

UNIVERSITÉ DE YAOUNDÉ I
UNIVERSITY OF YAOUNDE I



FACULTÉ DES SCIENCES
FACULTY OF SCIENCE

DÉPARTEMENT DE BIOLOGIE ET PHYSIOLOGIE ANIMALES
DEPARTMENT OF ANIMAL BIOLOGY AND PHYSIOLOGY

LABORATOIRE DE ZOOLOGIE
LABORATORY OF ZOOLOGY

**Distribution, phylogénie et biogéographie de
l'avifaune de la zone de transition forêt/savane
du Plateau de l'Adamaoua (Région de
l'Adamaoua, Cameroun)**

Thèse présentée en vue de l'obtention du diplôme de Doctorat/Ph.D en Biologie des
Organismes Animaux

Option : Zoologie

Par

MAHAMAT SALI

Matricule : 11Q0345

Master ès-Sciences



Sous la codirection de :

NGUEMBOCK

Maître de Conférences

et

TAMESSE Joseph Lebel

Professeur

Année académique : 2022-2023

REPUBLIQUE DU CAMEROUN

Paix-Travail-Patrie

UNIVERSITÉ DE YAOUNDÉ I

FACULTÉ DES SCIENCES



REPUBLIC OF CAMEROUN

Peace-Work-Fatherland

THE UNIVERSITY OF YAOUNDE I

FACULTY OF SCIENCE

DEPARTMENT OF ANIMAL BIOLOGY AND PHYSIOLOGY
DEPARTEMENT DE BIOLOGIE ET PHYSIOLOGIE ANIMALES

ATTESTATION DE CORRECTION

Nous soussignés, membres du jury de la soutenance de thèse de Doctorat/Ph.D en **Biologie des Organismes Animaux**, Option : **Zoologie**, de Monsieur **MAHAMAT SALI**, matricule **11Q0345**, soutenance autorisée par la correspondance N° 2023-00285/UIY/VREPDTIC/DAAC/DEPE/SPD/SPDA/Alc de Monsieur le Recteur de l'Université de Yaoundé I en date du 10 Octobre 2023 sur le sujet intitulé : « **Distribution, phylogénie et biogéographie de l'avifaune de la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua (Région de l'Adamaoua, Cameroun)** », attestons que les corrections exigées au candidat lors de cette évaluation, qui a eu lieu le lundi 06 novembre 2023 dans la salle Multimédia de la Faculté des Sciences, ont réellement été effectuées.

En foi de quoi, la présente attestation lui est délivrée pour servir et valoir ce que de droit.

Fait à Yaoundé, le**04**.....**MARS**.....**2024**..

L'Examineur

Sévilor KEKEUNOU, Ph.D
Professor
University of Yaounde 1

Le Président du jury

Le Chef de Département / PO



Pr. Sévilor KEKEUNOU
Faculté des Sciences
Université de Yaoundé I

A dark blue vertical bar runs down the left side of the page. A blue arrow points from the right side of this bar towards the title.

**LISTE PROTOCOLAIRE DES
ENSEIGNANTS DE L'UNIVERSITÉ
DE YAOUNDÉ I**

UNIVERSITÉ DE YAOUNDÉ I Faculté des Sciences Division de la Programmation et du Suivi des Activités Académiques		THE UNIVERSITY OF YAOUNDE I Faculty of Science Division of Programming and Follow-up of Academic Affairs
LISTE DES ENSEIGNANTS PERMANENTS		LIST OF PERMANENT TEACHING STAFF

ANNÉE ACADEMIQUE 2022/2023
 (Par Département et par Grade)
DATE D'ACTUALISATION 31 MAI 2023

ADMINISTRATION

DOYEN : TCHOUANKEU Jean- Claude, *Maître de Conférences*
VICE-DOYEN / DPSAA : ATCHADE Alex de Théodore, *Professeur*
VICE-DOYEN / DSSE : NYEGUE Maximilienne Ascension, *Professeur*
VICE-DOYEN / DRC : ABOSSOLO ANGUE Monique, *Maître de Conférences*
Chef Division Administrative et Financière : NDOYE FOE Florentine Marie Chantal, *Maître de Conférences*
Chef Division des Affaires Académiques, de la Recherche et de la Scolarité DAARS :
 AJEAGAH Gideon AGHAINDUM, *Professeur*

1- DÉPARTEMENT DE BIOCHIMIE (BC) (43)

N°	NOMS ET PRÉNOMS	GRADE	OBSERVATIONS
1.	BIGOGA DAIGA Jude	Professeur	En poste
2.	FEKAM BOYOM Fabrice	Professeur	En poste
3.	KANSCI Germain	Professeur	En poste
4.	MBACHAM FON Wilfred	Professeur	En poste
5.	MOUNDIPA FEWOU Paul	Professeur	<i>Chef de Département</i>
6.	NGUEFACK Julienne	Professeur	En poste
7.	NJAYOU Frédéric Nico	Professeur	En poste
8.	OBEN Julius ENYONG	Professeur	En poste
9.	ACHU Merci BIH	Maître de Conférences	En poste
10.	ATOgho Barbara MMA	Maître de Conférences	En poste
11.	AZANTSA KINGUE GABIN BORIS	Maître de Conférences	En poste
12.	BELINGA née NDOYE FOE F. M. C.	Maître de Conférences	<i>Chef DAF / FS</i>
13.	DJUIDJE NGOUNOUE Marceline	Maître de Conférences	En poste
14.	DJUIKWO NKONGA Ruth Viviane	Maître de Conférences	En poste
15.	EFFA ONOMO Pierre	Maître de Conférences	<i>VD/FS/Univ Ebwa</i>
16.	EWANE Cécile Annie	Maître de Conférences	En poste

17.	KOTUE TAPTUE Charles	Maître de Conférences	En poste
18.	LUNGA Paul KEILAH	Maître de Conférences	En poste
19.	MBONG ANGIE M. Mary Anne	Maître de Conférences	En poste
20.	MOFOR née TEUGWA Clotilde	Maître de Conférences	<i>Doyen FS / UDs</i>
21.	NANA Louise épouse WAKAM	Maître de Conférences	En poste
22.	NGONDI Judith Laure	Maître de Conférences	En poste
23.	TCHANA KOUATCHOUA Angèle	Maître de Conférences	En poste

24.	AKINDEH MBUH NJI	Chargé de Cours	En poste
25.	BEBEE Fadimatou	Chargée de Cours	En poste
26.	BEBOY EDJENGUELE Sara Nathalie	Chargé de Cours	En poste
27.	DAKOLE DABOY Charles	Chargé de Cours	En poste
28.	DONGMO LEKAGNE Joseph Blaise	Chargé de Cours	En poste
29.	FONKOUA Martin	Chargé de Cours	En poste
30.	FOUPOUPOUOGNIGNI Yacouba	Chargé de Cours	En poste
31.	KOUOH ELOMBO Ferdinand	Chargé de Cours	En poste
32.	MANANGA Marlyse Joséphine	Chargée de Cours	En poste
33.	OWONA AYISSI Vincent Brice	Chargé de Cours	En poste
34.	Palmer MASUMBE NETONGO	Chargé de Cours	En poste
35.	PECHANGOU NSANGO Sylvain	Chargé de Cours	En poste
36.	WILFRED ANGIE ABIA	Chargé de Cours	En poste

37.	BAKWO BASSOGOG Christian Bernard	Assistant	En Poste
38.	ELLA Fils Armand	Assistant	En Poste
39.	EYENGA Eliane Flore	Assistant	En Poste
40.	MADIESSE KEMGNE Eugenie Aimée	Assistant	En Poste
41.	MANJIA NJIKAM Jacqueline	Assistant	En Poste
42.	MBOUCHE FANMOE Marceline Joëlle	Assistant	En poste
43.	WOGUIA Alice Louise	Assistant	En Poste

2- DÉPARTEMENT DE BIOLOGIE ET PHYSIOLOGIE ANIMALES (BPA) (52)

1.	AJEAGAH Gideon AGHAINDUM	Professeur	<i>DAARS/FS</i>
2.	BILONG BILONG Charles-Félix	Professeur	<i>Chef de Département</i>
3.	DIMO Théophile	Professeur	En Poste
4.	DJIETO LORDON Champlain	Professeur	En Poste

5.	DZEUFLET DJOMENI Paul Désiré	Professeur	En Poste
6.	ESSOMBA née NTSAMA MBALA	Professeur	<i>CD et Vice Doyen/FMSB /UYI</i>
7.	FOMENA Abraham	Professeur	En Poste
8.	KEKEUNOU Sévilor	Professeur	En poste
9.	NJAMEN Dieudonné	Professeur	En poste
10.	NJIOKOU Flobert	Professeur	En Poste
11.	NOLA Moïse	Professeur	En poste
12.	TAN Paul VERNYUY	Professeur	En poste
13.	TCHUEM TCHUENTE Louis Albert	Professeur	<i>Inspecteur de service / Coord.Progr./ MINSANTE</i>
14.	ZEBAZE TOGOUET Serge Hubert	Professeur	En poste

15.	ALENE Désirée Chantal	Maître de Conférences	<i>Vice Doyen/ Uté Ebwa</i>
16.	BILANDA Danielle Claude	Maître de Conférences	En poste
17.	DJIOGUE Séfirin	Maître de Conférences	En poste
18.	GOUNOUE KAMKUMO Raceline épouse FOTSING	Maître de Conférences	En poste
19.	JATSA BOUKENG Hermine épouse MEGAPTCHÉ	Maître de Conférences	En Poste
20.	LEKEUFACK FOLEFACK Guy B.	Maître de Conférences	En poste
21.	MAHOB Raymond Joseph	Maître de Conférences	En poste
22.	MBENOUN MASSE Paul Serge	Maître de Conférences	En poste
23.	MEGNEKOU Rosette	Maître de Conférences	En poste
24.	MOUNGANG Luciane Marlyse	Maître de Conférences	En poste
25.	NOAH EWOTI Olive Vivien	Maître de Conférences	En poste
26.	MONY Ruth épouse NTONE	Maître de Conférences	En Poste
27.	NGUEGUIM TSOFAK Florence	Maître de Conférences	En poste
28.	NGUEMBOCK	Maître de Conférences	En poste
29.	TAMSA ARFAO Antoine	Maître de Conférences	En poste
30.	TOMBI Jeannette	Maître de Conférences	En poste

31.	ATSAMO Albert Donatien	Chargé de Cours	En poste
32.	BASSOCK BAYIHA Etienne Didier	Chargé de Cours	En poste
33.	ETEME ENAMA Serge	Chargé de Cours	En poste
34.	FEUGANG YOUMSSI François	Chargé de Cours	En poste
35.	FOKAM Alvine Christelle Epse KENGNE	Chargé de Cours	En poste
36.	GONWOUO NONO Legrand	Chargé de Cours	En poste
37.	KANDEDA KAVAYE Antoine	Chargé de Cours	En poste

38.	KOGA MANG DOBARA	Chargé de Cours	En poste
39.	LEME BANOCK Lucie	Chargé de Cours	En poste
40.	MAPON NSANGO Indou	Chargé de Cours	En poste
41.	METCHI DONFACK MIREILLE FLAURE EPSE GHOUMO	Chargé de Cours	En poste
42.	MVEYO NDANKEU Yves Patrick	Chargé de Cours	En poste
43.	NGOUATEU KENFACK Omer Bébé	Chargé de Cours	En poste
44.	NJUA Clarisse YAFI	Chargée de Cours	<i>Chef Div. Uté Bamenda</i>
45.	NWANE Philippe Bienvenu	Chargé de Cours	En poste
46.	TADU Zephyrin	Chargé de Cours	En poste
47.	YEDE	Chargé de Cours	En poste
48.	YOUNOUSSA LAME	Chargé de Cours	En poste

49.	AMBADA NDZENGUE GEORGIA ELNA	Assistante	En poste
50.	KODJOM WANCHE Jacguy Joyce	Assistante	En poste
51.	NDENGUE Jean De Matha	Assistant	En poste
52.	ZEMO GAMO Franklin	Assistant	En poste

3- DÉPARTEMENT DE BIOLOGIE ET PHYSIOLOGIE VÉGÉTALES (BPV) (34)

1.	AMBANG Zachée	Professeur	<i>Chef de Département</i>
2.	DJOCGOUE Pierre François	Professeur	En poste
3.	MBOLO Marie	Professeur	En poste
4.	MOSSEBO Dominique Claude	Professeur	En poste
5.	YOUMBI Emmanuel	Professeur	En poste
6.	ZAPFACK Louis	Professeur	En poste

7.	ANGONI Hyacinthe	Maître de Conférences	En poste
8.	BIYE Elvire Hortense	Maître de Conférences	En poste
9.	MAHBOU SOMO TOUKAM. Gabriel	Maître de Conférences	En poste
10.	MALA Armand William	Maître de Conférences	En poste
11.	MBARGA BINDZI Marie Alain	Maître de Conférences	<i>DAAC /UDla</i>
12.	NDONGO BEKOLO	Maître de Conférences	En poste
13.	NGALLE Hermine BILLE	Maître de Conférences	En poste
14.	NGODO MELINGUI Jean Baptiste	Maître de Conférences	En poste
15.	NGONKEU MAGAPTCHE Eddy L.	Maître de Conférences	<i>CT / MINRESI</i>
16.	TONFACK Libert Brice	Maître de Conférences	En poste
17.	TSOATA Esaïe	Maître de Conférences	En poste
18.	ONANA JEAN MICHEL	Maître de Conférences	En poste

19.	DJEUANI Astride Carole	Chargé de Cours	En poste
-----	------------------------	-----------------	----------

20.	GONMADGE CHRISTELLE	Chargée de Cours	En poste
21.	MAFFO MAFFO Nicole Liliane	Chargé de Cours	En poste
22.	NNANGA MEBENGA Ruth Laure	Chargé de Cours	En poste
23.	NOUKEU KOUAKAM Armelle	Chargé de Cours	En poste
24.	NSOM ZAMBO EPSE PIAL ANNIE CLAUDE	Chargé de Cours	<i>En détachement/ UNESCO MALI</i>
25.	GODSWILL NTSOMBOH NTSEFONG	Chargé de Cours	En poste
26.	KABELONG BANAHOU Louis- Paul-Roger	Chargé de Cours	En poste
27.	KONO Léon Dieudonné	Chargé de Cours	En poste
28.	LIBALAH Moses BAKONCK	Chargé de Cours	En poste
29.	LIKENG-LI-NGUE Benoit C	Chargé de Cours	En poste
30.	TAEDOUNG Evariste Hermann	Chargé de Cours	En poste
31.	TEMEGNE NONO Carine	Chargé de Cours	En poste
32.	MANGA NDJAGA JUDE	Assistant	En poste
33.	DIDA LONTSI Sylvere Landry	Assistant	En poste
34.	METSEBING Blondo-Pascal	Assistant	En poste

