

UNIVERSITE CHEIKH ANTA DIOP DE DAKAR

ECOLE INTER-ETATS DES SCIENCES ET MEDECINE VETERINAIRES

(E.I.S.M.V.)



ANNEE : 2008

N° : 07

ANALYSE DU POLYMORPHISME DES MICROSATELLITES : APPLICATION A LA CARACTERISATION DES CHEVRES NAINES ET DU SAHEL D'AFRIQUE DE L'OUEST

THESE

*Présentée et soutenue publiquement le 22 Mars 2008 à 12h00 devant la
Faculté de Médecine, de Pharmacie et d'Odonto-Stomatologie de Dakar*

Pour obtenir le Grade de

DOCTEUR EN MEDECINE VETERINAIRE

(Diplôme d'Etat)

Par

Marie-Rose POUTYA Epouse SAÏZONOU

Née le 23 Mai 1981 à N'Djamena (TCHAD)

JURY

- Président :** **Mme. Sylvie GASSAMA SECK**
Professeur à la faculté de Médecine, de Pharmacie et d'Odonto-
Stomatologie de Dakar
- Directeur de Thèse :** **M. Ayao MISSOHO**
Professeur à l'E.I.S.M.V. de Dakar
- Rapporteur de Thèse :** **M. Ayayi Justin AKAKPO**
Professeur à l'E.I.S.M.V. de Dakar
- Membres :** **M. Germain Jérôme SAWADO**
Professeur à l'E.I.S.M.V. de Dakar
- M. Yalacé Yamba KABORET**
Professeur à l'E.I.S.M.V. de Dakar

DEDICACE

**« A TOI, L'ETRE QUI M'EST LE PLUS CHER AU MONDE, JE
DEDIE CE MODESTE TRAVAIL. QU'IL SOIT POUR TOI UN
MODELE ; A TOI MA CHERE FILLE MAHUNA DAPHNEE
ASSIAL ! »**

REMERCIEMENTS

Je rends Grâce à Dieu, le Miséricordieux, le pourvoyeur de toute chose. Que toute louange et gloire te reviennent Seigneur !

Mes sincères remerciements vont :

A mes parents Maguelet et Tata Aichetou, pour tous les sacrifices consentis, veuillez trouver ici l'expression de ma profonde reconnaissance. Que le Seigneur Dieu vous prêtent encore longue vie afin que vous puissiez manger aux fruits de l'arbre que vous avez semé.

A mon tendre époux Clément SAÏZONOU, comment pourrais-je te qualifier ? Tu es tout ce qu'il faut pour rendre agréable mon existence. Merci pour ta compréhension, ta patience, ton soutien et pour tous les sacrifices consentis pour l'épanouissement de notre ménage. Le meilleur reste à venir.....

A mes aînés Nicole, Ghyslaine, Eric, Nany, Didier : Vous m'avez encouragée et soutenue. Ce travail est aussi le vôtre, soyez rassurés de mon affection et de ma reconnaissance à votre égard. Continuons ensemble à faire honneur à notre famille.

A mes jeunes sœurs Sandra, Bintou et Arafa : chacun de vous porte en lui, un talent qui le rend si différent et si agréable. Que ce modeste travail vous serve de modèle. Je vous aime beaucoup.

A mes neveux et nièces, merci de partager avec moi la joie de votre jeune âge

A mes tantes, oncles, cousins et cousines : merci de croire en moi.

A mes beaux parents Madeleine et Mathieu SAÏZONOU, vous avez été pour moi un modèle de vie de couple. Merci d'avoir engendré mon âme sœur.

A mes beaux frères Ghislain, Franck et Arnaud SAÏZONOU, merci de m'avoir facilement acceptée dans vos vies.

A ma belle sœur Florence SAÏZONOU : merci de me considérer comme une grande sœur.

J'adresse un remerciement particulier à mon beau frère, Dr Franck SAÏZONOU pour son soutien inconditionné durant ma grossesse et après mon accouchement. Profonde reconnaissance. Que le Seigneur te le rende au centuple.

A Damien, tu es plus qu'un frère, merci pour ton assistance en toute circonstance.

Au Dr Olivier et à sa femme Viviane, merci pour votre soutien.

Au couple Martial et Lynette SODANSOU, au Dr LAGNIKA Camel, sa chérie Amina et à Nadia AKYO pour m'avoir soutenue et assistée durant ma grossesse et après mon accouchement; veuillez trouver ici l'expression de ma profonde gratitude.

A ma grande amie Assial, plus qu'une compatriote, tu as été pour moi à Dakar une sœur lors de mon accouchement, sache que je te serai toujours reconnaissante.

A Eunice, Giovana, Viviane, et Marie-Thérèse, merci pour toutes les fois où vous avez joué le rôle de baby-sister, que le Seigneur vous donne la grâce de la maternité et comble toutes vos attentes.

A Benoît et Gloria AMOUSSOU, vous m'avez choisie pour être le témoin de votre union. Je n'oublierai jamais cette marque de sympathie et d'amitié. Soyez rassurés de ma profonde gratitude.

A Elodie, Gaël, Aïda, Sylvie, Cadry, merci pour tout.

A mes amis de la CBG, Sophie Reine, Diane, Sabine, Claire, Sajors et Raoul merci pour l'ambiance de la faculté.

A Hermione, Emérance, Bijou, Arouna et Gervais, merci pour votre soutien, votre amitié et votre considération.

Aux Dr Bilkiss, Karamatou, Viviane et Nestor, merci pour les moments passés ensemble durant notre formation.

A mon filleul de Dakar Noël, je te souhaite beaucoup de courage.

Aux Dr Clara GREGROIRE, ARADA, WALBADET, merci pour votre soutien.

A Abdalah et Moussa du DEA PA, merci pour vos conseils.

A Jean de Capistan, Victor et Fidèle, merci beaucoup.

A Donald, Dieudonné, Christian, Théodore et Blaise, merci pour vos encouragements.

Au Professeur SAWADOGO ; en acceptant d'être notre Professeur accompagnateur, vous nous avez fait l'honneur de croire en nous .Vous êtes une source d'inspiration.

Au Professeur MISSOHOU, merci d'avoir cru en moi.

Au Dr Mireille KADJA, merci pour votre sympathie à mon égard.

Au corps enseignant de l'EISMV, merci pour la qualité de vos enseignements.

A tous mes aimés sortis de Dakar notamment les Docteurs AKPO, ATTINDEHOU, HOUNSA, LAFIA, AYISSIWEDE, FAGBOHOUN, MIDINHOUEVI, ADJOU, MIGAN et tous ceux que je n'ai pas pu citer.

A Monsieur TOGUYENI Boubacar, enseigneur chercheur au CIRDES de Bobo-Dioulasso, merci pour votre appui pour l'analyse de mes données.

Aux Dr Zakaria BENGALY et Issa SIDIBE, chercheurs au CIRDES de Bobo-Dioulasso, vous m'avez offert l'occasion de suivre des cours en génétique de populations qui m'ont été d'un grand secours pour l'analyse et l'interprétation de mes données, sincères reconnaissances.

Aux Dr MOUICHE et ZOMBOU, merci pour votre aide.

Aux frères Pierre Paul et Bertrand, merci pour votre soutien spirituel.

A tous les étudiants et docteurs vétérinaires béninois de Dakar.

A tous les frères et sœurs de la cellule de prière CEVEC.

Au groupe du Renouveau Charismatique Catholique Myrial de la paroisse université Saint Dominique de Dakar, merci pour votre soutien spirituel.

A toute la 34^{ème} promotion de l'EISMV.

A toute l'amicale des vétérinaires Béninois de Dakar (AEVBD).

A l'amicale des Vétérinaires Tchadiens de Dakar.

A toute l'Amical des Etudiants Vétérinaires de Dakar (AEVD).

A la Terrenga Sénégalaise.

A NOS MAITRES ET JUGES

A notre Maître et Président de jury, Madame Sylvie SECK GASSAMA

Vous nous faites un grand honneur en acceptant de présider notre jury de thèse. Votre abord facile et la spontanéité avec laquelle vous avez répondu à notre sollicitation nous ont beaucoup marqués. Vous êtes un modèle de réussite professionnelle féminine. Trouvez ici l'expression de notre profonde gratitude.

A notre Maître et Directeur de thèse, Professeur Ayao MISSOHOU

Vous avez inspiré et guidé avec rigueur ce travail. Cela ne surprend guère quand on connaît vos hautes qualités d'homme de science, votre caractère humain et votre abord facile. Nous avons toujours trouvé auprès de vous un accueil et une constante disponibilité malgré vos multiples occupations. Nous vous rendons un hommage respectueux. Sincères reconnaissances.

A notre Maître, Juge et Rapporteur de thèse, M. Justin Ayayi AKAKPO. Professeur à l'EISMV de Dakar ;

En acceptant de siéger dans notre jury de thèse malgré les nombreuses occupations qui sont les vôtres, vous en rajoutez à la grande estime et à l'admiration que nous portons à votre personne. Votre simplicité et vos très grandes qualités scientifiques nous inspirent. Veuillez accepter nos hommages respectueux.

A notre Maître et Juge, M. Germain Jérôme SAWADOGO. Professeur à l'EISMV de Dakar ;

Votre adresse de communication et vos qualités humaines nous ont séduits. En acceptant de siéger dans ce jury, vous nous donnez de pouvoir vous écouter à nouveau et de profiter de vos connaissances scientifiques pour améliorer ce modeste travail. Sincère gratitude.

A Notre Maître et Juge, Monsieur Yalacé Yamba KABORET Professeur à l'EISMV de Dakar ;

Vous compter parmi les membres de notre jury de thèse nous honore. Nous gardons de vous l'image d'un maître très dynamique et toujours à la page de l'évolution scientifique.

Au-delà de notre sincère reconnaissance, nous vous prions de trouver ici l'expression de nos considérations. Vive admiration.

**«... Mais si nous espérons ce que nous ne voyons pas, nous
l'attendons avec persévérance.» Romain 8 : 25.**

“ Par délibération, la faculté et l’école ont décidé que les opinions émises dans les dissertations qui leurs sont présentées, doivent être considérées comme propres à leurs auteurs et qu’elles n’entendent leur donner aucune approbation ni improbation”.

LISTE DES TABLEAUX

| | |
|---|----|
| Tableau I : Les races caprines d’Afrique de l’ouest et leurs sous types | 17 |
| Tableau II : Caractéristiques des ADN satellites | 30 |
| Tableau III : Sites de travail et populations animales cibles | 35 |
| Tableau IV : Nombre de villages et d’animaux par pays | 36 |
| Tableau V : Liste des amorces utilisées | 44 |
| Tableau VI : Nombre d’allèles par marqueur microsatellite et par population..... | 59 |
| Tableau VII : Allèles spécifiques à chaque population de chèvres aux différents marqueurs | 60 |
| Tableau VIII : Taux d’hétérozygotie par microsatellite et par population | 61 |
| Tableau IX : Hétérozygotie globale par population | 62 |
| Tableau X : Valeurs de FIS par marqueur et par population | 64 |
| Tableau XI : Valeurs de FST entre les différentes populations | 65 |
| Tableau XII : P-value de la distance génétique de NEI (1978) entre les populations après 3600 permutations | 67 |
| Tableau XIII : Paramètres F selon la méthode de WEIR & COCKERHAM | 68 |
| Tableau XIV : Estimateurs de NEI..... | 68 |
| Tableau XV : Contribution des trois premiers axes factoriels à l’inertie totale en AFC | 70 |

LISTE DES FIGURES

| | |
|---|----|
| Figure 1 : Composition chimique de l'ADN | 23 |
| Figure 2 : Complémentarité des bases | 25 |
| Figure 3 : Conformation de la double hélice de l'ADN | 26 |
| Figure 4 : Réaction de Polymérisation en Chaîne ou Polymerase Chain Reaction..... | 43 |
| Figure 5 : Fréquences alléliques par population du marqueur INRA172 | 53 |
| Figure 6 : Fréquences alléliques par population du marqueur MCHII-DR | 53 |
| Figure 7 : Fréquences alléliques par population du marqueur INRA063 | 54 |
| Figure 8 : Fréquences alléliques par population du marqueur ILST011 | 54 |
| Figure 9 : Fréquences alléliques par population du marqueur MAF65 | 55 |
| Figure 10 : Fréquences alléliques par population du marqueur SR-CRSP23 ... | 55 |
| Figure 11 : Fréquences alléliques par population du marqueur SR-CRSP09 ... | 56 |
| Figure 12 : Fréquences alléliques par population du marqueur OarFCB48 | 56 |
| Figure 13 : Fréquences alléliques par population du marqueur OarAE054 | 57 |
| Figure 14 : Fréquences alléliques par population du marqueur OarFCB20 | 57 |
| Figure 15 : Nombre d'allèles par marqueur microsatellite | 58 |
| Figure 16 : Analyse Factorielle de Correspondance (AFC) | 71 |
| Figure 17 : Dendrogramme des populations de chèvres du Sahel | 72 |
| Figure 18 : Arbre des populations de chèvres naines | 73 |
| Figure 19 : Cladogramme de l'ensemble des populations de chèvres étudiées .. | 74 |
| Figure 20 : Phylogramme de l'ensemble des populations de chèvres étudiée .. | 75 |
| Figure 21 : Arbre de l'ensemble des populations de chèvres étudiées | 76 |
| Figure 22 : Analyse factorielle des Correspondances (AFC) des populations de chèvres naines du Sénégal et de la Guinée | 78 |
| Figure 23 : Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) des populations de chèvres Kirdi et du Sahel du Tchad | 79 |

LISTE DES PHOTOS

| | |
|--|----|
| Photo 1 : Chèvre du Sahel | 12 |
| Photo 2 : Chèvre Guéra | 13 |
| Photo 3 : Chèvre naine (Djallonké) | 15 |
| Photo 4 : Chèvre rousse de Maradi | 17 |
| Photo 5 : Décongélation du sang à la température ambiante | 39 |
| Photo 6 : Sang décongelé + SLR (solution de lyse des globules rouges) avant la centrifugation | 40 |
| Photo 7 : Culot de globules blancs après lyse des globules rouges | 40 |
| Photo 8 : Séparation de la phase aqueuse (au dessus) de la phase phénolique (en dessous) après ajout du mélange phénol / chloroforme | 41 |
| Photo 9 : Méduse d'ADN | 41 |

SOMMAIRE

| | |
|---|-------------|
| DEDICACE | XV |
| A NOS MAITRES ET JUGES | XIX |
| A NOTRE MAITRE ET PRESIDENT DE JURY, MADAME SYLVIE SECK GASSAMA | XIX |
| VOUS NOUS FAITES UN GRAND HONNEUR EN ACCEPTANT DE PRESIDER NOTRE JURY DE THESE. VOTRE ABORD FACILE ET LA SPONTANEITE AVEC LAQUELLE VOUS AVEZ REPONDU A NOTRE SOLlicitATION NOUS ONT BEAUCOUP MARQUES. VOUS ETRES UN MODELE DE REUSSITE PROFESSIONNELLE FEMININE .TROUVEZ ICI L'EXPRESSION DE NOTRE PROFONDE GRATITUDE. | XIX |
| SOMMAIRE | XXVI |
| INTRODUCTION GENERALE | 1 |
| CHAPITRE I : GENERALITES SUR LA RACE | 4 |
| I.1- NOTION DE RACE ET SES EVOLUTIONS | 4 |
| I.2- RAMIFICATION DU CONCEPT « RACE » | 5 |
| I.2.1- VARIETE | 5 |
| I.2.2- LIGNEE | 6 |
| I.3- LES RACES CAPRINES D'AFRIQUE DE L'OUEST | 6 |
| I.3.2- IMPORTANCE DES CHEVRES EN AFRIQUE | 8 |
| I.3.2.1- Importance économique | 8 |
| I.3.2.2- Importance socio-culturelle | 9 |
| I.3.2.3- Importance nutritionnelle | 9 |
| I.3.2.4- Importance zootechmique | 10 |
| I.4- CARACTERES ETHNIQUES DES RACES CAPRINES DE L'AFRIQUE DE L'OUEST | 11 |
| I.4.1- CHEVRES DE GRANDE TAILLE : CHEVRE DU SAHEL | 11 |
| I.4.1.1- Caractéristiques morphologiques | 11 |
| I.4.1.2- Caractéristiques zootechmiques | 12 |
| I.4.2- CHEVRES DE TAILLE MOYENNE : CHEVRE GUERA | 12 |
| I.4.2.1- Caractéristiques morphologiques | 12 |
| I.4.2.2- Caractéristiques zootechmiques. | 13 |
| I.4.3- CHEVRES DE PETITE TAILLE | 14 |
| I.4.3.1- Chèvre Djallonké | 14 |
| I.4.3.1.1- <i>Caractéristiques morphologiques</i> | 14 |
| I.4.3.1.2- <i>Caractéristiques zootechmiques</i> | 15 |
| I.4.3.2- Chèvre rousse de Maradi | 15 |
| I.4.3.2.1- <i>Caractéristiques morphologiques</i> | 16 |
| I.4.3.2.2- <i>Caractéristiques zootechmiques</i> | 16 |
| I.5- NOTION D'EROSION DE LA BIODIVERSITE | 18 |
| CHAPITRE II - METHODES DE CARACTERISATION DES RACES | 19 |
| II.1- METHODE MORPHOBIOMETRIQUE | 19 |
| II.2- METHODE IMMUNOGENETIQUE | 19 |
| II.2.1- NATURE ET POLYMORPHISME DES GROUPES SANGUINS | 20 |
| II.2.2- POLYMORPHISME DES PROTEINES | 20 |
| II.2.2.1- Protéines du sang..... | 20 |
| II.2.2.2- Polymorphisme des protéines du lait | 21 |
| II.3- METHODES BASEES SUR L'ANALYSE DE L'ADN NUCLEAIRE | 22 |
| II.3.1- STRUCTURE DU MATERIEL GENETIQUE | 22 |
| II.3.1.1- Composition chimique de l'ADN | 23 |
| II.3.1.2- Structure primaire de l'ADN | 24 |
| II.3.1.3- Structure secondaire : la double hélice de Watson et Crick | 24 |
| II.3.1.4- Structure supérieure : la chromatine..... | 26 |
| II.3.2- ORGANISATION DES SEQUENCES DU MATERIEL GENETIQUE | 27 |
| II.3.2.1- Les gènes uniques, familles de gènes et pseudogènes..... | 27 |
| II.3.2.2- Séquences répétées fonctionnelles non codantes | 28 |
| II.3.2.3- Séquences d'ADN répétées et dispersées (SINEs et LINEs) | 28 |
| II.3.2.4- Séquences non répétées non codantes..... | 29 |
| II.3.2.5- Séquences répétées en tandem..... | 29 |
| II.3.2.5.1- <i>ADN satellites</i> | 29 |
| II.3.2.5.2- <i>ADN minisatellites</i> | 30 |

| | |
|---|-----------|
| II.3.2.5.3- ADN microsatellites | 30 |
| II.4- CARACTERISATION DE LA POPULATION CAPRINE | 32 |
| CHAPITRE I - MATERIEL ET METHODES..... | 35 |
| CHAPITRE II- RESULTATS ET DISCUSSION..... | 50 |
| II.1 EXTRACTION D'ADN | 50 |
| II.2- DISTRIBUTION DES FREQUENCES ALLELIQUES | 50 |
| II. 2.1- NOMENCLATURE DES ALLELES..... | 50 |
| II.2.2- TAILLE DES ECHANTILLONS | 50 |
| II.2.3- MESURE DE LA DIVERSITE GENETIQUE..... | 51 |
| II.2.3.1- Diversité génétique intrapopulation..... | 51 |
| II.2.3.1.1- Fréquences alléliques..... | 51 |
| II.2.3.1.2- Taux de polymorphisme et taux d'hétérozygotie | 58 |
| II.2.3.2. Diversité génétique interpopulation : F-statistiques ou Indices de fixation de WRIGHT et de NEI | 63 |
| II.1.3- TYPOLOGIE DES POPULATIONS | 70 |
| II.1.3.1-Analyse factorielle des correspondances (AFC) | 70 |
| II.1.3.2- Construction des phénogrammes | 71 |
| CONCLUSION..... | 79 |

INTRODUCTION GENERALE

L'Afrique est une importante zone d'élevage caprin qui détient près du tiers de l'effectif mondial de caprins (REGE, 1994). Cette importance numérique est associée à une forte diversité génétique à savoir : le type sahélien et le type des savanes (EPSTEIN, 1971). Au sein de chaque type génétique, on rencontre plusieurs races caprines ou sous-types génétiques particulièrement adaptées à leur environnement. Toutefois, les relations inter et intra-race sont mal connues du fait d'une méconnaissance de l'historique de ces populations et de leur évolution (EPSTEIN, 1971). En effet, ces races portent des noms qui varient d'une région à l'autre sans qu'on ne puisse véritablement dire s'il s'agit ou non de la même race ou des écotypes d'une même race. Par ailleurs, bien que certaines populations portent le même nom d'une localité à une autre, il est possible qu'elles soient génétiquement différentes du fait qu'elles aient été élevées par des groupes ethniques différents et qu'elles aient subi des effets de la dérive génétique. En outre, sous l'effet conjugué de la préférence des éleveurs pour des animaux de grande taille, de l'avancée du désert et de la transhumance, on assiste à une érosion progressive de la diversité génétique (BRADLEY, 1995).

En outre, la diversité des ressources génétiques animales est unanimement admise comme un préalable à l'amélioration de la productivité agricole et de la sécurité alimentaire. La nécessité de préserver la biodiversité afin de ne pas mettre en danger les écosystèmes actuels s'impose. D'une manière générale, les marqueurs génétiques sont l'une des voies d'investigation pour améliorer la connaissance des ressources génétiques animales.

Les marqueurs microsatellites, de par leur polymorphisme et leur répartition homogène dans le génome, constituent de puissants outils de description des

populations animales (BUCHAMAN et al., 1994 ; MOAZAMI-GOUDARZI et al., 1997).

En effet, les microsatellites possèdent un pouvoir de discrimination plus élevé (STACHEL et al., 2000 ; FORD et al., 2002) et un taux de mutation de l'ordre de 10^{-2} à 10^{-4} (TAUTZ, 1989 ; WEBER et WONG, 1993). Toutefois, si en Afrique ces outils ont été utilisés chez les bovins, chez les caprins leur utilisation est limitée à quelques populations à savoir : la chèvre du Sahel et la chèvre Rousse de Maradi au Niger, la chèvre Maure et la chèvre Guéra en Mauritanie, la chèvre Laobé de la Guinée, les chèvres naines et du Sahel au Sénégal (IBRAHIM, 2001 ; TALAKI, 2001). Il est donc nécessaire d'étendre ces études à d'autres pays d'Afrique de l'Ouest pour mieux cerner la diversité des ressources génétiques caprines. D'où l'objectif général de notre étude qui est de décrire à partir du sang de chèvres venant de huit (08) pays d'Afrique de l'Ouest (Burkina-Faso, Ghana, Guinée, Mali, Mauritanie, Sénégal, Togo et Tchad), la variabilité génétique intra et inter-races de neuf (09) populations de chèvres en utilisant comme outils les microsatellites.

De manière spécifique, il s'agira de :

- Analyser le polymorphisme des microsatellites, et
- Evaluer l'efficacité des microsatellites dans la différenciation des populations de chèvres étudiées.

Structurée en deux grandes parties, notre étude présente :

- Dans sa première partie, une synthèse bibliographique sur les races caprines d'Afrique de l'Ouest et les méthodes permettant leur caractérisation génétique ;
- La deuxième partie présente notre travail personnel. Elle est consacrée au typage des animaux de notre échantillon, à la caractérisation des races et à la présentation des résultats que nous avons obtenus.

PREMIERE PARTIE :

SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE

Chapitre I : GENERALITES SUR LA RACE

Dans ce chapitre, nous aborderons dans un premier lieu l'évolution du concept de la race et ses ramifications et dans un deuxième lieu les différentes races caprines d'Afrique de l'ouest.

I.1- NOTION DE RACE ET SES EVOLUTIONS

Il existe une divergence autour des critères de définition d'une race. Pour les zootechniciens, la race doit répondre aux critères élaborés en fonction de la production recherchée, tandis que les géographes la conçoivent comme étant le reflet de l'adaptation des animaux au milieu (BERNARDI, 1995).

On peut dire qu'il n'existe pas de définition spécifique de la race, mais plutôt des positions diversifiées en fonction des disciplines. Ainsi, le systématicien DARWIN considère la race comme le résultat de la variation de l'espèce causée aussi bien par des facteurs naturels que humains (DARWIN, 1989). Cette approche est partagée par certains zootechniciens pour lesquels la race désigne un groupe d'individus morphologiquement homogène, aux caractéristiques héréditairement transmissibles, adaptés aux conditions du milieu tant humain que naturel (DECHAMBRE, 1914). Chez les généticiens, on peut retrouver une démarche similaire parmi ceux qui considèrent le gène tel un objet concret, déterminant certaines caractéristiques. C'est dans ce sens que GELLIN dira (1994) « Connaître la carte génétique, c'est connaître le potentiel de la race ». Pour les partisans de la race/entité statique, si la race change, elle sera perçue menacée de disparition.

A l'opposé de cette vision qui tend à figer la race, d'autres considèrent qu'elle est évolutive de par son essence même. Ceux-ci tendront à vouloir adapter sa définition aux besoins, contraintes et pratiques de l'activité d'élevage qui est elle-même en évolution. Selon LAURANS (1989), la race est forcément une notion mouvante au regard des nombreux paramètres dont elle dépend. D'après le

même auteur, il n'y a pas de discontinuité et c'est à nous d'adapter notre définition de la race à la situation. Certains généticiens comme LAUVERGNE (1975) suivant un raisonnement similaire, ne considèrent pas la race comme une entité à étudier. Ils s'intéressent plutôt au pourquoi d'une forme et tentent de comprendre comment les gènes véhiculent l'information et comment passe-t-on du niveau du gène à celui de l'individu. La recherche de l'homogénéité des performances remplace celle de l'homogénéité des caractères morphologiques.

S'il est possible d'avancer une définition de la race, nous pourrions dire qu'aujourd'hui cette division de l'espèce renvoie non seulement au produit de l'action combinée de l'homme et du milieu, mais résulte aussi, des choix opérés par l'homme afin d'orienter la production dans un sens prédéfini (LAURANS, 1989). Ainsi, la race serait un ensemble d'individus de la même espèce qui présentent un certain nombre de caractères et aptitudes communs.

Malgré la complexité de ce concept de race, il existe des ramifications de la race telles que : la variété, le type, la lignée et la souche.

I.2- RAMIFICATION DU CONCEPT « RACE »

I.2.1- VARIETE

La variété peut se définir comme étant une ramification engendrée par la race. C'est « la fraction des animaux d'une race que des traitements particuliers de sélection ont eu pour effet de distinguer du reste des animaux de la race ; selon les espèces, une variété peut être accessoirement qualifiée de rameau, de type ou de lignée » (BERNARDI G., 1995). Selon DECHAMBRE (1914), la variété est une population locale différente des autres biotopes de la population générale par un ou plusieurs caractères héréditaires mais sans localisation géographique.

