le banteng (*Bos javanicus*), dont trois sous-espèces ont été reconnues en danger. En fait, la domestication de l'espèce ne s'est pas produite sur l'île de Bali où il n'y a aucune évidence de la présence de l'ancêtre sauvage. Les espèces auraient pu être domestiquées à Java et/ou dans la péninsule

indo-chinoise. L'introgression du *B. taurus* et du *B. indicus* a été découverte chez la vache de Bali et sa base génétique a été insérée dans plusieurs races de bovins d'Asie du Sud-Est, suggérant que les espèces domestiques avaient autrefois une distribution plus élargie que celle d'aujourd'hui (Felix, 1995).

L'ancêtre du mithan (*B. frontalis*) est le gaur (*B. gaurus*). Comme pour les vaches de Bali, le

PARTIE 1

centre de domestication des espèces n'est pas connu. Des fouilles archéologiques dans la région nord-orientale de la Thaïlande (Non Nok Tha) suggèrent que les deux espèces auraient pu être domestiquées, il y a au moins 7 000 ans (Higham (1975) dans Felius, 1995).

Les poules domestiques (*Gallus domesticus*) descendent de la poule de jungle (*Gallus gallus*), avec cinq sous-espèces progénitrices possibles. Alors que les études moléculaires précédentes suggéraient une origine domestique unique en Asie du Sud-Est (Thaïlande) (Fumihito *et al.*, 1994; 1996), au moins six lignées génétiques maternelles ont été identifiées (Liu *et al.*, 2006), suggérant ainsi plus d'un centre de domestication. Les informations archéologiques indiquent un centre de domestication des poules près de la vallée de l'Hindou, il y a 5 000 ans, et un autre en Chine orientale il y a au moins 7 500 à 8 000 ans (West et Zhou, 1988).

4 Distribution géographique des animaux domestiqués

Si le processus de domestication a été le point de départ du développement de la diversité actuelle des animaux, l'ultérieure diffusion et migration des espèces domestiquées sur les cinq continents ont été également importantes. Ces processus ont joué un rôle clé dans l'émergence de la distribution géographique actuelle de la diversité des animaux d'élevage. Les facteurs principaux à la base de la première distribution des espèces d'élevage ont été l'agriculture, le commerce et la conquête militaire.

Les mécanismes exacts de l'expansion agricole sont encore débattus. Le processus a probablement été différent selon les régions (Diamond et Bellwood, 2003). Il impliquait certainement les mouvements des populations humaines et les échanges culturelles entre les populations – comme l'a montré l'adoption de l'agriculture par plusieurs sociétés de chasseurs-cueilleurs. Les expansions agricoles importantes comprennent celle du Néolithique lorsque

les bovins, les moutons et les chèvres ont été introduits en Europe et peuvent avoir entraîné la domestication du sanglier. Le bétail domestiqué a suivi deux voies principales distinctes vers l'Europe – la voie danubienne et la voie méditerranéenne (Bogucki, 1996; Cymbron *et al.*, 2005).

L'expansion des Bantous, commencée environ 2000 ans avant J.-C., a été un événement fondamental dans l'histoire de l'Afrique et a été probablement responsable de l'adoption de l'élevage (bovins, moutons et chèvres) par les populations Khoisan de la région de l'Afrique australe (Hanotte *et al.*, 2002) (cadre 3). Les origines des porcs et des poules autochtones du continent africain restent toutefois largement non documentées.