4- DÉPARTEMENT DE CHIMIE INORGANIQUE (CI) (28)

1.	GHOGOMU Paul MINGO	Professeur	<i>Ministre Chargé de Mission PR</i>
2.	NANSEU NJIKI Charles Péguy	Professeur	En poste
3.	NDIFON Peter TEKE	Professeur	<i>CT MINRESI</i>
4.	NENWA Justin	Professeur	En poste
5.	NGAMENI Emmanuel	Professeur	<i>Doyen FS Univ.Ngaoun dere</i>
6.	NGOMO Horace MANGA	Professeur	<i>Vice Chancelor/U B</i>
7.	NJOYA Dayirou	Professeur	En poste

8.	ACAYANKA Elie	Maître de Conférences	En poste
9.	EMADAK Alphonse	Maître de Conférences	En poste
10.	KAMGANG YOUNBI Georges	Maître de Conférences	En poste
11.	KEMMEGNE MBOUGUEM Jean C.	Maître de Conférences	En poste
12.	KENNE DEDZO GUSTAVE	Maître de Conférences	En poste
13.	MBEY Jean Aime	Maître de Conférences	En poste
14.	NDI NSAMI Julius	Maître de Conférences	<i>Chef de Département</i>
15.	NEBAH Née NDOSIRI Bridget NDOYE	Maître de Conférences	<i>Sénatrice/SE NAT</i>

16.	NJIOMOU C. épse DJANGANG	Maître de Conférences	En poste
17.	NYAMEN Linda Dyorisse	Maître de Conférences	En poste
18.	PABOUDAM GBAMBIÉ AWAWOU	Maître de Conférences	En poste
19.	TCHAKOUTE KOUAMO Hervé	Maître de Conférences	En poste
20.	BELIBI BELIBI Placide Désiré	Maître de Conférences	<i>Chef Service/ ENS Bertoua</i>
21.	CHEUMANI YONA Arnaud M.	Maître de Conférences	En poste
22.	KOUOTOU DAOUDA	Maître de Conférences	En poste

23.	MAKON Thomas Beauregard	Chargé de Cours	En poste
24.	NCHIMI NONO KATIA	Chargée de Cours	En poste
25.	NJANKWA NJABONG N. Eric	Chargé de Cours	En poste
26.	PATOUOSSA ISSOFA	Chargé de Cours	En poste
27.	SIEWE Jean Mermoz	Chargé de Cours	En Poste
28.	BOYOM TATCHEMO Franck W.	Assistant	En Poste

5- DÉPARTEMENT DE CHIMIE ORGANIQUE (CO) (37)

1.	Alex de Théodore ATCHADE	Professeur	<i>Vice-Doyen / DPSAA</i>
2.	DONGO Etienne	Professeur	<i>Vice- Doyen/FSE/ UYI</i>
3.	NGOUELA Silvère Augustin	Professeur	<i>Chef de Département UDS</i>
4.	PEGNYEMB Dieudonné Emmanuel	Professeur	<i>Directeur/ MINESUP/ Chef de Département</i>
5.	WANDJI Jean	Professeur	En poste
6.	MBAZOA née DJAMA Céline	Professeur	En poste

7.	AMBASSA Pantaléon	Maître de Conférences	En poste
8.	EYONG Kenneth OBEN	Maître de Conférences	En poste
9.	FOTSO WABO Ghislain	Maître de Conférences	En poste
10.	KAMTO Eutrophe Le Doux	Maître de Conférences	En poste
11.	KENMOGNE Marguerite	Maître de Conférences	En poste
12.	KEUMEDJIO Félix	Maître de Conférences	En poste
13.	KOUAM Jacques	Maître de Conférences	En poste
14.	MKOUNGA Pierre	Maître de Conférences	En poste
15.	MVOT AKAK CARINE	Maître de Conférences	En poste
16.	NGO MBING Joséphine	Maître de Conférences	<i>Chef de Cellule MINRESI</i>
17.	NGONO BIKOBO Dominique Serge	Maître de Conférences	<i>C.E.A/ MINESUP</i>
18.	NOTE LOUGBOT Olivier Placide	Maître de Conférences	<i>DAAC/Uté</i>

			<i>Bertoua</i>
19.	NOUNGOUE TCHAMO Diderot	Maître de Conférences	En poste
20.	TABOPDA KUATE Turibio	Maître de Conférences	En poste
21.	TAGATSING FOTSING Maurice	Maître de Conférences	En poste
22.	TCHOUANKEU Jean-Claude	Maître de Conférences	<i>Doyen /FS/ UYI</i>
23.	YANKEP Emmanuel	Maître de Conférences	En poste
24.	ZONDEGOUMBA Ernestine	Maître de Conférences	En poste
25.	MESSI Angélique Nicolas	Chargé de Cours	En poste
26.	NGNINTEDO Dominique	Chargé de Cours	En poste
27.	NGOMO Orléans	Chargée de Cours	En poste
28.	NONO NONO Éric Carly	Chargé de Cours	En poste
29.	OUAHOUE WACHE Blandine M.	Chargée de Cours	En poste
30.	OUETE NANTCHOUANG Judith Laure	Chargée de Cours	En poste
31.	SIELINOUE TEDJON Valérie	Chargé de Cours	En poste
32.	TCHAMGOUE Joseph	Chargé de Cours	En poste
33.	TSAFFACK Maurice	Chargé de Cours	En poste
34.	TSAMO TONTSA Armelle	Chargé de Cours	En poste
35.	TSEMEUGNE Joseph	Chargé de Cours	En poste
36.	MUNVERA MFIFEN Aristide	Assistant	En poste
37.	NDOGO ETEME Olivier	Assistant	En poste

6- DÉPARTEMENT D'INFORMATIQUE (IN) (22)

1.	ATSA ETOUNDI Roger	Professeur	<i>Chef de Division MINESUP</i>
2.	FOUDA NDJODO Marcel Laurent	Professeur	<i>Inspecteur Général/ MINESUP</i>
3.	NDOUNDAM René	Maître de Conférences	En poste
4.	TSOPZE Norbert	Maître de Conférences	En poste
5.	ABESSOLO ALO'O Gislain	Chargé de Cours	<i>Chef de Cellule MINFOPRA</i>
6.	AMINOUE HALIDOU	Chargé de Cours	<i>Chef de Département</i>
7.	DJAM Xaviera YOUH - KIMBI	Chargé de Cours	En Poste
8.	DOMGA KOMGUEM Rodrigue	Chargé de Cours	En poste
9.	EBELE Serge Alain	Chargé de Cours	En poste
10.	HAMZA Adamou	Chargé de Cours	En poste
11.	JIOMEKONG AZANZI Fidel	Chargé de Cours	En poste
12.	KOUOKAM KOUOKAM E. A.	Chargé de Cours	En poste
13.	MELATAGIA YONTA Paulin	Chargé de Cours	En poste
14.	MESSI NGUELE Thomas	Chargé de Cours	En poste
15.	MONTHÉ DJIADEU Valéry M.	Chargé de Cours	En poste

16.	NZEKON NZEKO'O ARMEL JACQUES	Chargé de Cours	En poste
17.	OLLE OLLE Daniel Claude Georges Delort	Chargé de Cours	<i>Sous- Directeur ENSET Ebolowa</i>
18.	TAPAMO Hyppolite	Chargé de Cours	En poste
19.	BAYEM Jacques Narcisse	Assistant	En poste
20.	EKODECK Stéphane Gaël Raymond	Assistant	En poste
21.	MAKEMBE. S . Oswald	Assistant	En poste
22.	NKONDOCK. MI. BAHANACK.N.	Assistant	En poste

7- DÉPARTEMENT DE MATHÉMATIQUES (MA) (33)

1.	AYISSI Raoult Domingo	Professeur	<i>Chef de Département</i>
----	-----------------------	------------	--------------------------------

2.	KIANPI Maurice	Maître de Conférences	En poste
3.	MBANG Joseph	Maître de Conférences	En poste
4.	MBEHOU Mohamed	Maître de Conférences	En poste
5.	MBELE BIDIMA Martin Ledoux	Maître de Conférences	En poste
6.	NOUNDJEU Pierre	Maître de Conférences	<i>Chef Service des Programmes & Diplômes/FS/ UYI</i>
7.	TAKAM SOH Patrice	Maître de Conférences	En poste
8.	TCHAPNDA NJABO Sophonie B.	Maître de Conférences	<i>Directeur/AI MS Rwanda</i>
9.	TCHOUNDJA Edgar Landry	Maître de Conférences	En poste

10.	AGHOUKENG JIOFACK Jean Gérard	Chargé de Cours	<i>Chef Cellule MINEPAT</i>
11.	BOGSO ANTOINE Marie	Chargé de Cours	En poste
12.	CHENDJOU Gilbert	Chargé de Cours	En poste
13.	DJIADEU NGAHA Michel	Chargé de Cours	En poste
14.	DOUANLA YONTA Herman	Chargé de Cours	En poste
15.	KIKI Maxime Armand	Chargé de Cours	En poste
16.	LOUMNGAM KAMGA Victor	Chargé de Cours	En poste
17.	MBAKOP Guy Merlin	Chargé de Cours	En poste
18.	MBATAKOU Salomon Joseph	Chargé de Cours	En poste
19.	MENGUE MENGUE David Joël	Chargé de Cours	<i>Chef Dpt /ENS Université d'Ebolowa</i>

20.	MBIAKOP Hilaire George	Chargé de Cours	En poste
21.	NGUEFACK Bernard	Chargé de Cours	En poste
22.	NIMPA PEFOUKEU Romain	Chargée de Cours	En poste
23.	OGADOA AMASSAYOGA	Chargée de Cours	En poste
24.	POLA DOUNDOU Emmanuel	Chargé de Cours	<i>En stage</i>
25.	TCHEUTIA Daniel Duviol	Chargé de Cours	En poste
26.	TETSADJIO TCHILEPECK M. Eric.	Chargé de Cours	En poste
27.	BITYE MVONDO Esther Claudine	Assistante	En poste
28.	FOKAM Jean Marcel	Assistant	En poste
29.	GUIDZAVAI KOUCHERE Albert	Assistant	En poste
30.	MANN MANYOMBE Martin Luther	Assistant	En poste
31.	MEFENZA NOUNTU Thiery	Assistant	En poste
32.	NYOUMBI DLEUNA Christelle	Assistant	En poste
33.	TENKEU JEUFACK Yannick Léa	Assistant	En poste

8- DÉPARTEMENT DE MICROBIOLOGIE (MIB) (24)

1.	ESSIA NGANG Jean Justin	Professeur	<i>Chef de Département</i>
2.	NYEGUE Maximilienne Ascension	Professeur	<i>VICE-DOYEN / DSSE</i>

3.	ASSAM ASSAM Jean Paul	Maître de Conférences	En poste
4.	BOUGNOM Blaise Pascal	Maître de Conférences	En poste
5.	BOYOMO ONANA	Maître de Conférences	En poste
6.	KOUITCHEU MABEKU Epse KOUAM Laure Brigitte	Maître de Conférences	En poste
7.	RIWOM Sara Honorine	Maître de Conférences	En poste
8.	NJIKI BIKOÏ Jacky	Maître de Conférences	En poste
9.	SADO KAMDEM Sylvain Leroy	Maître de Conférences	En poste

10.	ESSONO Damien Marie	Chargé de Cours	En poste
11.	LAMYE Glory MOH	Chargé de Cours	En poste
12.	MEYIN A EBONG Solange	Chargé de Cours	En poste
13.	MONI NDEDI Esther Del Florence	Chargé de Cours	En poste
14.	NKOUDOU ZE Nardis	Chargé de Cours	En poste
15.	TAMATCHO KWEYANG Blandine Pulchérie	Chargé de Cours	En poste
16.	TCHIKOUA Roger	Chargé de Cours	<i>Chef de Service de la Scolarité</i>
17.	TOBOLBAÏ Richard	Chargé de Cours	En poste

18.	NKOUÉ TONG Abraham	Assistant	En poste
19.	SAKE NGANE Carole Stéphanie	Assistant	En poste
20.	EZO'O MENGO Fabrice Télésfor	Assistant	En poste
21.	EHETH Jean Samuel	Assistant	En poste
22.	MAYI Marie Paule Audrey	Assistant	En poste
23.	NGOUE NAM Romial Joël	Assistant	En poste
24.	NJAPNDOUNKE Bilkissou	Assistant	En poste

9. DEPARTEMENT DE PHYSIQUE (PHY) (43)

1.	BEN- BOLIE Germain Hubert	Professeur	En poste
2.	DJUIDJE KENMOE épouse ALOYEM	Professeur	En poste
3.	EKOBENA FOU DA Henri Paul	Professeur	<i>Vice-Recteur. Uté Ngaoundéré</i>
4.	ESSIMBI ZOBO Bernard	Professeur	En poste
5.	HONA Jacques	Professeur	En poste
6.	NANA ENGO Serge Guy	Professeur	En poste
7.	NANA NBENDJO Blaise	Professeur	En poste
8.	NDJAKA Jean Marie Bienvenu	Professeur	<i>Chef de Département</i>
9.	NJANDJOCK NOUCK Philippe	Professeur	En poste
10.	NOUAYOU Robert	Professeur	En poste
11.	SAIDOU	Professeur	<i>Chef de centre/IRGM/MINRESI</i>
12.	TABOD Charles TABOD	Professeur	<i>Doyen FSUniv/Bda</i>
13.	TCHAWOUA Clément	Professeur	En poste
14.	WOAFO Paul	Professeur	En poste
15.	ZEKENG Serge Sylvain	Professeur	En poste
16.	BIYA MOTTO Frédéric	Maître de Conférences	<i>DG/HYDRO Mekin</i>
17.	BODO Bertrand	Maître de Conférences	En poste
18.	ENYEGUE A NYAM épouse BELINGA	Maître de Conférences	En poste
19.	EYEBE FOU DA Jean sire	Maître de Conférences	En poste
20.	FEWO Serge Ibraïd	Maître de Conférences	En poste
21.	MBINACK Clément	Maître de Conférences	En poste
22.	MBONO SAMBA Yves Christian U.	Maître de Conférences	En poste
23.	MELI'I Joelle Larissa	Maître de Conférences	En poste
24.	MVOGO ALAIN	Maître de Conférences	En poste
25.	NDOP Joseph	Maître de Conférences	En poste
26.	SIEWE SIEWE Martin	Maître de Conférences	En poste
27.	SIMO Elie	Maître de Conférences	En poste
28.	VONDOU Derbetini Appolinaire	Maître de Conférences	En poste