I.2.2- LIGNEE

Selon LEGAULT et al (1996), le terme de lignée désigne un ensemble d'animaux soumis à une double contrainte, celle de la population et celle de la race. Lorsque des lignées sont développées au sein d'une race, elles sont parfois appelées "variétés" pour marquer leur phylogénie ou appartenance originelle à cette race. Quand elles résultent du mélange de plusieurs races ou lignées, elles sont alors qualifiées de "composites" ou de "synthétiques (LEGAULT et al., 1996). Qu'en est-il alors de la souche ?

I.2.3- SOUCHE

La souche regroupe au sein d'une même race, les animaux qui répondent le mieux aux exigences de l'élevage. Cette idée est partagée par HABAULT (1965) qui désigne la souche comme étant un sous-groupe inter ou intra-racial présentant une homogénéité au niveau des performances. En effet, il considère la souche comme une « nouvelle unité systématique, d'un intérêt économique indéniable ». Diverses souches peuvent aussi s'inscrire dans une race. La notion de souche est surtout présente chez certains monogastriques (volailles, porcs) alors que chez les ruminants, c'est la notion de race qui est plutôt utilisée. En Afrique, des études antérieures à la nôtre ont décrit plusieurs races.

I.3- LES RACES CAPRINES D'AFRIQUE DE L'OUEST

I.3.1- HISTORIQUE ET SYSTEMATIQUE

En Afrique, la présence de caprins sauvages était attestée au Paléolithique au Maghreb (BOUCHEL et LAUVERGNE, 1996). Si de nombreux restes de caprins ont été retrouvés en Afrique, on est encore loin de disposer de preuves de l'existence d'un processus de domestication (CHAIX, 1984). Ainsi, d'après MASSON (1988), les premiers caprins domestiques sont apparus au Moyen-Orient il y a environ 9000 ans. Les chèvres ont été introduites en Afrique à partir de l'Egypte d'où elles auraient essaimé vers l'Ouest le long de la Méditerranée

et vers le Sud à travers l’Ethiopie et le Kenya pour se retrouver en Afrique de l’Ouest et du Centre (BOUCHEL et LAUVERGNE, 1996). Les caprins domestiques auraient comme ancêtre *Capra aegagru*.

La chèvre est un herbivore de petite taille, à cornes arquées, très agile, particulièrement adaptée au saut. Elle mesure en moyenne entre 60 cm et 1m au garrot. On la trouve dans toutes les régions du globe, particulièrement en montagne. Les mâles sont appelés « boucs », les petits « chevreaux » ou « cabris », ou sur un mode familier « biquets ». La position systématique est donnée selon EPSTEIN (1971) comme suit :

- Règne : Animal
- Embranchement : Vertébrés
- Sous embranchement : Gnatostomes
- Classe : Mammifères
- Sous-classe : Eutheriens
- Ordre : Artiodactyles
- Sous-ordre : Ruminants
- Famille : Bovidae
- Tribu : Caprinés
- Genre : Capra, Hemitragus
- Espèce : sp

La tribu des caprinés se compose de cinq genres dont deux, Capra et Hemitragus, sont d'authentiques caprins (ZEUNER, 1963; EPSTEIN, 1971; RYDER, 1984).

Dans la taxonomie contemporaine le genre *Hemitragus* ou *tahrs*, (2n chromosomes 48) comprend trois espèces (*Hemitragus jemlahicus*, *Hemitragus jemlahicus*, et *Hemitragus hylocrius*) alors que le genre *Capra* (2n chromosomes 60) est composé de six espèces (*Capra aegagrus* ou chèvre sauvage, *Capra ibex*, *Capra caucasica*, *Capra cylindriocornis*, *Capra cylindriocornis* et *Capra*

falconeri). La plupart des espèces *Capra* sont interfécondables, quoique l'on ne connaisse pas d'hybrides résultant de certaines combinaisons de géniteurs (WILSON, 1992).

Malgré leur origine lointaine, les chèvres ont une importance socio-économique, nutritionnelle et zootechnique considérable.

I.3.2- IMPORTANCE DES CHEVRES EN AFRIQUE

I.3.2.1- Importance économique

Les chèvres jouent un rôle important dans l'économie paysanne et contribuent fortement à l'autoconsommation familiale (LHOST et al., 1993). Elevées pour leur lait, leur cuir, leurs poils et leur viande, les chèvres sont considérées comme la «vache des pauvres ». Elles sont auto-consommées ou vendues pour faire face aux besoins quotidiens de la famille. Les chèvres jouent aussi un rôle fondamental dans l'approvisionnement des marchés urbains en produits carnés surtout en fin de saison sèche au moment où la viande des autres espèces se fait rare (WILSON, 1992). En milieu rural, elles contribuent à la réduction de la malnutrition grâce à leur production laitière qui peut atteindre environ trois (03) litres de lait par jour dans certaines populations (KANE, 1995). Le lait est surtout consommé en saison sèche, au moment où les autres espèces sont toutes taries. Les caprins jouent un rôle important en milieu rural comme épargne dans les zones où les systèmes financiers sont peu performants. Par le biais du troc, ils servent à reconstituer un cheptel bovin à raison de 7 chèvres pour une génisse (MISSOHOU et al., 2000).

Cette importance économique de la chèvre est doublée d'une importance socio-culturelle variable selon les localités.

I.3.2.2- Importance socio-culturelle

La dimension sociale et culturelle des caprins est intimement liée à celle de nos cultures, de nos modes de vie, de nos savoir-faire et de nos paysages.

La chèvre est utilisée lors des cérémonies religieuses et coutumières (baptêmes, mariages, circoncisions), lors des rituels de funérailles et à l'occasion de la visite d'un étranger. Dans le Fouta Djallon (République Guinéenne), les chèvres sont construites sur pilotis qui permettent de recueillir les fèces servant de fumier. A Atar en Mauritanie, la peau de la chèvre sert à construire des outres (MISSOHOU et al., 2000).

Les chèvres sont capables de prospérer dans des endroits difficiles, des confins du Sahara aux chaînes de montagnes glaciales de l'Asie, et se contentent de végétaux amers dédaignés par d'autres espèces (WINROCK, 1976 cité par REGE, 1994). Elles ont ainsi permis à la race humaine de vivre pratiquement partout. Une telle mobilité a facilité les contacts et le dialogue entre les populations (FERNANDEZ, 2006). Dans la plupart des pays, les sous produits de chèvres servent à fabriquer des objets tels que : les produits de maroquinerie, les instruments de musique à l'aide de la peau, des pinceaux à partir de leurs poils. Les exemples cités dans ce paragraphe montrent que la chèvre joue encore un rôle important de cohésion sociale dans les sociétés traditionnelles ouest africaines.

Outre cette importance socio-culturelle, la chèvre joue aussi un rôle nutritionnel non négligeable dans la plupart des familles en Afrique de l'Ouest.

I.3.2.3- Importance nutritionnelle

L'importance nutritionnelle de la chèvre tient de la qualité de sa viande et de son lait. En effet, avec une valeur nutritionnelle supérieure à celle du lait de vache, le lait de chèvre est plus riche en vitamine A et est beaucoup plus facilement digéré à cause de sa haute teneur en acides gras (FAO, 2001). Bien que la

consommation du fromage soit encore très peu répandue, le yaourt à base de lait de chèvre est en revanche de plus en plus apprécié et commence à se généraliser dans les villes (TAMBOURA et BERTE, 1996).

Dans les pays de la zone sahélienne où la malnutrition protéino-énergétique est l'une des principales causes de mortalité et de morbidité surtout chez les jeunes, le lait et la viande de chèvre s'avèrent souvent être les seules ou l'une des rares sources de protéines de qualité disponibles (TAMBOURA et BERTE,1996).

A côté de leur rôle socio-économique et nutritionnel, les chèvres ont aussi une importance zootechnique considérable.

I.3.2.4- Importance zootechnique

La chèvre connaît un regain d'intérêt zootechnique incontestable. En effet, la chèvre est une espèce à cycle court pouvant vivre dans les conditions assez difficiles de la zone sahélienne où le disponible fourrager dépasse rarement huit mois dans l'année (FERNANDEZ, 2006).

Les caprins sont bien adaptés aux zones sèches qu'ils ont conquises grâce à leur bonne résistance à la peste bovine et au stress thermique (IEMVT, 1989). Dans les zones marginales où les pâturages et les sources d'eau sont aléatoires, leur élevage constitue souvent le seul moyen de valorisation de la terre (MASSON, 1988). La chèvre peut s'alimenter toute l'année dans les bois, champs, friches et jachères. Par ailleurs, leur cycle court de reproduction leur permet de contribuer efficacement à la survie et au redémarrage de nombreuses populations pastorales (IEMVT, 1989).

Malgré ce regain d'intérêt pour les chèvres, les connaissances sur leurs caractères ethniques et sur leurs performances zootechniques demeurent assez limitées.

I.4- CARACTERES ETHNIQUES DES RACES CAPRINES DE L'AFRIQUE DE L'OUEST

L'Afrique de l'Ouest dispose d'importantes ressources génétiques caprines. En fonction de leur taille, les chèvres sont classées en chèvres de grande taille (70 cm au garrot), chèvres de taille intermédiaire (65 cm au garrot) et chèvres de petite taille dites parfois naines (40 à 50 cm au garrot) (DOUTRESSOULE, 1947 ; MASSON, 1988).

Quelles sont alors les caractéristiques morphologiques et zootechniques de ces chèvres de l'Afrique de l'Ouest ?

I.4.1- CHEVRES DE GRANDE TAILLE : CHEVRE DU SAHEL

I.4.1.1- Caractéristiques morphologiques

La chèvre du Sahel est un animal hypermétrique et longiligne (DOUTRESSOULE, 1947) mesurant au garrot 0,7 à 0,8 m pour un poids vif adulte de 25 à 35 kg. Le pelage, habituellement court et raide sauf à la crinière, est très variable (roux, pie roux, gris et noir).

La chèvre du Sahel comprend plusieurs types à savoir : types du Niger, de la Mauritanie, du Mali, du Burkina-Faso, du Sénégal, du Tchad et du Soudan (WILSON, 1992). Sa tête est petite, fine et triangulaire. Le front est rectiligne chez la variété du Tchad, légèrement concave chez les chèvres Maures et Voltaïques et convexe chez la chèvre Touareg. Les cornes, fines et minces chez la femelle, sont épaisses, longues, aplaties, annelées, spiralées, dirigées en arrière et en haut chez le mâle. Les oreilles sont courtes ou longues, semi-pendantes à pendantes. La barbiche et les pendeloques sont fréquentes (Photo 1). Chez le mâle, l'encolure est mince, longue et porte une crinière qui peut s'étendre sur tout le dos. Le dos est droit avec une épine dorsale saillante, le thorax est peu profond, la croupe est courte et inclinée. Les membres longs et minces sont à ossature légère (GUEYE, 1997).



Photo 1 : Chèvre du Sahel

I.4.1.2- Caractéristiques zootechniques

En termes de taux de fertilité, de fécondité et de prolificité, TOURRAND et LANDAIS (1996) ont enregistré chez la chèvre du Sahel des chiffres respectifs de 87, 93 et 120 p. 100. Par contre, CLEMENT et al. (1997) ont rapporté un taux de prolificité de 156 p. 100.

La chèvre du Sahel met bas tout au long de l'année. Les poids moyens à la naissance des chevreaux sont de $2,25 \pm 0,63$ kg (KONATE, 2000).

Les naissances simples sont de règle quoi que les naissances doubles et triples ne soient pas rares (TOURRAND et LANDAIS, 1996). En plus d'une production laitière moyenne de 0,8 à 1,2 litres de lait par jour, la chèvre du Sahel se révèle aussi être un excellent animal de boucherie grâce à son potentiel d'engraissement.

I.4.2- CHEVRES DE TAILLE MOYENNE : CHEVRE GUERA

I.4.2.1- Caractéristiques morphologiques

Egalement connue sous le nom de Chèvre du Sahara ou Chèvre Espagnole, la chèvre Guéra est originaire d'Espagne et se rencontre dans certaines villes de la

Mauritanie. C'est une race bréviligne mesurant 40-70 cm au garrot pour un poids de 30-45 kg. La tête est moyenne, quadrangulaire avec un front plat, étroit et un chanfrein rectiligne. Les cornes sont surtout présentes chez le mâle qui porte une barbiche. Les oreilles sont longues et tombantes parfois horizontales. Le cou est épais et débouche sur un garrot saillant, un dos affaissé et une croupe relevée. La mamelle est bien développée et affleure souvent le sol. La robe est constituée de poils grossiers et abondants ressemblant à un manteau qui s'étend jusqu'au jarret. La robe est habituellement grise ou blanche mais souvent tachetée de noir et de rouge (photo 2).



Photo 2 : Chèvre Guéra

I.4.2.2- Caractéristiques zootechniques.

Race laitière de haute qualité, la chèvre Guéra peut donner jusqu'à 5 litres de lait par jour (FAO, 2001). Cependant, KANE rapporte en 1995 que la production de lait chez cette race de chèvre serait de 2 à 3 litres par jour.

I.4.3- CHEVRES DE PETITE TAILLE

I.4.3.1- Chèvre Djallonké

Encore appelée chèvre naine de l’Afrique de l’Ouest, la chèvre Djallonké porte habituellement le nom du pays ou du type d’habitat. Ainsi on l’appelle: la chèvre des herbages du Cameroun, la chèvre de la forêt ghanéenne, la chèvre du Fouta Djallon, la chèvre guinéenne, la chèvre naine de Côte d’Ivoire, et la chèvre du Congo. On la rencontre dans toutes les régions forestières humides des pays côtiers d’Afrique où la pluviométrie atteint ou dépasse 1000 mm/an (IEMVT, 1989). La chèvre Djallonké se caractérise par un nanisme achondroplasique avec arrêt du développement des os en longueur. Des types plus grands, Mossi au Burkina Faso, Kirdi au Tchad, auraient probablement été influencés par la chèvre du Sahel. Comme chez la chèvre du Sahel, il est difficile de dire s’il s’agit de variété, d’écotype de la même race ou de race à part entière.

I.4.3.1.1- Caractéristiques morphologiques

C’est un animal trapu, de très petite taille qui mesure au garrot 30-50 cm et pèse en moyenne 18 à 25 kg. La tête est forte, le front proéminent et le chanfrein est droit à légèrement concave. Les oreilles sont courtes à moyennes, étroites et portées horizontalement ou tombantes. Les cornes, présentes dans les deux sexes sont assez développées chez le mâle et sont dirigées en dehors et en arrière. Les pendeloques sont en général très rares. La barbe est présente chez le mâle et la femelle de certains sous-types mais seul le mâle porte la crinière. L’encolure est épaisse surtout à la base ; le thorax est large et profond. La croupe est courte, étroite et inclinée. Les membres sont courts et bien musclés. La robe est de couleur variable selon les régions mais le brun foncé avec des points noirs semble le plus fréquent. Cependant, en Casamance (Sénégal) la robe fauve avec une raie de mulot dorsale est la plus rencontrée (GUEYE, 1997) (photo 3).

1.4.3.1.2- Caractéristiques zootechniques

La chèvre Djallonké est un animal très rustique pouvant vivre dans des zones infestées de glossines. Très prolifique, le chevrotage a lieu entre 12 et 19,3 mois et l'intervalle entre mise bas est de 228 à 283 jours (IEMVT,1989). Les naissances doubles sont de règle. Elle a par contre une faible aptitude laitière avec une production journalière de 0,25 à 0,40 litres pour une lactation de quatre mois. La chèvre Djallonké est surtout appréciée pour son aptitude bouchère et sa facilité d'engraissement.



Photo 3 : Chèvre naine (Djallonké)

1.4.3.2- Chèvre rousse de Maradi

La chèvre rousse de Maradi possède plusieurs variétés que sont : la chèvre de Sokoto, le brun de Kano, le Bornu blanc, Damagaran grey (Nigeria), Buduma (Tchad). Elle est originaire de Maradi (Niger) mais elle se retrouve dans les Etats de Sokoto et de Kano au Nigeria et le département de Tessoua au Niger. C'est du reste une race très homogène et très recherchée pour sa peau.

1.4.3.2.1- Caractéristiques morphologiques

C'est une race de taille petite à moyenne (0,65 m) qui donne une impression générale d'équilibre, d'harmonie de forme et de couleur. La tête est fine, le front est bombé et porte des poils plus longs, plus touffus et plus foncés chez les mâles que chez les femelles. Le profil est rectiligne à légèrement concave, les muqueuses sont noires, les mâles sont en général pourvus d'une barbe. Les cornes insérées l'une près de l'autre sont courtes à moyennes, aplaties dorso-ventralement et dirigées vers l'arrière et divergent aux extrémités. Les oreilles sont de longueur moyenne à longue et de port horizontal ou semi-pendant. L'encolure est courte, fine et porte chez le mâle une légère crinière qui descend jusqu'aux épaules. La poitrine est ample, le garrot non saillant et le dos rectiligne. Les membres sont forts et bien d'aplomb. La mamelle est toujours bien développée. La robe est fauve homogène, souvent à reflet acajou et à poils ras. Le mâle est en général plus foncé et porte parfois une raie dorsale noire (photo 4).

1.4.3.2.2- Caractéristiques zootechniques

L'âge à la 1ère mise bas est de 14 mois avec un intervalle de 11 mois entre les chevrotages. La taille moyenne de la portée s'élève à 1,47. Nés avec un poids de 2,1kg, les chevreaux atteignent généralement 20,2 kg à un (01) an d'âge (ROBINET., 1967).



Photo 4 : Chèvre rousse de Maradi

Le tableau I récapitule les appellations des sous types des différentes races caprines d’Afrique de l’ouest. S’agit-il vraiment des sous types ou des races à part entière ?

Tableau I : Les races caprines d’Afrique de l’ouest et leurs sous types
(KANE, 1995; REGE et al., 1996)

| Types génétiques | Sous types/ synonymes |
|------------------|---|
| Djallonké | Chèvre de Guinée, Mossi, Kirdi, kirdimi, Mayo-Kebi, Naine des herbages, Naine de Côte d’Ivoire, Naine de la forêt ghanéenne, Chèvre de Casamance, Laobé |
| Sahélienne | Touareg, Bariolée, Gorane, Peul, Voltaïque, Nioro, Niafouké, Maure |
| Rousse de Maradi | Kano brun, Bornou blanc, Mambila |

Malgré cette importante ressource génétique caprine dont dispose l'Afrique de l'Ouest, force est de constater que certaines races caprines africaines sont menacées d'extinction.

I.5- NOTION D'ÉROSION DE LA BIODIVERSITÉ

L'augmentation de l'amplitude des transhumances sous l'effet de l'avancée du désert conduit à des brassages importants entre populations animales (BRADLEY, 1995). Ce problème constitue de sérieuses menaces d'extinction de certains types génétiques (race trypanotolérante et résistante aux tiques) dont la spécificité est pourtant au cœur de tout processus de développement de l'élevage dans certaines régions (zone sub-humide à humide et infestée de mouches tsé-tsé). En outre, l'absence ou la faiblesse du contrôle de l'introduction des races améliorées, soit sur pieds (DIADHIOU, 1991), soit par insémination artificielle (MBAÏNDINGATOLOUM, 2003), surtout pour l'amélioration de la production laitière peut accentuer l'érosion de la diversité génétique locale. Ces menaces d'extinction des ressources génétiques s'inscrivent en droite ligne du déclin de la biodiversité dans le monde amorcé depuis la révolution industrielle au XVIII^{ème} siècle. Par exemple, sur 800 races locales de poules identifiées au Canada avant l'intensification de l'aviculture, il n'en reste que 13 du fait d'une utilisation excessive de certaines races au détriment d'autres (CRAWFORD, 1990). Une solution durable au problème de l'érosion de la biodiversité génétique caprine réside dans la caractérisation des populations caprines.

Chapitre II - METHODES DE CARACTERISATION DES RACES

La caractérisation des races animales se fait suivant plusieurs méthodes qui peuvent être morphobiométrique, immunogénétique ou moléculaire basées sur l'analyse de l'ADN moléculaire.

II.1- METHODE MORPHOBIOMETRIQUE

La méthode morphobiométrique fait appel aux caractères phénotypiques, tels que la morphologie de la tête et du corps, la couleur de la robe, de la tête, des pattes etc. Elle est habituellement utilisée pour définir les races d'animaux. BOURZAT et al. (1993) calculent des indices biométriques (hauteur au garrot, indice de gracilité sous sternal et l'indice auriculaire) pour caractériser et comparer des chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. La méthode morphobiométrique donne des indications assez vagues sur le patrimoine génétique de la race, du fait du mode de transmission héréditaire généralement complexe et souvent mal élucidé des caractères pris en compte.

C'est pour ces raisons que pendant longtemps la méthode immunogénétique lui a été préférée.

II.2- METHODE IMMUNOGENETIQUE

Actuellement, les techniques de laboratoire permettent d'effectuer en grandes séries la détermination de la structure des facteurs sanguins qui sont de véritables marqueurs génétiques. La connaissance de la structure génétique de ces marqueurs biochimiques permet donc d'élaborer des hypothèses relatives à l'origine des populations animales et de déterminer les relations génétiques entre races d'une même population ou d'une même espèce.

Parmi les méthodes immunogénétique, nous avons le polymorphisme des groupes sanguins, des protéines du sang et du lait.

II.2.1- NATURE ET POLYMORPHISME DES GROUPES SANGUINS

Les groupes sanguins sont des ensembles d'antigènes situés à la surface des globules rouges sanguins et transmis héréditairement (MICROSOFT® ENCARTA® 2007).

Contrairement à l'homme, chez les animaux en général et les petits ruminants en particulier, les groupes sanguins sont très complexes. Ils sont sous le contrôle d'au moins huit loci dont certains sont très polymorphes et d'autres codent pour des complexes antigéniques appelés phénogroupes. Cette complexité fait que les groupes sanguins sont utilisés pour individualiser les animaux. Si chez les races européennes, leur polymorphisme a été bien étudié, en Afrique de l'Ouest, ils n'ont fait l'objet d'étude que chez les ovins (NGUYEN, 1972; 1975; GROSCLAUDE, 1974; GROSCLAUDE et al., 1987; MISSOHOU et al., 1999).

II.2.2- POLYMORPHISME DES PROTEINES

Dans ce groupe, on distingue le polymorphisme des protéines du sang et du lait.

II.2.2.1- Protéines du sang

Chez les animaux d'élevage, plusieurs systèmes polymorphes de protéines du sang ont été décrits grâce à l'électrophorèse. Toutefois, l'hémoglobine et la transferrine sont celles qui ont beaucoup servi à la caractérisation des ressources génétiques animales.

Dans l'espèce caprine, les résultats obtenus par certains auteurs (NGUYEN, 1975) ont permis de mettre en évidence deux à quatre variants de la transferrine (A, B, C et D) mais dans la plupart des populations observées, le variant A est prédominant et tend même à la fixation dans certaines races.

II.2.2.2- Polymorphisme des protéines du lait

Les résultats acquis dans l'espèce bovine ont servi de référence aux recherches entreprises dans les autres espèces de ruminants (BOULANGER, 1984). C'est ainsi que chez les caprins, dans les populations étudiées jusqu'ici, seules les caséines α_{S1} et α_{S2} sont toujours polymorphes. Le polymorphisme de la caséine α_{S2} a été décrit par BOULANGER (1984) comme étant biallélique, l'allèle A prédominant largement sur l'allèle B. Le polymorphisme de la caséine α_{S1} présente quant à lui, des particularités tout à fait inhabituelles puisqu'il permet d'observer, entre allèles ou groupes d'allèles, de nettes différences de taux de synthèse. Les études ont alors montré que ce polymorphisme est déterminé par un minimum de sept allèles associés à quatre niveaux de synthèse différents : trois allèles à taux de caséine α_{S1} «fort », un allèle à taux «moyen», deux allèles à taux «faible» et un allèle « nul ». Ces particularités confèrent au polymorphisme de la caséine α_{S1} un intérêt scientifique doublé d'un réel intérêt pratique. En effet, la prédominance dans les deux principales races laitières françaises (Alpine et Saanen) des allèles à taux réduit serait responsable de la faiblesse des taux protéiques et de certaines difficultés de fabrication fromagère (GROSCLAUDE et al., 1996). D'autres travaux ont également montré l'effet des mutations du gène de la caséine α_{S1} sur le taux butyreux et plus encore sur la morphologie de la cellule épithéliale mammaire. Les protéines du lait sont représentées à plus de 80% par les caséines dont les plus importantes sont les caséines α_{S1} et α_{S2} .

Il a été confirmé que le polymorphisme de la caséine α_{S1} a des effets sur le taux protéique et sur les propriétés physico-chimiques et technologiques du lait, sur le rendement fromager et sur certaines qualités du fromage notamment la fermeté du caillé (GROSCLAUDE et al., 1996).

Avec une telle diversité de génotypes, la chèvre est donc un bon modèle d'étude des effets des variations de composition du lait sur ses propriétés. Dans la même

optique, ces géotypes pourraient aussi servir de support à des transferts de gènes des protéines du lait.

L'une des méthodes les plus fiables de caractérisation des races est la méthode utilisant de l'ADN nucléaire. Les difficultés d'interprétation des résultats de la caractérisation immunogénétique et les avancées récentes de la connaissance du matériel génétique ont permis d'élaborer des marqueurs génétiques de nouvelles générations pour la caractérisation des animaux.

II.3- METHODES BASEES SUR L'ANALYSE DE L'ADN NUCLEAIRE

II.3.1- STRUCTURE DU MATERIEL GENETIQUE

Selon WEIL (1990), les acides nucléiques (ADN) ont une importance fondamentale. En effet, ils sont soit le support de l'information génétique, soit les agents permettant l'expression de cette information. Ce sont des polymères constitués d'unités appelées nucléotides, d'où le nom de polynucléotides donné aux acides nucléiques. La quasi totalité de l'ADN se trouve localisée dans le noyau des eucaryotes, et est associé à des protéines sous forme de désoxyriboprotéines qui prennent un aspect différent selon que la cellule est en interphase ou en division (TURNER et al ; 2000). Par ailleurs, il existe dans le cytoplasme de la cellule de petits organites, les mitochondries, qui jouent un rôle fondamental dans la production d'énergie et qui possèdent chacun plusieurs molécules circulaires d'ADN de petite taille (dont la transmission est presque uniquement maternelle) (WEIL, 1990). En effet, l'ADN mitochondrial, entièrement occupé par des gènes, ne contient aucune séquence répétée et est essentiellement transmis par la mère. L'avantage d'utiliser l'ADN mitochondrial pour l'analyse de la diversité génétique réside dans le fait que les mitochondries sont transmises uniquement par la mère. Cela permet donc de suivre des populations en comparant le degré de similarité de leur ADN mitochondrial.