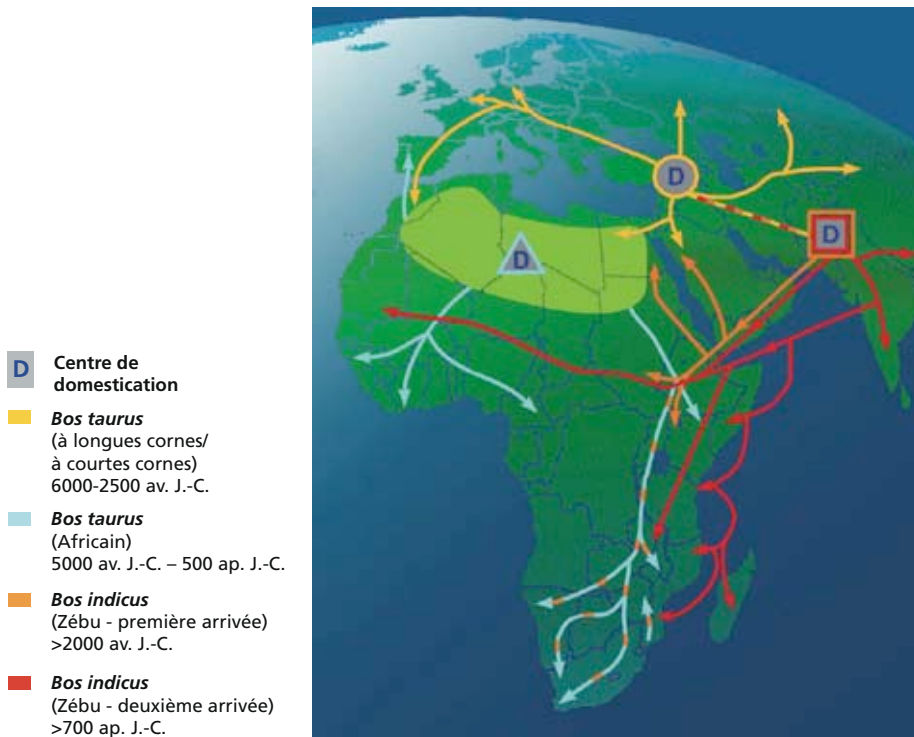
La colonisation européenne de l'Amérique a ramené des bovins, des moutons, des chèvres, des porcs, des chevaux et des poules au Nouveau Monde. Dans le cas des bovins, il existe une preuve génétique de quelques ancêtres africains (Liron *et al.*, 2006), probablement un legs du commerce des esclaves entre les deux continents.

En Asie, l'arrivée des animaux domestiques dans l'archipel japonais a probablement suivi l'établissement de fermiers d'origine coréenne autour de 400 ans avant J.-C, mais des influences anciennes d'autres zones géographiques sont également possibles. Dans la région du Pacifique, les porcs et les poules se sont dispersés dans la Polynésie occidentale entre 900 et 700 ans avant J.-C. et la successive expansion polynésienne a conduit ces espèces jusqu'à Rapa Nui (île de Pâques) avant 900 ans après J.-C.

Au-delà des migrations des hommes, les anciens réseaux du commerce par voie terrestre ont joué un rôle important dans la distribution géographique des espèces. La domestication des animaux a facilité un commerce terrestre à grande échelle entre les civilisations, et les animaux étaient eux-mêmes souvent un produit du commerce. Les espèces principales d'animaux utilisés comme bêtes de somme dans l'Ancien Monde étaient l'âne, le cheval, le dromadaire et le chameau bactrien et, en Amérique du Sud, le lama. On croit que la domestication du cheval a facilité

FIGURE 4

Origines et voies de migration des bovins domestiques en Afrique



Source: Unité graphique, ILRI (2006).

l'expansion militaire des pasteurs nomades dans la steppe eurasiennne et la successive diffusion de cette espèce dans l'Ancien Monde. Les chameaux bactériens étaient également partiellement utilisés dans la guerre (Clutton-Brock, 1999), et les dromadaires ont joué un rôle important dans l'expansion de la civilisation arabe.

Il y a de plus en plus de preuves concernant l'importance des anciennes voies de commerce maritimes dans la distribution géographique des animaux. Par exemple, des études récentes de génétique moléculaire chez les bovins ont révélé que les zébus ont été introduits en Afrique en passant par l'océan Indien plutôt que par voie terrestre par l'isthme de Suez ou la péninsule

Arabe (Hanotte *et al.*, 2002; Freeman *et al.*, 2006). De façon similaire, les informations archéologiques et génétiques suggèrent que le pastoralisme dans le bassin méditerranéen a suivi non seulement des voies terrestres le long des côtes, mais également des voies maritimes (Zilhão, 2001; Beja-Pereira *et al.*, 2006).