29.	WAKATA née BEYA Annie Sylvie	Maître de Conférences	<i>Directeur/ENS/UIYI</i>
30.	WOULACHE Rosalie Laure	Maître de Conférences	<i>En stage depuis février 2023</i>
31.	ABDOURAHIMI	Chargé de Cours	En poste
32.	AYISSI EYEBE Guy François Valérie	Chargé de Cours	En poste
33.	CHAMANI Roméo	Chargé de Cours	En poste
34.	DJIOTANG TCHOTCHOU Lucie Angennes	Chargée de Cours	En poste
35.	EDONGUE HERVAIS	Chargé de Cours	En poste
36.	FOUEJIO David	Chargé de Cours	<i>Chef Cell. MINADER</i>
37.	KAMENI NEMATCHOUA Modeste	Chargé de Cours	En poste
38.	LAMARA Maurice	Chargé de Cours	En poste
39.	OTTOU ABE Martin Thierry	Chargé de Cours	Directeur Unité de production des réactifs/IMPM
40.	TEYOU NGOUPO Ariel	Chargé de Cours	En poste
41.	WANDJI NYAMSI William	Chargé de Cours	En poste
42.	NGA ONGODO Dieudonné	Assistant	En poste
43.	SOUFFO TAGUEU Merimé	Assistant	En poste

10- DÉPARTEMENT DE SCIENCES DE LA TERRE (ST) (43)

1.	BITOM Dieudonné-Lucien	Professeur	<i>Doyen / FASA /UDs</i>
2.	NDAM NGOUPAYOU Jules-Remy	Professeur	En poste
3.	NDJIGUI Paul-Désiré	Professeur	<i>Chef de Département</i>
4.	NGOS III Simon	Professeur	En poste
5.	NKOUMBOU Charles	Professeur	En poste
6.	NZENTI Jean-Paul	Professeur	En poste
7.	ONANA Vincent Laurent	Professeur	<i>Chef de Département/Uté. Eb.</i>
8.	YENE ATANGANA Joseph Q.	Professeur	<i>Chef Div. /MINTP</i>

9.	ABOSSOLO née ANGUE Monique	Maître de Conférences	<i>Vice-Doyen / DRC</i>
10.	BISSO Dieudonné	Maître de Conférences	En poste
11.	EKOMANE Emile	Maître de Conférences	<i>Chef Div./Uté Ebolowa</i>
12.	Elisé SABABA	Maître de Conférences	En poste
13.	FUH Calistus Gentry	Maître de Conférences	<i>Sec. d'Etat/MINMIDT</i>
14.	GANNO Sylvestre	Maître de Conférences	En poste
15.	GHOGOMU Richard TANWI	Maître de Conférences	<i>Chef de Div. /Uté Bertoua</i>

16.	MBIDA YEM	Maitre de Conférences	En poste
17.	MOUNDI Amidou	Maître de Conférences	<i>CT/MINIMDT</i>
18.	NGO BIDJECK Louise Marie	Maître de Conférences	En poste
19.	NGUEUTCHOUA Gabriel	Maître de Conférences	<i>CEA/MINRESI</i>
20.	NJILAH Isaac KONFOR	Maître de Conférences	En poste
21.	NYECK Bruno	Maître de Conférences	En poste
22.	TCHAKOUNTE Jacqueline épouse NUMBEM	Maître de Conférences	<i>Chef. Cell /MINRESI</i>
23.	TCHOUANKOUE Jean-Pierre	Maître de Conférences	En poste
24.	TEMGA Jean Pierre	Maître de Conférences	En poste
25.	ZO'O ZAME Philémon	Maître de Conférences	<i>DG/ART</i>

26.	ANABA ONANA Achille Basile	Chargé de Cours	En poste
27.	BEKOA Etienne	Chargé de Cours	En poste
28.	ESSONO Jean	Chargé de Cours	En poste
29.	EYONG John TAKEM	Chargé de Cours	En poste
30.	MAMDEM TAMTO Lionelle Estelle, épouse BITOM	Chargée de Cours	En poste
31.	MBESSE Cécile Olive	Chargée de Cours	En poste
32.	METANG Victor	Chargé de Cours	En poste
33.	MINYEM Dieudonné	Chargé de Cours	<i>Chef Serv./Uté Maroua</i>
34.	NGO BELNOUN Rose Noël	Chargée de Cours	En poste
35.	NOMO NEGUE Emmanuel	Chargé de Cours	En poste
36.	NTSAMA ATANGANA Jacqueline	Chargée de Cours	En poste
37.	TCHAPTCHET TCHATO De P.	Chargé de Cours	En poste
38.	TEHNA Nathanaël	Chargé de Cours	En poste
39.	FEUMBA Roger	Chargé de Cours	En poste
40.	MBANGA NYOBE Jules	Chargé de Cours	En poste
41.	KOAH NA LEBOGO Serge Parfait	Assistant	En poste
42.	NGO'O ZE ARNAUD	Assistant	En poste
43.	TENE DJOUKAM Joëlle Flore, épouse KOUANKAP NONO	Assistante	En poste

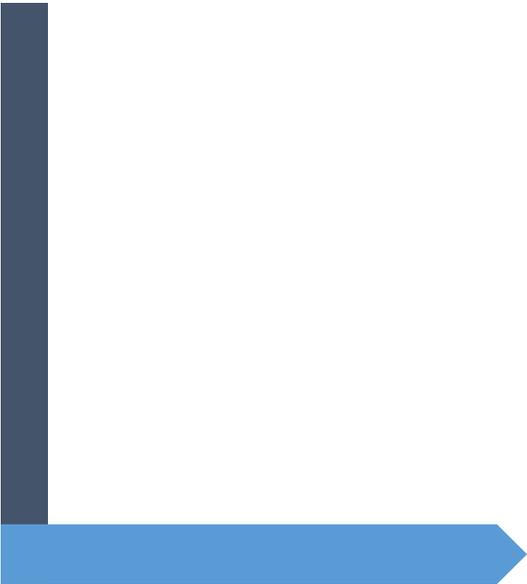
Répartition chiffrée des Enseignants de la Faculté des Sciences de l'Université de Yaoundé I

Nombre d'enseignants					
Départements	Professeurs	Maîtres de Conférences	Chargés de Cours	Assistants	Total
BCH	8 (01)	15 (11)	13 (03)	7 (05)	43 (20)
BPA	14 (01)	16 (09)	18 (04)	4 (02)	52 (16)
BPV	6 (01)	12 (02)	13 (07)	3 (00)	34 (10)
CI	7 (01)	15 (04)	5 (01)	1 (00)	28 (06)
CO	6 (01)	18 (04)	11 (04)	2 (00)	37 (09)
IN	2 (00)	2 (00)	14 (01)	4 (00)	22 (01)
MAT	1 (00)	8 (00)	17 (01)	7 (02)	33 (03)
MIB	2 (01)	7 (03)	8 (04)	7 (02)	24 (10)
PHY	15 (01)	15 (04)	11 (01)	2 (00)	43 (06)
ST	8 (00)	17 (03)	15 (04)	3 (01)	43 (08)
Total	69 (07)	125 (40)	125 (30)	40 (12)	359 (89)

Soit un total de **359 (89)** dont :

- Professeurs **69 (07)**
- Maîtres de Conférences **125 (40)**
- Chargés de Cours **125 (30)**
- Assistants **40 (12)**

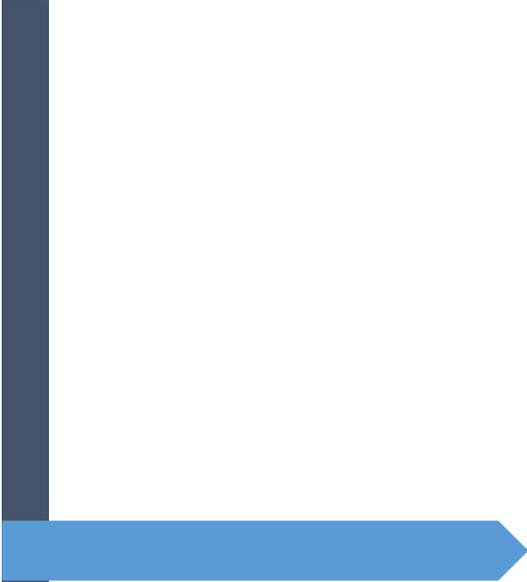
() = Nombre de Femmes **89**

A thick dark blue vertical bar runs down the left side of the page. A blue arrow points horizontally from the bar towards the right.

DÉDICACE

Je dédie ce travail à la famille nucléaire « FOUNANKAYE » qui constitue mon bouclier et qui m'a apporté sans cesse son soutien, aussi bien spirituel que matériel.

Que cette thèse soit une récompense éternelle pour cette famille généreuse.

A thick dark blue vertical bar runs down the left side of the page. A blue arrow points horizontally from the right side of this bar towards the text.

REMERCIEMENTS

À l'issue de toutes ces années de travail intense, il est naturel d'exprimer une profonde reconnaissance à toutes les personnes qui ont été impliquées de quelque manière que ce soit à la réalisation de cette thèse.

De facto, je remercie DIEU, pour la santé, la perspicacité et la protection qu'il m'a accordées dans l'accomplissement de ce travail.

Après le Tout-puissant, je tiens tout d'abord à remercier mes tuteurs académiques à savoir :

- le Pr NGUEMBOCK, Maître de Conférences à la Faculté des Sciences de l'Université de Yaoundé I, d'abord pour m'avoir accueilli au sein de l'équipe « Ornithologie et Phylogénie » en me proposant ce sujet de thèse et ensuite pour l'encadrement et son expertise ;

- le Pr TAMESSE Joseph Lebel, non seulement pour avoir entériné et accepté la codirection du sujet proposé, mais également pour son expertise ainsi que les précieux conseils reçus de lui afin de mener à bien ce travail.

Ensuite, je tiens à remercier particulièrement le Pr NJIOKOU Flobert, pour m'avoir donné la chance d'une part, pour le soutien administratif concernant la recherche de financements pour notre projet de thèse ; et d'autre part, pour m'avoir permis d'apprendre les techniques d'extraction, d'amplification et de purification de l'ADN au sein de son Laboratoire depuis le cycle Master, ainsi que pour sa disponibilité, son expertise et son accompagnement le long de ma formation.

Je remercie également le Pr MONY Ruth, Maître de Conférences à la Faculté des Sciences de l'Université de Yaoundé I, pour son apport scientifique sur les aspects écologiques et taxinomiques qui ont permis d'enrichir ce travail à chaque étape de ma progression, de même que pour sa disponibilité et son accompagnement.

Par ailleurs, je remercie le Pr BILONG BILONG Charles Félix, Chef de Département de Biologie et Physiologie Animales à la Faculté des Sciences de l'Université de Yaoundé I, pour les conseils et les enseignements reçus depuis notre accession aux cycles Master et

Doctorat. C'est également l'occasion pour moi de remercier tout le corps enseignant de ce Département qui a apporté sa contribution à travers les enseignements reçus depuis le cycle Licence. De manière spécifique, je remercie les enseignants du Laboratoire de Zoologie entre autres le Pr DJIETO-LORDON Champlain, le Pr KEKEUNOU Sévilor, le Pr MBENOUN MASSE Paul Serge (Maître de Conférences), pour leur accompagnement scientifique dans la réalisation de nos différents projets de recherche.

Je souhaite rendre un vibrant remerciement au Pr Sophie CALMÉ de l'Université de Sherbrooke au Canada, qui a incontestablement rehaussé le niveau de ce travail depuis l'élaboration du projet jusqu'à la rédaction des articles à travers ses précieuses remarques et suggestions, sans oublier son soutien pour l'obtention de financement. De même, je remercie aussi le Pr Christiane DENYS du Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris en France, non seulement pour sa contribution concernant la maturation du projet, mais également pour son soutien inconditionnel dans le cadre de la recherche de financements.

Mes remerciements vont également à l'endroit du Dr MELACHIO TANEKOU Tito Trésor, actuellement enseignant à la Faculté des Sciences de l'Université de Bamenda, pour m'avoir initié dans la pratique de l'extraction, l'amplification et la purification d'ADN. En sus, je souhaite remercier tous les aînés académiques du Laboratoire de Zoologie, particulièrement Dr MVOGO NDONGO Pierre Armand, actuellement enseignant à l'Institut des Sciences Halieutiques (ISH) de l'Université de Douala, pour avoir participé scientifiquement à l'amélioration du projet de thèse arrivé à sa phase finale aujourd'hui. Mes vifs remerciements vont également à l'encontre de tous mes camarades de la promotion « SYMBIOSE », qui ont voulu que je sois leur « Président » et surtout pour les échanges scientifiques ainsi que la bonne humeur distillée au sein du groupe. Spécialement, je remercie ma coéquipière Mlle AZANG Esther Diane Olivia qui a été toujours présente quand il s'agissait des échanges scientifiques au sein de notre unité de recherche « Ornithologie et Phylogénie » qui ont permis d'améliorer le présent travail. Je remercie également les cadets de notre unité de recherche notamment Mr KENDEG KENDEG Gilchrist Anthony, Mlle ABASSA MVONDO Agathe, Mr MVILONGO OKALI François et Mlle NGO BITJAGA Marcelle Grâce pour leurs apports multiformes et la bonne ambiance instaurée au sein de notre unité de recherche.

Mes remerciements vont aussi à l'égard des institutions ainsi que les organismes internationaux qui ont facilité la réalisation de ce projet à travers leurs multiples aides ; j'ai nommé ici la fondation Rufford Small Grant pour le financement et la fondation Idea Wild pour les équipements de terrain. J'ai également une pensée pour le Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris en France, pour le séquençage de nos échantillons sans lequel les analyses phylogénétiques effectuées dans cette thèse n'auraient été possibles.

Je ne saurais terminer cette liste de remerciements sans penser aux Chefs de différents villages notamment BABA DJAORO de Mayo Njarendi dans la zone du Mayo Banyo, pour leur franche collaboration en me proposant à chaque fois des guides qui maîtrisaient non seulement la forêt mais également les zones d'insécurité. De plus, les différents guides qui m'ont assisté lors de l'échantillonnage étaient très volontaires et manifestaient beaucoup d'intérêt, surtout pour la connaissance des oiseaux. De ce fait, je leur rends un vibrant hommage pour leur assistance, ainsi que pour leurs aides multiformes sur le terrain ; je peux citer entre autres Mr MOUCTAR, Mr HAMMADOU, Mr YOUSOUFA, etc. Sinon, je remercie également tous ceux qui, de près ou de loin ont contribué à la réalisation de cette thèse et dont les noms ont été oubliés.