II.3.1.1- Composition chimique de l'ADN

Grâce à l'hydrolyse enzymatique de l'ADN, on a pu isoler ses composantes :

- L'acide phosphorique (H_3PO_4) ;
- Le désoxyribose, un sucre en C5 et
- Quatre bases organiques azotées regroupées en bases puriques et en bases pyrimidiques à savoir :
 - Les bases puriques dérivent du noyau purine : adénine (A) et guanine (G) ;
 - Les bases pyrimidiques proviennent du noyau pyrimidine : cytosine (C) et thymine (T) (WATSON, 1978) (Figure 1)

L'association entre l'acide phosphorique, le désoxyribose et une base azotée forme l'élément de base de l'ADN appelé nucléotide. L'ADN est ainsi un polynucléotide (WEIL, 1990). Dans tous les ADN, il y a autant de bases puriques (Adénine et Guanine) que de bases pyrimidiques (Cytosine et Thymine).

Compte tenu de l'existence de quatre bases azotées différentes, il existe quatre types différents de nucléotides selon la base azotée qui est associée à l'acide phosphorique et au désoxyribose. Ce sont ces quatre bases qui se combinent pour constituer les alphabets du code génétique. Elles sont les déterminants de la variabilité génétique (TURNER et al., 2000). Le génome des mammifères contient environ trois milliards de paires de bases (ou trois millions de kilobases).

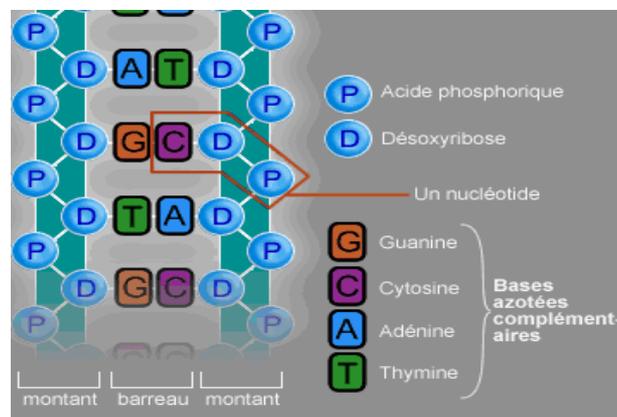


Figure 1 : Composition chimique de l'ADN (WIKIPEDIA 2007)

II.3.1.2- Structure primaire de l'ADN

La chaîne polynucléotidique est un squelette correspondant à une succession de plusieurs dizaines de milliers de nucléotides réunis entre eux par des liaisons chimiques covalentes. (TURNER et al., 2000).

L'enchaînement ordonné des quatre nucléotides différents le long de cette chaîne constitue la structure primaire de l'ADN (KAMOUN et al., 1997). Tous les individus d'une même espèce possèdent, dans leurs cellules, la même quantité d'ADN. Cependant, compte tenu du polymorphisme de l'ADN, chaque individu est unique à l'exception des vrais jumeaux qui, dérivant du même œuf, sont génétiquement identiques.

Lorsqu'une séquence de nucléotides, c'est-à-dire l'ordre défini dans lequel s'enchaînent les nucléotides d'un brin d'ADN, est responsable d'une fonction cellulaire particulière, elle constitue une unité génétique appelée gène, qui en moyenne compte environ 1000 nucléotides (INRAP, 1991).

II.3.1.3- Structure secondaire : la double hélice de Watson et Crick

Structure caractéristique de l'ADN, la double hélice est constituée de deux chaînes polynucléotidiques spiralées, associées par des liaisons transversales (WATSON, 1978). Les deux chaînes polynucléotidiques de l'ADN sont antiparallèles et liées entre elles par appariement des bases complémentaires. Ainsi, l'adénine (A) est toujours appariée à la thymine (T) et la guanine (G) à la cytosine (C). L'association AT et GC constitue la base de la loi de CHARGAFF qui stipule que, dans l'ADN d'une espèce donnée, le pourcentage d'adénine et thymine est le même, ainsi que celui de guanine et cytosine. Les liaisons entre ces bases complémentaires sont des liaisons covalentes, doubles entre l'adénine et la thymine ($A=T$) et triples entre la cytosine et la guanine ($C\equiv G$) (figure 2). L'existence de ces liaisons à faible énergie explique la grande plasticité de la

molécule d'ADN permettant son ouverture lors de la réplication ou de la transcription. Ce sont ces liaisons hydrogènes qui permettent la dénaturation de la molécule par chauffage entre 60 et 80°C et sa renaturation autour de 50°C dans le mécanisme de l'hybridation. Le diamètre de la double hélice est de 20 Å (ou 2 nm). Les plans des paires de bases sont espacés de 3,4 Å (ou 0,34 nm). Le pas d'hélice (tour d'hélice) très régulier est de 34 Å (ou 3,4 nm) soit 10 paires de bases. La séquence complète d'ADN d'un organisme, comprenant toute son information génétique, est appelée le génome (WATSON, 1978). Ce modèle que nous venons de décrire est appelé double hélice de WATSON et de CRICK (1953) (figure 3) et constitue la forme B de l'ADN car dans certaines conditions l'ADN peut se présenter sous d'autres formes hélicoïdales (Z, A).

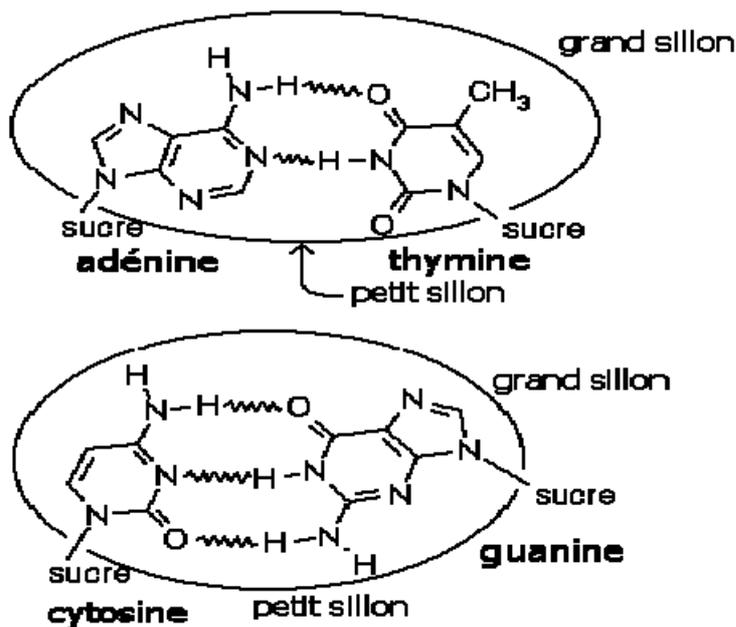


Figure 2 : Complémentarité des bases (<http://perso.orange.fr/vincent.masson/bioch/struct2d.htm>)

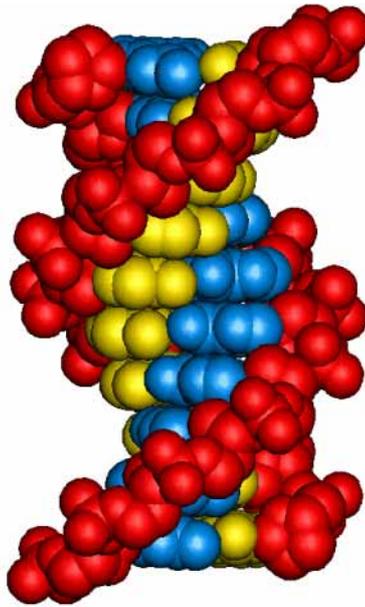


Figure 3 : Conformation de la double hélice de l'ADN dans sa conformation usuelle (ADN-B)

Rouge : le brin phosphodiester

Bleu : Guanine

Jaune : Cytosine

Source : *Lebrun et Laver (2007)*.

II.3.1.4- Structure supérieure : la chromatine

Une molécule d'ADN comporte environ un milliard de paires de bases. Elle est longue et contenue dans le noyau cellulaire qui représente un espace limité, elle est donc pelotonnée (WATSON, 1978). En outre, l'ADN est associé à des protéines appelées histones. Cette structure supérieure du matériel génétique constitue la chromatine. Dans la chromatine, deux zones peuvent être distinguées à savoir l'hétérochromatine (régions de forte condensation regroupées près du nucléole et de la membrane nucléaire) et l'euchromatine (régions de plus faible concentration représentant la majeure partie du génome. Elle contient la plupart des gènes structuraux). Le matériel génétique ainsi décrit est doté d'une parfaite organisation lui permettant de jouer pleinement son rôle.

II.3.2- ORGANISATION DES SEQUENCES DU MATERIEL GENETIQUE

Le gène est la plus petite fraction d'ADN capable de variation dans le patrimoine héréditaire et qui code pour une protéine particulière (WATSON, 1978). Il existe deux mécanismes de synthèse à savoir la transcription de l'ADN en ARN messenger (Acide Ribonucléique messenger) et la traduction de l'ARNm en séquences d'acides aminés qui constituent la molécule protéique. La synthèse s'opère suivant un code génétique qui est un ensemble de combinaisons possibles des quatre nucléotides pris trois à trois (INRAP, 1991). Chaque association de trois nucléotides est appelée codon et correspond à un acide aminé donné de la protéine synthétisée. Il existe également des codons stop qui ne correspondent à aucun acide aminé.

Chez les eucaryotes, la totalité de l'ADN n'est pas transcrite. En effet, 80 à 90% de l'ADN ne s'expriment pas. Il s'agit de l'ADN non codant situé dans les régions séparant les gènes (ADN non transcrit) mais aussi à l'intérieur même des gènes. On parle alors, au niveau des gènes, d'exons pour les parties codantes et d'introns pour les parties non codantes. Seuls les exons sont importants pour la traduction.

L'ADN des eucaryotes peut être classé en plusieurs sous-ensembles : les gènes uniques, les familles de gènes et les pseudo gènes, les séquences répétées fonctionnelles non codantes, les séquences répétées de fonction inconnue et les séquences non répétées non codantes.

II.3.2.1- Les gènes uniques, familles de gènes et pseudogènes

La répartition des gènes et la densité des gènes le long des chromosomes ne sont pas homogènes (MOUCHIROUD et al., 1991; SACCONI et al., 1992; BERNARDI, 1995). La plupart des gènes et pseudo gènes sont situés dans l'euchromatine de tous les chromosomes, bien que l'hétérochromatine n'en soit pas totalement dépourvue. La densité des gènes varie aussi entre chromosomes.

Cette hypothèse est soutenue par GELLIN (2000) dont les expériences de peinture chromosomique hétérologue révèlent l'existence de grands segments chromosomiques conservés entre génomes d'espèces différentes, la distribution de ces segments au sein des caryotypes étant spécifique d'espèces (WIENBERG et STANYON, 1997).

A côté des gènes, il existe des séquences structurellement proches de certains gènes mais qui en fait ne sont ni transcrites en ARNm ni traduites en protéines ; ce sont les pseudogènes. En effet, ces pseudogènes sont constitués par une succession d'introns et d'exons mais ils sont rendus inactifs à la suite d'anomalies structurales diverses telles que les mutations ponctuelles, les délétions ou les insertions de codons « stop ».

II.3.2.2- Séquences répétées fonctionnelles non codantes

Situées aux deux extrémités de chacun des chromosomes de toutes les espèces eucaryotes étudiées, de la levure à l'homme (PRYDE et al., 1997), les séquences répétées fonctionnelles non codantes consistent en un alignement de répétitions hexanucléotidiques (TTAGGG chez l'homme) en tandem qui ne spécifient aucune protéine ou ARN, mais qui ont un rôle essentiel. Leur rôle serait la protection de l'extrémité des chromosomes de la dégradation. Il a été montré que la taille de ces alignements télomériques diminue avec le vieillissement cellulaire, c'est-à-dire au fur et à mesure que les divisions cellulaires se succèdent (GREIDER, 1996).

II.3.2.3- Séquences d'ADN répétées et dispersées (SINEs et LINEs)

Ce sont des séquences de nucléotides courtes (SINEs : Short InterSpersed Repeat Elements) et longues (LINEs : Long InterSpersed Repeat Elements) éparpillées à travers le génome. Elles sont hautement répétées et dispersées chez

les vertébrés (PRYDE et al., 1997). Elles possèdent une structure de transposons c'est-à-dire des éléments d'ADN instables et capables de migrer vers différentes régions du génome par rétro transposition. Le rôle biologique de ces séquences reste inconnu. Les LINEs ont des séquences de 6 à 7 kilobases alors que les SINEs mesurent environ 300 à 500 pb (paires de bases) dont les séquences "Alu" sont répétées des milliers de fois et distribuées non aléatoirement.

II.3.2.4- Séquences non répétées non codantes

Elles représentent des séquences non répétées situées entre les gènes et très peu caractérisées à ce jour. Elles contiennent probablement les séquences régulatrices à proximité des gènes, mais servent peut-être aussi à séparer plus ou moins les gènes.

II.3.2.5- Séquences répétées en tandem

Il s'agit de séquences de taille variable constituées de répétitions en tandem d'un motif unitaire de taille également variable. Ces séquences sont de fonction inconnue. Selon la taille du motif et de la répétition, on distingue les satellites (CSINK et HENIKOFF, 1998), les minisatellites (JARMAN et WELLS, 1989), et les microsatellites (KARLIN et BURGE, 1995). Elles sont encore appelées VNTR (Variable Number of Tandem Repeat) ou NVRT (Nombre Variable de Répétitions en Tandem) et sont présentes en plus grande quantité dans le génome.

II.3.2.5.1- ADN satellites

Ce sont de longues séries de répétitions d'ADN plus ou moins complexes et non transcrites. Le motif répété en tandem est constitué de 2 à 100 nucléotides. Il existe plusieurs types d'ADN satellites. Chez les primates par exemple, les satellites II contiennent une répétition en tandem du motif AATTCC, alors que

l'ADN satellite, constituant principal de l'hétérochromatine centromérique, est caractérisé par une répétition d'une unité de 171 paires de bases (tableau II) (JARMAN et WELLS, 1989).

Tableau II : Caractéristiques des ADN satellites (SCHIBLER et al., 2000)

| Classe | Taille de l'unité de base | Nombre de répétitions | Taille de la séquence | Répartition chromosomique |
|----------------------------|---------------------------|----------------------------------|--------------------------|--|
| Satellites II et III | 5 pb | Jusqu'à plus de 1000 répétitions | De 100 kb à plusieurs Mb | La plupart des chromosomes |
| Satellites I (riche en AT) | 25 - 48 pb | Jusqu'à plus de 1000 répétitions | De 100 kb à plusieurs Mb | Hétérochromatine de la plupart des chromosomes |
| ADN | 171 | Jusqu'à plus de 1000 répétitions | De 100 kb à plusieurs Mb | Hétérochromatine centromérique de tous les chromosomes |

II.3.2.5.2- ADN minisatellites

Extrêmement polymorphes, les minisatellites sont hypervariables tant du point de vue du nombre de répétitions que de la taille des unités répétées (JEFFREYS et al., 1985). Les unités partagent un motif central (ou core) d'une dizaine de paires de bases (GGGCAGGANG). Leur caractéristique réside dans la grande variabilité du nombre de répétitions en tandem d'un individu à l'autre, une telle variabilité permet de les utiliser pour réaliser les empreintes d'ADN spécifiques d'individu.

II.3.2.5.3- ADN microsatellites

a) Définition

Les microsatellites sont des séquences d'ADN formées par une répétition continue de motifs (10 à 20 fois en moyenne) composés de 1 à 4 nucléotides, et dont la taille n'excède pas en général 200 paires de bases (PRYDE et al., 1997).

Ces séquences sont également appelées simple séquence repeats (SSR), short tandem repeats (STR), ou variable number tandem repeats (VNTR). Elles sont présentes sur l'ensemble du génome, plus fréquemment au niveau des introns des gènes mais également au niveau d'exons. Généralement, ce sont les dinucléotides CA qui sont les plus nombreux dans le génome (SCHIBLER et al., 2000). Les microsatellites, de par leur amplification aisée et répétable, leur co-dominance et leur fort polymorphisme, sont aujourd'hui parmi les marqueurs moléculaires les plus utilisés dans les études de diversité génétique. Ils sont localisés majoritairement entre les gènes, dans les régions non transcrites, et dans les introns des gènes (PRYDE et al., 1997). Ils sont notamment utilisés pour rechercher les gènes qui gouvernent les caractères d'intérêt zootechnique, mais ils peuvent aussi servir, par exemple, à maintenir la variabilité génétique des petites populations. En effet, le taux de mutation des marqueurs microsatellites est de l'ordre de 10^{-2} à 10^{-4} (TAUTZ, 1989 ; WEBER et WONG, 1993).

b) Polymorphisme des microsatellites

Les microsatellites sont des répétitions d'un nombre variable de di, tri, ou tétranucléotides, hautement représentées dans le génome des eucaryotes. Ces marqueurs sont souvent très informatifs. En effet, ils sont en général très polymorphes et leurs séquences ont au moins 13 répétitions ou plus. Contrairement aux minisatellites, les microsatellites semblent être répartis de manière homogène dans le génome (BOICHARD et al 1998).

Grâce à leur informativité élevée et à leur distribution quasi-uniforme dans les génomes eucaryotes, les microsatellites représentent les marqueurs idéaux pour la recherche de gènes. En outre, 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 (<http://www.pmm.tn.refer.org/glossaire.htm#marqueur>).

c) Utilisation des microsatellites

Les marqueurs génétiques sont des fragments d'ADN qui servent de repère pour suivre la transmission d'un segment de chromosome d'une génération à l'autre (BOICHARD et al., 1998). Avec le développement des nouvelles techniques de biologie moléculaire, les marqueurs génétiques sont très sollicités pour la recherche du polymorphisme des génomes des différentes espèces. Ces molécules sont notamment utilisées pour rechercher les gènes qui gouvernent les caractères d'intérêt économique et zootechnique mais ils sont également importants dans le maintien de la variabilité génétique des petites populations. Les microsatellites sont largement utilisés dans l'identification de la parenté et de la paternité. L'efficacité des contrôles de filiation dépend du nombre de marqueurs utilisés pour ces contrôles et de leur polymorphisme (LUIKART et al., 1999).

Après avoir décrit les différentes méthodes de caractérisation des animaux en général, nous allons nous intéresser au cas particulier de la race caprine.

II.4- CARACTERISATION DE LA POPULATION CAPRINE

Mises à part les études morphobiométriques dont les limites sont bien connues, la caractérisation des chèvres à l'aide de marqueurs génétiques n'a été réalisée que sur seulement quelques races. Les travaux de IBRAHIM (2001) et TALAKI (2001) réalisés sur certaines races caprines de l'Afrique de l'Ouest (la chèvre du Sahel, la chèvre Rouse de Maradi, la chèvre Maure, la chèvre Laobé, la chèvre naine, et la chèvre Guéra) ont permis d'identifier et d'amplifier des microsatellites très polymorphes qui ont permis de montrer l'existence d'une grande stabilité des populations caprines étudiées, attestée par l'équilibre de HARDY WEINBERG et une diversité inter race moyennement à fortement marquée.

Toutefois, ces études ont été réalisées seulement dans quatre pays d'Afrique de l'Ouest (Sénégal, Guinée, Mauritanie, Niger) et portaient seulement sur 7 populations. Il est donc nécessaire de l'étendre à d'autres pays d'Afrique tels que le Togo, le Burkina-faso, le Ghana, Mali et le Tchad.

DEUXIEME PARTIE :
ETUDE EXPERIMENTALE

Chapitre I - MATERIEL ET METHODES

I.1 SITE ET PERIODE D'ETUDE

La présente étude a été réalisée de novembre 2006 en avril 2007 dans huit (08) pays d'Afrique Occidentale à savoir :

- ✓ la Mauritanie, plus précisément à Nouakchott,
- ✓ le Ghana où l'étude a été menée dans la localité de Cape Coast,
- ✓ la Guinée dans le Fouta Djallon,
- ✓ le Togo dans la préfecture de Kpalimé,
- ✓ le Burkina Faso dans la région Ziniaré,
- ✓ le Sénégal dans la localité de Kolda,
- ✓ le Tchad dans les départements d'Abéché et Tandjile et
- ✓ le Mali dans la localité de Ségou.

I.2-POPULATIONS ANIMALES

Notre étude a porté sur neuf (09) populations de chèvres.

Dans les différents sites, les populations cibles figurent au tableau III

Tableau III : Sites de travail et populations animales cibles

| | Mauritanie | Ghana | Togo | Burkina-Faso | Mali | Guinée | Sénégal | Tchad | |
|--------------------|------------|------------|-----------|--------------|-------|---------------|-----------|--------|----------|
| Localité | Nouakchott | Cape Coast | Kpalimé | Ziniaré | Ségou | Fouta Djallon | Kolda | Abéché | Tandjilé |
| Populations cibles | Sahel | Djallonké | Djallonké | Mossi | Sahel | Laobé | Djallonké | Sahel | Kirdi |

I.3 ECHANTILLONNAGE

I.3.1- Technique d'échantillonnage

Le choix des animaux a été fait par sondage aléatoire dans différents villages. Toutefois, pour avoir les animaux les moins apparentés possible, garants de la représentativité de l'échantillon, un maximum de quatre (04) concessions assez éloignées les unes des autres ont été choisies par village. En général, dans chaque concession, un seul animal a été étudié (dans un souci de réduction du risque de consanguinité) sauf si dans le troupeau se trouvent des animaux provenant d'autres localités (achat, don, mise à la garde).

I.3.2- Nombre d'animaux

Au total, environ une centaine de chèvres par pays d'investigation ont été échantillonnés (Tableau IV).

Tableau IV : Nombre de villages et d'animaux par pays

| | Mauritanie | Ghana | Togo | Faso | Guinée | Mali | Sénégal | Tchad |
|--------------------|------------|-------|------|------|--------|------|---------|-------|
| Nombre de villages | 30 | 13 | 34 | 26 | 25 | 18 | 30 | 60 |
| Nombre d'animaux | 100 | 85 | 100 | 100 | 100 | 96 | 100 | 100 |

I.4- ANALYSE DE LABORATOIRE

Le travail au Laboratoire de Biologie Moléculaire de l'EISMV (Ecole Inter-Etats de Sciences et Médecine Vétérinaire) de Dakar (Sénégal) s'est étendu de mars 2007 à juillet 2007. Il est consacré exclusivement à l'extraction de l'ADN sur un effectif total de 450 échantillons de sang de caprin à raison de 50 par population étudiée. Au total, 50 extraits d'ADN par population étudiée ont été réalisés. Une fois extrait, 22 échantillons d'ADN par population ont été retenus pour la suite des analyses et envoyés en France au LABOGENA (Laboratoire de Génétique Animale) pour la PCR (Polymerase chain reaction) et le typage des animaux.

I.5- MATERIEL, REACTIFS ET SOLUTIONS AU LABORATOIRE

I.5.1- MATERIEL

En dehors de la verrerie classique composée de béchers, de fioles jaugées, de burettes, de pipettes, de micropipettes, de portoirs, de tubes et microtubes, nous avons utilisé les appareils tels que :

- 01 spectrophotomètre : GENE Quant II RNA/DNA Calculator ;
- 01 centrifugeuse (SIGMA 3-15) ;
- 01 cuve bain-marie (MEMMERT);
- 01 balance analytique (PRECISA 205 A SCS);
- 01 pH-mètre (METTLER TOLEDI MP 230) ;
- 01 agitateur (VARIOMAG) ;
- 01 mixeur (VORTEX MIXER SA3) ;

I.5.2- REACTIFS ET SOLUTIONS

Les réactifs et solutions utilisés pour l'extraction d'ADN (annexe I) sont :

- Solution de lyse des globules rouges (SLR) (1M Tris Base pH 8 ; 1M MgCl₂ ; 5 M NaCl) ;
- Solution de lyse des globules blancs (SLB) (1M Tris Base pH8 ; 0,4 M EDTA pH8 ; 5 M NaCl) ;
- Tampon de digestion TE (10 mM Tris Base pH 7,5 ; 1 mM EDTA) ;
- Chlorure de sodium (NaCl);
- Ethanol absolu ;
- Ethanol 70% ;
- Chlorure de magnésium
- SDS 20% (Sodium Dodécyl Sulfate) ;
- Protéinase K ;
- Phénol et Chloroforme.

I.6- METHODOLOGIE

I.6.1- EXTRACTION DE L'ADN

Après décongélation des échantillons de sang à la température ambiante (photo 5), la méthode au phénol-chloroforme a été utilisée. Les globules rouges du sang ont été lysés par choc osmotique dans une solution hypotonique. Pour ce fait, chaque prélèvement (10 ml de sang total) a été additionné de 40 ml environ de solution de lyse de globules rouges (SLR) (photo 6) puis homogénéisé et centrifugé (1500 tours / mn pendant 10 mn). Le surnageant a été éliminé et le culot cellulaire repris dans 50 ml de SLR et centrifugé à nouveau. Cette opération a été reprise autant de fois que le culot cellulaire contienne de globules rouge. Le culot cellulaire contenant rien que les leucocytes a été ensuite traité par 5 ml de la solution de lyse des globules blancs (SBL) (photo 7). Une fois les globules blancs sont lysés et les noyaux libérés dans le milieu, il y est ajouté un détergent SDS (Sodium Dodécyl Sulfate) qui agit en détruisant les membranes cellulaires des noyaux par action sur les lipides et dont l'action est optimisée à 55°C. L'ADN nucléaire ainsi libéré dans le milieu est alors traité par une protéinase très active, la protéinase K, qui a pour but de digérer les protéines qui sont associées à l'ADN. Le traitement par la protéinase K (10 mg/ml) est optimisé à 55 °C pendant 8 à 12 heures. Ceci explique l'incubation de la solution ainsi obtenue au bain marie à 55° C pendant toute une nuit. Le lendemain, les tubes sont récupérés du bain marie, refroidis à l'air libre puis au réfrigérateur pendant 15 minutes.

L'étape suivante est la déprotéinisation de la solution qui se fait par une extraction au moyen de solvants organiques tels que le phénol additionné de chloroforme. Le phénol débarrasse l'ADN des protéines et le chloroforme des lipides. Les protéines dénaturées forment un précipité à l'interface phénol-eau tandis que l'ADN reste en solution dans la phase aqueuse (photo 8). A l'aide d'une pipette, la phase phénolique se trouvant au fond du tube est aspirée et éliminée. La phase aqueuse restante est alors centrifugée à 3000 tours/mn

pendant 10 minutes. Les tubes ont été refroidis pendant 15 mn au réfrigérateur avant l'extraction proprement dite.

L'adjonction d'alcool absolu froid à la phase aqueuse fait apparaître l'ADN sous forme filamenteuse, visible à l'œil nu. Ce précipité est récupéré à l'aide de l'embout d'une pipette pasteur (photo 9), rincé dans 1 ml d'éthanol à 70% froid, et dissout dans 1 ml d'une solution tamponnée TE (Annexe I).