On peut s'attendre à une perte de la diversité suite à la distribution géographique et aux mouvements des populations d'animaux d'élevage à partir de leurs centres d'origine. Cependant, les marqueurs moléculaires ont révélé un tableau plus complexe, où par exemple les mouvements ont donné lieu à un accroissement de la diversité suite à des mélanges génétiques entre des populations

PARTIE 1

provenant de centres de domestication différents. De plus, des études moléculaires détaillées indiquent non seulement que le croisement entre populations d'animaux d'élevage était répandu, mais également que l'introgression génétique des populations d'animaux sauvages a eu lieu après des domestications initiales. Lorsque ces introgressions sauvages se sont produites en dehors de la zone géographique d'origine de l'espèce et après sa distribution initiale, elles pourraient donner lieu à des populations génétiques localisées avec un contexte génétique unique, comme l'introgression locale des aurochs dans les bovins européens (Götherström *et al.*, 2005; Beja-Pereira *et al.*, 2006) et probablement dans les bovins asiatiques (Mannen *et al.*, 2004).

La découverte du schéma géographique et de l'histoire de la diffusion des animaux d'élevage est à la base de l'identification des zones géographiques présentant une diversité élevée qui pourraient être des zones potentiellement prioritaires pour les activités de conservation. Ceci requiert un travail approfondi de cartographie de la diversité génétique. Jusqu'à présent, très peu d'études ont été entreprises dans ce domaine. Cependant, une récente étude sur les bovins en Europe, en Afrique et en Asie de l'Ouest indique que la diversité la plus élevée a été découverte dans les régions où se sont produits les mélanges génétiques entre populations de différents centres de domestication (Freeman *et al.*, 2006). Une enquête approfondie sur la diversité des chèvres en Europe et au Proche et Moyen-Orient indique clairement une partition géographique de la diversité des chèvres, expliquant une grande partie de la diversité génétique interrassiale par leurs origines géographiques (Cañón *et al.*, 2006).

De nos jours, le mouvement local, régional et transcontinental des génotypes des animaux d'élevage est de plus en plus rapide à cause du développement et de la commercialisation de races à haut rendement, des nouvelles technologies de sélection et de la demande accrue en produits de l'élevage. Cette diffusion moderne, essentiellement limitée à quelques

racés, et impliquant presque uniquement les transferts des pays développés vers les pays en développement représente une des menaces les plus graves pour la conservation et l'utilisation des ressources zoogénétiques indigènes (voir section C pour de plus amples renseignements sur les flux génétiques actuels).

5 Transformations des animaux d'élevage suite à la domestication

La mutation, la sélection et l'adaptation ont formé la diversité des populations d'animaux d'élevage. Le processus de domestication a abouti à plusieurs changements dont certains sont probablement encore en cours. Les changements morphologiques ont été particulièrement importants. Les animaux domestiques sont généralement plus petits que leurs ancêtres sauvages (seule exception, les poules). Les animaux plus petits sont plus faciles à gérer et à manipuler, ils peuvent atteindre la puberté plus tôt et les grands troupeaux sont plus faciles à élever (Hall, 2004). Les petits bovins de l'Afrique de l'Ouest, les moutons et les chèvres naines sont des exemples extrêmes de la réduction de la taille, probablement le résultat de goulots d'étranglement génétique à la suite de l'adaptation à l'environnement tropical humide et aux défis liés aux maladies parasitaires. Dans quelques cas, la sélection de l'homme a produit délibérément des différences extrêmes de la taille – comme dans le cas du petit poney Shetland et du grand cheval Shire (Clutton-Brock, 1999).

La conformation physique des animaux domestiques peut également être différente de celle des ancêtres sauvages – s'adaptant, par exemple, pour satisfaire la demande en produits à base de viande (par ex. les races à viande européennes) ou aux nouvelles pressions environnementales (par ex. les chèvres du Sahel). La sélection relative à la masse musculaire a souvent créé un accroissement musculaire des quartiers postérieurs relatifs aux épaules (Hall, 2004). Un exemple extrême de la sélection de la

masse musculaire est l'hypertrophie musculaire observée chez certains bovins à viande européens et chez certaines races de moutons et de porcs. Chez les bovins, le caractère provient de la mutation d'un seul gène, la myostatine (Grobet *et al.*, 1998); chez les moutons, du gène callipyge (Cockett *et al.*, 2005).