Enfin, je ne pourrais oublier celle que j'appelle affectueusement « Ayïch » qui a été et qui est toujours à mes côtés pour m'insuffler l'inspiration et l'espoir à travers son sourire ; pour cela, je te dis merci ma belle.

SOMMAIRE



Ploceus ocularis Smith, 1828

LISTE PROTOCOLAIRE DES ENSEIGNANTS DE L'UNIVERSITÉ DE YAOUNDÉ I	i
DÉDICACE.....	xv
REMERCIEMENTS	xvii
SOMMAIRE	xxi
LISTE DES FIGURES	xxiv
LISTE DES TABLEAUX.....	xxviii
LISTE DES ABRÉVIATIONS ET QUELQUES DÉFINITIONS	xxxix
RÉSUMÉ.....	xxxv
ABSTRACT	xxxviii
INTRODUCTION.....	1
CHAPITRE I : REVUE DE LITTÉRATURE	6
I.1. Généralités sur les oiseaux	7
I.1.1. Caractères généraux.....	7
I.1.2. Diversité des oiseaux au niveau mondial	7
I.1.3. Diversité des oiseaux dans l'écosystème africain.....	13
I.1.4. Diversité des oiseaux dans la forêt tropicale camerounaise	17
I.1.5. Diversité avifaunistique dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua.....	21
I.1.6. Importance des oiseaux au sein de l'écosystème.....	23
I.2. Biogéographie	24
I.2.1. Biogéographie historique.....	24
I.2.2. Biogéographie écologique	26
I.3. Biologie moléculaire	27
I.3.1. Génome mitochondrial	28
I.3.2. Génome nucléaire	30
I.4. Phylogénie.....	32
I.4.1. Historique de la phylogénie	32
I.4.2. Phylogénie de la classe des Oiseaux.....	37
I.4.3. Taxinomie et phylogénie de la famille des Ploceidae	38
CHAPITRE II : CADRE GÉOGRAPHIQUE, MATÉRIEL ET MÉTHODES.....	45
II.1. Cadre géographique	46
II.1.1. Quelques aspects géologiques du Plateau de l'Adamaoua.....	47
II.1.2. Quelques aspects géographiques et relief du Plateau de l'Adamaoua	48
II.1.3. Hydrographie du Plateau de l'Adamaoua	48

II.1.4. Couvert végétal du Plateau de l'Adamaoua	49
II.1.5. Facteurs climatiques dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua.....	51
II.2. Matériel et méthodes.....	53
II.2.1. Technique d'échantillonnage	53
II.2.2. Identification, mensurations et investigation des habitats.....	55
II.2.3. Exploitation des données d'échantillonnage	57
II.2.4. Études moléculaires.....	62
II.2.5. Alignement des séquences et préparation des matrices	65
II.2.6. Analyses phylogénétiques proprement dites	65
CHAPITRE III : RÉSULTATS ET DISCUSSION	69
III.1. Résultats.....	70
III.1.1. Diversité et distribution des oiseaux dans le Plateau de l'Adamaoua.....	70
III.1.2. Analyses phylogénétiques de la famille des Ploceidae	92
III.2. Discussion.....	112
III.2.1. Diversité et distribution avifaunistiques dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua	112
III.2.2. Analyses phylogénétiques de taxons examinés	120
CONCLUSION GÉNÉRALE	121
RECOMMANDATIONS.....	121
PERSPECTIVES.....	121
RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES	121
PUBLICATION ISSUE DE LA THÈSE	121
ANNEXES	121

LISTE DES FIGURES



***Sporopipes frontalis* Daudin, 1800**

Figure 1 : répartition des oiseaux dans les différentes régions biogéographiques du globe terrestre	8
Figure 2 : images des espèces d’oiseaux endémiques du Cameroun	19
Figure 3 : ordre des gènes mitochondriaux chez <i>Buteo buteo</i>	29
Figure 4 : localisation géographique des sites investigués au niveau du Plateau de l’Adamaoua	46
Figure 5 : réseau hydrographique du Plateau de l’Adamaoua	49
Figure 6 : végétation de type savanicole sur le flanc nord du Plateau de l’Adamaoua	50
Figure 7 : végétation de type forestier dans le côté sud-ouest du Plateau de l’Adamaoua	51
Figure 8 : filet japonais à poches verticales adapté pour la capture des oiseaux	54
Figure 9 : technique de dégagement des oiseaux des filets japonais à poches verticales	55
Figure 10 : identification des oiseaux et prélèvement des tissus	56
Figure 11 : mensurations sur des taxons au travers d’un pied à coulisse	56
Figure 12 : alignement des séquences d’ADN par usage du logiciel BioEdit	65
Figure 13 : diagramme représentatif du nombre de genres et d’espèces ainsi que la courbe exprimant les abondances relatives au sein des familles inventoriées	73
Figure 14 : taxons abondamment inventoriés dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l’Adamaoua	78
Figure 15 : distribution spatiale des oiseaux inventoriés dans le Plateau de l’Adamaoua	83
Figure 16 : boîtes à moustaches montrant les modèles de distribution des oiseaux dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l’Adamaoua	85
Figure 17 : quelques exemples d’activités anthropogéniques observées au niveau du Plateau de l’Adamaoua	86
Figure 18 : prédiction de l’évolution des taxons dans l’environnement au niveau du Plateau de l’Adamaoua	87
Figure 19 : courbes de raréfaction exprimant la richesse spécifique en fonction de la taille de l’échantillon pour chaque site investigué dans le Plateau de l’Adamaoua	88
Figure 20 : morphologie du spécimen capturé et identifié dans le Plateau de l’Adamaoua au Cameroun	89
Figure 21 : critères de diagnose permettant d’identifier le spécimen de <i>L. sanguinodorsalis</i> capturé au niveau du Plateau de l’Adamaoua	90
Figure 22 : oiseaux migrateurs inter-continentaux capturés dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l’Adamaoua	91

Figure 23 : espèce migratrice intra-africaine capturée dans le Plateau de l'Adamaoua	91
Figure 24 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur ND2 sur gel d'agarose	94
Figure 25 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur ND3 sur gel d'agarose	95
Figure 26 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur ATPase6 sur gel d'agarose	96
Figure 27 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur intron2 de la myoglobine sur gel d'agarose.....	97
Figure 28 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur nucléaire GAPDH sur gel d'agarose.....	97
Figure 29 : phénogramme obtenu avec la méthode du Neighbor-Joining à partir de l'analyse du caractère moléculaire ND2 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 50 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches.....	101
Figure 30 : phénogramme obtenu avec la méthode de UPGMA à partir de l'analyse du caractère moléculaire ND2 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 50 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches.....	102
Figure 31 : phénogramme obtenu avec la méthode du Neighbor-Joining à partir de la combinaison des gènes mitochondriaux et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 50 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches.....	103
Figure 32 : phénogramme obtenu avec la méthode de UPGMA à partir de la combinaison des gènes mitochondriaux et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 50 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches.....	103
Figure 33 : phylogramme obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de l'analyse du caractère moléculaire ND2 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches.....	107
Figure 34 : phylogramme consensuel obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance en utilisant le caractère moléculaire ND3 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches.....	108

Figure 35 : phylogramme consensuel obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de l'analyse du gène mitochondrial ATPase6 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches	109
Figure 36 : phylogramme obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de la combinaison des gènes mitochondriaux et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches	110
Figure 37 : phylogramme obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de l'intron2 de la Myoglobine et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches	111
Figure 38 : phylogramme obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de Glycéraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches.....	111

LISTE DES TABLEAUX



Apalis bamendae **Bannerman, 1922**

Tableau I : diversité et classification des oiseaux dans le monde.....	9
Tableau II : diversité des oiseaux recensés au niveau du continent africain	15
Tableau III : espèces d’oiseaux endémiques du Cameroun ainsi que leurs statuts de conservation dans la liste rouge de l’IUCN.....	18
Tableau IV : espèces d’oiseaux endémiques de hautes terres de l’ouest du Cameroun avec des relations phylogénétiques non établies	20
Tableau V : espèces d’oiseaux endémiques de montagnes à large distribution rencontrées au Cameroun.....	21
Tableau VI : espèces d’oiseaux endémiques des montagnes camerounaises rencontrées dans le Plateau de l’Adamaoua.....	23
Tableau VII : nombre des genres décrits au sein de la famille des Ploceidae selon plusieurs auteurs	41
Tableau VIII : différentes amorces utilisées lors de l’amplification des marqueurs mitochondriaux et nucléaires.....	63
Tableau IX : richesse spécifique observée dans les différents sites investigués dans le Plateau de l’Adamaoua	71
Tableau X : abondances des familles d’oiseaux échantillonnés dans le Plateau de l’Adamaoua	72
Tableau XI : nombre d’espèces identifiées au sein des ordres et des familles inventoriés dans le Plateau de l’Adamaoua.....	74
Tableau XII : abondances génériques et nombre d’espèces identifiées au sein de chaque genre inventorié dans le Plateau de l’Adamaoua.....	76
Tableau XIII : abondances des espèces capturées dans les différents sites investigués dans le Plateau de l’Adamaoua.....	79
Tableau XIV : abondance et richesse spécifique obtenues dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l’Adamaoua	80
Tableau XV : abondances absolues et fréquences d’occurrence des espèces inventoriées dans le Plateau de l’Adamaoua.....	81
Tableau XVI : indices de diversité des oiseaux inventoriés ainsi que la richesse spécifique dans les différents sites investigués dans le Plateau de l’Adamaoua	82
Tableau XVII : analyse de la distribution biogéographique des taxons dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l’Adamaoua	84
Tableau XVIII : valeurs des probabilités et des écarts moyens obtenus par le test de comparaison HSD de Tukey entre les différents habitats investigués.....	84

Tableau XX : noms des taxons, localité des spécimens, identité de l'échantillon et
numéro d'accès GenBank des séquences d'ADN concernant l'analyse
combinée dans le cadre de cette étude 98

**LISTE DES ABRÉVIATIONS ET
QUELQUES DÉFINITIONS**



***Euplectes ardens* Boddaert, 1783**

Abreviations

ADN : Acide DésoxyriboNucléique

ADNmt : Acide DésoxyriboNucléique mitochondrial

ANOVA : Analysis of variance

ARNr : Acide RiboNucléique ribosomique

ARNt : Acide ribonucléique de transfert

ATPase 6 : Adénosine TriPhosphate synthétase sous-unité 6

pb : paire de bases

CIA : Chloroforme-Isoamyle Alcool

CTAB : CetylTrimethylAmmonium Bromide

EDTA : Acide Éthylène Diamine Tétra-Acétique

GAPDH : Glycéraldéhyde-3-Phosphate Déshydrogénase

IBAs : Important Bird and Biodiversity Areas

MEGA: Molecular Evolutionary Genetics Analysis

ML : Maximum Likelihood

Myo2 : Myoglobine intron II

ND2 : Nicotinamide Déshydrogénase sous-unité II

ND3 : Nicotinamide Déshydrogénase sous-unité III

PAST: PAleontological STatistics

SAS : Statistical Analysis System

Taq polymérase : ADN polymérase thermo résistante

TBE : Tris Borate EDTA

UICN : Union Internationale pour la Conservation de la Nature

UNEP-WCMC : United Nations Environment Programme and World Conservation Monitoring Centre

UMMZ : University of Michigan Museum of Zoology

ZFMK : Zoological Research Museum Alexander Koenig

MNHN : Muséum National d'Histoire Naturelle

ZMUC : Zoological Museum, University of Copenhagen

Quelques définitions

Arbre phylogénétique : c'est un graphe non cyclique constitué de plusieurs nœuds représentant les unités taxonomiques évolutives.

Autapomorphie : c'est un caractère dérivé ou apomorphique propre à un taxon.

Homoplasie : c'est l'occurrence d'un caractère dans des lignées (groupes) non apparentées.

Monophylétique : se dit d'un groupe qui comprend une espèce ancestrale et tous ses descendants.

Nœud : c'est l'estimation de l'ancêtre commun hypothétique des éléments appartenant à un branchement.

Ontogénie : c'est le développement progressif d'un organisme depuis sa conception jusqu'à sa forme mûre voire jusqu'à sa mort.

Paléontologie : c'est une discipline scientifique qui étudie le processus de fossilisation des êtres vivants disparus ou la corrélation et la datation des roches qui les contiennent.

Paraphylétique : se dit d'un groupe qui comprend une espèce ancestrale et une partie seulement de ses descendants.

Plésiomorphie : c'est l'état ancestral d'un caractère.

Polyphylétique : se dit d'un groupe qui contient un certain nombre d'espèces ou de taxons, mais ne contient pas l'ancêtre commun à tous.

Racine : c'est l'ancêtre commun de tous les éléments de l'arbre.

Site conservé : c'est un site considéré comme fiable à la suite d'un alignement des séquences.

Site informatif : c'est un site qui présente au moins deux nucléotides différents en son sein chacun étant représenté dans au moins deux des unités taxinomiques évolutives analysées.

Site singléton : c'est un site qui contient au moins deux types de nucléotides avec un qui arrive de multiples fois.

Site variable : c'est un site qui comprend au moins deux nucléotides différents correspondant à autant d'états de caractères différents.

Symplésiomorphie : c'est un caractère plésiomorphe présent chez deux ou plusieurs taxons.

Synapomorphie : c'est un caractère apomorphe partagé par deux ou plusieurs taxons.

Taxon : c'est une entité conceptuelle qui regroupe tous les organismes vivants possédant en commun certains caractères taxinomiques ou diagnostiques bien définis.

Transition en phylogénie : c'est une mutation qui correspond au remplacement d'une purine par une purine ou d'une pyrimidine par une pyrimidine.

Transversion en phylogénie : c'est une mutation ponctuelle correspondant au remplacement d'une base purine par une base pyrimidique ou inversement.

Unité taxinomique opérationnelle : c'est un regroupement d'individus d'une même espèce dont les séquences d'un marqueur présentent de similitude.

RÉSUMÉ



Agapornis sp.