Photo 5 : Décongélation du sang à la température ambiante

Source : POUTYA



Photo 6 : Sang décongelé + SLR (solution de lyse des globules rouges) avant la centrifugation

Source : POUTYA

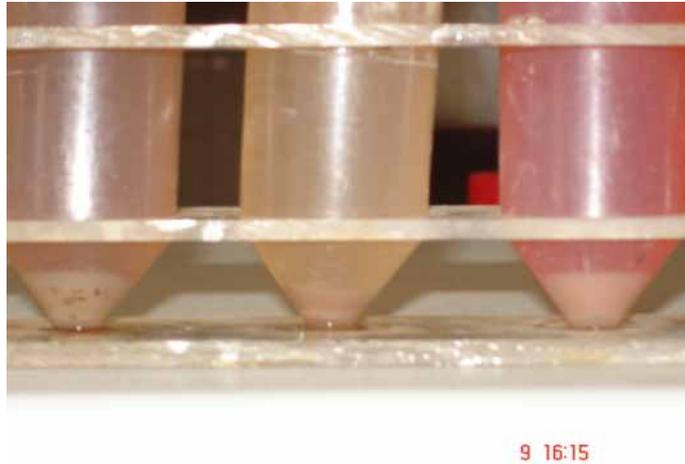


Photo 7 : Culot de globules blancs après lyse des globules rouges

Source : POUTYA



Photo 8 : Séparation de la phase aqueuse (au dessus) de la phase phénolique (en dessous) après ajout du mélange phénol / chloroforme

Source : POUTYA



Photo 9 : Méduse d'ADN

Source : POUTYA

I.6.2- MESURE DE LA CONCENTRATION DE L'ADN

Pour la mesure de la concentration de l'ADN, nous avons utilisé un spectrophotomètre GENE Quant II RNA/DNA Calculator permettant de lire la densité optique à 260 et 280 nm. Cette détermination de la concentration de l'ADN a permis de vérifier l'intégrité de l'ADN extrait. Les extraits d'ADN ont été envoyés en France au LABOGENA (Laboratoire de Génétique Animale) pour la PCR (Polymerase Chain Reaction) et le génotypage.

I.6.3-TECHNIQUE DE LA PCR (POLYMERASE CHAIN REACTION)

La «Polymerase Chain Reaction» ou PCR (ou encore ACP pour Amplification en Chaîne par Polymérase), est une technique de réplification ciblée in vitro. Elle permet d'obtenir, à partir d'un échantillon complexe et peu abondant, d'importantes quantités d'un fragment d'ADN spécifique et de longueur définie.

I.6.3.1- Principe de la PCR

Il s'agit de réaliser une succession de réactions de réplification d'une matrice double brins d'ADN. Chaque réaction met en oeuvre deux amorces oligonucléotidiques dont les extrémités 3' pointent l'une vers l'autre. Les

amorces ou «primers» définissent alors, en la bornant, la séquence à amplifier. Les produits de chaque étape de synthèse sont utilisés comme matrices pour les étapes suivantes. Cette activité est rendue possible par le fonctionnement cyclique d'une enzyme, l'ADN-polymérase qui a une action optimale à une température voisine de 70°C (TURNER et al., 2000).

I.6.3.2- Protocole

Dans un tube, on mélange l'ADN à amplifier, les deux (02) amorces oligonucléotidiques encadrant la région à amplifier, les quatre (04) désoxynucléotides triphosphates (dATP, dCTP, dGTP et dTTP), l'ADN polymérase (Taq polymérase), du chlorure de magnésium (MgCl₂) et de l'eau distillée. Les différents tubes sont placés dans l'amplificateur préalablement réglé. Trois étapes caractérisent chaque cycle de polymérisation en chaîne d'ADN (figure 4) :

- Étape 1 : dénaturation des deux brins d'ADN à haute température (94 à 95°C) ;
- Étape 2 : hybridation des amorces au niveau des extrémités 3' de la séquence à amplifier ; la température étant ramenée entre 40 et 65°C en fonction de la longueur et de la spécificité des oligonucléotides utilisés comme amorces ;
- Étape 3 : réaction d'élongation (extension des brins) par une ADN polymérase thermostable (Taq polymérase si la bactérie utilisée est *Thermus aquaticus*) à une température de 70 - 75°C.

Ces trois étapes constituent un cycle d'amplification. Les produits obtenus sont ensuite dénaturés à 95°C pour subir un nouveau cycle. Dans une PCR classique, on réalise 40 cycles et, à chaque cycle, le nombre de copies du fragment d'ADN est doublé. Le tableau V donne la liste des microsatellites et la séquence de leurs amorces.

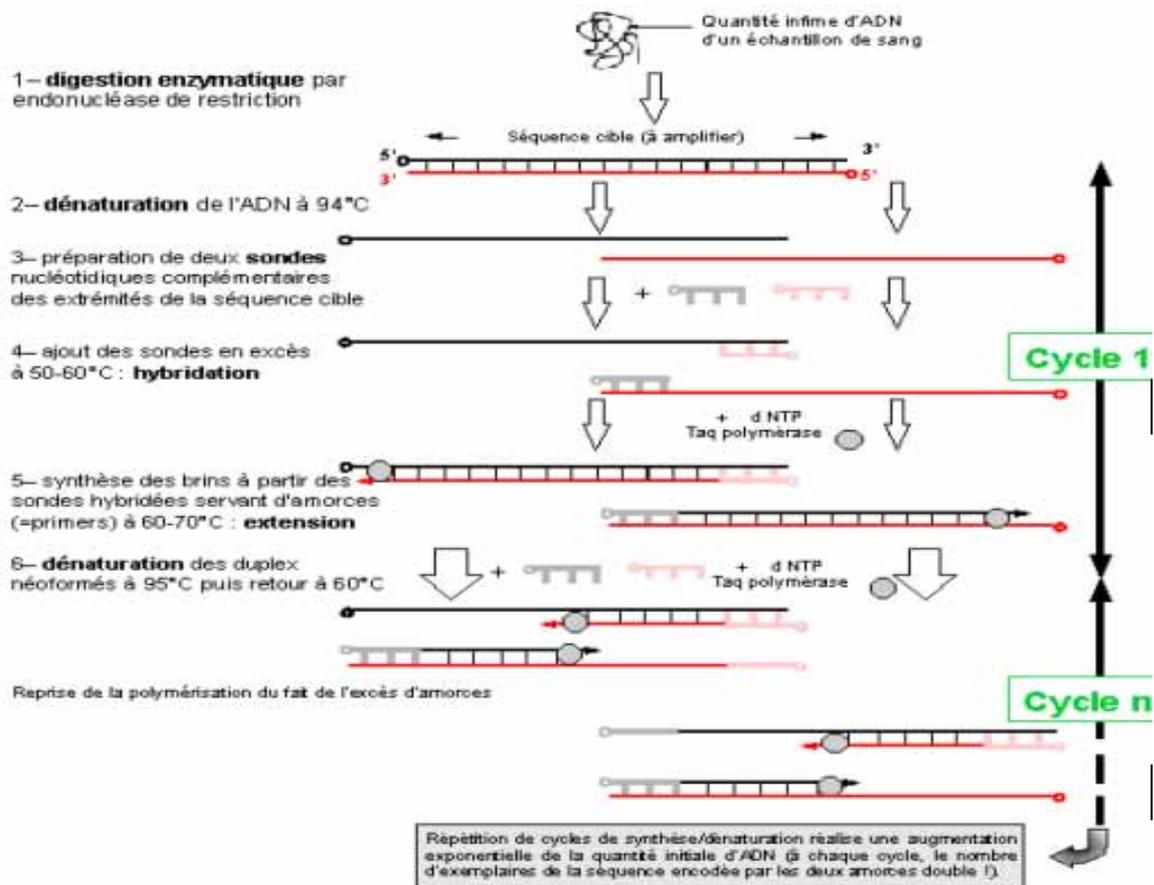


Figure 4 : Réaction de Polymérisation en Chaîne ou Polymerase Chain Reaction

Tableau V : Liste des amorces utilisées (LUIKART et al., 1999)

| Noms des amorces | Séquences 5'→3' | Nombre de bases | Source |
|------------------|------------------------------|-----------------|--------|
| ILSTS011 | GCTTGCTACATGGAAAAGTGC | 20 | Bovin |
| | CTAAAATGCAGAGCCCTACC | 20 | |
| INRA063 | GACCACAAAGGGATTGCACAAGC | 24 | Bovin |
| | AAACCACAGAAATGCTTGGAAG | 22 | |
| INRA172 | CCACTTCCTGTATCCTCTCT | 20 | Bovin |
| | GGTGCTCCCATTGTGTAGAC | 20 | |
| MAF0065 | AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG | 25 | Ovin |
| | CCACTCCTCTGAGAATATAACATG | 25 | |
| MCHII-DR | GGACACGTTCTTGCAGATACTACTAC | 26 | Bovin |
| | GAACTCTCCTTAAGCATACTTGCTC | 25 | |
| SR-CRSP23 | TGAACGGGTAAAGATGTG | 20 | Caprin |
| | TGTTTTTAATGGCTGAGTAG | 20 | |
| SR-CRSP09 | AGAGGATCTGAAAATGGAATC | 21 | Caprin |
| | GCACTCTTTTCAGCCCTAATG | 21 | |
| OarFCB20 | AAATGTGTTTAAGATTCCATACAGTG | 26 | Ovin |
| | GGAAAACCCCATATATACCTATAC | 25 | |
| OarAE054 | TACTAAAGAAACATGAAGCTCCCA | 24 | Ovin |
| | GGAAACATTTATTCTTATTCTCAGTG | 27 | |
| OarFCB48 | GAGTTAGTACAAGGATGACAAGAGGCAC | 28 | Ovin |
| | GACTCTAGAGGATCGCAAAGAACCAG | 26 | |

I.6.4- TYPAGE DES ANIMAUX

Le typage a été réalisé à l'aide d'un séquenceur au LABOGENA (Laboratoire de génétique animale). Les résultats du génotypage ont été traités et analysés à l'EISMV (Ecole Inter-Etats de Sciences et Médecine Vétérinaires) à Dakar.

I.6.5- METHODES D'ANALYSE STATISTIQUE DES DONNEES

A l'aide des programmes GENETIX version 4.03 (BELKHIR et al., 1998), FSTAT version 2.9.3.2. (GOUDET, 1995), et XLSTAT –Pro version 6.1.9, nous avons effectué le traitement de nos données à savoir : détermination des fréquences alléliques, de l'hétérozygotie, calcul des F-Statistiques et Analyse Factorielle de Correspondances (AFC). Les logiciels DARWIN version 5.0.152 et PHYLIP version 3.65 (FELSENSTEIN J., 1993) nous ont permis de réaliser les dendrogrammes.

I.6.5.1- Estimation des fréquences alléliques

Pour un locus donné, une population est complètement décrite si l'on connaît la fréquence de chacune des catégories génétiques. Dans le cas d'un système diallélique A et a, la structure d'une population d'effectif N est complètement connue si l'on connaît les effectifs N_{AA} de AA, N_{Aa} de Aa et N_{aa} de aa avec $N = N_{AA} + N_{Aa} + N_{aa}$ à partir desquels on calcule les fréquences relatives des trois génotypes.

A partir des fréquences génotypiques, il est possible de calculer les fréquences alléliques dans la population, c'est à dire les fréquences des différents états alléliques du locus considéré. Dans le cas d'un gène autosomal à deux allèles A et a, la fréquence de l'allèle A est le rapport du nombre d'allèles A au nombre total d'allèles à ce locus, soit 2N pour une population de N individus diploïdes :

- les N_{AA} individus AA sont porteurs de deux allèles A
- les N_{Aa} individus Aa d'un allèle A et d'un allèle a
- les N_{aa} individus aa de deux allèles a.

Le nombre d'allèles A dans la population est donc $2N_{AA} + N_{Aa}$.

Les fréquences p et q des allèles A et a sont alors les suivantes:

$$f(A) = p = (2N_{AA} + N_{Aa}) / 2N$$

$$f(a) = q = (2N_{aa} + N_{Aa}) / 2N \text{ avec } p + q = 1$$

Autrement dit si D et R sont les fréquences respectives des homozygotes AA et aa, H la fréquence des hétérozygotes Aa, les fréquences alléliques peuvent aussi être calculées à partir des fréquences génotypiques :

$$f(A) = p = D + H/2$$

$$f(a) = q = R + H/2$$

Ces fréquences p et q représentent également une estimation de la probabilité qu'un gamète mâle ou femelle porte l'allèle A ou l'allèle a.

I.6.5.2- Test de conformité à l'équilibre de HARDY-WEINBERG

La loi de HARDY WEINBERG stipule que : « dans une population de grande taille en panmixie (accouplements au hasard), les fréquences des génotypes et des allèles demeurent constantes de génération en génération en l'absence de migration, de mutation et de sélection; les fréquences des génotypes sont déterminées par les fréquences géniques » (FALCONER, 1960).

Pour un système bi-allélique, p et q désignant la fréquence de chaque allèle, on a $p + q = 1$. L'ensemble des génotypes possibles est donné par la formule :

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

La fréquence des homozygotes est donnée par p^2 et q^2 .

La fréquence des hétérozygotes est donnée par $2pq$.

I.6.5.3- Taux d'hétérozygotie

Le taux d'hétérozygotie d'un locus k permet de décrire le polymorphisme de ce locus. Le taux d'hétérozygotie observé (H_o) du locus k a été déterminé à partir du rapport entre le nombre total d'animaux typés pour ce locus. Lorsque le nombre d'animaux par population est faible, NEI (1978) propose d'utiliser un taux d'hétérozygotie théorique (H_t) appelé taux d'hétérozygotie non biaisé ($H_n.b.$). La population est dite en équilibre de Hardy Weinberg si l'hétérozygotie observée est égale à celle attendue ou théorique.

- Taux d'hétérozygotie observé H_o

C'est la moyenne des fréquences des hétérozygotes observées à chacun des loci étudiés. $H_o = 1/N \sum H_i$

Le taux d'hétérozygotie fournit une bonne estimation de la variabilité génétique de la population, à condition toutefois que les individus de cette population se reproduisent au hasard. Les modes de reproduction n'étant pas toujours connus, on calcule également un autre paramètre qui est l'hétérozygotie attendue ou théorique (H_t).

- Taux d'hétérozygotie attendue ou théorique (H_t)

C'est une estimation de la fréquence des hétérozygotes si les allèles sont associés au hasard pour former les génotypes.

Pour un locus **A** à **k** allèles **A1**, **A2**, ...**Ak** de fréquences **f1**, **f2**,..., **fk**, l'hétérozygotie attendue H_e est la suivante :

$$H_e = 1 - (f_1^2 + f_2^2 + \dots + f_k^2) = 1 - \sum f_i^2$$

L'hétérozygotie théorique globale est la moyenne des hétérozygoties attendues à chacun des loci étudiés :

$$H_t = 1/N \sum H_{e_i}$$

N étant le nombre total de loci étudiés qu'ils soient monomorphes ou polymorphes.

H_{e_i} est l'hétérozygotie théorique au locus i .

Il est alors possible de comparer la variabilité génétique des populations qui présentent des modes de reproduction différents.

I.6.5.4- F-statistiques

Les trois paramètres (FIS, FST et FIT) des F-statistiques de WRIGHT (1967) à calculer sont :

- **FIS** (IS : individu dans la sous-population) estime l'écart à la panmixie (croisement au hasard) dans une sous-population. Il exprime la variabilité

génétique au sein des individus par rapport à la sous-population. Il mesure l'excès ou le déficit d'hétérozygotie à l'intérieur de chaque population.

- **FST** (ST : sous-population dans le total) définit la différenciation génétique entre deux sous-populations, il donne le déficit en hétérozygotes issu de la structuration en sous-populations, et exprime ainsi les différences de fréquences alléliques entre les sous-populations. Sa valeur est toujours positive.

- **FIT** (IT : individu dans le total) mesure l'écart à la panmixie à l'échelle globale de la population ou le déficit en hétérozygotes global pour l'ensemble de la population.

Les valeurs positives de FIS et de FIT indiquent un déficit alors que les valeurs négatives de ces mêmes paramètres indiquent un excès d'hétérozygotes.

Soit HI : Hétérozygotie observée en moyenne par individu, sur l'ensemble des sous-populations.

HS : Hétérozygotie attendue par individu pour une sous-population, en la supposant à l'équilibre de HARDY WEINBERG.

HT : Hétérozygotie attendue par individu, en supposant la population globale à l'équilibre de HARDY-WEINBERG.

Si Hi représente l'hétérozygotie observée dans la ième sous-population, on aura pour k sous-populations :

$$HI = \frac{\sum_{i=1}^k H_i}{k}$$

HS représente l'hétérozygotie attendue dans une sous-population supposée en équilibre de HARDY WEINBERG, où xi est la fréquence du ième allèle. Soit pour la S ième population :

$$HS = 1 - \sum x_i^2$$

\bar{HS} : la moyenne des HS sur les k sous-populations :

$$\bar{HS} = \frac{\sum_{S=1}^k HS}{k}$$

Si on note \bar{x}_i la fréquence moyenne de l'allèle A_i sur l'ensemble des k sous-populations, on a :

$$H_T = 1 - \sum_i^k \bar{x}_i^2.$$

$$F_{IS} = (\bar{H}_S - H_I) / \bar{H}_S.$$

$$F_{ST} = (H_T - \bar{H}_S) / H_T$$

$$F_{IT} = (H_T - H_I) / H_T$$

Ces trois indices de fixation sont unis par une relation mathématique :

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

Chapitre II- RESULTATS ET DISCUSSION

II.1 EXTRACTION D'ADN

Nous avons pu extraire 300 échantillons d'ADN parmi les 400 prélèvements de sang soumis aux analyses, soit un taux moyen de réussite d'extractions de 75%.

II.2- DISTRIBUTION DES FREQUENCES ALLELIQUES

II. 2.1- NOMENCLATURE DES ALLELES

L'inexistence de nomenclature et de terminologie pour le typage des allèles conduit chaque laboratoire à désigner les allèles selon ses propres critères. C'est ainsi que MOAZAMI-GOUDARZI (1994) désigne les microsatellites d'après la taille de chaque allèle. CROOIJMANS et al., (1993) utilisent les lettres de l'alphabet pour leur désignation, alors que VAIMAN et al., (1992) les désignent en les numérotant. Pour notre étude nous désignerons les allèles par leur taille. La mise en place d'une nomenclature standardisée semble nécessaire pour faciliter la confrontation des résultats entre laboratoires.

II.2.2- TAILLE DES ECHANTILLONS

Pour étudier le polymorphisme génétique de nos neuf (09) populations de chèvres, (chèvre Djallonké du Togo, chèvre Djallonké du Ghana, chèvre Djallonké du Sénégal, chèvre Laobé de la Guinée, chèvre Mossi du Burkina-Faso, chèvre Kirdi du Tchad, chèvre du Sahel du Mali, chèvre du Sahel du Tchad et chèvre du Sahel de la Mauritanie), nous avons choisi en moyenne 22 individus par population soit un total de 199 individus. Ce nombre d'individus par population est recommandé par NEI (1975) pour l'étude d'hétérozygotie moyenne d'une population et se situe dans la fourchette de 10 à 100 de la plupart des travaux (LUIKART et al., 1999).

II.2.3- MESURE DE LA DIVERSITE GENETIQUE

La diversité génétique totale est la somme de la diversité génétique intrapopulation et de la diversité génétique interpopulation (CROSSA et al., 1993).

II.2.3.1- Diversité génétique intrapopulation

II.2.3.1.1- Fréquences alléliques

Puisqu'il s'agit de systèmes où les allèles sont codominants, les fréquences alléliques ont été calculées par comptage direct.

Les figures 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12 ; 13, et 14 représentent la composition allélique et la distribution des fréquences observées pour chaque locus polymorphe dans les populations de chèvres étudiées. La taille des allèles est exprimée en paires de bases.

L'analyse des fréquences conduit aux observations suivantes :

- Au sein d'un même marqueur, les fréquences des différents allèles sont très variables d'une population à l'autre. C'est le cas de l'allèle 278 du marqueur ILSTS011 qui est fortement présent dans toutes les populations (environ 65%) alors que les allèles 266, 270, 273, 282 et 284 sont faiblement représentés (3%) dans les populations étudiées et parfois même absents (Figure 8).
- Certains allèles peuvent être présents dans une population pour un marqueur donné et être absents dans cette même population pour un autre marqueur. L'exemple est donné pour l'allèle 168 rencontré uniquement chez la chèvre du Sahel du Tchad au niveau du marqueur INRA063 mais qui est absent dans cette population au niveau du marqueur MAF65 et ne s'observe que chez les populations de chèvres naines du Togo et du Ghana (Figures 7 et 9).
- Les allèles communs à certains marqueurs se manifestent très différemment au sein des populations. L'allèle 158 des marqueurs OarFCB48 (figure 12) et MAF65 (figure 9) est présent dans toutes les populations à des fréquences allant de 58% (population de chèvre Kirdi) à 3% (chèvre du Sahel du Mali) au

marqueur OarFCB48C contre 5% uniquement dans les populations de chèvres du Sahel de la Mauritanie et Kirdi au marqueur MAF65. Les allèles 94, 96 et 100 des marqueurs SR-CRSP23 (figure 10) et OarFCB20 (figure 14) ont des fréquences très différentes d'un marqueur à l'autre et d'une population à une autre à l'intérieur d'un même marqueur. Par exemple, l'allèle 94 présent dans les populations de chèvres du Sahel du Tchad (5%) et Sahel du Mali (10%) au marqueur OarFCB20 est aussi observé au marqueur SR-CRSP23 dans les populations de chèvres du Sahel du Tchad (3%), Kirdi (10%), Sahel du Mali (5%) et Djallonké du Ghana (3%). L'allèle 96, rencontré dans toutes les 9 populations étudiées au marqueur SR-CRSP23 avec une fréquence moyenne de 45%, n'est présent que dans 4 populations (Mossi, Sahel du Tchad, Kirdi et Sahel du Mali) au marqueur OarFCB20 a des fréquences faibles (en moyenne 8%). Quant à l'allèle 100, uniquement absent dans la population de chèvres Kirdi au marqueur SR-CRSP23, il est présent dans cette population au marqueur OarFCB20 à côté des populations de chèvres naines du Togo et de Mossi.

- Au niveau d'un marqueur, pour des allèles différents, les fréquences alléliques les plus élevées et les plus basses peuvent s'observer dans une même population de chèvres. C'est le cas des allèles 206 et 221 du marqueur MCHII-DR (figure 6) où la fréquence allélique la plus élevée est donnée par l'allèle 206 (52%) et est observée chez la chèvre Mossi. Il en est de même pour la plus basse fréquence allélique de ce marqueur qui est de 3% (l'allèle 221) et qui est toujours observée dans la population de chèvres Mossi.