L'accumulation de gras montre également des changements survenus après la domestication. Par exemple, la diminution de la prédation a favorisé l'accumulation de gras chez les poules domestiques. Chez les mammifères domestiqués, la bosse du zébu et les queues des moutons à queue grasse et des moutons à fesses grasses sont des exemples impressionnants de la sélection liée à l'accumulation de gras. Cette accumulation exagérée peut être assez ancienne, puisque les moutons à queue grasse étaient déjà répandus en Asie de l'Ouest 3000 ans avant J.-C. et les bovins à bosse trouvés sur les sceaux cylindriques des anciennes civilisations de Mohenjo-Daro et Harappa, dans la vallée de l'Hindou, datent de 2500 et 1500 ans avant J.-C. (Clutton-Brock 1999).

De grandes différences sont visibles dans les pelages de la plupart des espèces domestiques. Par exemple, les races de moutons des régions alpines ont des pelages particulièrement épais, tandis que les races du Sahel africain ont très peu de laine. Ces changements sont probablement le résultat de mutations suivies d'une sélection dirigée, peut-être déjà 6000 ans avant J.-C., comme l'indique une statuette d'un mouton laineux trouvée en République islamique d'Iran (Clutton-Brock, 1999).

La couleur du pelage et du plumage a été aussi sélectionnée par l'environnement, les animaux à couleurs claires étant plus adaptés aux environnements chauds et les animaux à couleurs foncées aux environnements plus froids (Hall, 2004). Les couleurs du pelage ont été également influencées par la sélection culturelle. Les éleveurs des pays développés préfèrent souvent l'uniformité dans la couleur de la robe mais, aux tropiques, la diversité des couleurs est préférée pour des raisons cérémoniales ou simplement

pour faciliter l'identification des animaux, comme chez les bovins Nguni des populations zoulous (Poland *et al.*, 2003).

Il est important de comprendre que l'adaptation locale, la sélection humaine et/ou naturelle ne réduiront pas forcément la variation génétique ou la diversité fonctionnelle d'une population d'animaux d'élevage. Par exemple, la sélection naturelle peut favoriser la diversité d'adaptation des troupeaux détenus dans des environnements en voie de changement (par ex., le changement climatique). Une étude récente sur la diversité génétique des six protéines du lait les plus importantes chez les bovins a révélé une diversité plus élevée dans une zone géographique relativement limitée de l'Europe du Nord, la pression à la sélection imposée par les premiers pasteurs (qui buaient du lait) étant l'explication la plus probable (Beja-Pereira *et al.*, 2003).

6 Conclusions

La compréhension des origines, de l'histoire et de l'évolution ultérieures de la diversité des ressources zoogénétiques est essentielle si l'on veut concevoir des stratégies durables pour leur conservation et pour leur utilisation. La diversité des animaux d'élevage provient des ancêtres sauvages et a été successivement façonnée par les processus de mutation, par la dérive génétique et par la sélection humaine et naturelle. Une partie seulement de la diversité des espèces ancestrales a survécu chez les descendants domestiques. Cependant, la diversité des animaux d'élevage domestiques a sans cesse évolué. Le remaniement des gènes à chaque génération, la mutation et le croisement ou le mélange de différents fonds génétiques ont offert de nouvelles possibilités à la sélection naturelle et humaine, ce qui a permis d'obtenir les énormes gains de rendement des races commerciales et l'adaptation des animaux indigènes à des environnements très différents et difficiles.

PARTIE 1

Cependant, la diversité des animaux d'élevage dans le monde est en diminution – avec une perte rapide et incontrôlée de ressources génétiques uniques et souvent non caractérisées. Si une race ou une population disparaît, ses attributs uniques d'adaptation, souvent contrôlés par l'interaction de plusieurs gènes et provenant d'interactions complexes entre le génotype et l'environnement, sont également perdus.