Les oiseaux regroupent l'ensemble des vertébrés possédant des plumes et qui sont ovipares avec un syrinx plus ou moins développé. Biogéographiquement, c'est l'un des groupes d'animaux présents sur l'ensemble du globe terrestre. Au Cameroun, la richesse spécifique et la distribution de ce groupe dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua ont été très peu étudiées jusqu'à date ; il en est de même pour la perspective phylogénétique de certains taxons sédentaires et/ou endémiques de cette région. Ainsi, une étude ornithologique a été menée dans cette zone de transition forêt/savane sur une durée de deux ans, allant de 2018 à 2020. Des oiseaux ont été d'une part capturés par la méthode de capture aux filets japonais à poches verticales et d'autre part, observés par la méthode visuelle dans leur milieu naturel. Afin de comprendre la composition de l'avifaune ainsi que leur distribution dans cette zone de transition, des analyses statistiques ont été effectuées ; de ce fait, le logiciel SAS v9.2 et le programme Excel 2016 ont été utilisés pour estimer les abondances et les fréquences d'occurrence tandis que le logiciel PAST v3.12 a servi pour estimer les indices de diversité, la distribution ainsi que l'impact de l'anthropisation sur les espèces d'oiseaux du milieu. D'un autre côté, des analyses phylogénétiques ont également été effectuées sur la famille des Ploceidae et cinq marqueurs moléculaires (ND2, ND3, ATPase6, Myo2 et GAPDH) ont ainsi été utilisés pour inférer les relations de parenté au sein de cette famille. Afin d'effectuer les analyses phylogénétiques, les logiciels SEQUENCHER v3.1 et BioEdit v7.0.5.3 ont été utilisés concernant l'alignement des séquences tandis que le logiciel MEGA X v10.2.4 a servi pour les calculs des distances génétiques ainsi que la construction des arbres phylogénétiques. Toutefois, la conformation des arbres obtenus a été rendue possible grâce au logiciel PHOTOSHOP v11.0. Au total, 205 oiseaux ont été recensés parmi lesquels 186 capturés par nos filets et 19 observés visuellement. Les 186 spécimens ont été identifiés, répartis dans 28 familles, 46 genres et 61 espèces. Il ressort de nos analyses que, les espèces les plus abondantes étaient *Pycnonotus barbatus* (16,67 %) et *Turdus pelios* (10,21 %) ; par ailleurs, ces deux taxons étaient également les plus fréquents dans le milieu avec respectivement 66,67 % et 60 %. De plus, 10 espèces (*Lagonosticta sanguinodorsalis*, *Ploceus intermedius*, *Cyanomitra obscura*, *Ficedula hypoleuca*, *Melaenornis pallidus*, *Batis orientalis*, *Laniarius aethiopicus*, *Smithornis capensis*, *Streptopelia capicola* et *Dendropicos goertae*) ont été nouvellement recensées dans le Plateau de l'Adamaoua. Dès lors, l'avifaune est apparue diversifiée avec une distribution spatiale agrégative des taxons dans cette zone de transition forêt/savane ; et nos analyses ont également confirmé l'impact des activités anthropiques comme les feux de brousse, le surpâturage, le braconnage et la coupe abusive de bois dans cette écorégion. Par ailleurs, les analyses phylogénétiques ont montré que la famille

des Ploceidae est monophylétique avec comme taxon basal *Amblyospiza albifrons*. Au sein de cette famille le genre *Ploceus* est apparu polyphylétique tandis que *Malimbus* a été paraphylétique. En outre, plusieurs relations intergénériques entre autres la relation entre les genres *Ploceus* et *Anaplectes*, et celle entre *Ploceus* et *Malimbus* ont été élucidées. De plus, plusieurs relations interspécifiques ont été obtenues par nos analyses phylogénétiques notamment la relation entre *Ploceus cucullatus* et *Ploceus bannermani*, et celle entre *Ploceus ocularis* et *Ploceus bertrandi*.

Mots clés : avifaune, distribution, monophylétique, paraphylétique, phylogénie, polyphylétique, sédentaire

ABSTRACT



***Ploceus bannermani* Chapin, 1932**

Birds include all vertebrates with feathers and which are oviparous with more or less developed syrinx. Biogeographically, it's one of the groups of animals distributed on the entire terrestrial globe. In Cameroon, the specific richness and the distribution of this group in the forest/savannah transition zone of the Adamawa Plateau have been very little studied to date, as well as the phylogenetic perspective of some sedentary and endemic taxa of this region. Thus, an ornithological study has been led in this forest/savannah mosaic during two years, from 2018 to 2020. Both, Japanese mist nets and visual methods have been used to capture and observe the wild birds in the environment. To understanding the composition of the avifauna as well their distribution in this transition zone, some statistical analyses have been performed; indeed, the SAS v9.2 software and the Excel 2016 program have been used to estimate relative abundances and the frequencies of occurrence; whereas, the PAST v3.12 software has helped to estimate the indexes of diversity, distribution as well as the impact of anthropogenic activities on birds species. In another hand, phylogenetic analyses have also been carried out on the family of Ploceidae using five genetic markers (ND2, ND3, ATPase6, Myo2 and GAPDH) to highlight some relationships within this family. To perform these phylogenetic analyses, both SEQUENCHER v3.1 and BioEdit v7.0.5.3 softwares have been used concerning the sequence alignment; whereas the MEGA X v10.2.4 software has been used to estimate genetic distances as well the construction of the phylogenetic trees. However, the conformation of the obtained trees has been made by the PHOTOSHOP v11.0 software. As results, 205 specimens have been recorded among them 186 birds were effectively captured by our mist nets and 19 birds were visually observed. The 186 specimens have been identified and shared in 28 families, 46 genera and 61 species. Our analyses showed the abundance of two main species in the study area, *Pycnonotus barbatus* (16,67%) and *Turdus pelios* (10,21%); otherwise, these two species were also most frequently encountered in this area with 66,67% and 60% respectively. Furthermore, 10 species (*Lagonosticta sanguinodorsalis*, *Ploceus intermedius*, *Cyanomitra obscura*, *Ficedula hypoleuca*, *Melaenornis pallidus*, *Batis orientalis*, *Laniarius aethiopicus*, *Smithornis capensis*, *Streptopelia capicola* and *Dendropicos goertae*) were newly recorded in the Adamawa Plateau. Thus, the avifauna is appearing diversified with an aggregative spatial distribution of the taxa in this transition forest/savannah zone; and our analyses have also confirmed the impact of human activities such as bush fires, overgrazing, poaching and deforestation in this ecoregion. Otherwise, phylogenetic analyses have showed the monophyly of the Ploceidae and *Amblyospiza albifrons* would be the basal taxon of this family. In this family, the polyphyly of the genus *Ploceus* is highlighting as well as the paraphyly of the genus

Malimbus. In addition, several intergeneric relationships have been elucidated notably the relation between the genera *Ploceus* and *Anaplectes*, and that between *Ploceus* and *Malimbus*. Furthermore, some interspecific relationships have also been highlighted in our phylogenetic analyses such as the relation between *Ploceus cucullatus* and *Ploceus bannermani*; and that between *Ploceus ocularis* and *Ploceus bertrandi*.

Keywords: avifauna, distribution, monophyly, paraphyly, phylogeny, polyphyly, sedentary

INTRODUCTION



Terpsiphone viridis Müller, 1776

Les oiseaux constituent l'un des plus grands groupes de vertébrés actuels au sein du règne animal et sont distribués dans tous les milieux du globe terrestre, partant des zones glaciaires de l'antarctique aux forêts équatoriales jusqu'aux déserts (Newton, 2003 ; Lepage, 2020). Historiquement, les représentants modernes de la classe des Oiseaux ont fait leur apparition au Néogène, il y a 18 à 23,8 millions d'années ; ils sont subdivisés de nos jours en deux grands ensembles, le premier étant celui des passereaux ou oiseaux chanteurs et le deuxième constitue les non-passereaux qui regroupent les oiseaux de grande taille à l'exception du corbeau (Sibley et Monroe, 1990 ; James, 2005). Statistiquement, on décompte environ 10 928 espèces d'oiseaux dans le monde et les passereaux à eux seuls représentent environ 6 500 espèces connues, soit 60 % de la faune aviaire globale (Gill et Donsker, 2020). De ces 10 928 espèces d'oiseaux recensées dans le monde, environ 2 391 d'entre eux seraient présents ou de passage en Afrique selon plusieurs auteurs (Lepage, 2020 ; Gill et Donsker, 2020). Ainsi, au niveau de la réserve forestière du Bassin du Congo, le Cameroun se distingue par une faune aviaire remarquable caractéristique de la variabilité des habitats entre autres les forêts, les savanes, les zones montagneuses, les mangroves, les rivières, les lacs, etc. En effet, l'écosystème camerounais serait riche de 966 espèces d'oiseaux dont 11 endémiques et 35 globalement menacées (Lepage, 2020). Ainsi, certains travaux ont mis en évidence au sein de l'avifaune camerounaise plusieurs catégories, entre autres, les généralistes et les spécialistes du point de vue alimentaire, les migrateurs et les sédentaires dans la dimension éthologique (Good, 1952, 1953 ; Louette, 1981 ; Nguembock *et al.*, 2017 ; Nguembock, 2020). Ces catégories d'oiseaux sont distribuées partout au Cameroun y compris dans les zones de transition forêt/savane comme le Plateau de l'Adamaoua.

Les inventaires de l'avifaune dans le Plateau de l'Adamaoua ont rapporté environ 179 espèces (Fotso *et al.*, 2001) ; par ailleurs, on compterait dans cette région de l'Adamaoua 661 espèces parmi lesquelles 12 sont menacées de disparition au regard de l'accroissement sans cesse des activités anthropiques dans cette zone (Lepage, 2020). Selon Furness *et al.* (1993), les oiseaux constituent l'un des groupes d'animaux qui manifestent une sensibilité accrue à la dégradation et la destruction de l'environnement. Ainsi, malgré la présence de certains taxons dans les zones urbaines, plusieurs populations d'oiseaux ont drastiquement diminué suite au changement de paysages au sein de leur milieu naturel dû aux activités humaines (Austin et Smith, 1972 ; Strohbach *et al.*, 2009). D'une manière générale, les menaces liées à l'anthropisation rapide suscitent des inquiétudes quant à l'avenir de la diversité biologique dans l'environnement selon plusieurs auteurs (Evans *et al.*, 2011 ; Gatesire *et al.*, 2014). D'un

autre côté, les travaux sur la conservation des oiseaux menés sur la Ligne Volcanique du Cameroun dont le Plateau de l'Adamaoua, mentionnaient déjà une importante faune aviaire avec plusieurs taxons endémiques dans cette chaîne de montagnes (Smith et McNiven, 1993 ; Djomo *et al.*, 2014). Selon certains auteurs (Collar et Stuart, 1988 ; Smith et McNiven, 1993), plusieurs montagnes au Cameroun sont connues comme des zones d'endémisme pour certaines espèces d'oiseaux, mais ce sont également des lieux par excellence pour les activités agricoles, les pâturages, les chasses et surtout les braconnages.

Cependant, soumis à de fortes pressions anthropogéniques, les oiseaux du Cameroun en général et ceux du Plateau de l'Adamaoua en particulier sont très peu étudiés et par conséquent, les données écologiques et phylogénétiques sur ce groupe de vertébrés sont assez rares et souvent très anciennes. D'un autre côté, la systématique de la classe des Oiseaux jusqu'alors, était uniquement basée sur des études morpho-anatomique et éthologique ; et de ce fait, aucune hypothèse véritable sur la phylogénie de ce groupe n'existait jusqu'aux travaux de Sibley et Ahlquist (1990) basés sur l'hybridation ADN-ADN (Barker *et al.*, 2002 ; Nguembock, 2008). En effet, ce travail s'inscrit donc, dans une dynamique visant à améliorer les connaissances existantes sur ce grand groupe de vertébrés au Cameroun mais plus précisément au niveau du Plateau de l'Adamaoua. Toutefois, des récents travaux de recherche comme ceux de Fotso *et al.* (2001), Nguembock (2008) et Nguembock *et al.* (2009, 2012, 2015, 2017, 2019a, 2019b, 2020) ont mis en évidence plusieurs nouveaux taxons dans les écosystèmes camerounais. Ainsi, ces observations ont suscité la question principale à savoir, si la faune aviaire du Plateau de l'Adamaoua, soumise à la pression anthropique, présente-t-elle de nouveaux taxons qui pourraient éventuellement avoir des relations phylogénétiques non établies ? Cette question principale a généré des questionnements spécifiques suivants :

- les écosystèmes de la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua regorgent-ils une avifaune diversifiée et normalement distribuée ?

- l'action de l'Homme impacte-t-elle la distribution des oiseaux dans le Plateau de l'Adamaoua ?

- les facteurs écologiques ne provoquent-ils pas des mutations génétiques à l'origine de nouveaux taxons ayant de relations phylogénétiques non établies dans cette zone de transition forêt/savane ?

En effet, ces questionnements ont permis d'émettre un certain nombre d'hypothèses dont la principale se définit comme suit : le Plateau de l'Adamaoua est un réservoir aviaire peu exploré soumis aux pressions anthropiques et ayant des taxons sans relations phylogénétiques. De cette hypothèse principale, plusieurs hypothèses plus spécifiques ont été élaborées pour mener à bien ce travail :

(1) la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua constitue une écorégion importante abritant une faune aviaire diversifiée et normalement distribuée ;

(2) la pression des activités anthropiques dans cette zone du Plateau de l'Adamaoua impacte la biodiversité et favorise la diminution des oiseaux sédentaires ainsi que la disparition des espèces endémiques ;

(3) les facteurs écologiques au niveau du Plateau de l'Adamaoua engendrent de nouveaux taxons sédentaires et/ou endémiques sans relations phylogénétiques clairement établies.

Dans le cadre de cette thèse, du fait que très peu de données apparaissent sur l'avifaune du Plateau de l'Adamaoua au Cameroun, sinon souvent très anciennes, et la perspective phylogénétique des taxons qui n'a été qu'accidentellement explorée, nous tenterons de répondre à ces questionnements scientifiques. En effet, l'objectif général de ce travail est de connaître davantage la faune aviaire du Plateau de l'Adamaoua, l'impact de l'anthropisation dans cette zone et la phylogénie de quelques taxons de cette avifaune. Plus spécifiquement, il sera question de :

- déterminer la diversité et la distribution des oiseaux présents dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua ;

- recenser les différentes menaces anthropiques que peuvent connaître les oiseaux dans le Plateau de l'Adamaoua afin de suggérer quelques mesures de conservation ;

- définir les relations phylogénétiques de certains taxons sans liens de parenté établis, inventoriés dans le Plateau de l'Adamaoua par le truchement des analyses moléculaires.

Le présent document est structuré en trois grands chapitres, hormis l'introduction, la conclusion, les recommandations et les perspectives de recherche. Ainsi, le premier chapitre

rassemble les informations nécessaires pour situer la problématique du sujet à traiter ; tandis que le deuxième chapitre présente le site d'étude, les techniques d'échantillonnage et les méthodes d'analyse utilisées. Enfin le dernier chapitre est réservé à la présentation des résultats obtenus ainsi que leur discussion.