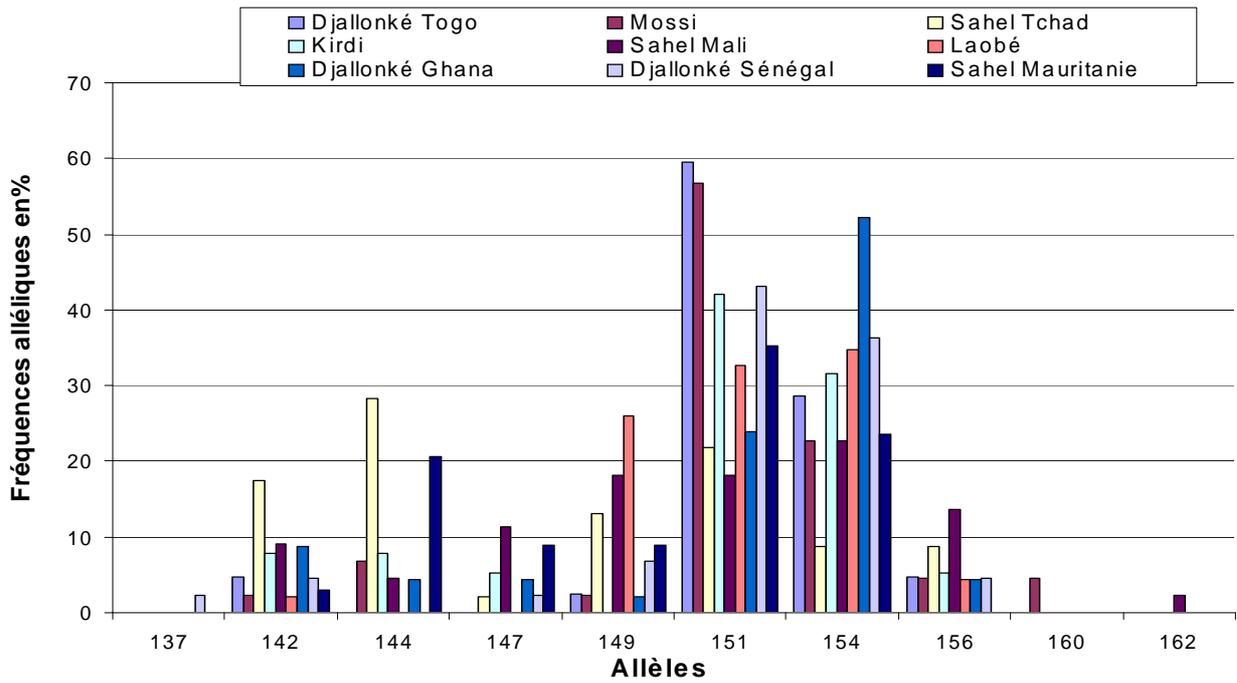


Figure 5 : Fréquences alléliques par population du marqueur INRA172

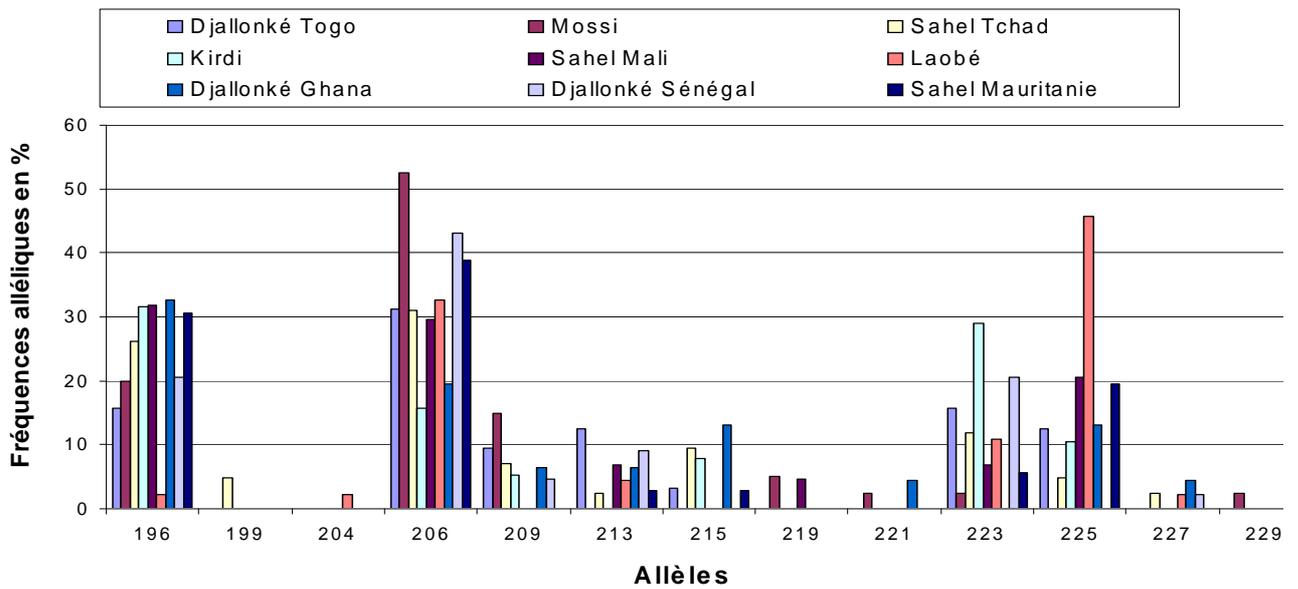


Figure 6 : Fréquences alléliques par population du marqueur MCHII-DR

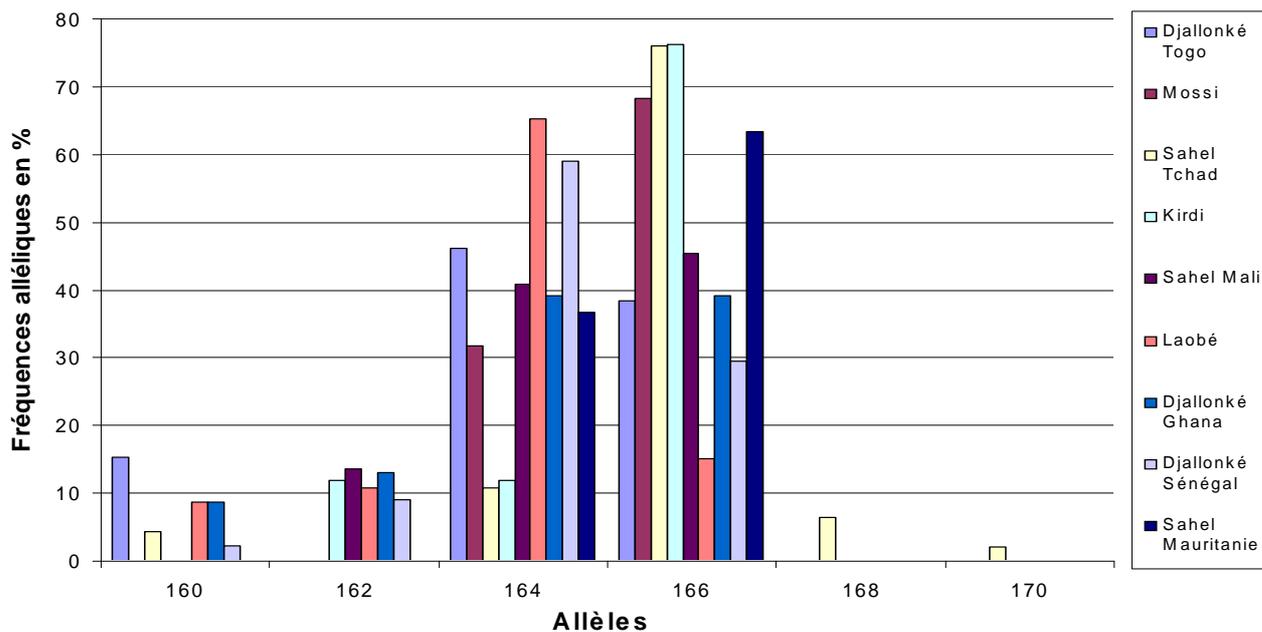


Figure 7 : Fréquences alléliques par population du marqueur INRA063

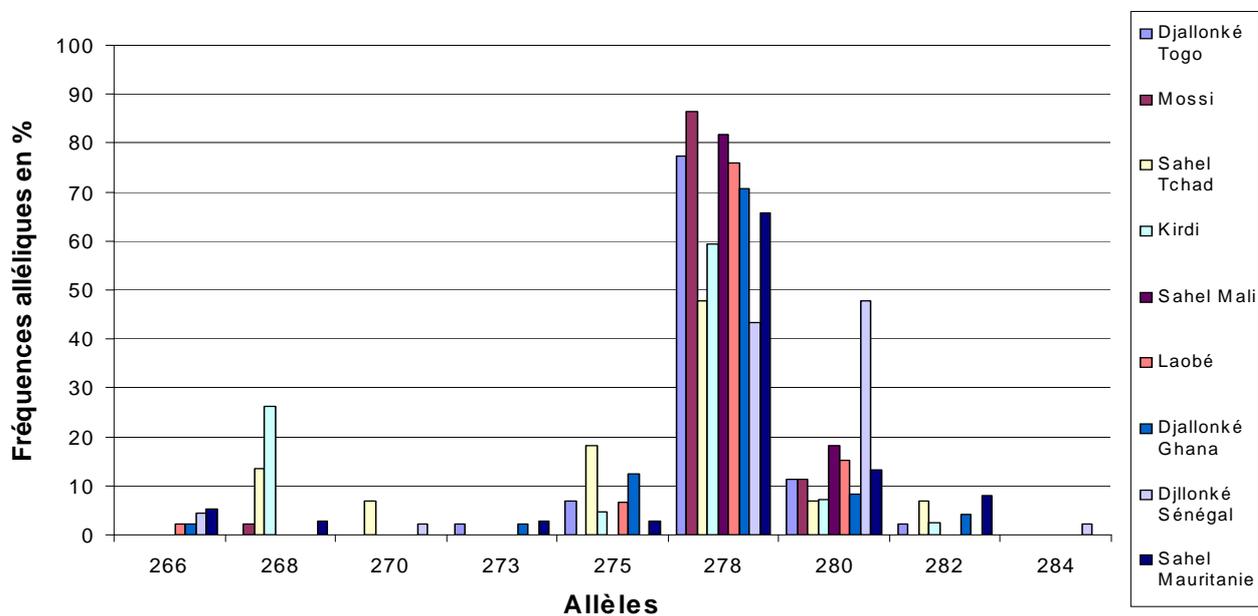


Figure 8 : Fréquences alléliques par population du marqueur ILST011

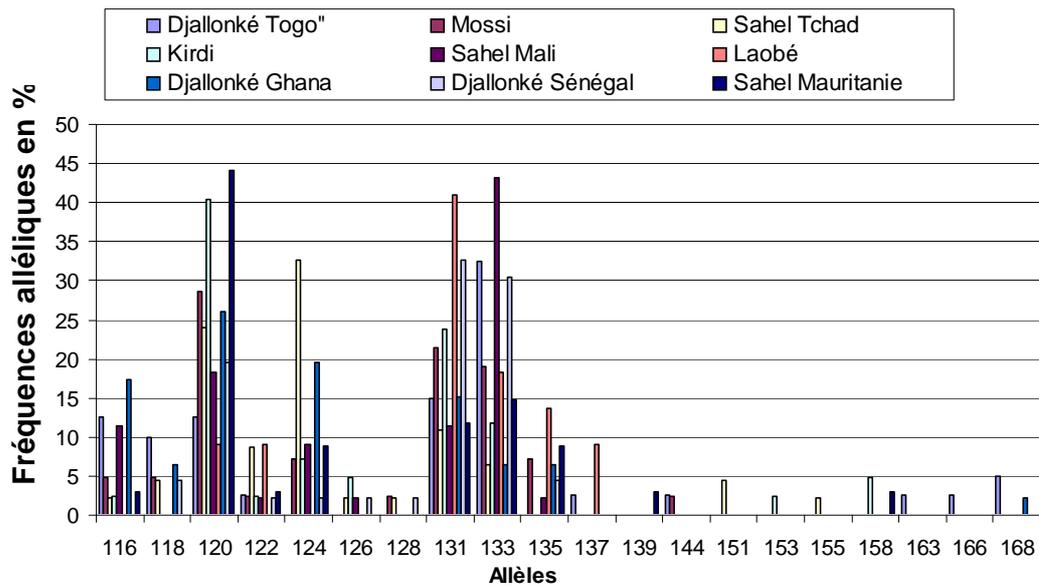


Figure 9 : Fréquences alléliques par population du marqueur MAF65

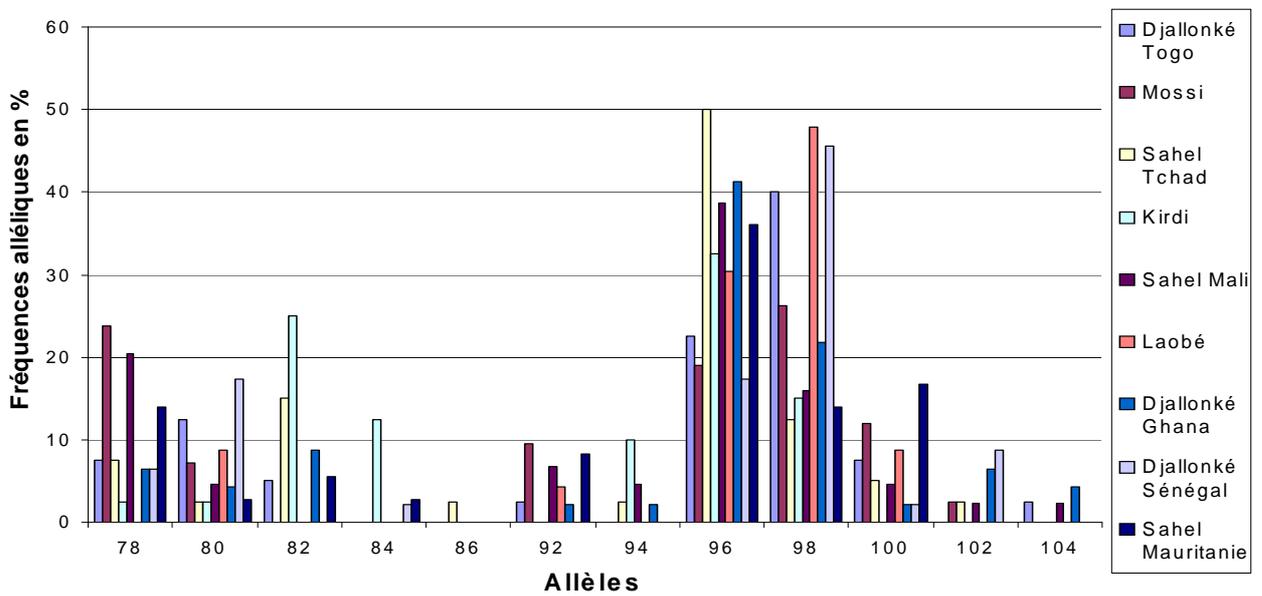


Figure 10 : Fréquences alléliques par population du marqueur SR-CRSP23

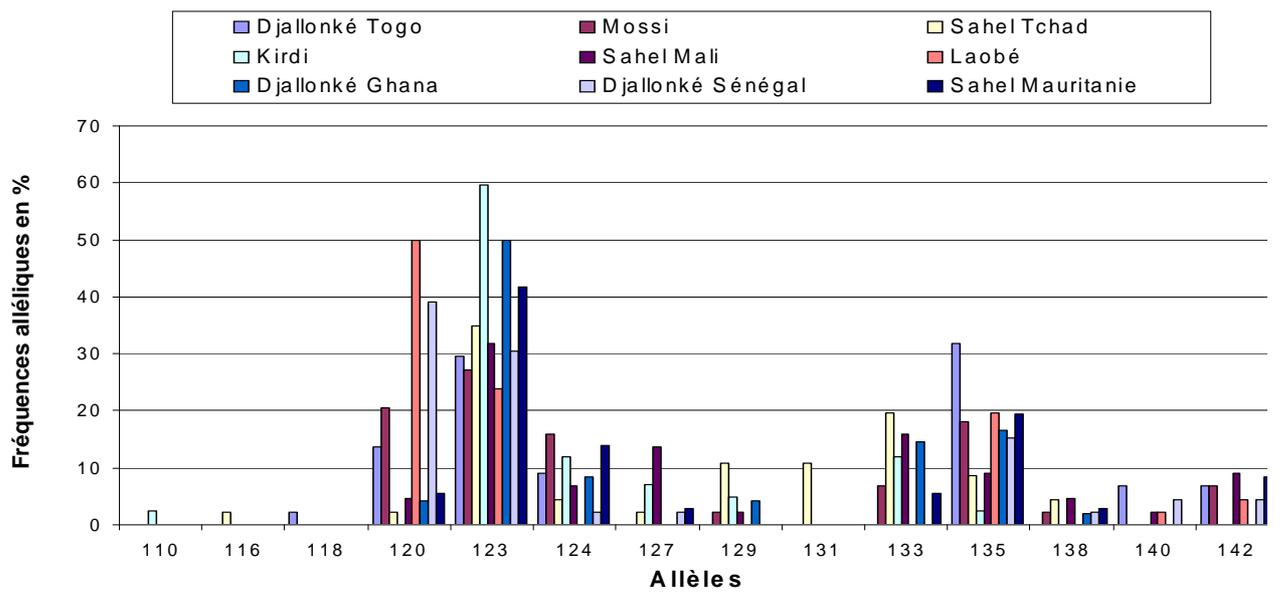


Figure 11 : Fréquences alléliques par population du marqueur SR-CRSP09

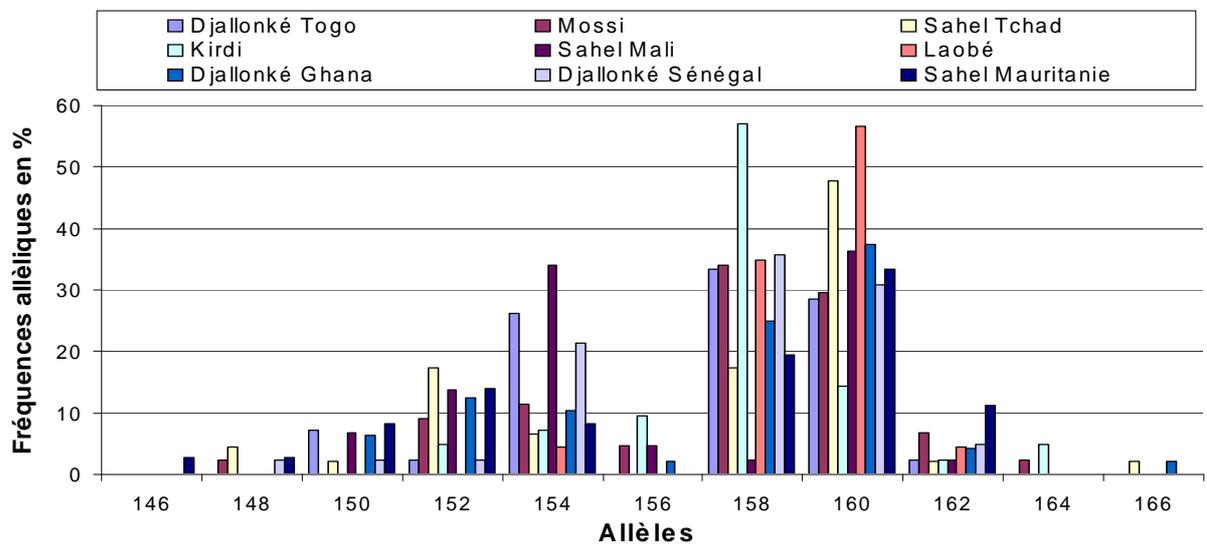


Figure 12 : Fréquences alléliques par population du marqueur OarFCB48

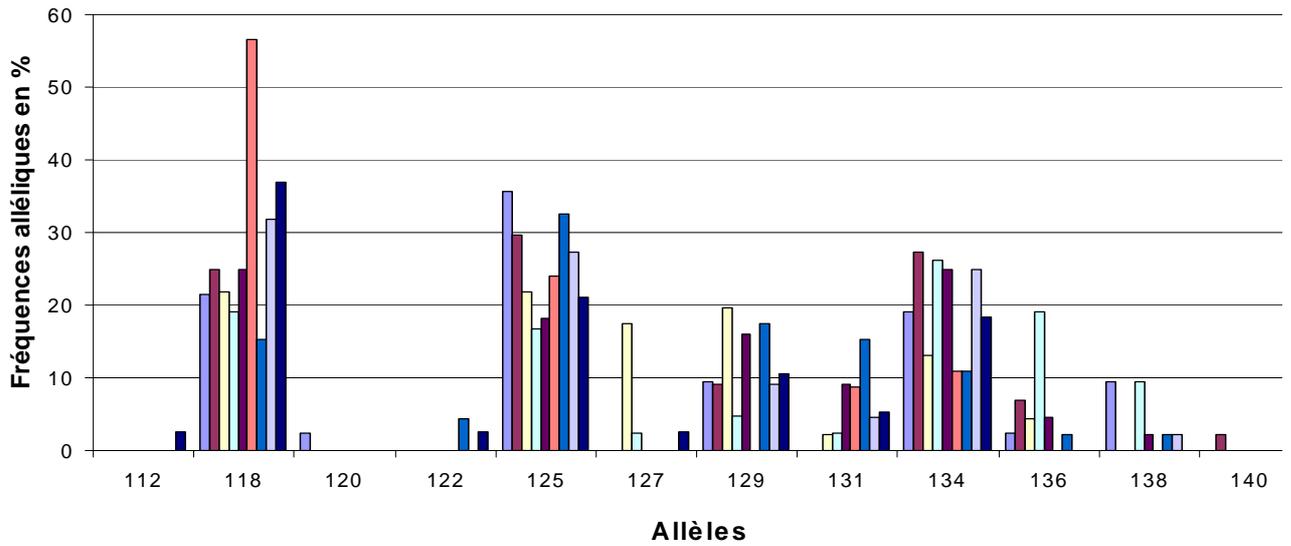


Figure 13 : Fréquences alléliques par population du marqueur OarAE054

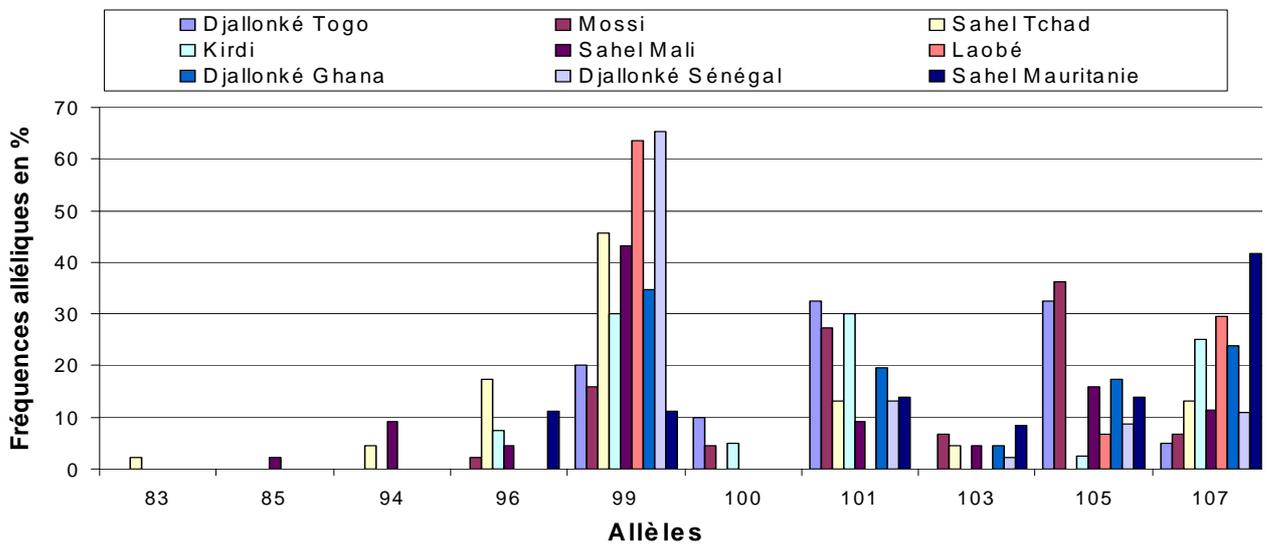


Figure 14 : Fréquences alléliques par population du marqueur OarFCB20

II.2.3.1.2- Taux de polymorphisme et taux d'hétérozygotie

Pour quantifier la variabilité d'une population étudiée sur plusieurs microsatellites, différents paramètres peuvent être calculés (le taux de polymorphisme P ; la diversité allélique A et le taux d'hétérozygotie H).

a) Polymorphisme des marqueurs microsatellites : Taux de polymorphisme P

C'est la proportion des microsatellites polymorphes (ayant plusieurs allèles au locus considéré parmi l'ensemble des microsatellites étudiés).

$P = \text{Nombre de gènes polymorphes} / \text{Nombre total de gènes étudiés}$.

Pour notre étude, tous les marqueurs ont montré un polymorphisme génétique très marqué (Figure 15) avec une moyenne de 11 allèles différents. Le marqueur le plus polymorphe est le marqueur MAF65 avec 20 allèles différents et le marqueur le moins polymorphe est INRA063 qui n'a révélé que 6 allèles. Le taux du polymorphisme est par conséquent de 100%.

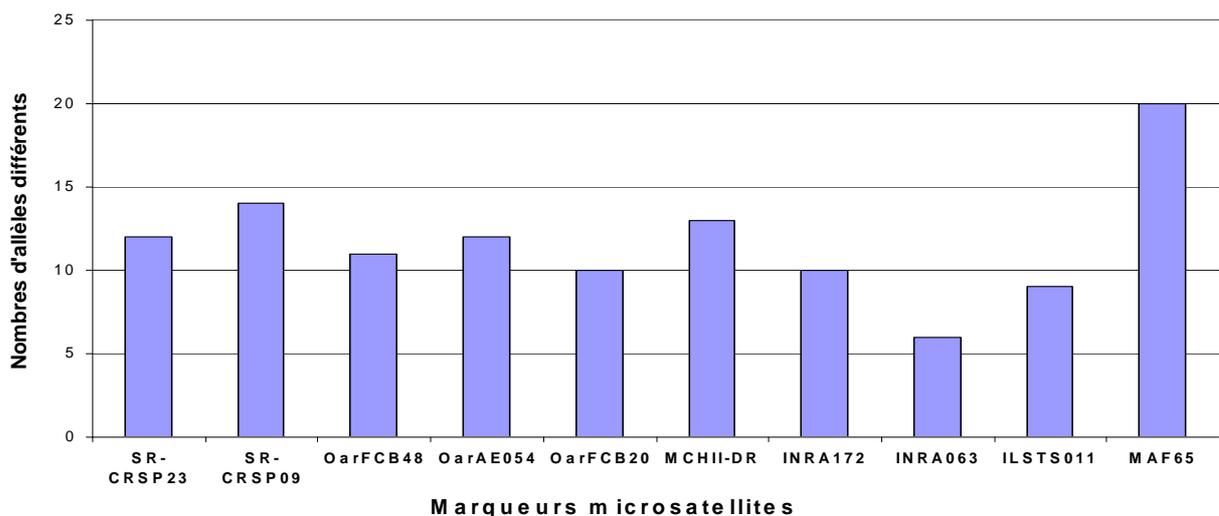


Figure 15 : Nombre d'allèles par marqueur microsatellite

b) Diversité allélique A

C'est le nombre total d'allèles sur le nombre total de loci. Chacune des neuf (09) populations étudiées a montré une remarquable diversité allélique. Le tableau VI montre le nombre d'allèles par marqueur et par population ainsi que la diversité allélique. Le nombre total d'allèles différents s'élève à 85. La diversité allélique (A) la plus faible est observée dans la population de chèvres Laobé de la Guinée (4,7) et la plus élevée dans la population de chèvres du Sahel du Tchad (7,9). (Tableau VI).

Tableau VI : Nombre d'allèles par marqueur microsatellite et par population

| Marqueurs Populations | SR- CRSP 23 | SR- CRSP 09 | OarFCB 48 | OarAE 054 | OarFCB 20 | MCHII- DR | INRA 172 | INRA 063 | ILSTS 011 | MAF 65 | Diversité alléliques (A) |
|-----------------------------------|-------------------|-------------------|--------------|--------------|--------------|--------------|-------------|-------------|--------------|-----------|--------------------------------|
| Djallonké Togo | 8 | 8 | 6 | 7 | 5 | 7 | 5 | 3 | 5 | 11 | 6,5 |
| Mossi | 7 | 8 | 8 | 6 | 7 | 7 | 8 | 2 | 3 | 10 | 6,6 |
| Sahel Tchad | 9 | 10 | 8 | 7 | 7 | 9 | 7 | 5 | 6 | 11 | 7,9 |
| Kirdi | 7 | 7 | 7 | 8 | 6 | 6 | 6 | 3 | 5 | 9 | 6,4 |
| Sahel Mali | 9 | 10 | 7 | 7 | 8 | 6 | 8 | 3 | 2 | 8 | 6,8 |
| Laobé | 5 | 5 | 4 | 4 | 3 | 7 | 5 | 4 | 4 | 6 | 4,7 |
| Djallonké Ghana | 10 | 7 | 8 | 8 | 5 | 8 | 7 | 4 | 6 | 8 | 7,1 |
| Djallonké Sénégal | 7 | 8 | 7 | 6 | 5 | 6 | 7 | 4 | 4 | 9 | 6,3 |
| Sahel Mauritanie | 8 | 8 | 7 | 8 | 6 | 6 | 6 | 2 | 7 | 9 | 6,7 |
| Nombre d'allèles différents | 12 | 14 | 11 | 12 | 10 | 13 | 10 | 6 | 9 | 20 | 11,7 |

La plupart des allèles sont communs aux différentes races. Cependant, on note la présence d'allèles spécifiques à certaines populations de chèvres. C'est par exemple le cas de certains allèles des marqueurs SR-CRSP23 (allèle 86), SR-

CRSP09 (allèles 116 et 131), OarFCB20 (allèle 83), MCHII-DR (allèle 199), INRA063 (allèles 168 et 170) et MAF65 (allèles 151 et 155) qui sont spécifiques à la population de chèvres du Sahel du Tchad. La population de chèvres naines du Ghana ne dispose pas d'allèles spécifiques (Tableau VII).

Tableau VII : Allèles spécifiques à chaque population de chèvres aux différents marqueurs

| Allèles spécifiques à chaque population aux différents marqueurs | | | | | | | | | |
|--|-------------------|---------------|-------------------------|---------------|---------------|---------------|--------------------|----------------------|---------------------|
| Populations Marqueurs | Djallonké Togo | Mossi | Sahel Tchad | Kirdi | Sahel Mali | Laobé | Djallonké Ghana | Djallonké Sénégal | Sahel Mauritanie |
| SR- CRSP23 | | | Allèle 86 | | | | | | |
| SR- CRSP09 | Allèle 118 | | Allèles 116 ;131 | Allèle 110 | | | | | |
| OarFCB48 | | | | | | | | | Allèle 146 |
| OarAE054 | Allèle 120 | Allèle 140 | | | | | | | Allèle 112 |
| OarFCB20 | | | Allèle 83 | | Allèle 85 | | | | |
| MCHII- DR | | Allèle 229 | Allèle 199 | | | Allèle 204 | | | |
| INRA172 | | Allèle 160 | | | Allèle 162 | | | Allèle 137 | |
| INRA063 | | | Allèles 168 ; 170 | | | | | | |
| ILSTS011 | | | | | | | | Allèle 284 | |
| MAF65 | | | Allèles 151; 155 | Allèle 153 | | | | | Allèle 139 |
| Nombre total d'allèles spécifiques | 2 | 3 | 9 | 2 | 2 | 1 | 0 | 2 | 3 |

c) Taux d'hétérozygotie H

Les tableaux VIII et IX présentent les taux d'hétérozygotie par microsatellite et par population.