Références

- Beja-Pereira, A., Caramelli, D., Lalueza-Fox, C., Vernesi, C., Ferrand, N., Casoli, A., Goyache, F., Royo, L.J., Conti, S., Lari, M., Martini, A., Ouragh, L., Magid, A., Atash, A., Zsolnai, A., Boscato, P., Triantaphylidis, C., Ploumi, K., Sineo, L., Mallegni, F., Taberlet, P., Erhardt, G., Sampietro, L., Bertranpetit, J., Barbujani, G., Luikart, G. et Bertorelle, G. 2006. The origin of European cattle: evidence from modern and ancient DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 103(21): 8113–8118.
- Beja-Pereira, A., England, P.R., Ferrand, N., Jordan, S., Bakhiet, A.O., Abdalla, M.A., Maskour, M., Jordana, J., Taberlet, P. et Luikart, G. 2004. African origin of the domestic donkey. *Science*, 304(5678): 1781.
- Beja-Pereira, A., Luikart, G., England, P.R., Bradley, D.G., Jann, O.C., Bertorelle, G., Chamberlain, A.T., Nunes, T.P., Metodiev, S., Ferrand, N. et Erhardt, G. 2003. Gene-culture coevolution between cattle milk protein genes and human lactase genes. *Nature Genetics*, 35(4): 311–313.
- Bogucki, P. 1996. The spread of early farming in Europe. *American Science*, 84: 242–253.
- BOSTID. 1991. *Microlivestock: little-known small animals with a promising economic future*. Washington DC. National Academic Press.
- Bradley, D.G., MacHugh, D.E., Cunningham, P. et Loftus, R.T. 1996. Mitochondrial DNA diversity and the origins of African and European cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 93(10): 5131–5135.
- Bradley, D.G. et Magee, D. 2006. Genetics and the origins of domestic cattle. Dans M.A. Zeder, E. Emshwiller, B.D. Smith et D.G. Bradley, eds. *Documenting domestication: new genetics and archaeological paradigm*, pp. 317–328. Californie, Etats-Unis d'Amérique. University of California Press.
- Bruford, M.W., Bradley, D.G. et Luikart, G. 2003. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Reviews Genetics*, 4(11): 900–909.
- Bulliet, R.W. 1975. *The Camel and the wheel*. Massachusetts, Etats-Unis d'Amérique. Harvard University Press.
- Cañón, J., Garcia, D., Garcia-Atance, M.A., Obexer-Ruff, G., Lenstra, J. A., Ajmone-Marsan, P., Dunner, S. et the ECONOGENE Consortium. 2006. Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Animal Genetics*, 37(4), 327–334.
- Clutton-Brock, J. 1999. *A natural history of domesticated mammals*. 2nd Edition. Cambridge, Royaume-Uni. Cambridge University Press.
- Cockett, N.E., Smit, M.A., Bidwell, C.A., Segers, K., Hadfield, T.L., Snowden, G.D., Georges, M. et Charlier, C. 2005. The callipyge mutation and other genes that affect muscle hypertrophy in sheep. *Genetic Selection and Evolution*, 37(Suppl 1): 65–81.
- Compagnoni, B. et Tosi, M. 1978. The camel: its distribution and state of domestication in the Middle East during the third millennium B.C. in light of finds from Shahr-i Sokhta. Dans R.H. Meadow, et M.A Zeder, eds. *Approaches to faunal analysis in the Middle East*. Peabody Museum Bulletin 2, pp. 91–103. Cambridge MA, Etats-Unis d'Amérique. Peabody Museum.