**CHAPITRE I : REVUE DE
LITTÉRATURE**



***Batis orientalis* Heuglin, 1870**

I.1. Généralités sur les oiseaux

I.1.1. Caractères généraux

Faisant partie des grands groupes de vertébrés, les oiseaux sont des animaux tétrapodes, ovipares, homéothermes, présentant une température interne élevée et constante, quel que soit la température ambiante. Ils constituent un groupe dont le corps est couvert de plumes et possède une tête portant un bec dépourvu de dents. Les membres postérieurs de ces animaux sont recouverts d'écailles et ceux antérieurs transformés en ailes (Grassé, 1977). Fondamentalement, la plupart des oiseaux actuels ont développé une adaptation au vol, mais il existe parmi eux des groupes dits marcheurs à l'instar des Atruches. Néanmoins, il faut également souligner que les oiseaux fossiles tels que les Odontornithes, apparus au Crétacé, possédaient des mâchoires allongées qui donnèrent naissance aux becs des oiseaux actuels avec des rangées rectilignes de dents coniques et aigues, mais on notait tout de même chez ces taxons l'absence de pygostyle (Grassé, 1977).

Du point de vue morpho-anatomique, les oiseaux présentent un neurocrâne globuleux qui, lors du développement montre des sutures qui disparaissent juste après la fin de leur croissance. Ces animaux possèdent également un seul arc temporal, le jugal et un seul condyle, l'occipital (Grassé, 1977). Le dimorphisme sexuel est marqué tant bien sur le plan morphologique qu'anatomique avec un organe copulateur bien développé chez certains groupes notamment les Ratites et les grands Palmipèdes (Grassé, 1977). Il faut aussi noter qu'en général les oiseaux sont d'excellents bâtisseurs de nids qui constituent d'une part un lieu d'habitation, et d'autre part, un site d'incubation de couvées pendant la période de reproduction. Par ailleurs, les oiseaux constituent une des lignées les plus diversifiées au sein des vertébrés tétrapodes existants ; et en général, ce sont des êtres vivants qui possèdent de glandes tégumentaires notamment la glande uropygienne au niveau du croupion (Grassé, 1977).

I.1.2. Diversité des oiseaux au niveau mondial

Les oiseaux constituent sans doute l'un des groupes de vertébrés les plus diversifiés au sein de la biodiversité mondiale. Cosmopolites, on les rencontre dans toutes les régions du monde, des pôles et à la limite des neiges de l'Antarctique jusqu'aux déserts ; mais en général, ce sont les forêts tropicales humides qui en hébergent le plus grand nombre (Newton,

2003). Cette distribution des oiseaux dans les différentes zones biogéographiques a été rendue possible grâce à leur capacité d'adaptations morphologique, physiologique et comportementale variées, en particulier le phénomène migratoire (Moreau, 1972) (**Figure 1**).

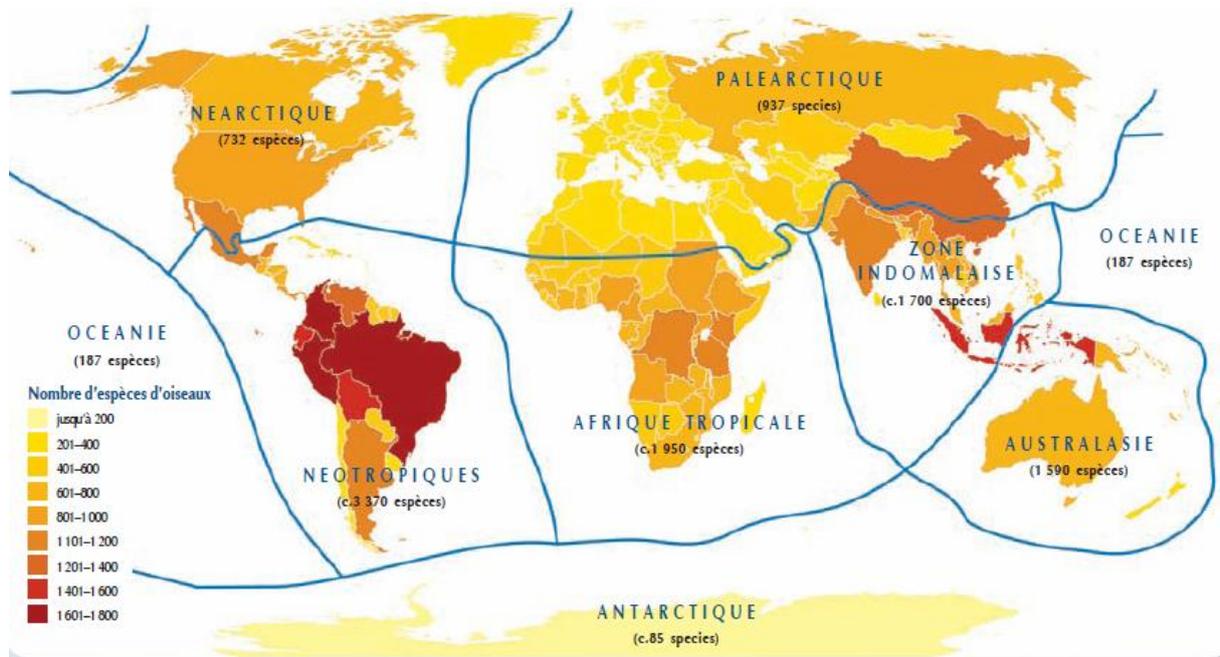


Figure 1 : répartition des oiseaux dans les différentes régions biogéographiques du globe terrestre (Newton, 2003)

Selon Gill et Donsker (2020), on dénombre environ 10 928 espèces existantes, réparties en 2 322 genres, 251 familles et 40 ordres (**Tableau I**). En revanche, les oiseaux modernes sont subdivisés en deux grandes branches à savoir les Paléognathes et les Néognathes (Sibley et Monroe, 1990 ; Cracraft *et al.*, 2004 ; Hackett *et al.*, 2008 ; Mayr, 2011 ; Baker *et al.*, 2014). Les Paléognathes comprennent cinq lignées d'oiseaux vivants parmi lesquels les Ratites qui ont perdu leur capacité au vol et les Tinamous qui seraient des oiseaux volants (Baker *et al.*, 2014 ; Mitchell *et al.*, 2014). Par contre les Néognathes, quant à eux, constituent le groupe d'oiseaux actuels qui s'oppose aux Paléognathes par leurs caractères ; et tous ces oiseaux actuels, à l'exception des Spheniscidae, ont gardé plus ou moins leur aptitude au vol. Cette seconde branche se subdivise à son tour en deux sous branches au rang taxinomique inférieur. D'une part, on note la sous branche des Galloanserae (Galliformes et Anseriformes) qui serait un groupe-frère à tous les oiseaux non-paléognathes existants ; et d'autre part, celle des Neoaves qui regrouperait tous les oiseaux modernes à l'exception des Paléognathes et des Galloanserae (Sibley *et al.*, 1988). Selon la classification

de Sibley *et al.* (1988), cette sous branche des Neoaves représenterait 9 000 espèces, soit 84 % de l'ensemble des espèces d'oiseaux existants au sein de la classe des Oiseaux.

Tableau I : diversité et classification des oiseaux dans le monde selon Clements *et al.* (2018) et Gill et Donsker (2020)

Ordres	Familles selon Clements <i>et al.</i> (2018)	Familles selon Gill et Donsker (2020)
Accipitriformes	Sagittariidae Pandionidae Accipitridae	Sagittariidae Pandionidae Accipitridae
Anseriformes	Anhimidae Anseranatidae Anatidae	Anhimidae Anseranatidae Anatidae
Apodiformes	/	Aegothelidae Apodidae Hemiprocnidae Trochilidae
Apterygiformes	Apterygidae	Apterygidae
Bucerotiformes	Upupidae Phoeniculidae Bucorvidae Bucerotidae	Upupidae Phoeniculidae Bucorvidae Bucerotidae
Caprimulgiformes	Podargidae Caprimulgidae Nyctibiidae Steatornithidae Aegothelidae Apodidae Hemiprocnidae Trochilidae	Podargidae Caprimulgidae Nyctibiidae Steatornithidae
Cariamiformes	Cariamidae	Cariamidae
Casuariiformes	/	Casuariidae
Cathartiformes	Cathartidae	/
Charadriiformes	Chionidae Pluvianellidae Burhinidae Pluvianidae Recurvirostridae Ibidorhynchidae Haematopodidae Charadriidae Pedionomidae Thinocoridae Rostratulidae Jacanidae Scolopacidae Turnicidae Dromadidae Glareolidae Stercorariidae Alcidae Laridae	Chionidae Pluvianellidae Burhinidae Pluvianidae Recurvirostridae Ibidorhynchidae Haematopodidae Charadriidae Pedionomidae Thinocoridae Rostratulidae Jacanidae Scolopacidae Turnicidae Dromadidae Glareolidae Stercorariidae Alcidae Laridae

Ciconiiformes	Ciconiidae	Ciconiidae
Coliiformes	Coliidae	Coliidae
Columbiformes	Columbidae	Columbidae
Coraciiformes	Todidae	Todidae
	Momotidae	Momotidae
	Alcedinidae	Alcedinidae
	Meropidae	Meropidae
	Coraciidae	Coraciidae
	Brachypteraciidae	Brachypteraciidae
Cuculiformes	Cuculidae	Cuculidae
Eurypygiformes	Rhynochetidae	Rhynochetidae
	Eurypygidae	Eurypygidae
Falconiformes	Falconidae	Falconidae
Galbuliformes	Bucconidae	/
	Galbulidae	
Galliformes	Megapodiidae	Megapodiidae
	Cracidae	Cracidae
	Numididae	Numididae
	Odontophoridae	Odontophoridae
	Phasianidae	Phasianidae
Gaviiformes	Gaviidae	Gaviidae
Gruiformes	Sarothruridae	Sarothruridae
	Rallidae	Rallidae
	Heliornithidae	Heliornithidae
	Aramidae	Aramidae
	Psophiidae	Psophiidae
	Gruidae	Gruidae
Leptosomiformes	Leptosomidae	Leptosomidae
Mesitornithiformes	Mesitornithidae	Mesitornithidae
Musophagiformes	Musophagidae	Musophagidae
Opisthocomiformes	Opisthocomidae	Opisthocomidae
Otidiformes	Otididae	Otididae
Passeriformes	Acanthisittidae	Acanthisittidae
	Acanthizidae	Acanthizidae
	Acrocephalidae	Acrocephalidae
	Aegithalidae	Aegithalidae
	Aegithinidae	Aegithinidae
	Alaudidae	Alaudidae
	Artamidae	Artamidae
	Atrichornithidae	Atrichornithidae
	Bernieridae	Bernieridae
	Bombycillidae	Bombycillidae
	Buphagidae	Buphagidae
	Calcariidae	Calcariidae
	Callaeidae	Callaeidae
	Calyptomenidae	Calyptomenidae
	Calyptophilidae	Calyptophilidae
	Campephagidae	Campephagidae
	Cardinalidae	Cardinalidae
	Certhiidae	Cathartidae
	Chaetopidae	Certhiidae
	Chloropseidae	Cettiidae
	Cinclidae	Chaetopidae
	Cinclosomatidae	Chloropseidae
	Cisticolidae	Cinclidae

Climacteridae	Cinclosomatidae
Cnemophilidae	Cisticolidae
Conopophagidae	Climacteridae
Corcoracidae	Cnemophilidae
Corvidae	Conopophagidae
Cotingidae	Corcoracidae
Cracticidae	Corvidae
Dasyornithidae	Cotingidae
Dicaeidae	Dasyornithidae
Dicruridae	Dicaeidae
Donacobiidae	Dicruridae
Dulidae	Donacobiidae
Elachuridae	Dulidae
Emberizidae	Elachuridae
Estrildidae	Emberizidae
Eulacestomatidae	Erythrocercidae
Eupetidae	Estrildidae
Eurylaimidae	Eulacestomatidae
Falcunculidae	Eupetidae
Formicariidae	Eurylaimidae
Fringillidae	Falcunculidae
Furnariidae	Formicariidae
Grallariidae	Fringillidae
Hirundinidae	Furnariidae
Hylotidae	Grallariidae
Hylocitreidae	Hirundinidae
Hypocoliidae	Hylidae
Icteridae	Hylotidae
Icteriidae	Hylocitreidae
Ifritidae	Hypocoliidae
Irenidae	Icteridae
Laniidae	Icteriidae
Leiothrichidae	Ifritidae
Locustellidae	Irenidae
Machaerirhynchidae	Laniidae
Macrosphenidae	Leiothrichidae
Malaconotidae	Locustellidae
Maluridae	Machaerirhynchidae
Melampittidae	Macrosphenidae
Melanocharitidae	Malaconotidae
Melanopareiidae	Maluridae
Meliphagidae	Melampittidae
Menuridae	Melanocharitidae
Mimidae	Melanopareiidae
Mitrospingidae	Meliphagidae
Modulatricidae	Menuridae
Mohoidae	Mimidae
Mohouidae	Mitrospingidae
Monarchidae	Modulatricidae
Motacillidae	Mohoidae
Muscicapidae	Mohouidae
Nectariniidae	Monarchidae
Neosittidae	Motacillidae
Nesospingidae	Muscicapidae
Nicatoridae	Nectariniidae

Notiomystidae	Neosittidae
Oreoicidae	Nesospingidae
Oriolidae	Nicatoridae
Orthonychidae	Notiomystidae
Oxyruncidae	Oreoicidae
Pachycephalidae	Oriolidae
Panuridae	Orthonychidae
Paradisaeidae	Oxyruncidae
Paradoxornithidae	Pachycephalidae
Paramythiidae	Panuridae
Pardalotidae	Paradisaeidae
Paridae	Paramythiidae
Parulidae	Pardalotidae
Passerellidae	Paridae
Passeridae	Parulidae
Pellorneidae	Passerellidae
Petroicidae	Passeridae
Peucedramidae	Pellorneidae
Phaenicophilidae	Petroicidae
Philepittidae	Peucedramidae
Phylloscopidae	Phaenicophilidae
Picathartidae	Philepittidae
Pipridae	Phylloscopidae
Pittidae	Picathartidae
Pityriasisidae	Pipridae
Platylophidae	Pittidae
Platysteiridae	Pityriasisidae
Ploceidae	Platysteiridae
Pnoepygidae	Ploceidae
Poliophtilidae	Pnoepygidae
Pomatostomidae	Poliophtilidae
Promeropidae	Pomatostomidae
Prunellidae	Promeropidae
Psophodidae	Prunellidae
Ptiliogonatidae	Psophodidae
Ptilonorhynchidae	Ptiliogonatidae
Pycnonotidae	Ptilonorhynchidae
Regulidae	Pycnonotidae
Remizidae	Regulidae
Rhagologidae	Remizidae
Rhinocryptidae	Rhagologidae
Rhipiduridae	Rhinocryptidae
Rhodinocichlidae	Rhipiduridae
Sapayoidae	Rhodinocichlidae
Scotocercidae	Sapayoidae
Sittidae	Scotocercidae
Spindalidae	Sittidae
Stenostiridae	Spindalidae
Sturnidae	Stenostiridae
Sylviidae	Sturnidae
Teretistridae	Sylviidae
Thamnophilidae	Teretistridae
Thraupidae	Thamnophilidae
Tichodromidae	Thraupidae
Timaliidae	Tichodromidae