H t = Hétérozygotie théorique ou attendue avec biais

H n.b. = Hétérozygotie calculée sans biais (NEI, 1978)

H o. = Hétérozygotie observée

H o < H t → Déficit en hétérozygotie

H o > H t → Excès en hétérozygotie

H o = H t → Panmixie (population en équilibre de **HARDY WEINBERG**)

Tableau VIII : Taux d'hétérozygotie par microsatellite et par population

| Marqueurs | Hétérozygotie | Djallonké Togo | Mossi | Sahel Tchad | Kirdi | Sahel Mali | Laobé | Djallon ké Ghana | Djallonké Sénégal | Sahel Mauritanie |
|---------------|---------------|-------------------|---------------|----------------|---------------|---------------|---------------|------------------------|----------------------|---------------------|
| SR- CRSP23 | H t | 0,7588 | 0,8095 | 0,7012 | 0,7825 | 0,7717 | 0,6616 | 0,7609 | 0,7183 | 0,7917 |
| | H n,b | 0,7782 | 0,8293 | 0,7192 | 0,8026 | 0,7896 | 0,6763 | 0,7778 | 0,7343 | 0,8143 |
| | H o | 0,7500 | 0,7619 | 0,7000 | 0,7000 | 0,7727 | 0,6957 | 0,7391 | 0,7391 | 0,8333 |
| SR- CRSP09 | H t | 0,7748 | 0,8151 | 0,8043 | 0,6088 | 0,8285 | 0,6522 | 0,6901 | 0,7259 | 0,7546 |
| | H n,b | 0,7928 | 0,8340 | 0,8222 | 0,6237 | 0,8478 | 0,6667 | 0,7048 | 0,7420 | 0,7762 |
| | H o | 0,6818 | 0,7727 | 0,9130 | 0,5238 | 0,7727 | 0,5217 | 0,6667 | 0,6957 | 0,8333 |
| OarFCB48 | H t | 0,7324 | 0,7676 | 0,7032 | 0,6338 | 0,7252 | 0,5558 | 0,7639 | 0,7268 | 0,8040 |
| | H n,b | 0,7503 | 0,7854 | 0,7188 | 0,6492 | 0,7421 | 0,5681 | 0,7801 | 0,7445 | 0,8270 |
| | H o | 0,5238 | 0,7273 | 0,7391 | 0,6667 | 0,7273 | 0,7391 | 0,7917 | 0,8095 | 0,7778 |
| OarAE054 | H t | 0,7710 | 0,7624 | 0,8176 | 0,8186 | 0,8058 | 0,6040 | 0,8025 | 0,7510 | 0,7701 |
| | H n,b | 0,7898 | 0,7801 | 0,8357 | 0,8386 | 0,8245 | 0,6174 | 0,8203 | 0,7685 | 0,7909 |
| | H o | 0,6190 | 0,8636 | 0,8696 | 0,7619 | 0,8636 | 0,5652 | 0,7391 | 0,8182 | 0,7895 |
| OarFCB20 | H t | 0,7363 | 0,7562 | 0,7231 | 0,7487 | 0,7541 | 0,5031 | 0,7514 | 0,5378 | 0,7562 |
| | H n,b | 0,7551 | 0,7738 | 0,7391 | 0,7679 | 0,7717 | 0,5148 | 0,7681 | 0,5498 | 0,7778 |
| | H o | 0,6000 | 0,7273 | 0,8261 | 0,8500 | 0,7273 | 0,4545 | 0,8261 | 0,5217 | 0,6667 |
| MCHII- DR | H t | 0,8125 | 0,6575 | 0,8016 | 0,7715 | 0,7583 | 0,6701 | 0,8091 | 0,7190 | 0,7130 |
| | H n,b | 0,8387 | 0,6744 | 0,8211 | 0,7923 | 0,7759 | 0,6850 | 0,8271 | 0,7357 | 0,7333 |
| | H o | 0,8125 | 0,5000 | 0,5714 | 0,6842 | 0,5000 | 0,5217 | 0,5217 | 0,2727 | 0,4444 |
| INRA172 | H t | 0,5590 | 0,6157 | 0,8100 | 0,7050 | 0,8399 | 0,7023 | 0,6569 | 0,6715 | 0,7612 |
| | H n,b | 0,5726 | 0,6300 | 0,8280 | 0,7240 | 0,8594 | 0,7179 | 0,6715 | 0,6871 | 0,7843 |
| | H o | 0,4762 | 0,6364 | 0,8261 | 0,6842 | 0,8636 | 0,7391 | 0,6957 | 0,6364 | 0,7059 |
| INRA063 | H t | 0,6154 | 0,4339 | 0,4026 | 0,3912 | 0,6074 | 0,5321 | 0,6692 | 0,5548 | 0,4644 |
| | H n,b | 0,6400 | 0,4440 | 0,4116 | 0,4007 | 0,6216 | 0,5440 | 0,6841 | 0,5677 | 0,4805 |
| | H o | 0,3077 | 0,2727 | 0,3478 | 0,4762 | 0,6364 | 0,3913 | 0,6087 | 0,5455 | 0,4667 |
| ILSTS011 | H t | 0,3843 | 0,2407 | 0,7066 | 0,5692 | 0,2975 | 0,3932 | 0,4731 | 0,5794 | 0,5388 |
| | H n,b | 0,3932 | 0,2463 | 0,7230 | 0,5830 | 0,3044 | 0,4019 | 0,4832 | 0,5923 | 0,5533 |
| | H o | 0,4545 | 0,2273 | 0,6818 | 0,5238 | 0,2727 | 0,3478 | 0,5000 | 0,5217 | 0,5263 |
| MAF65 | H t | 0,8250 | 0,8197 | 0,8072 | 0,7540 | 0,7448 | 0,7562 | 0,8270 | 0,7571 | 0,7509 |
| | H n,b | 0,8462 | 0,8397 | 0,8251 | 0,7724 | 0,7622 | 0,7738 | 0,8454 | 0,7739 | 0,7736 |
| | H o | 0,8000 | 0,9048 | 0,7826 | 0,8095 | 0,9091 | 0,8636 | 0,7391 | 0,7826 | 0,8235 |

Lorsque le taux d'hétérozygotie observé (H_o) est inférieur au taux d'hétérozygotie théorique ou attendu (H_t), la population considérée est en déficit d'hétérozygotes. C'est le cas de la population de chèvres Djallonké du Togo qui est en déficit d'hétérozygotes à tous les loci sauf pour le marqueur MCHII-DR où elle est en panmixie ($H_t = H_o$) et pour le marqueur ILSTS011 où elle affiche un excès d'hétérozygotes. Dans le cas où le taux d'hétérozygotie observé (H_o) est supérieur au taux d'hétérozygotie calculé ou attendu (H_t), la population est alors excédentaire en hétérozygotes. Ce cas est observé dans la population de chèvres du Sahel du Tchad sur la moitié des locus étudiés (SR-CRSP09, OarFCB48, OarAE054, OarFCB20, INRA172). La valeur des hétérozygoties observées varie de 0,602 (population de chèvres Djallonké du Togo) à 0,725 (population de chèvres du Sahel du Tchad). Ces valeurs d'hétérozygotie corroborent avec celles obtenues par LUIKART et al. (1999) qui ont utilisé les mêmes marqueurs microsatellites. D'une façon générale, par rapport aux hétérozygoties attendues, les populations étudiées affichent un déficit global en hétérozygotes au niveau de l'ensemble des marqueurs, (Tableau IX). Les populations de chèvres étudiées ne sont donc pas en équilibre de Hardy Weinberg ($H_o \neq H_t$).

Tableau IX : Hétérozygotie globale par population

| Hétérozygotie Populations | Hétérozygotie théorique ou attendue (H_t) | Hétérozygotie observée (H_o) | Comparaison entre H_t et H_o | Hétérozygotie globale |
|---------------------------|---|----------------------------------|----------------------------------|-----------------------|
| Djallonké Togo | 0,6969± 0,1380 | 0,6026±0,1641 | $H_o < H_t$ | Déficit |
| Mossi | 0,6678± 0,1919 | 0,6394±0,1662 | $H_o < H_t$ | Déficit |
| Sahel Tchad | 0,7278±0,1247 | 0,7258± 0,1662 | $H_o < H_t$ | Déficit |
| Kirdi | 0,678± 0,1299 | 0,6680±0,1256 | $H_o < H_t$ | Déficit |
| Sahel Mali | 0,7133±0,1599 | 0,7045± 0,1931 | $H_o < H_t$ | Déficit |
| Laobé | 0,6031± 0,1080 | 0,6828± 0,1091 | $H_o > H_t$ | Excès |
| Djallonké Ghana | 0,7204±0,1050 | 0,6828± 0,1091 | $H_o < H_t$ | Déficit |
| Djallonké Sénégal | 0,6742± 0,0843 | 0,6343 ±0,1717 | $H_o < H_t$ | Déficit |
| Sahel Mauritanie | 0,7105±0,1141 | 0,6867±0,1543 | $H_o < H_t$ | Déficit |

H_t = H théorique ou calculée avec biais ; $H_{n.b.}$ = H calculée sans biais (NEI 1978) ; H_o = H observée ;
Déficit = déficit en hétérozygotes ; Excès = excès en hétérozygotes.

II.2.3.2. Diversité génétique interpopulation : F-statistiques ou Indices de fixation de WRIGHT et de NEI

La méthode la plus classique de caractérisation des populations, et peut-être la plus ancienne, est celle des indices de fixation (F) proposée par WRIGHT (1969). En effet, les F-statistiques permettent de décrire la structure des populations, la répartition de la variabilité génétique entre et au sein des populations en estimant la variance standardisée des fréquences alléliques entre les sous-populations (WRIGHT, 1978). Les F-statistiques de WRIGHT permettent aussi de connaître la structure génétique d'une espèce grâce à l'estimation, d'une part, de la fixation des allèles dans l'ensemble des populations (FIT) et à l'intérieur des sous-populations (FIS) et, d'autre part, de la différenciation génétique entre les sous-populations (FST).

Pour ces trois coefficients, les interprétations que nous pouvons avoir après leurs calculs sont les suivantes :

a) FIS

Le FIS mesure la probabilité de tirer deux allèles identiques au sein de la même population (CROSSA et al., 1993).

Le FIS est théoriquement compris entre $[-1; +1]$;

$FIS < 0$ signifie que la sous-population présente un excès d'hétérozygotes qui peut être dû :

- à un régime de reproduction hétérogame (entre individus différents) ou,
- à une sélection des hétérozygotes au locus considéré.

$FIS > 0$ signifie que la sous population présente un déficit d'hétérozygotes dû :

- à un régime de reproduction consanguin ou à une sous structuration (lors de l'échantillonnage),
- à la présence d'allèles nuls ou,
- à une sélection des individus homozygotes au locus considéré.

Les populations de chèvres étudiées affichent une valeur de FIS > 0 allant de 0,026 (Sahel du Tchad) à 0,162 (Djallonké du Togo). (Tableau X) les populations présentent donc un déficit global en hétérozygotes. Ceci vient confirmer les données du tableau IX. Aucune des neuf (09) populations de chèvres étudiées n'est donc pas en équilibre de HARDY WEINBERG (FIS≠0).

Tableau X : Valeurs de FIS par marqueur et par population

| | Djallonké Togo | Mossi | Sahel Tchad | Kirdi | Sahel Mali | Laobé | Djallonké Ghana | Djallonké Sénégal | Sahel Mauritanie |
|-----------|----------------|--------------|--------------|-------------|--------------|--------------|-----------------|-------------------|------------------|
| SR-CRSP23 | 0,037 | 0,083 | 0,027 | 0,131 | 0,022 | -0,029 | 0,051 | -0,007 | -0,024 |
| SR-CRSP09 | 0,143 | 0,075 | -0,113 | 0,163 | 0,09 | 0,221 | 0,055 | 0,064 | -0,076 |
| OarFCB48 | 0,307 | 0,076 | -0,029 | -0,028 | 0,02 | -0,31 | -0,015 | -0,09 | 0,061 |
| OarAE0 | 0,22 | -0,11 | -0,041 | 0,093 | -0,049 | 0,086 | 0,101 | -0,066 | 0,002 |
| OarFCB20 | 0,21 | 0,061 | -0,121 | -0,11 | 0,059 | 0,119 | -0,077 | 0,052 | 0,146 |
| MCHII-DR | 0,032 | 0,264 | 0,309 | 0,14 | 0,361 | 0,242 | 0,374 | 0,635 | 0,401 |
| INRA172 | 0,172 | -0,01 | 0,002 | 0,056 | -0,005 | -0,03 | -0,037 | 0,075 | 0,103 |
| INRA063 | 0,529 | 0,391 | 0,158 | -0,194 | -0,024 | 0,285 | 0,112 | 0,04 | 0,03 |
| ILSTS011 | -0,16 | 0,079 | 0,058 | 0,104 | 0,106 | 0,137 | -0,036 | 0,121 | 0,05 |
| MAF65 | 0,056 | -0,08 | 0,053 | -0,049 | -0,198 | -0,119 | 0,128 | -0,011 | -0,067 |
| Moyenne | 0,162 | 0,066 | 0,026 | 0,04 | 0,036 | 0,054 | 0,074 | 0,082 | 0,062 |

b) FST

Le FST mesure la différenciation entre groupe ou sous population. C'est la probabilité de tirer des allèles identiques entre groupes.

Le FST est compris entre 0 et 1. Un $FST > 0$ note une différenciation entre les sous populations. Le minimum 0 indique une absence de divergence génétique entre les sous-populations tandis que le maximum 1 signifie que des allèles différents sont fixés dans les diverses sous-populations. En général, le maximum observé est bien inférieur à 1. WRIGHT (1978) propose certains critères pour une interprétation qualitative des FST à savoir :

- l'intervalle de 0 à 0,05 indique une faible différenciation génétique, toutefois elle n'est pas négligeable,
- l'intervalle de 0,05 à 0,15 indique une différenciation génétique modérée,
- l'intervalle de 0,15 à 0,25 indique une grande différenciation génétique,
- des valeurs de FST supérieures à 0,25 signifient qu'il y a une très grande différenciation génétique.

Le tableau XI donne les valeurs de FST entre les différentes populations de chèvres étudiées. D'une manière générale, il existe une faible (à modérée) différenciation génétique entre les 9 populations étudiées. Exception faite aux populations de chèvres Kirdi du Tchad et Laobé de la Guinée qui affichent une grande différenciation génétique $FST = 0,1511$. Cette différenciation génétique est significative (tableau XII) et peut s'expliquer par la situation géographique très distincte de ces deux populations de chèvres. La population de chèvres Laobé présente une différenciation génétique avec toutes les populations sauf avec la population de chèvres naines du Sénégal avec laquelle elle présente une faible différenciation ($FST = 0,0452$) témoin de leur proximité géographique et même d'origine. La valeur minimale de FST (0,0088) est enregistrée entre les populations de chèvres Mossi du Burkina-faso et Djallonké du Togo, elle indique une quasi absence de divergences génétiques entre ces deux populations.

Ce fait serait dû à la situation géographique très proche de ces deux populations de chèvres.

Il existe une corrélation positive entre les valeurs de FST et celles des p-values des distances génétiques de NEI (1978) (tableau XII). Les populations de chèvres naines du Togo et du Burkina-Faso présentent la plus forte valeur de p-value (0,06) (tableau XII). La distance génétique séparant donc ces populations de chèvres est non significative. Ces résultats, en accord avec les valeurs du FST montrent qu'il s'agit d'une même race. Ils sont soutenus par l'origine géographique très proche de ces populations de chèvres et les flux de gènes qui en découlent. Il n'existe pas une grande différenciation génétique entre les populations de chèvres naines et Sahel du Tchad malgré le fait qu'il s'agit de chèvres phénotypiquement différenciées. Ces ressemblances génétiques témoignent de la proximité des zones d'élevage de ces chèvres. En outre, la population de chèvres du Sahel du Tchad est génétiquement différente des populations de chèvres du Sahel du Mali et de la Mauritanie.

Tableau XI : Valeurs de FST entre les différentes populations

| | Djallonké Togo | Mossi | Sahel Tchad | Kirdi | Sahel Mali | Laobé | Djallonké Ghana | Djallonké Sénégal | Sahel Mauritanie |
|-------------------|----------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|-----------------|-------------------|------------------|
| Djallonké Togo | 0,0000 | 0,0088 | 0,0849 | 0,0689 | 0,0373 | 0,0766 | 0,0303 | 0,0366 | 0,0379 |
| Mossi | 0,0088 | 0,0000 | 0,0680 | 0,0582 | 0,0450 | 0,1097 | 0,0442 | 0,0621 | 0,0192 |
| Sahel Tchad | 0,0849 | 0,0680 | 0,0000 | 0,0476 | 0,0479 | 0,1345 | 0,0397 | 0,0985 | 0,0320 |
| Kirdi | 0,0689 | 0,0582 | 0,0476 | 0,0000 | 0,0756 | 0,1511 | 0,0443 | 0,0964 | 0,0381 |
| Sahel Mali | 0,0373 | 0,0450 | 0,0479 | 0,0756 | 0,0000 | 0,0842 | 0,0243 | 0,0559 | 0,0259 |
| Laobé | 0,0766 | 0,1097 | 0,1345 | 0,1511 | 0,0842 | 0,0000 | 0,0828 | 0,0452 | 0,0946 |
| Djallonké Ghana | 0,0303 | 0,0442 | 0,0397 | 0,0443 | 0,0243 | 0,0828 | 0,0000 | 0,0598 | 0,0178 |
| Djallonké Sénégal | 0,0366 | 0,0621 | 0,0985 | 0,0964 | 0,0559 | 0,0452 | 0,0598 | 0,0000 | 0,0716 |
| Sahel Mauritanie | 0,0379 | 0,0192 | 0,0320 | 0,0381 | 0,0259 | 0,0946 | 0,0178 | 0,0716 | 0,0000 |

Tableau XII : P-value de la distance génétique de NEI (1978) entre les populations après 3600 permutations

| | Mossi | Sahel Tchad | Kirdi | Sahel Mali | Laobé | Djallonké Ghana | Djallonké Sénégal | Sahel Mauritanie |
|-------------------|-----------|-------------|---------|------------|---------|-----------------|-------------------|------------------|
| Djallonké Togo | 0,06 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00556 | 0,00056 | 0,00083 |
| Mossi | | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 |
| Sahel Tchad | | | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 |
| Kirdi | | | | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 |
| Sahel Mali | | | | | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 | 0,00139 |
| Laobé | | | | | | 0,00028 | 0,00028 | 0,00028 |
| Djallonké Ghana | | | | | | | 0,00028 | 0,005 |
| Djallonké Sénégal | | | | | | | | 0,00028 |
| | | | | | | | | |
| Djallonké Togo | NS | ** | ** | ** | ** | NS | * | * |
| Mossi | | ** | ** | ** | ** | ** | ** | ** |
| Sahel Tchad | | | ** | ** | ** | ** | ** | ** |
| Kirdi | | | | ** | ** | ** | ** | ** |
| Sahel Mali | | | | | ** | ** | ** | * |
| Laobé | | | | | | ** | ** | ** |
| Djallonké Ghana | | | | | | | ** | NS |
| Djallonké Sénégal | | | | | | | | ** |

NS exprime une distance génétique non significative. La p-value est définie comme la probabilité, calculée sous l'hypothèse nulle, d'obtenir une valeur de la statistique aussi extrême que celle observée pour les données. Intuitivement, la p-value peut être vue comme la force de l'évidence contre l'hypothèse nulle. En effet, plus la p-value est faible, plus la probabilité d'obtenir par hasard un résultat aussi extrême que celui observé est faible, et par conséquent, plus le résultat est significatif (**).

c) FIT

Le FIT est une composante des FIS et FST. C'est la probabilité de tirer des individus identiques dans l'ensemble.

Le tableau XIII montre les valeurs des paramètres de F-statistiques obtenues dans l'ensemble des neuf populations de chèvres étudiées.

Tableau XIII : Paramètres F selon la méthode de WEIR & COCKERHAMI (1984)

| | FIS | FST | FIT |
|----------------|----------------|-----------------|-----------------|
| SR-CRSP23 | 0,06986 | 0,06373 | 0,12914 |
| SR-CRSP09 | 0,06583 | 0,06188 | 0,12364 |
| OarFCB48 | 0,07279 | 0,06318 | 0,13138 |
| OarAE054 | 0,07105 | 0,06617 | 0,13252 |
| OarFCB20 | 0,06987 | 0,05893 | 0,12468 |
| MCHII-DR | 0,03539 | 0,06401 | 0,09714 |
| INRA172 | 0,07002 | 0,06246 | 0,1281 |
| INRA063 | 0,05966 | 0,056 | 0,11232 |
| ILSTS011 | 0,06681 | 0,06056 | 0,12333 |
| MAF65 | 0,07782 | 0,06312 | 0,13602 |
| Moyenne | 0,06591 | 0,062004 | 0,123827 |

Les estimateurs de NEI (1978) calculés au niveau des dix loci sont consignés dans le tableau XIV. La diversité génétique totale (DT), la diversité génétique intrapopulation (DIS), la diversité génétique interpopulation (DST) et le coefficient de différenciation génique (Gst) ont été calculés à partir des fréquences alléliques des loci microsatellites.

Tableau XIV : Estimateurs de NEI (1978)

| | DIS | DT | DST | Gst |
|----------------|--------------|--------------|-------------|--------------|
| SR-CRSP23 | 0,77 | 0,803 | 0,034 | 0,042 |
| SR-CRSP09 | 0,758 | 0,802 | 0,044 | 0,055 |
| OarFCB48 | 0,73 | 0,764 | 0,035 | 0,046 |
| OarAE054 | 0,786 | 0,804 | 0,019 | 0,023 |
| OarFCB20 | 0,714 | 0,776 | 0,062 | 0,08 |
| MCHII-DR | 0,771 | 0,801 | 0,03 | 0,038 |
| INRA172 | 0,72 | 0,757 | 0,037 | 0,049 |
| INRA063 | 0,535 | 0,6 | 0,065 | 0,108 |
| ILSTS011 | 0,476 | 0,513 | 0,037 | 0,071 |
| MAF65 | 0,801 | 0,84 | 0,039 | 0,047 |
| Moyenne | 0,706 | 0,746 | 0,04 | 0,054 |

Notons que le coefficient de différenciation entre les populations (G_{st}), encore dénommé coefficient de différenciation génique traduit la proportion de la diversité génétique totale due à la variabilité interpopulation.

Les marqueurs microsatellites utilisés ont mis en évidence une plus grande diversité génétique totale ($DT = 0,746$) au sein des populations de chèvres étudiées et une plus grande diversité génétique intra-population ($DIS = 0,706$). L'étude de la variabilité génétique des populations de chèvres étudiées montre que la contribution de la diversité génétique intra-population (DIS) à la diversité génétique totale (DT) est supérieure à la contribution de la diversité génétique inter-population ($DST = 0,04$). L'étude a aussi montré l'existence d'une déviation des fréquences génotypiques par rapport aux fréquences génotypiques attendues dans les conditions de HARDY WEINBERG ($FIS > 0$) due à un déficit en hétérozygotes ($FIS = 0,065$). Les marqueurs microsatellites montrent que le niveau des croisements non panmictiques à l'intérieur des populations est faible ($FIS = 0,065$). Ceci peut être dû à un régime de reproduction consanguin ou à une sous structuration des populations lors de l'échantillonnage ; ou encore à une sélection des individus homozygotes au niveau des différents loci étudiés. La différenciation génétique entre les populations F_{ST} est égale à 0,062 indiquant une différenciation génétique modérée entre les populations de chèvres étudiées. En effet, 6,2 % de la variabilité totale est ainsi due à des différences entre population alors que les différences intra populations expliquent 93,8 % de la variabilité totale. Les travaux de IBRAHIM (2001) et TALAKI (2001) réalisés sur certaines races caprines de l'Afrique de l'Ouest (la chèvre du Sahel, la chèvre Rousse de Maradi, la chèvre Maure, la chèvre Laobé, la chèvre naine, et la chèvre Guéra) ont permis de montrer l'existence d'une diversité inter races moyennement à fortement marquée.

II.1.3- TYPOLOGIE DES POPULATIONS

II.1.3.1-Analyse factorielle des correspondances (AFC)

Cette analyse, qui permet une représentation simultanée des observations et des variables (LEBART et al., 1995), donc ici des races et des allèles, a été effectuée par le logiciel GENETIX version 4.03 (BELKHIR et al., 1998).

La contribution des trois premiers axes factoriels à l'inertie totale est présentée dans le tableau XV alors que la figure 16 montre pour chacune des populations, les individus actifs, c'est à dire ceux qui contribuent de façon importante à l'inertie de chaque axe.

Tableau XV : Contribution des trois premiers axes factoriels à l'inertie totale en AFC

| Axes factoriels | Pourcentage d'inertie | Pourcentages cumulés |
|-----------------|-----------------------|----------------------|
| 1 | 3.7 | 3.7 |
| 2 | 2.95 | 6.64 |
| 3 | 2.69 | 9.33 |

La contribution totale des trois axes factoriels à l'inertie est de 9,33%, c'est à dire que les trois axes rendent seulement compte de 9,33 % de la dispersion du nuage des points (figure 16). Ce résultat semble être très faible par rapport a ceux de TALAKI en 2001 (33,1%) sur ces populations de chèvres de l'Afrique de l'Ouest.