- Cymbron, T., Freeman, A.R., Malheiro, M.I., Vigne, J.-D. et Bradley, D.G. 2005. Microsatellite diversity suggests different histories for Mediterranean and Northern European cattle populations. *Proceedings of the Royal Society of London B*, 272: 1837–1843.
- Diamond, J. 1999. *Guns, germs and steel: the fates of human societies*. New York, Etats-Unis d'Amérique. Norton.
- Diamond, J. 2002. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature*, 418: 700–707.
- Diamond, J. et Bellwood, P. 2003. Farmers and their languages: the first expansions. *Science*, 300: 597–603.
- Dobney, K. et Larson, G. 2006. Genetics and animal domestication: new windows on an elusive process. *Journal of Zoology*, 269: 261–271.
- FAO. 2005. Genetic characterization of livestock populations and its use in conservation decision making, par O. Hannotte et H. Jianlin. Dans J. Ruane et A. Sonnino, eds. *The role of biotechnology in exploring and protecting agricultural genetic resources*, pp. 89–96. Rome. (également disponible à l'adresse Internet www.fao.org/docrep/009/a0399e/a0399e00.htm)
- Felius, M. 1995. *Cattle breeds – an encyclopedia*. Doetinchem, Pays-Bas. Misset.
- Fernández, H., Hughes, S., Vigne, J.-D., Helmer, D., Hodgins, G., Miquel, C., Hänni, C., Luikart, G. et Taberlet, P. 2006. Divergent mtDNA lineages of goats in an early Neolithic site, far from the initial domestication areas. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 103(42): 15375–15379.
- Freeman, A.R., Bradley, D.G., Nagda, S., Gibson, J.P. et Hanotte, O. 2006. Combination of multiple microsatellite datasets to investigate genetic diversity and admixture of domestic cattle. *Animal Genetics*, 37(1): 1–9.
- Fumihito, A., Miyake, T., Sumi, S., Takada, M., Ohno, S. et Kondo, N. 1994. One subspecies of the red junglefowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 91(26): 12505–12509.
- Fumihito, A., Miyake, T., Takada, M., Shingu, R., Endo, T., Gojobori, T., Kondo, N. et Ohno, S. 1996. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 93(13): 6792–6795.
- Götherström, A., Anderung, C., Hellborg, C., Elburg, R., Smith, C., Bradley, D.G. et Ellegren, H. 2005. Cattle hybridization in the Near East was followed by hybridization with auroch bulls in Europe. *Proceedings of the Royal Society of London B*, 272: 2345–2350.
- Grobet, L., Poncelet, D., Royo, L.J., Brouwers, B., Pirottin, D., Michaux, C., Menissier, F., Zanotti, M., Dunner, S. et Georges, M. 1998. Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle. *Mammalian Genome*, 9(3): 210–213.
- Guiffra, E., Kijas, J.M.H., Amarger, V., Calborg, Ö., Jeon, J.T. et Andersson, L. 2000. The origin of the domestic pigs : independent domestication and subsequent introgression. *Genetics*, 154(4): 1785–1791.
- Guo, S., Savolainen, P., Su, J., Zhang, Q., Qi, D., Zhou, J., Zhong, Y., Zhao, X. et Liu, J. 2006. Origin of mitochondrial DNA diversity in domestic yak. *BMC Evolutionary Biology*, 6: 73.
- Hall, S.J.G. 2004. *Livestock biodiversity: genetic resources for the farming of the future*. Oxford, Royaume-Uni. Blackwell Science Ltd.
- Hanotte, O., Bradley, D.G., Ochieng, J., Verjee, Y., Hill, E.W. et Rege, J.E.O. 2002. African pastoralism: genetic imprints of origins and migrations. *Science*, 296(5566): 336–339.