	Tityridae	Timaliidae
	Troglodytidae	Tityridae
	Turdidae	Troglodytidae
	Tyrannidae	Turdidae
	Urocynchramidae	Tyrannidae
	Vangidae	Urocynchramidae
	Viduidae	Vangidae
	Vireonidae	Viduidae
	Zeledoniidae	Vireonidae
	Zosteropidae	Zeledoniidae
		Zosteropidae
Pelecaniformes	Pelecanidae	Pelecanidae
	Balaenicipitidae	Balaenicipitidae
	Scopidae	Scopidae
	Ardeidae	Ardeidae
	Threskiornithidae	Threskiornithidae
Phaethontiformes	Phaethontidae	Phaethontidae
Phoenicopteriformes	Phoenicopteridae	Phoenicopteridae
Piciformes	Lybiidae	Bucconidae
	Megalaimidae	Galbulidae
	Capitonidae	Lybiidae
	Semnornithidae	Megalaimidae
	Ramphastidae	Capitonidae
	Indicatoridae	Semnornithidae
	Picidae	Ramphastidae
		Indicatoridae
		Picidae
Podicipediformes	Podicipedidae	Podicipedidae
Procellariiformes	Diomedidae	Diomedidae
	Oceanitidae	Oceanitidae
	Hydrobatidae	Hydrobatidae
	Procellariidae	Procellariidae
Psittaciformes	Strigopidae	Strigopidae
	Cacatuidae	Cacatuidae
	Psittaculidae	Psittaculidae
	Psittacidae	Psittacidae
Pterocliiformes	Pteroclididae	Pteroclididae
Rheiformes	Rheidae	Rheidae
Sphenisciformes	Spheniscidae	Spheniscidae
Strigiformes	Tytonidae	Tytonidae
	Strigidae	Strigidae
Struthioniformes	Struthionidae	Struthionidae
Suliformes	Fregatidae	Fregatidae
	Sulidae	Sulidae
	Anhingidae	Anhingidae
	Phalacrocoracidae	Phalacrocoracidae
Tinamiformes	Tinamidae	Tinamidae
Trogoniformes	Trogonidae	Trogonidae

I.1.3. Diversité des oiseaux dans l'écosystème africain

En raison de sa position géographique partagée entre la région paléarctique et celle afrotropicale, l'Afrique est l'un des continents qui présente des zones écologiques très variées

(zones de montagnes, basses terres, îles, zones marines, etc.), et de ce fait, elle est considérée comme un bassin important en matière de biodiversité. Selon UNEP-WCMC (2016), le continent africain abriterait le quart de la biodiversité globale et du point de vue avifaunistique, on décompte environ 2 477 espèces d'oiseaux avec 1 400 espèces endémiques, soit 57 % de toutes les espèces rencontrées. En effet, un réseau de zones importantes pour les oiseaux et la biodiversité (IBAs) a été identifié en Afrique, couvrant une superficie de deux millions de kilomètres carrés, soit environ 7 % du continent (EWNHS, 1996 ; Zicoma, 1999 ; Byaruhanga *et al.*, 2001; Dodman *et al.*, 2004 ; UNEP-WCMC, 2016). Ainsi dans les zones continentales africaines, l'avifaune serait riche de 2 391 espèces appartenant à 132 familles et 30 ordres entre autres les Struthioniformes, Anseriformes, Galliformes, Phoenicopteriformes, Podicipediformes, Columbiformes, Pteroclitiformes, Otiformes, Musophagiformes, Cuculiformes, Caprimulgiformes, Gruiformes, Charadriiformes, Phaethontiformes, Gaviiformes, Sphenisciformes, Procellariiformes, Ciconiiformes, Suliformes, Pelicaniformes, Accipitriformes, Strigiformes, Coliiformes, Trogoniformes, Bucérotiformes, Coraciiformes, Piciformes, Falconiformes, Psittaciformes et Passeriformes (Lepage, 2020). Au niveau des îles, on compte environ 961 espèces d'oiseaux réparties dans 103 familles et 29 ordres (Lepage, 2020) (**Tableau II**). Il faut noter qu'à l'exception de trois ordres (Otiformes, Coliiformes et Gaviiformes) présents au niveau des zones continentales, tous les autres ordres sont recensés dans les îles tout en ajoutant deux autres nouveaux taxons (Mesitornithiformes et Leptosomiformes) non inventoriés dans les surfaces continentales. Par ailleurs, on a également dénombré au niveau du Golfe de Guinée environ 344 espèces identifiées dans 81 familles et 24 ordres (Lepage, 2020). Néanmoins, il est à noter que toutes ces statistiques avancées au niveau du nombre d'espèces selon les auteurs (UNEP-WCMC, 2016 ; Lepage, 2020) intègrent de manière globale 137 familles, soit 54,8 % de l'avifaune mondiale, et 32 ordres, soit 78,05 % des ordres identifiés dans le monde (**Tableau II**).

Tableau II : diversité des oiseaux recensés au niveau du continent africain selon Clements *et al.* (2018), Gill et Donsker (2020) et Lepage (2020)

Ordres	Familles dans les zones continentales	Familles dans les îles	Familles au niveau du Golfe de Guinée
Struthioniformes	Struthionidae	Struthionidae	/
Anseriformes	Anatidae	Anatidae	Anatidae
Galliformes	Numididae	Numididae	Numididae
	Odontophoridae	Phasianidae	Phasianidae
	Phasianidae		
Phoenicopteriformes	Phoenicopteridae	Phoenicopteridae	Phoenicopteridae
Podicipediformes	Podicipedidae	Podicipedidae	Podicipedidae
Columbiformes	Columbidae	Columbidae	Columbidae
Pteroclitiformes	Pteroclididae	Pteroclididae	/
Otiformes	Otididae	/	/
Musophagiformes	Musophagidae	Musophagidae	Musophagidae
Cuculiformes	Cuculidae	Cuculidae	Cuculidae
Caprimulgiformes	Caprimulgidae	Caprimulgidae	Caprimulgidae
	Apodidae	Apodidae	Apodidae
Gruiformes	Sarothruridae	Sarothruridae	Sarothruridae
	Rallidae	Rallidae	Rallidae
	Heliornithidae	Heliornithidae	Heliornithidae
	Gruidae		
Charadriiformes	Chionidae	Chionidae	Burhinidae
	Burhinidae	Burhinidae	Charadriidae
	Pluvianidae	Recurvirostridae	Rostratulidae
	Recurvirostridae	Haematopodidae	Jacaniidae
	Ibidorhynchidae	Charadriidae	Scolopacidae
	Haematopodidae	Rostratulidae	Turnicidae
	Charadriidae	Jacaniidae	Glareolidae
	Rostratulidae	Scolopacidae	Stercorariidae
	Jacaniidae	Turnicidae	Laridae
	Scolopacidae	Dromadidae	
	Turnicidae	Glareolidae	
	Dromadidae	Stercorariidae	
	Glareolidae	Alcidae	
	Stercorariidae	Laridae	
	Alcidae		
	Laridae		
Phaethontiformes	Phaethontidae	Phaethontidae	Phaethontidae
Gaviiformes	Gaviidae	/	/
Sphenisciformes	Spheniscidae	Spheniscidae	/
Procellariiformes	Diomedidae	Diomedidae	Oceanitidae
	Oceanitidae	Oceanitidae	Hydrobatidae
	Hydrobatidae	Hydrobatidae	Procellariidae
	Procellariidae	Procellariidae	
Ciconiiformes	Ciconiidae	Ciconiidae	Ciconiidae
Suliformes	Fregatidae	Fregatidae	Fregatidae
	Sulidae	Sulidae	Sulidae
	Anhingidae	Anhingidae	Anhingidae
	Phalacrocoracidae	Phalacrocoracidae	Phalacrocoracidae
Pelicaniformes	Pelecanidae	Pelecanidae	Ardeidae
	Balaenicipitidae	Scopidae	Threskiornithidae
	Scopidae	Ardeidae	

	Ardeidae	Threskiornithidae	
	Threskiornithidae		
Accipitriformes	Sagittariidae	Pandionidae	Pandionidae
	Pandionidae	Accipitridae	Accipitridae
	Accipitridae		
Strigiformes	Tytonidae	Tytonidae	Tytonidae
	Strigidae	Strigidae	Strigidae
Coliiformes	Coliidae	/	/
Trogoniformes	Trogonidae	Trogonidae	Trogonidae
Bucerotiformes	Upupidae	Upupidae	Bucerotidae
	Phoeniculidae	Bucerotidae	
	Bucorvidae		
	Bucerotidae		
Coraciiformes	Alcedinidae	Alcedinidae	Alcedinidae
	Meropidae	Meropidae	Meropidae
	Coraciidae	Coraciidae	Coraciidae
		Brachypteraciidae	
Piciformes	Lybiidae	Lybiidae	Lybiidae
	Indicatoridae	Indicatoridae	Indicatoridae
	Picidae	Picidae	Picidae
Falconiformes	Falconidae	Falconidae	Falconidae
Psittaciformes	Psittaculidae	Cacatuidae	Psittaculidae
	Psittacidae	Psittaculidae	Psittacidae
		Psittacidae	
Passeriformes	Calyptomenidae	Calyptomenidae	Calyptomenidae
	Eurylaimidae	Philepittidae	Campephagidae
	Pittidae	Campephagidae	Oriolidae
	Campephagidae	Oriolidae	Platysteiridae
	Vireonidae	Platysteiridae	Vangidae
	Oriolidae	Vangidae	Malaconotidae
	Platysteiridae	Malaconotidae	Dicruridae
	Vangidae	Dicruridae	Monarchidae
	Malaconotidae	Monarchidae	Laniidae
	Dicruridae	Laniidae	Corvidae
	Monarchidae	Corvidae	Picathartidae
	Laniidae	Picathartidae	Stenostiridae
	Corvidae	Stenostiridae	Macrosphenidae
	Picathartidae	Alaudidae	Cisticolidae
	Chaetopidae	Macrosphenidae	Acrocephalidae
	Hylotidae	Cisticolidae	Locustellidae
	Stenostiridae,	Acrocephalidae	Hirundinidae
	Paridae	Locustellidae	Pycnonotidae
	Remizidae	Bernieridae	Phylloscopidae
	Alaudidae	Hirundinidae	Sylviidae
	Panuridae	Pycnonotidae	Zosteropidae
	Nicatoridae	Phylloscopidae	Pellorneidae
	Macrosphenidae	Sylviidae	Sturnidae
	Cisticolidae	Zosteropidae	Turdidae
	Acrocephalidae	Pellorneidae	Muscicapidae
	Locustellidae	Leiostichidae	Modulatricidae
	Bernieridae	Sturnidae	Nectariniidae
	Hirundinidae	Turdidae	Ploceidae,
	Pycnonotidae	Muscicapidae	Estrildidae
	Phylloscopidae	Modulatricidae	Viduidae
	Scotocercidae	Nectariniidae	Passeridae

	Aegithalidae	Ploceidae,	Motacillidae
	Sylviidae	Estrildidae	Fringillidae
	Zosteropidae	Viduidae	
	Pellorneidae	Passeridae	
	Leiothrichidae	Motacillidae	
	Regulidae	Fringillidae	
	Tichodromidae	Emberizidae	
	Sittidae		
	Certhiidae		
	Troglodytidae		
	Cinclidae		
	Buphagidae		
	Sturnidae		
	Turdidae		
	Muscicapidae		
	Bombycillidae		
	Hypocoliidae		
	Promeropidae		
	Modulatricidae		
	Nectariniidae		
	Ploceidae		
	Estrildidae		
	Viduidae		
	Prunellidae		
	Passeridae		
	Motacillidae		
	Fringillidae		
	Calcariidae		
	Emberizidae		
	Parulidae		
Mesitornithiformes	/	Mesitornithidae	/
Leptosomiformes	/	Leptosomidae	/

I.1.4. Diversité des oiseaux dans la forêt tropicale camerounaise

Six pays notamment le Cameroun, le Congo Brazzaville, Congo Kinshasa, la Guinée Equatoriale, le Gabon et la République Centrafricaine constituent le Bassin du Congo, représentant ainsi la deuxième réserve mondiale après celle de l'Amazonie en matière de biodiversité (Nguembock *et al.*, 2019a ; Nguembock *et al.*, 2019b). Au Cameroun, les oiseaux constituent un maillon important au sein de la diversité biologique et on décompterait 966 espèces appartenant à 104 familles et 28 ordres (Lepage, 2020). Sur ces 28 ordres d'oiseaux identifiés, un seul (Struthioniformes) serait rangé dans le supra-groupe des Paléognathes et les autres sont regroupés au sein des Néognathes. Ces derniers seraient subdivisés en deux infra groupes notamment les Galloanserae (Galliformes et Anseriformes) d'une part, et les Neoaves (Phoenicopteriformes, Procellariiformes, Trogoniformes, Cuculiformes, Pelicaniformes, Podicipediformes, Piciformes, Gruiformes, Coraciiformes, Caprimulgiformes, Coliiformes, Strigiformes, Charadriiformes, Ciconiiformes, Falconiformes, Phaethontiformes, Suliformes,

Accipitriformes, Otidiformes, Pteroclitiformes, Columbiformes, Bucerotiformes, Psittaciformes, Musophagiformes et Passeriformes) d'autre part (Sibley et Monroe, 1990 ; Sibley *et al.*, 1988 ; Cracraft *et al.*, 2004 ; Hackett *et al.*, 2008 ; Nguembock, 2008 ; Mayr, 2011 ; Baker *et al.*, 2014 ; Gill et Donsker, 2020 ; Lepage, 2020).