Les populations étudiées forment 04 groupes distincts (Figures 16). Il s'agit de :

- Groupe des chèvres naines du Sénégal (Kolda) et de la Guinée (Djallonké du Sénégal et Laobé) 
- Groupe des chèvres naines (Kirdi) et chèvres du Sahel du Tchad 
- Groupe des chèvres du Sahel du Mali et de la Mauritanie 
- Groupe des chèvres naines du Togo, du Ghana et du Burkina-Faso (Mossi) 

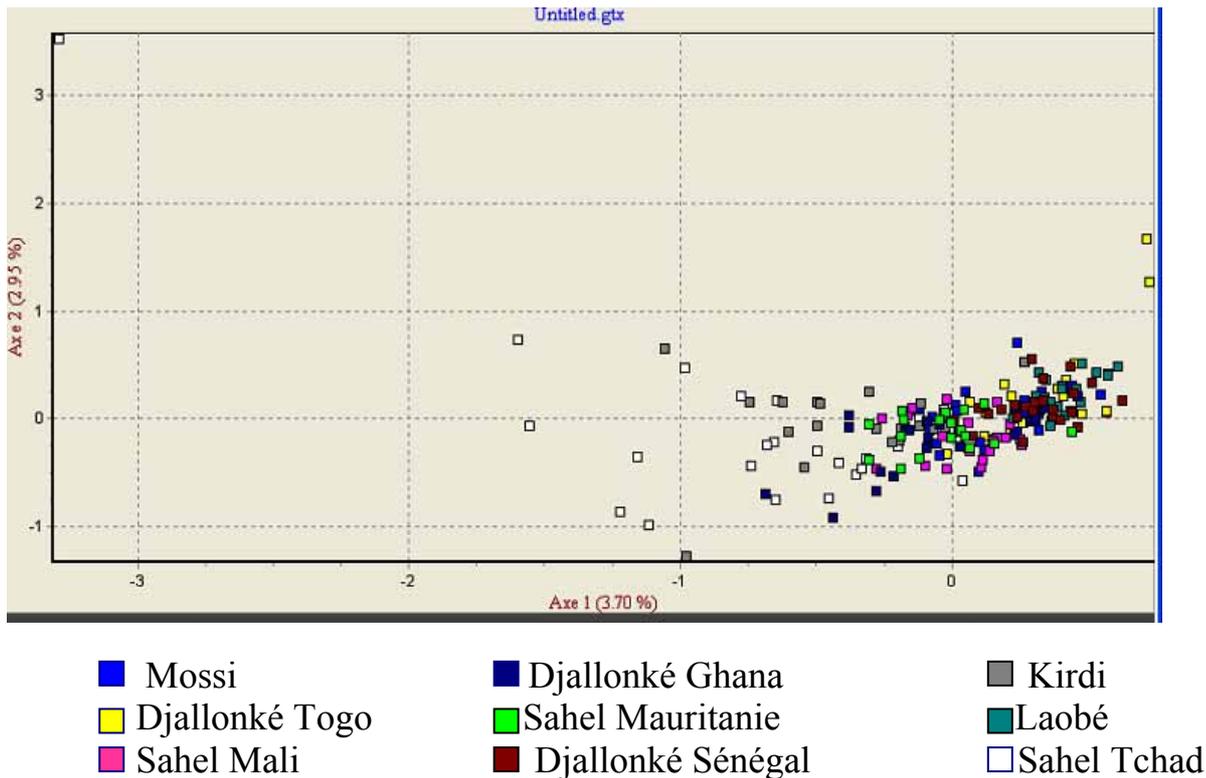
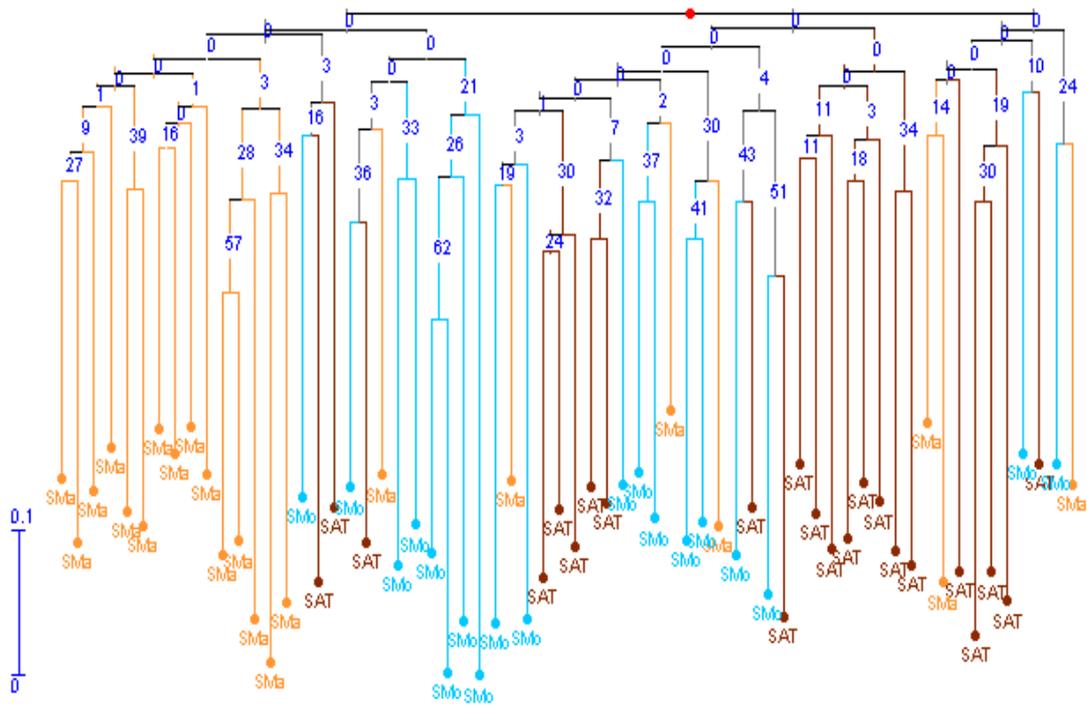


Figure 16 : Analyse Factorielle de Correspondance (AFC)

II.1.3.2- Construction des phénogrammes

La représentation arborée de NEIGHBOUR-JOINING (NEI, 1978) a été utilisée pour construire les phénogrammes à partir de la matrice des distances calculées selon NEI (NEI, 1972). L'analyse de la robustesse des arbres a été réalisée par le test de bootstrap. Après 500 permutations des marqueurs, un arbre de consensus majoritaire permettant de visualiser les concordances a été construit (FELSENSTEIN, 1985).

La figure 17 représente le dendrogramme des populations de chèvres du Sahel obtenu à partir du polymorphisme des microsatellites. La séparation entre ces populations de chèvres du Sahel est nette. La population de chèvres du Sahel du Tchad se rapproche plus de la population de chèvres du Sahel de la Mauritanie que de celle du Mali.

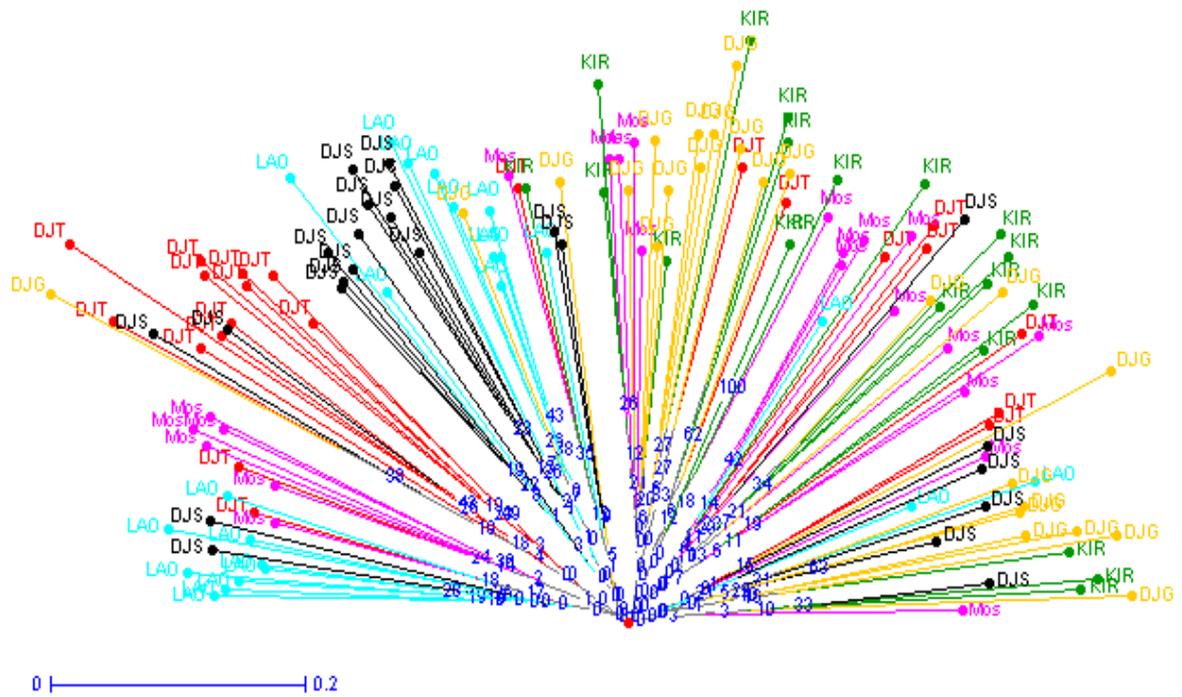


SMa =Sahel du Mali SMo = Sahel de la Mauritanie SAT = Sahel du Tchad

Figure 17 : Dendrogramme des populations de chèvres du Sahel

La figure 18 représente le phénogramme des populations de chèvres naines. Tout comme précédemment, les chèvres naines du Togo (Djallonké du Togo) et celles du Burkina-Faso (Mossi) sont très proches génétiquement. Ces résultats sont accord avec ceux fournis par l'analyse factorielle des correspondances (figure 16).

Les figures 19, 20 et 21 représentent respectivement le cladogramme, le phylogramme et l'arbre de l'ensemble des populations de chèvres étudiées. Elles confirment parfaitement les observations faites précédemment (figures 17 et 18).



Lao= Laobé

Mos= Mossi

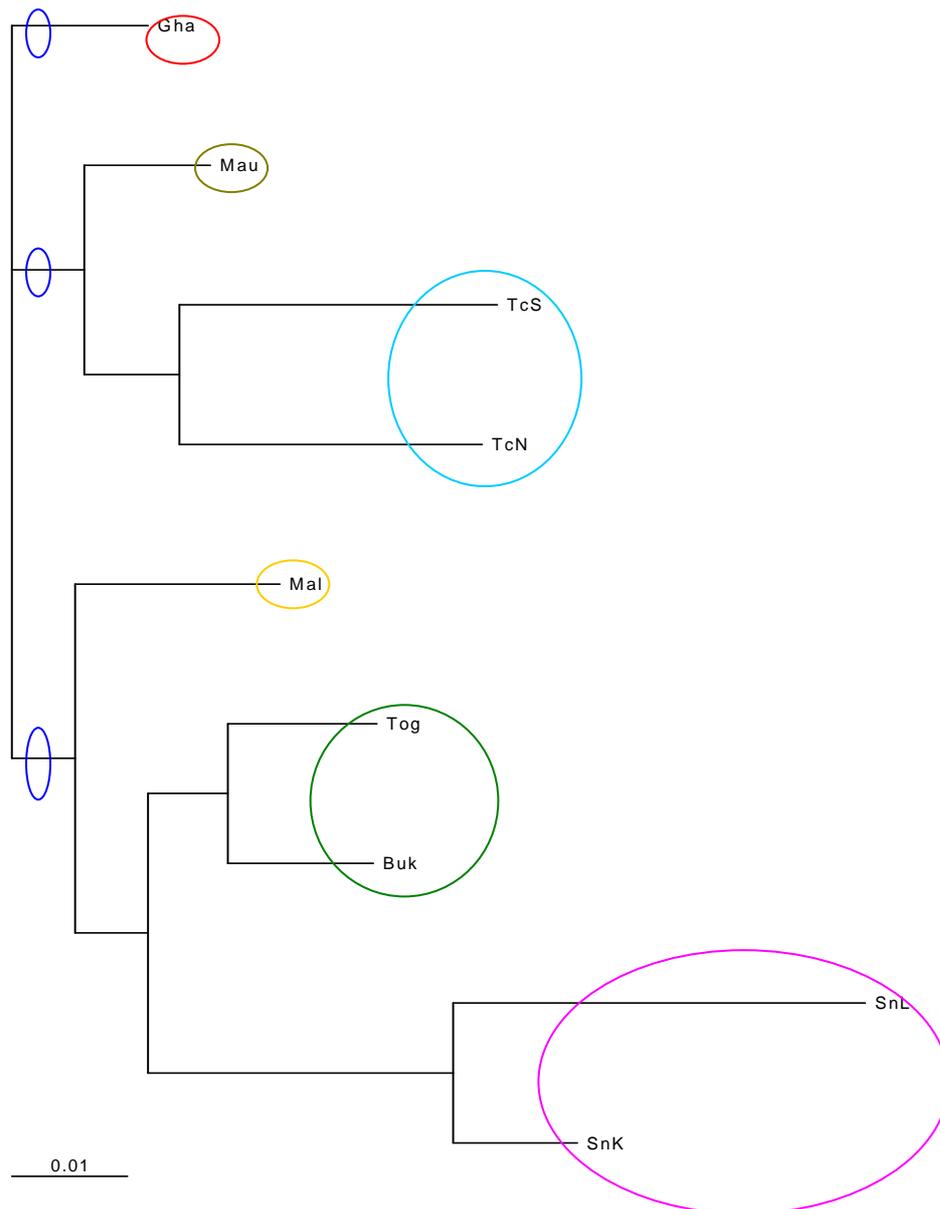
DJG= Djallonké du Ghana

DJS= Djallonké du Sénégal

DJT= Djallonké du Togo

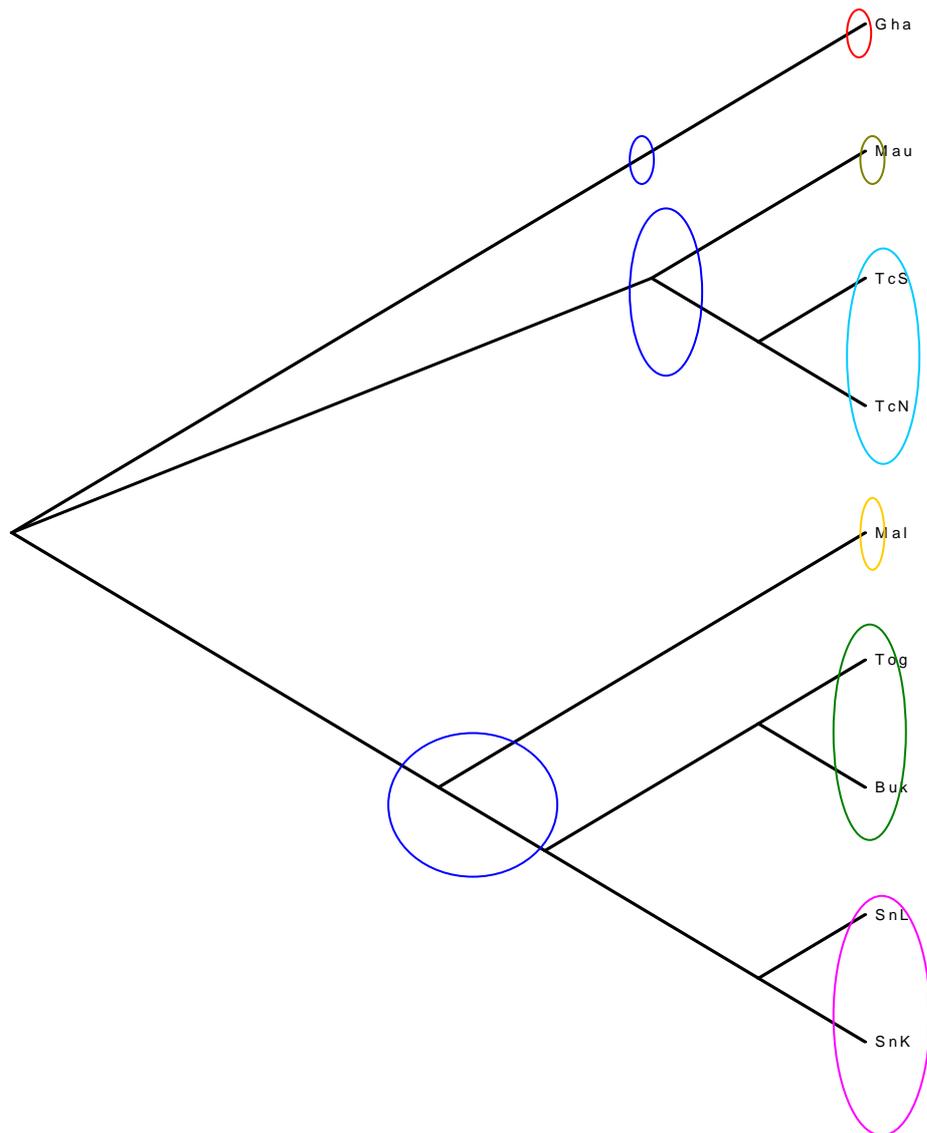
Kir = Kirdi

Figure 18 : Arbre des populations de chèvres naines



- SnK= Population de chèvres naines ou Djallonké de la région de Kolda (Sénégal)
- SnL= Population de chèvres Laobé de la Guinée
- Buk= Population de chèvres naines du Burkina-Faso (Mossi)
- Tog= Population de chèvres naines ou Djallonké du Togo
- Mal = Population de chèvres du Sahel du Mali
- TcN= Population de chèvres du Sahel du Tchad
- TcS = Population de chèvres naines du Tchad (Kirdi)
- Mau = Population de chèvres du Sahel de la Mauritanie
- Gha = Population de chèvres naines ou Djallonké du Ghana

Figure 19 : Cladogramme de l'ensemble des populations de chèvres étudiées



SnK= Population de chèvres naines ou Djallonké de la région de Kolda (Sénégal)

SnL= Population de chèvres Laobé de la Guinée

Buk= Population de chèvres naines du Burkina-Faso (Mossi)

Tog= Population de chèvres naines ou Djallonké du Togo

Mal = Population de chèvres du Sahel du Mali

TcN= Population de chèvres du Sahel du Tchad

TcS = Population de chèvres naines du Tchad (Kirdi)

Mau = Population de chèvres du Sahel de la Mauritanie

Gha = Population de chèvres naines ou Djallonké du Ghana

Figure 20 : Phylogramme de l'ensemble des populations de chèvres étudiée

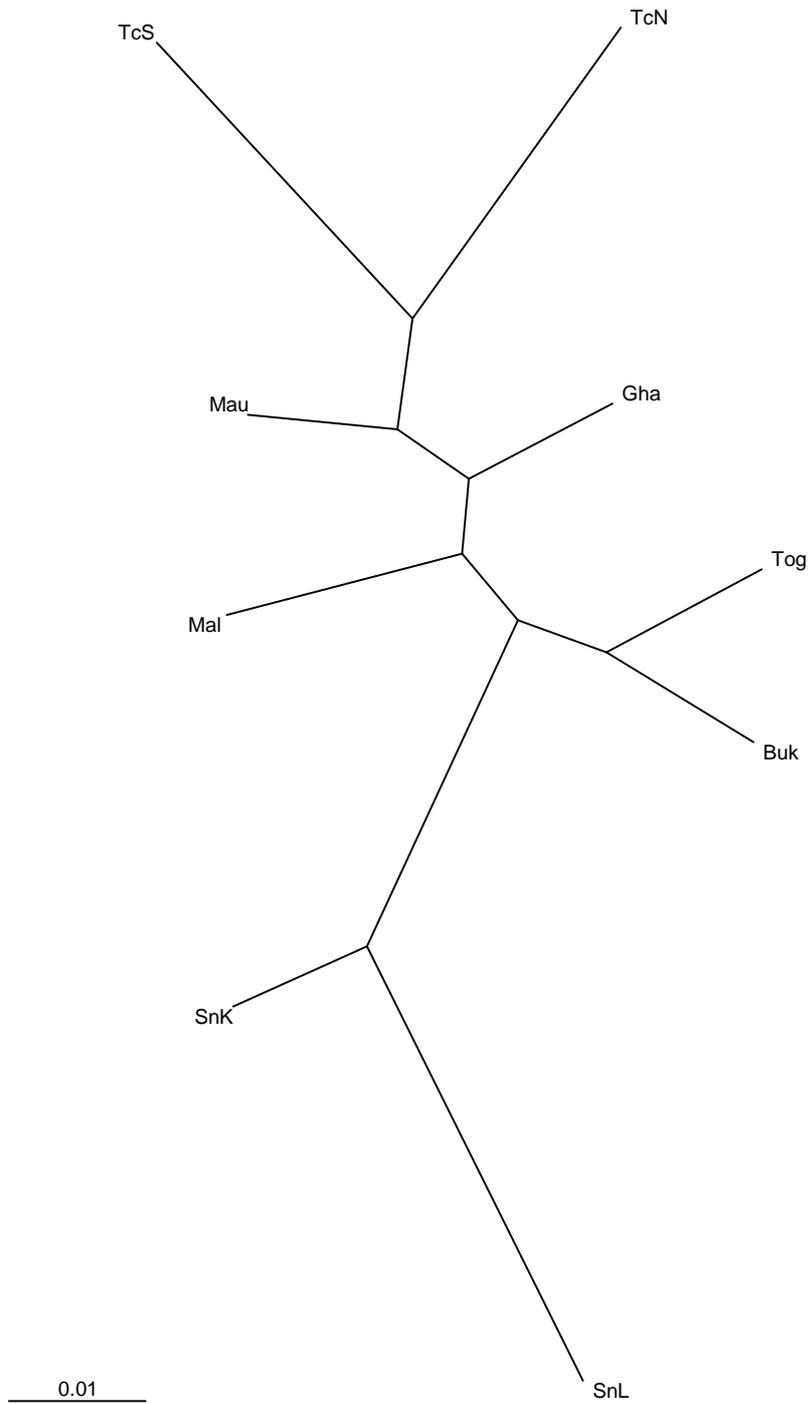
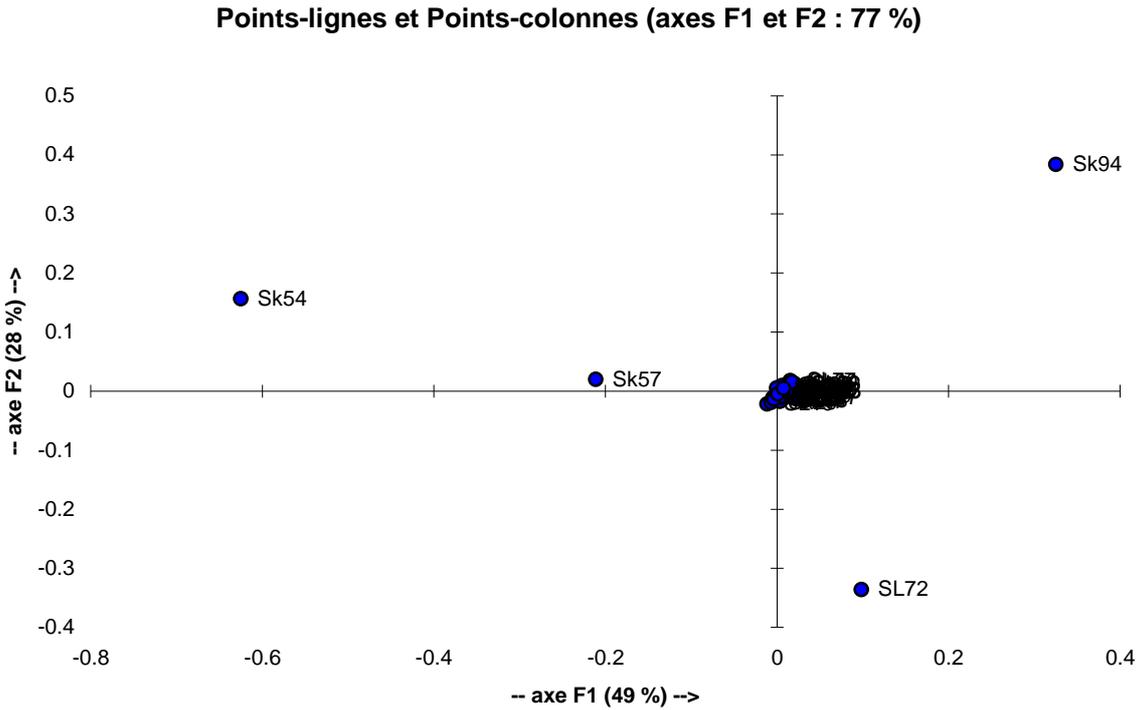


Figure 21 : Arbre de l'ensemble des populations de chèvres étudiées

On distingue six (06) populations de chèvres réunies en trois grands groupes :

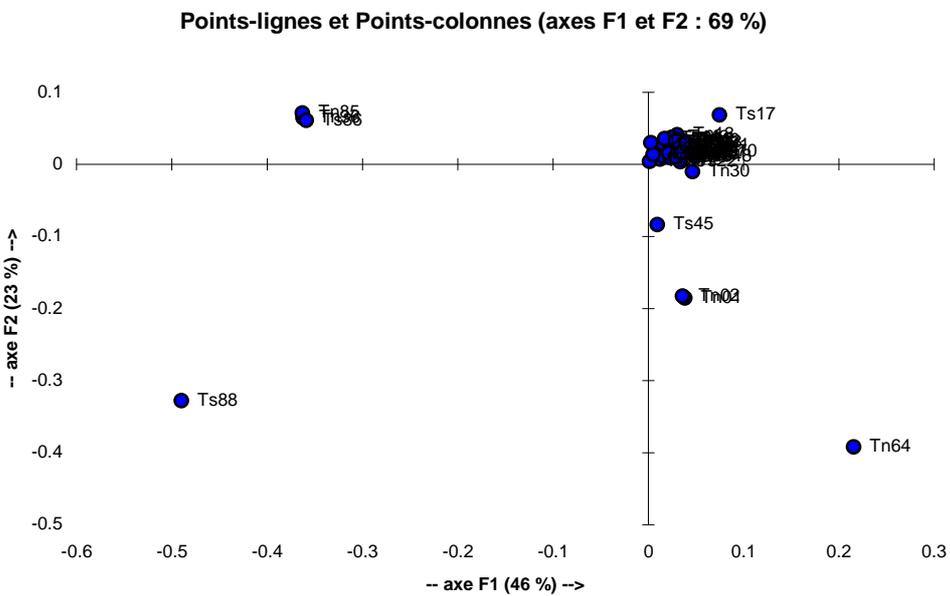
- La population de chèvres naines du Ghana constitue un groupe à part ;
- Le groupe formé par les populations de chèvres Kirdi, du Sahel du Tchad et du Sahel de la Mauritanie ;
- Le dernier groupe constitué des populations de chèvres du Sahel du Mali, des chèvres Djallonké du Togo, des chèvres Mossi du Burkina-Faso, des chèvres Djallonké du Sénégal et des chèvres Laobé de la Guinée. Il ressort clairement que nos neuf populations de chèvres étudiées ne sont en réalité constituées que de six (06) populations. Les chèvres naines rencontrées au Togo et au Burkina-Faso sont de la même race. Il en est de même pour les chèvres naines de la région de Kolda (Sénégal) et du Fouta Djallon (Guinée). Ces résultats viennent infirmer ceux trouvés par MISSOHOU et al (2006). En effet selon ces auteurs la chèvre Djallonké de la région de Kolda au Sénégal était génétiquement opposée à la chèvre Laobé de la Guinée. Cette contradiction peut s'expliquer par le fait qu'en plus des six (06) marqueurs microsatellites utilisés par ces auteurs, nous avons complété quatre (04) autres marqueurs microsatellites. L'analyse factorielle des correspondances montre bien le regroupement des individus de ces deux populations de chèvres (figure 22). En effet, les axes factoriels F1 et F2 rendent compte d'environ 77% de l'affinité existant entre les chèvres Laobé de Fouta Djallon en Guinée et les chèvres Djallonké de Kolda au Sénégal.