PARTIE 1

- Hanotte, O. et Mensah, G.A. 2002. Biodiversity and domestication of 'non-conventional' species: a worldwide perspective. *Seventh World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 19–23 août 2002, Montpellier, France. 30: 543–546.
- Hanotte, O., Toll J., Iniguez L. et Rege, J.E.O. 2006. Farm animal genetic resources: Why and what do we need to conserve. *Proceeding of the IPGRI–ILRI–FAO–CIRAD workshop: Option for in situ and ex situ conservation of AnGR*, 8–11 novembre 2005, Montpellier, France.
- Hiendleder, S., Mainz, K., Plante, Y. et Lewalski, H. 1998. Analysis of mitochondrial DNA indicates that the domestic sheep are derived from two different ancestral maternal sources: no evidences for the contribution from urial and argali sheep. *Journal of Heredity*, 89: 113–120.
- Higham, C. 1975. *Non Nok Tha, the funeral remains from the 1966 and 1968 excavations at Non Nok Tha Northeastern Thailand*. Studies in Prehistoric Anthropology Volume 6. Otago, Nouvelle-Zélande. University of Otago.
- Jansen, T., Foster, P., Levine, M.A., Oelke, H., Hurler, M., Renfrew, C., Weber, J. et Olek, K. 2002. Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. *Proceedings of the National Academy of Science USA*, 99(16): 10905–10910.
- Jianlin H., Quau J., Men Z., Zhang Y. et Wang W. 1999. Three unique restriction fragment length polymorphisms of *EcoR* I, *Pvu* II and *Sca* I digested mitochondrial DNA of wild Bactrian camel (*Camelus bactrianus ferus*) in China. *Journal of Animal Science*, 77: 2315–2316.
- Joshi, M.B., Rout, P.K., Mandal, A.K., Tyler-Smith, C., Singh, L. et Thangaraj, K. 2004. Phylogeography and origins of Indian domestic goats. *Molecular Biology and Evolution*, 21(3): 454–462.
- Kadwell, M., Fernández, M., Stanley, H.F., Baldi, R., Wheeler, J.C., Rosadio, R. et Bruford, M.W. 2001. Genetic analysis reveals the wild ancestors of the llama and alpaca. *Proceedings of the Royal Society of London B*, 268: 2675–2584.
- Larson, G., Dobney, K., Albarella, U., Fang, M., Matisoo-Smith, E., Robins, J., Lowden, S., Finlayson, H., Brand, T., Willerslev, E., Rowley-Conwy, P., Andersson, L. et Cooper, A. 2005. Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science*, 307(5715): 1618–1621.
- Liron, J.P., Bravi, C.M., Mirol, P.M., Peral-Garcia, P. et Giovambattista, G. 2006. African matrilineages in American Creole cattle: evidence of two independent continental sources. *Animals Genetics*, 37(4): 379–382.
- Liu, Y.P., Wu, G.-S., Yao, Y.G., Miao, Y.W., Luikart, G., Baig, M., Beja-Pereira, A., Ding, Z.L., Palanichamy, M.G. et Zhang, Y.-P. 2006. Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 38(1): 12–19.
- Loftus, R.T., MacHugh, D.E., Bradley, D.G., Sharp, P.M. et Cunningham, P. 1994. Evidence for two independent domestication of cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 91(7): 2757–2761.
- Luikart, G.L., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J.-D., Bouvet, J. et Taberlet, P. 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 98(10): 5927–5930.
- Mannen, H., Kohno, M., Nagata, Y., Tsuji, S., Bradley, D.G., Yeao, J.S., Nyamsamba, D., Zagdsuren, Y., Yokohama, M., Nomura, K. et Amano, T. 2004. Independent mitochondrial DNA origin and historetical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, 32(2): 539–544.

- Mignon-Grasteau, S., Boissy, A., Bouix, J., Faure, J.-M., Fisher, A.D., Hinch, G.N., Jensen, P., Le Neindre, P., Mormède, P., Prunet, P., Vandeputte, M. et Beaumont, C. 2005. Genetics of adaptation and domestication in livestock. *Livestock Production Science*, 93(1): 3–14.
- Olsen, S.L. 2006. Early horse domestication on the Eurasian steppe. Dans M.A. Zeder, E. Emshwiller, B.D. Smith et D.G. Bradley, eds. *Documenting domestication: new genetics and archaeological paradigms*, pp. 245–269. Californie, Etats-Unis d'Amérique. University of California Press.
- Pedrosa, S., Uzun, M., Arranz, J.J., Gutiérrez-Gil, B., San Primitivo, F. et Bayon, Y. 2005. Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. *Proceedings of the Royal Society of London B*, 272(1577): 2211–2217.
- Peters, J., Helmer, D., von den Driesch, A. et Segui, S. 1999. Animal husbandry in the northern Levant. *Paléorient*, 25: 27–48.
- Peters, J. et von den Driesch, A. 1997. The two-humped camel (*Camelus bactrianus*): new light on its distribution management and medical treatment in the in the past. *Journal of Zoology*, 242: 651–679.
- Poland, M., Hammond-Tooke, D. et Leigh, V. 2003. *The abundant herds: a celebration of the cattle of the Zulu people*. Vlaeberg, Afrique du Sud. Fernwood Press.
- Qi, X. 2004. *Genetic diversity, differentiation and relationship of domestic yak populations: a microsatellite and mitochondrial DNA study*. Université de Lanzhou, Chine. (Thèse de PhD)
- Ryder, M.L. 1984. Sheep. Dans I.L. Mason, ed. *Evolution of domesticated animals*, pp. 63–65. Londres. Longman.
- Skjenneberg, S. 1984. Reindeer. Dans I.L. Mason, ed. *Evolution of domesticated animals*, pp. 128–138. Londres. Longman.
- Sultana, S., Mannen, H. et Tsuji, S. 2003. Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats. *Animal Genetics*, 34(6): 417–421.
- Tanaka, K., Solis, C.D., Masangkay, J.S., Maeda, K., Kawamoto, Y. et Namikawa, T. 1996. Phylogenetic relation among all living species of the genus *Bubalus* based on DNA sequences of the cytochrome B gene. *Biochemical Genetics*, 34(11–12): 443–452.
- Tapio, M., Marzanov, N., Ozerov, M., Činkulov, M., Gonzarenko, G., Kiselyova, T., Murawski, M., Viinalass, H. et Kantanen, J. 2006. Sheep mitochondrial DNA in European Caucasian and Central Asian areas. *Molecular Biology and Evolution*, 23(9): 1776–1783.
- Vilà, C., Leonard, J.A., Götherström, S., Marklund, S., Sanberg, K., Lindén, K., Wayne, R.K. et Ellegren, H. 2001. Widespread origins of domestic horse lineages. *Science*, 291(5503): 474–477.
- Vilà, C., Leonard, J.A. et Beja-Pereira, A. 2006. Genetic documentation of horse and donkey domestication. Dans M.A. Zeder, E. Emshwiller, B.D. Smith et D.G. Bradley, eds. *Documenting domestication: new genetics and archaeological paradigms*, pp. 342–353. Californie, Etats-Unis d'Amérique. University of California Press.
- Wayne, R.K., Leonard, J.A. et Vilà, C. 2006. Genetic analysis of dog domestication. Dans M.A. Zeder, E. Emshwiller, B.D. Smith et D.G. Bradley, eds. *Documenting domestication: new genetics and archaeological paradigms*, pp. 279–293. Californie, Etats-Unis d'Amérique. University of California.

PARTIE 1

Wendorf, F. et Schild, R. 1994. Are the early Holocene cattle in the Eastern Sahara domestic or wild? *Evolutionary Anthropology*, 3: 118–128.

West, B. et Zhou, B-X. 1988. Did chickens go north? New evidence for domestication. *Journal of Archaeological Science*, 15: 515–533.

Wheeler, J.C., Chikni, L. et Bruford, M.W. 2006. Genetic analysis of the origins of domestic South American Camelids. Dans M.A. Zeder, E. Emshwiller, B.D. Smith et D.G. Bradley, eds. *Documenting domestication: new genetics and archaeological paradigms*, pp. 279–293. Californie, Etats-Unis d'Amérique. University of California Press.

Zeder, M.A., Emshwiller, E., Smith, B.D. et Bradley, D.G. 2006. Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. *Trends in Genetics*, 22(3): 139–155.

Zeder, M.A. et Hesse, B. 2000. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros mountains 10,000 years ago. *Science*, 287(5461): 2254–2257.

Zeuner, F.E. 1963. *A history of domesticated animals*. Londres. Hutchinson.

Zilhão, J. 2001. Radiocarbon evidences for maritime pioneer colonization at the origin of farming in West Mediterranean Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 98(24): 14180–14185.