Les chèvres du Tchad constituent une même race. La figure 23 confirme cette apparenté entre ces deux populations de chèvres dans environ 69% des cas. La chèvre Kirdi du Tchad serait donc un produit de métissage entre le type Sahélien et celui de la savane avec une prédominance sahélienne. Par ailleurs, la population de chèvres naines du Ghana forme une entité génétique à part entière. Il en est de même pour les populations de chèvres du Sahel du Mali et de la Mauritanie qui sont nettement distinctes génétiquement et constituent des entités bien individualisées.



Sk = chèvres naines de Kolda ; SL= chèvres Laobé

Figure 22 : Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) des populations de chèvres naines du Sénégal et de la Guinée



Ts = chèvres Kirdi ; Tn = chèvres du Sahel

Figure 23 : Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) des populations de chèvres Kirdi et du Sahel du Tchad

CONCLUSION

L'Afrique de l'Ouest est une importante zone d'élevage caprin. Cette importance numérique est associée à une forte diversité génétique à savoir : le type sahélien (hauts sur pattes) et le type des savanes (courts sur pattes). Cependant, les relations inter et intra-race sont mal connues du fait d'une méconnaissance de l'historique de ces populations et de leur évolution. En effet, ces races portent des noms qui varient d'une région à l'autre sans qu'on ne puisse véritablement dire s'il s'agit ou non de la même race ou des écotypes d'une même race. Il est possible qu'elles soient génétiquement différentes du fait qu'elles aient été élevées par des groupes ethniques différents et qu'elles aient subi des effets de la dérive génétique. Par ailleurs, la diversité des ressources génétiques animales est unanimement admise comme un préalable à l'amélioration de la productivité agricole et de la sécurité alimentaire. La nécessité de préserver la biodiversité afin de ne pas mettre en danger les écosystèmes actuels s'impose. D'une manière générale, les marqueurs génétiques sont l'une des voies d'investigation pour améliorer la connaissance des ressources génétiques animales. Les marqueurs microsatellites, de par leur polymorphisme et leur répartition homogène dans le génome, constituent de puissants outils de description des populations animales.

Toutefois, si en Afrique ces outils ont été utilisés chez les bovins, leur utilisation chez les caprins est limitée à quelques populations. Il est donc nécessaire d'étendre ces études à d'autres populations de chèvres d'Afrique de l'Ouest afin de mieux cerner la diversité des ressources génétiques.

La présente étude qui vise à analyser le polymorphisme des microsatellites et à évaluer leur efficacité dans la différenciation des populations de chèvres étudiées s'est déroulée à Dakar de Mars à Juillet 2007. Elle a porté sur 9 populations de chèvres : les chèvres naines ou Djallonké du Togo, du Ghana, et

du Sénégal ; la chèvre Kirdi du Tchad, la chèvre Mossi du Burkina-Faso, la chèvre Laobé de la Guinée; les chèvres du Sahel du Mali, de la Mauritanie et du Tchad.

Les résultats montrent qu'il existe une grande diversité génétique caprine en Afrique de l'Ouest. Les dix marqueurs microsatellites ont affiché un polymorphisme génétique très marqué (en moyenne 11 allèles différents). Ils ont montré un faible niveau de croisements non panmictiques à l'intérieur des populations ($FIS=0,065$). Les valeurs des hétérozygoties observées (H_o) bien qu'étant élevées ($0,602\pm 0,1641$ à $0,725\pm 0,1662$) demeurent faibles par rapport à celles attendues théoriquement H_t ($0,6031\pm 0,1080$ à $0,7278\pm 0,1247$). Les populations de chèvres étudiées ne sont donc pas en équilibre de HARDY WEINBERG et présentent un déficit global en hétérozygotes. La différenciation génétique entre les populations de chèvres étudiées est modérée ($FST=0,062$). En effet, 6,2 % de la variabilité totale est ainsi due à des différences entre populations alors que les différences intra populations expliquent 93,8 % de la variabilité totale. Les marqueurs microsatellites utilisés ont permis de séparer nettement les chèvres Djallonké du Ghana des autres populations de chèvres naines. Ils ont regroupé au sein d'une même population d'une part les chèvres Djallonké du Sénégal et Laobé de la Guinée, et d'autre part les chèvres Djallonké du Togo et du Burkina-Faso. L'affinité entre les chèvres Kirdi et les chèvres du Sahel du Tchad a été également établie. Malgré la proximité géographique entre le Mali et la Mauritanie, la présente étude nous a permis de distinguer génétiquement les populations de chèvres du Sahel de ces deux pays. Nous pouvons donc dire qu'il existe une grande diversité génétique caprine en Afrique de l'Ouest à savoir :

- ❖ Trois types de savane, courts sur pattes (chèvres naines ou Djallonké) rencontrés au Sénégal, au Togo, au Burkina-Faso, en Guinée et au Ghana formés par :
 - La population de chèvres naines du Sénégal et de la Guinée;

- La population de chèvres naines du Togo et du Burkina-Faso
- La population de chèvres naines du Ghana.
- ❖ Deux types du Sahel, hauts sur pattes (chèvres du Sahel) localisés l'un au Mali et l'autre en Mauritanie
 - La population de chèvres du Sahel du Mali ;
 - La population de chèvres du Sahel de la Mauritanie.
- ❖ Un type intermédiaire à prédominance sahélienne rencontrée au Tchad.
 - La population de chèvres Kirdi et du Sahel et Tchad.

Il est important de continuer ces travaux sur d'autres populations de chèvres avec d'autres marqueurs génétiques pour une meilleure connaissance des ressources génétiques caprines.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. **BARKER, J. S. F., 1994.-** A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. *In*: Proceedings of the 5th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, 21:501-508
2. **BELKHIR K.; BORSA P.; GOUDET J.; CHIKHI L. et BONHOMME F., 1998.-** GENETIX, Windows software TM for population genetics (in French). Genome Laboratory: Populations, Interactions CNRS UMR 5000, University of Montpellier II, Montpellier (France)
3. **BERNARDI G., 1995.-** The human genome: organisation and evolutionary history. *Annual Review of Genetics*, (29): 445-476
4. **BOICHARD D. ; LE ROY P. ; LEVEZIEL H. et ELSEN J. M., 1998.-** Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale. INRA Production animal 11 : 67-80
5. **BOUCHEL D. et LAUVERGNE J. J., 1996.-** Le peuplement de l'Afrique par la chèvre domestique. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays Trop.* 49(1) : 80-90
6. **BOULANGER A., 1984.-** Polymorphisme des caséines α S1 et α S2 de la chèvre (*Capra hircus*). *Genet. Sol. Evol.* 16 : 157-176
7. **BOURZAT D. ; SOUVENIR ZAFINDRAJAONA P. ; LAUVERGNE J.J. et ZEUH V., 1993.-** Comparaison morpho-biométrique de chèvres au Nord du Cameroun et au Tchad. *Revue Elev. Méd. vét. Pays Trop.* 46(4) : 667-674
8. **BOURZAT; SOUVENIR ZAFINDRAJOANA P. ; LAUVERGNE J. J. et ZEUH V., 1993.-** Comparaison morphobiométrique des chèvres au Nord Caméroun et au Tchad. *Revue Méd. Vét. Pays trop.*, 46 (4): 667-675

9. **BRADLEY D., 1995.** - Genetic characterization of cattle in West and Central Africa Dpt. Genetics, Trinity College, Dublin 2. Annual report
10. **BUCHAMAN F.C.; ADAMS L. J.; LITTLEJOHN R.P.; MADDOX J. F. et CRAWFORD A. M., 1994.**-Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites. *Genomics*, 22: 397-403
11. **CHAIX L., 1984.**- Troisième note sur la faune de Kerma (Soudan), campagne 1983-1984, Genava. Cité par VIGNE J.D, 1988. Les grandes étapes de la domestication de la chèvre : une proposition d'explication de son statut en Europe occidentale. *Ethnozootecnie*, 14:1-14
12. **CLEMENT V. ; POIVEY J. P. ; FAUGERE O. ; TILLARD E. ; LANCELOT R. ; GUEYE A. ; RICHARD D. et BIBE B., 1997.**- Etude de la variabilité des caractères de reproduction chez les petits ruminants en milieu d'élevage traditionnel au Sénégal. *Revue Elev. Méd. vét. Pays trop.*, 50 : 235-249
13. **CNSINK A. K. et HENIKOFF S., 1998.**- Something from nothing: The evolution and utility of satellites repeats. *Trends in Genetics*, 14: 200-204
14. conference Ouagadougou, Burkina –Faso; 429-435
15. **CORBET G. B. et HILL J. E., 1980.**-A Word List of Mammalian Species. British Museum (Natural History): London, UK.
16. **CRAWFORD R. D., 1990.** - Poultry genetic resources: evolution, diversity and conservation. *In*: Breeding and Genetics R.D. CRAWFORD; Elsevier, Amsterdam
17. **CROOIJMANS R. P. M. A.; VAN KAMPEN A. J. A.; VAN DER POEL J. J. et GROENEN M. A. M., 1993.**- Highly polymorphic microsatellite markers in poultry. *Animal Genetics*, 24: 441-443.
18. **CROSSA J.; HERNANDEZ C. M.; BRETTING P.; EBERHART S. A. et TABA S., 1993.**- Statistical genetic considerations for maintaining germ plasm collections. *Theor. Appl. Genet.*, 86: 673–678

19. **DARWIN C., 1989.**- L'Origine des espèces. Paris, La Découverte ; 656
20. **DECHAMBRE P., 1914.**- Traité de zootechnie I, Zootechnie générale, Paris, La Maison rustique, 1914 (3e édition). *La variété et la race*, 171-202
21. **DIADHIOU B., 1991.**- Contribution à l'évaluation de l'action technique du projet de développement de l'élevage ovin (région de Kaolack) au terme de cinq années d'exécution (1983 – 1987). Thèse: Méd. Vét.: Dakar; 9
22. **DOUTRESSOULE G., 1947.**-L'élevage en Afrique Occidentale Française ; Larousse, Paris
23. **DUTECH C.; FOURNIER E.; ENJALBERT J.; DELMOTTE F.; BARRES B.; CARLIER J.; THARREAUD. et GIRAUD T., 2006.**- Un graal moléculaire : recherche de marqueurs microsatellites chez les champignons
24. **EPSTEIN H., 1971.**-The origin of domestic animals of Africa. *Vol II*. Africana Publ. Corp. New York
25. **FALCONER D. S., 1981.** - Introduction to quantitative genetics, Longmann éd. 365
26. **FAO ROME, 2001.**- Annuaire de la production. 53: 199-251
27. **FELSENSTEIN J., 1993.** - PHYLIP (Phylogeny inference package), Version 3.5. Seattle, WA, USA, Washington University, Department of Genetics, 275
28. **FERNANDEZ H., 2006.** - Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 10 October 2006
29. **FORD R.; LE ROUX K.; ITMAN C.; BROUWER J. B. et TAYLOR P. W. J., 2002.**- Diversity analysis and genotyping in *Pisum* with sequence tagged microsatellite site (STMS) primers. *Euphytica* 124: 397-405

30. **GELLIN J., 1994.-** Analyse du génome, Laboratoire de génétique cellulaire. INRA-Toulouse, 1994, 7
31. **GELLIN J., 2000.-** La cartographie comparée des génomes des vertébrés. *INRA Productions Animales* (hors série) "Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales" ; 95-102
32. **GOUDET J., 1995. -** Fstat (ver 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *J. Hered.* 86: 485–486
33. **GREIDER C. W., 1996. -** Telomere length regulation. *Annual Review of Biochemistry* 65: 337-365
34. **GROSCLAUDE F. ; MAHE M. F. ; BRIGNON G. ; DI STASIO L. et JEUNET R., 1987.-** A Mendelian polymorphism underlying quantitative variation of goat α S1-casein. *Génét. Sél. Evol.*, 19: 399-412.
35. **GROSCLAUDE F., 1974.-** Les groupes sanguins des animaux C.R. 1er Congrès mondial de génétique appliquée à l'élevage animal.- Madrid; 229-241.
36. **GUEYE A., 1997.-** Moutons et chèvres du Sénégal : caractérisation biométrique et typage sanguin. Thèse : Méd. Vét. Dakar ; 7
37. **HABAULT P., 1965.-** Éléments de zootechnie générale. Paris, Baillière et fils ; 1965 ; 255
38. **HUSSON R., 1970.-** Glossaire de biologie animale Gauthier-Villars ; 296
39. **IBRAHIM M.L., 2001.-** Etude du polymorphisme des microsatellites et des caséines α 1 et α 2 : Laobé (Guinée), Sahel (Niger), Maure (Mauritanie) et Rousse de Maradi (Niger). Mémoire: Bio. Anim.: UCAD; 154
40. **IEMVT., 1989.-** Elevage du mouton en zone tropicale humide d'Afrique ; 207
41. **INRAP, 1991.-** Amélioration génétique des animaux d'élevage. Paris.- Foucher ; 287

42. **JARMAN A. P. et WELLS R. A., 1989.** - Hypervariable microsatellites: recombinaisons or innocent bystanders. *Trends in Génétics*, 5: 367-371
43. **JEFFREYS A. J.; WISON V. et THEIN S. L., 1985.-** Hypervariable minisatellite regions in human DNA. *Nature* ; 314 : 67-73
44. **KAMOUN P. ; LEROUX J.P. et F.DEMAUGRE., 1997.-** Aide mémoire de biochimie). 141
45. **KANE M., 1995.-** Les races d'animaux élevés en Mauritanie. *Bull. d'Info. sur les Ress. Génét.*, 15 : 3-25
46. **KARLIN S. et BURGE C., 1995.** - Dinucleotide relative abundance extremes: a genome signature. *Trends in Génétics*, 11: 283-290
47. **KONATE S., 2000.-** L'élevage des caprins au Sénégal : résultats de quelques paramètres de production en station et dans les exploitations traditionnelles de Lelly. Mémoire : Technicien supérieur Elevage spécialisé ; Enesa Ouagadougou, Burkina Faso, 48
48. **LAURANS R., 1989.-** « Le concept de race : approche ethnozootechnique, approche biologique ». *In* Actes du colloque : « La gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques ». Paris, Bureau des ressources génétiques; 31-40
49. **LAUVERGNE J. J., 1975.** - « Races et gènes à effets visibles », dans *Ethnozootechnie*. N° spécial, 1975 ; 19-23
50. **LEBART L. ; MORIBEAU A. ; PIRON M. ; 1995.-** Statistique exploratoire multidimensionnelle. Paris, France, Dunod ; 439
51. **LEGAULT C. ; MENISSIER F. ; MERAT P. ; RICORDEAU G. R. et ROUVIER., 1991.-** Les lignées originales de l'INRA : historique, développement et impact sur les productions animales 1996. *INRA Prod. Anim.* (hors série), 41-56
52. **LHOST ; DOLLE et ROUSSEAU, 1993.-** zootechnie des régions chaudes : les systèmes d'élevage

53. **LUIKART G. ; BIJU-DUVAL M-P. ; ERTUGRUL O. ; ZAGDSUREN Y. ; MAUDET C. et TABERLET P., 1999.**- Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goat (*Capra hircus*).
54. **MASSON I. L., 1988.** - A world dictionary of livestock breeds, types and varieties UK: 3è Edit. CAB. International.-348
55. **MBAÏNDINGATOLOUM F. M., 2003.**- Essai d'un protocole d'insémination artificielle chez les chèvres sahéliennes en milieu réel : résultats préliminaires. Mémoire DEA : Productions Animale : Dakar (EISMV) ; 8
56. **MISSOHOU A. et ADAKAL E. H., 2004.**- Current and perspective situation of a sustainable management of the bovine genetic resources of West Africa (in French). Proceedings of the 2004 Ouagadougou sustainable development
57. **MISSOHOU A.; NGUYEN T. C.; SOW R. et GUEYE A., 1999.** - Blood Polymorphism in West African Breeds of Sheep. *Tropical Animal and Production* 31: 175-179
58. **MISSOHOU A.; TALAKY E.; et MAMAN LAMINOUE I., 2006.**- Diversity and Genetic Relationships among Seven West Africa Goat Breeds. *Asian-Aust J. Anim. Sci*, 9 (19):1245-1291
59. **MOAZAMI-GOUDARZI K.; BELEMSAGA D. M. A. et CERIOTTI G., 2001.** - Caractérisation de plusieurs races bovines françaises à l'aide de marqueurs moléculaires. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 54(2): 129-138
60. **MOAZAMI-GOUDARZI K. ; LALOE D. et FURET J.P. et GROSCLAUDE., 1997.**- Analysis of genetic relationships between ten (10) cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics* 28: 338-345

61. **MOAZAMI-GOUDARZI K., 1994.-** Caractérisation de plusieurs races bovines françaises à l'aide de marqueurs polymorphes. Thèse doct. Sciences. Université Paris XI ORSAY
62. **MOUCHIROUD D. ; D'ONOFRIO G. ; AÏSSANI B. ; MACAYA G. ; GAUTIER C. et BERNADI G., 1991.-** The distribution of genes in the human genome. *Gent.*, 100 : 181-187
63. **NEI M., 1972. -** Genetics distance between populations. *An. Nature*, 106: 283-292
64. **NEI M., 1978. -** Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals; *Genetics*, 89: 583-590
65. **NGUYEN T. C., 1972.-** Les groupes sanguins des ovins I. Relation entre les groupes sanguins des ovins et des bovins. *Ann. Genet. Sel. Anim.*, 363-374
66. **NGUYEN T. C., 1975.-** Les groupes sanguins et le polymorphisme des protéines du sang en espèce caprine. In *Reproduction-selection*. Paris France INDA, ITOVIC 1975. 117-126.
67. **PRYDE F. E., GORHAM H. C., LOUIS E. J., 1997.-** Chromosome ends: all the same under their caps. *Current Opinion in Genetics and Development*, 7: 822-828
68. **PRYDE F. E.; GORHAM H. C. et LOUIS E. J., 1997. -** Chromosome ends: all the some under their caps. *Current Opervion in Genetics and Developpement*, 7: 822-828
69. **REGE J. E. O., 1994.-** Indigenous African small ruminants: a case of characterisation and improvement In: *Small ruminant Research and Development*. Proc 2nd Bi-annual Conference of the Small Ruminant Network. AICC, Arusha, Tanzania, 7-11 dec. 1992
70. **ROBINET H., 1967.-** La Chèvre Rousse de Maradi : son exploitation et sa place dans l'économie et l'élevage de la République du Niger. *Revue Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 20 (1) : 129-186.

71. **RYDER M. L., 1984.-** Sheep. *In*: Mason I. L. (éd.). Evolution of domesticated Animals. Longmans: London, UK.
72. **SACCONI S.; DE SARIO A.; DELLA VALLE G. et BERNARDI G., 1992.-** The highest gene concentrations in the human genome are in the T-bands of metaphase chromosomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 89: 4913-4917
73. **SHIBLER L.; VAIMAN D. et CRIBIU E. P. 2000.-** Origine du polymorphisme de l'ADN. *INRA Prod. Anim.* (hors série) «Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales » : 217-222
74. **SOUVENIR ZAFINDRAJOANA P.; ZEUEH V.; MOAZAMI-GOUDARZI K; LALOE D.; BOURZAT D.; IDRIS A. et GROSCLAUDE F., 1999.-** Etude du statut phylogénique du bovin Kouri du lac Tchad à l'aide de marqueurs moléculaires. *Revue Elev. Med.Vet. Pays trop.*, 52 (2) : 155-162
75. **STACHEL M.; LELLEY T.; GRAUSGRUBER H. et VOLLMANN J., 2000.-** Application of microsatellites in wheat (*Triticum aestivum* L.) for studying genetic differentiation caused by selection for adaptation and use. *Theor. Appl. Genet.*, 100: 242–248
76. **TALAKI E., 2001.-** Caractérisation des chèvres naines (Sénégal), Sahel (Sénégal), Guera (Mauritanie) et Rousse de MARadi (Niger): Etude du polymorphisme des microsatellites et des caseines α_1 et α_2 du lait. *Memoire: Bio. Anim.: UCAD*; 153
77. **TAMBOURA H., et BERTE D., 1996.-** Système traditionnel d'élevage caprin sur le plateau central du Burkina Faso. *In*: Proc. 3rd Biennial conference of the African small ruminant reproduction; Niamey, Niger. Nairobi, Kenya, ILRI; 285-289

78. **TAUTZ D., 1989.**- Hypervariability of simple sequence repeats as a general source for polymorphic markers. *Nucleic Acids Resour* 17: 6463–6471
79. **TOURRAND J. F. et LANDAIS E., 1996.**- Productivité des caprins dans les systèmes de production agricole du Delta du fleuve Sénégal. *Revue Elev. Méd. vét. Pays trop.*, 49: 168-173
80. **TURNER P. C.; Mc LENNAN.; BATES A. D. et WHITE M. R. H., 2000.**- L'essentiel en biologie moléculaire
81. **VAIMAN D. ; OSTA R. et MERCIER D., 1992.**- Characterization of five new bovine dinucleotide repeat. *Animal genetics*, 23: 537-541
82. **WATSON J. A. et CRICK F. H. C., 1953.**- A structure for desoxyribose nucleic acid. *Nature*, 171:737-738
83. **WATSON J. D., 1978.**- Biologie moléculaire du gène 3^{ème} édit. Paris ; Inter-Edition 208-209
84. **WEBER J.L. et WONG C., 1993.**- Mutation of human short tandem repeats. *Hum. Mol. Genet.*, 2: 1123–1128
85. **WEIL J. H., 1990.**- Biochimie générale. 6^{ème} édi. Paris.- MASSON ; 517
86. **WIENBERG J. et STANYON R., 1997.**-Comparative painting of mammalian chromosomes. *Current Opinion in Genetics and Development* 7: 784-791
87. **WILSON T., 1992.** - Petits ruminants: Production et ressources génétiques en Afrique tropicale. FAO, Rome Italy
88. **WRIGHT S., 1931.**-Evolution in mendelian populations. *Genetics*, 16:97-159
89. **WRIGHT S., 1969.** - Evolution and the genetics of populations. University of Chicago press, Chicago, USA
90. **WRIGHT S., 1978.**-Evolution and the Genetics of populations, (4). Variability within and Among; Natural Population. Chicago: University of Chicago Press.

91. **YE H F.C., BOYLE T.J.B., 1997.** - Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Belg. J. Bot. 129: 157-204
92. **ZEUNER F. E., 1963.** - A history of domesticated animals. London: United Kingdom, Hutchinson: 129-152

LE (LA) CANDIDAT (E)

**VU
LE DIRECTEUR
DE L'ECOLE INTER-ETATS
DES SCIENCES ET MEDECINE
VETERINAIRES DE DAKAR**

**VU
LE PROFESSEUR RESPONSABLE
DE L'ECOLE INTER-ETATS DES
SCIENCES ET MEDECINE
VETERINAIRES DE DAKAR**

**VU
LE DOYEN
DE LA FACULTE DE MEDECINE
ET DE PHARMACIE
DE L'UNIVERSITE CHEIKH ANTA DIOP
DE DAKAR**

**LE PRESIDENT
DU JURY**

**VU ET PERMIS D'IMPRIMER _____
DAKAR, LE _____**

SERMENT DES VETERINAIRES DIPLOMES DE DAKAR

« Fidèlement attaché aux directives de Claude BOURGELAT, fondateur de l'enseignement vétérinaire dans le monde, je promets et je jure devant mes maîtres et mes aînés :

✎ d'avoir en tous moments et en tous lieux le souci de la dignité et de l'honneur de la profession vétérinaire ;

✎ d'observer en toutes circonstances les principes de correction et de droiture fixés par le code de déontologie de mon pays ;

✎ de prouver par ma conduite, ma conviction, que la fortune consiste moins dans le bien que l'on a, que dans celui que l'on peut faire ;

✎ de ne point mettre à trop haut prix le savoir que je dois à la générosité de ma patrie et à la sollicitude de tous ceux qui m'ont permis de réaliser ma vocation.

« Que toute confiance me soit retirée s'il advient que je me parjure. »

Résumé

L'importance numérique des ressources caprines africaines est associée à une forte diversité génétique. Les marqueurs génétiques tels que les microsatellites sont l'une des voies d'investigation pour améliorer la connaissance des ressources génétiques animales. Toutefois, si en Afrique ces outils ont été utilisés chez les bovins, leur utilisation chez les caprins est limitée à quelques populations. Il est donc nécessaire d'étendre ces études à d'autres populations d'Afrique de l'Ouest afin de mieux cerner la diversité des ressources génétiques.

La présente étude qui vise à analyser le polymorphisme des microsatellites et à évaluer leur efficacité dans la différenciation des populations de chèvres étudiées s'est déroulée à Dakar de Mars à Juillet 2007. Elle a porté sur 9 populations de chèvres : les chèvres Djallonké du Togo, du Ghana, et du Sénégal ; la chèvre Kirdi du Tchad, la chèvre Mossi du Burkina-Faso, la chèvre Laobé de la Guinée; les chèvres du Sahel du Mali, de la Mauritanie et du Tchad.

Les résultats montrent qu'il existe une grande diversité génétique caprine en Afrique de l'Ouest. Les dix marqueurs microsatellites ont affiché un polymorphisme génétique très marqué (en moyenne 11 allèles différents). Ils ont montré un faible niveau de croisements non panmictiques à l'intérieur des populations ($FIS=0,065$). Les valeurs des hétérozygoties observées (H_o) bien qu'étant élevées ($0,602\pm 0,1641$ à $0,725\pm 0,1662$) demeurent faibles par rapport à celles attendues théoriquement H_t ($0,6031\pm 0,1080$ à $0,7278\pm 0,1247$). Les populations de chèvres étudiées ne sont donc pas en équilibre de Hardy Weinberg et présentent un déficit global en hétérozygotes. La différenciation génétique entre les populations de chèvres étudiées est modérée ($FST=0,062$). Les marqueurs microsatellites utilisés ont permis de séparer nettement les chèvres Djallonké du Ghana des autres populations de chèvres naines. Ils ont regroupé au sein d'une même population d'une part les chèvres Djallonké de Kolda (Sénégal) et Laobé de Fouta Djallon (Guinée), et d'autre part les chèvres Djallonké du Togo et du Burkina-Faso. L'affinité entre les chèvres Kirdi et les chèvres du Sahel du Tchad a été également établie. Malgré la proximité géographique entre le Mali et la Mauritanie, la présente étude nous a permis de distinguer génétiquement les populations de chèvres du Sahel de ces deux pays.

Mots clés : Microsatellite, Diversités génétiques, Chèvre du Sahel, Chèvre Djallonké

Marie Rose POUTYA Epouse SAÏZONOU

Email : marosepout2000@yahoo.fr

Tel : 0022920226765

Adresse : 02 BP 673 Porto-Novo (Bénin)