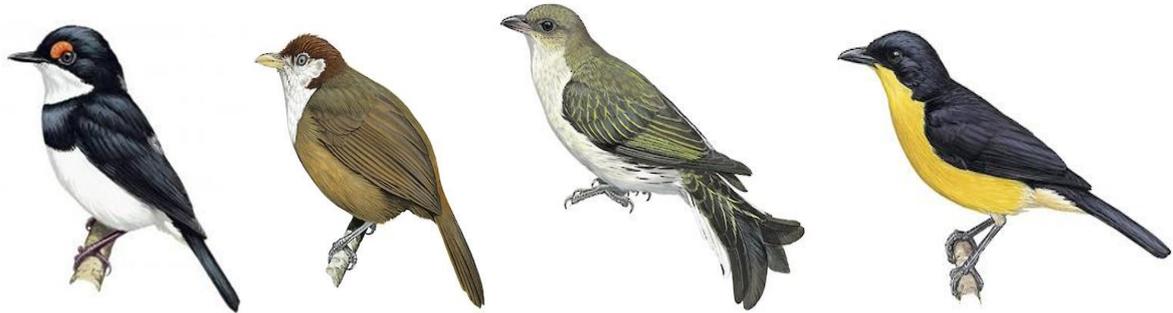
Cependant parmi les 966 espèces d'oiseaux répertoriées au Cameroun, 11 d'entre elles seraient des oiseaux endémiques et il s'agit de : *Pternistis camerunensis*, *Tauraco bannermani*, *Melichneutes robustus*, *Platysteira laticincta*, *Laniarius atroflavus*, *Telophorus kupeensis*, *Apalis bamendae*, *Ploceus bannermani*, *Ploceus batesi*, *Turdoides gilberti* et *Zosterops melanocephalus* (Collar et Stuart, 1985 ; Thiollay, 1985 ; Smith et McNiven, 1993 ; Fotso *et al.*, 2001 ; Gill et Donsker, 2020 ; Lepage, 2020). Selon Birdlife International (2018), 08 de ces 11 espèces sont menacées et risqueraient à long terme une disparition, si le niveau de dégradation massive de leurs habitats n'est pas maîtrisé (**Tableau III** et **Figure 2**).

Tableau III : espèces d'oiseaux endémiques du Cameroun ainsi que leurs statuts de conservation dans la liste rouge de l'IUCN selon Louette (1981), Collar et Stuart (1985), Thiollay (1985), Smith et McNiven (1993), Fotso *et al.* (2001), Birdlife International (2018), Gill et Donsker (2020) et Lepage (2020)

Noms scientifiques d'espèces	Noms communs d'espèces	Statut de conservation (BirdLife International 2018)	Familles selon Nguembock <i>et al.</i> (2012) et Lepage (2020)
<i>Pternistis camerunensis</i> Alexander, 1909	Francolin du Cameroun	En danger	Phasianidae
<i>Tauraco bannermani</i> Bates, 1923	Tauraco doré	En danger	Musophagidae
<i>Melichneutes robustus</i> Bates, 1909	Indicateur à queue en lyre	Préoccupation mineure	Indicatoridae
<i>Platysteira laticincta</i> Bates, 1926	Prit de Bamenda	En danger	Platysteiridae
<i>Laniarius atroflavus</i> Shelley, 1887	Gonelek à ventre jaune	Préoccupation mineure	Malaconotidae
<i>Telophorus kupeensis</i> Serle, 1951	Gonelek du kupé	En danger	Malaconotidae
<i>Apalis bamendae</i> Bannerman, 1922	Apalis de Bamenda	Préoccupation mineure	Cisticolidae
<i>Ploceus bannermani</i> Chapin, 1932	Tisserin de Bannerman	Vulnérable	Ploceidae
<i>Ploceus batesi</i> Sharpe, 1908	Tisserin de Bates	En danger	Ploceidae
<i>Turdoides gilberti</i> Serle, 1949	Phyllanthe à gorge blanche	Vulnérable	Leiothrichidae
<i>Zosterops melanocephalus</i> Gray, 1862	Zosterops du Cameroun	Vulnérable	Zosteropidae



Ploceus batesi Sharpe, 1908 *Telophorus kupeensis* Serle, 1951 *Zosterops melanocephalus* Gray, 1862 *Ploceus bannermani* Chapin, 1932



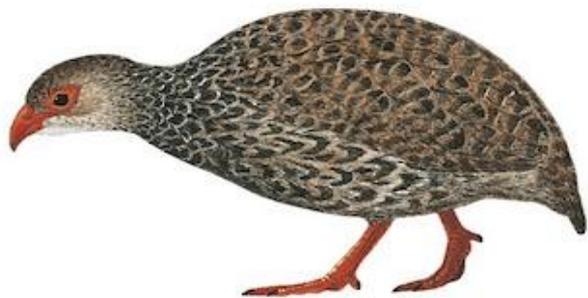
Platysteira laticincta Bates, 1926 *Turdoides gilberti* Serle, 1949 *Melichneutes robustus* Bates, 1909 *Laniarius atroflavus* Shelley, 1887



Tauraco bannermani Bates, 1923



Apalis bamendae Bannerman, 1922



Pternistis camerunensis Alexander, 1909

Figure 2 : images des espèces d'oiseaux endémiques du Cameroun

Au Cameroun, la particularité climatique des régions montagneuses favoriserait le bon développement et/ou l'apparition d'une faune aviaire particulière, et en général, on rencontre une diversité avifaunistique importante dans ces zones (Louette, 1981 ; Borrow et Demey, 2001). Selon Louette (1981), Stuart (1986) et Amiet (1987), les zones de montagnes sont, de par leurs particularités, des lieux de spéciation et d'endémisme pour les animaux en général mais particulièrement pour les oiseaux dont le nombre d'espèces identifiées dans ces zones demeure jusqu'à ce jour assez approximatif. En effet, plusieurs espèces d'oiseaux seraient endémiques de zones montagneuses du Cameroun en l'occurrence les hautes terres de l'ouest où 07 espèces d'oiseaux passériformes ont été mises en évidence (Louette, 1981 ; Collar et Stuart, 1985 ; Thiollay, 1985 ; Stuart, 1986 ; Borrow et Demey, 2001 ; Nguembock, 2008 ; Gill et Donsker, 2020 ; Lepage, 2020) ; et il s'agit de : *Arizelocichla montana*, *Bradypterus bangwaensis*, *Cinnyris ursulae*, *Cossypha isabellae*, *Kupoernis gilberti*, *Ploceus bannermani* et *Telophorus kupeensis* (**Tableau IV**). Toutefois, il faut noter que ces taxons n'auraient pas encore de relations phylogénétiques établies, qu'elles soient au niveau générique ou familial (Dickinson, 2003).

Tableau IV : espèces d'oiseaux endémiques de hautes terres de l'ouest du Cameroun avec des relations phylogénétiques non établies

Noms scientifiques d'espèces	Noms communs d'espèces	Familles selon Nguembock <i>et al.</i> (2012), del Hoyo <i>et al.</i> (2016) et Lepage (2020)
<i>Arizelocichla montana</i> Reichenow, 1892	Bulbul concolore de montagnes camerounaises	Pycnonotidae
<i>Bradypterus bangwaensis</i> Delacour, 1943	Mégalure du Cameroun	Locustellidae
<i>Cinnyris ursulae</i> Cuvier, 1816	Souimanga d'Ursula	Nectariniidae
<i>Cossypha isabellae</i> GR Gray, 1862	Cossyphé d'Isabel	Muscicapidae
<i>Kupoernis gilberti</i> Serle, 1949	Timalie à gorge blanche	Leiotherichidae
<i>Ploceus bannermani</i> Chapin, 1932	Tisserin de Bannerman	Plocéidae
<i>Telophorus kupeensis</i> Serle, 1951	Gonolek du Kupé	Malaconotidae

Néanmoins, il existe au Cameroun des taxons montagnards qui sont largement distribués dans d'autres régions montagneuses d'Afrique. Ainsi, 19 espèces incluant les passereaux et les non passereaux ont été clairement identifiées avec des positions phylogénétiques bien établies pour certaines d'entre elles, mais ces relations demeurent incertaines ou simplement non examinées pour d'autres (Hall et Moreau, 1970 ; Louette, 1981 ; Stuart, 1986 ; Borrow et Demey, 2001 ; Dickinson, 2003 ; Nguembock, 2008 ; del Hoyo *et*

al., 2016 ; Clements *et al.*, 2019). Il s'agit de : *Campethera tullbergi*, *Arizelocichla tephrolaema*, *Bradypterus lopezi*, *Bradypterus cinnamomeus*, *Cinnyris reichenowii*, *Coracina caesia*, *Cossyphicula roberti*, *Cryptospiza reichenowii*, *Dryoscopus angolensis*, *Kakamega poliothorax*, *Malaconotus monteiri*, *Muscicapa adusta*, *Onychognathus walleri*, *Phyllastrephus baumanni*, *Phyllastrephus poliocephalus*, *Phylloscopus herberti*, *Ploceus insignis*, *Ploceus melanogaster* et *Sylvia abyssinica* (**Tableau V**).

Tableau V : espèces d'oiseaux endémiques de montagnes à large distribution rencontrées au Cameroun

Noms scientifiques d'espèces	Noms communs d'espèces	Familles selon Nguembock <i>et al.</i> (2012), del Hoyo <i>et al.</i> (2016) et Lepage (2020)
<i>Campethera tullbergi</i> Sjöstedt, 1892	Pic de Tullberg	Picidae
<i>Arizelocichla tephrolaema</i> (Gray, 1862)	Bulbul à gorge grise	Pycnonotidae
<i>Bradypterus lopezi</i> Alexander, 1903	Mégalure de Lopes	Locustellidae
<i>Bradypterus cinnamomeus</i> Riippell, 1840	Fauvette cannelle	Locustellidae
<i>Cinnyris reichenowii</i> Sharpe, 1891	Souimanga de Preuss	Nectariniidae
<i>Coracina caesia</i> Lichtenstein, 1823	Échenilleur gris	Campephagidae
<i>Cossyphicula roberti</i> Alexander, 1903	Cossyphe à ventre blanc	Turdidés
<i>Cryptospiza reichenowii</i> Hartlaub, 1874	Astrild de Reichenow	Estrildidae
<i>Dryoscopus angolensis</i> Hartlaub, 1860	Cubla à pieds roses	Malaconotidae
<i>Kakamega poliothorax</i> Reichenow, 1900	Kakameg à poitrine grise	Modulatricidae
<i>Malaconotus monteiri</i> Sharpe, 1870	Gladiateur de Monteiro	Malaconotidae
<i>Muscicapa adusta</i> Boie, 1828	Gobemouche sombre	Muscicapidae
<i>Onychognathus walleri</i> Shelley, 1880	Rufipenne de Waller	Sturnidés
<i>Phyllastrephus baumanni</i> Reichenow, 1895	Bulbul de Baumann	Pycnonotidae
<i>Phyllastrephus poliocephalus</i> Reichenow, 1892	Bulbul à ventre jaune	Pycnonotidae
<i>Phylloscopus herberti</i> Alexander, 1903	Pouillot à tête noire	Phylloscopidae
<i>Ploceus insignis</i> Sharpe, 1891	Tisserin à cape brune	Ploceidae
<i>Ploceus melanogaster</i> Shelley, 1887	Tisserin à tête jaune	Ploceidae
<i>Sylvia abyssinica</i> Riippell, 1840	Fauvette d'Abyssinie	Sylviidae

I.1.5. Diversité avifaunistique dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua

Étant défini comme partie intégrante de la Ligne Volcanique du Cameroun du point de vue biogéographique, le Plateau de l'Adamaoua est un fleuron de la diversité biologique au regard de sa spécificité écosystémique mixte constituée de forêt et de savane. En effet, les

oiseaux constituent l'un des groupes taxinomiques qui a attiré l'attention des chercheurs à une certaine époque dans cette zone de transition forêt/savane. Dès lors, Good (1952, 1953) a recensé dans cette partie du Cameroun environ 198 espèces d'oiseaux présentes ou de passage appartenant à 56 familles et 10 ordres notamment les Columbiformes, les Ciconiiformes, les Anseriformes, les Falconiformes, les Galliformes, les Gruiformes, les Charadriiformes, les Cuculiformes, les Coraciiformes et les Passeriformes. Louette, en 1981, a identifié dans le Plateau de l'Adamaoua environ 305 espèces d'oiseaux incluant les taxons sédentaires et migrateurs ; et selon lui, ces taxons seraient répartis dans 56 familles et 21 ordres entre autres les Struthioniformes, les Podicipediformes, les Pelicaniformes, les Anseriformes, les Accipitriformes, les Galliformes, les Gruiformes, les Otidiformes, les Charadriiformes, les Pteroclitiformes, les Columbiformes, les Psittaciformes, les Musophagiformes, les Cuculiformes, les Strigiformes, les Caprimulgiformes, les Coliiformes, les Coraciiformes, les Bucerotiformes, les Piciformes et les Passeriformes. Selon Lepage (2020), on décompte de nos jours environ 661 espèces d'oiseaux dans le Plateau de l'Adamaoua qui seraient réparties dans 103 familles et 24 ordres. Ainsi, en plus des 21 ordres sus cités, à l'exception des Struthioniformes, certains auteurs (Clements *et al.*, 2019 ; Gill et Donsker, 2020 ; Lepage, 2020) ont recensé dans le Plateau de l'Adamaoua quatre (04) autres ordres d'oiseaux à savoir les Ciconiiformes, les Suliformes, les Trogoniformes et les Falconiformes.

Cependant, les travaux les plus récents menés dans la zone de transition forêt/savane autour du Plateau de l'Adamaoua par Fotso *et al.* (2001) ont rapporté environ 179 espèces d'oiseaux, distribuées selon la spécificité écologique de chacune en fonction de leurs habitats de préférence, aussi bien dans les surfaces montagnardes que dans les biomes savanicole et forestier. Ainsi, de ces 179 espèces recensées, 11 taxons clairement identifiés dans le Plateau de l'Adamaoua seraient parmi les espèces d'oiseaux endémiques des montagnes camerounaises. Il s'agit de : *Arizelocichla montana*, *Arizelocichla tephrolaema*, *Phyllastrephus poensis*, *Laniarius atroflavus*, *Cossypha isabellae*, *Cisticola chubbi*, *Apalis bamendae*, *Bradypterus bangwaensis*, *Cyanomitra oritis*, *Nesocharis shelleyi* et *Ploceus bannermani* (**Tableau VI**).

Tableau VI : espèces d’oiseaux endémiques des montagnes camerounaises rencontrées dans le Plateau de l’Adamaoua selon Fotso *et al.* (2001)

Noms scientifiques d’espèces	Noms communs d’espèces	Familles selon del Hoyo <i>et al.</i> (2016) et Lepage (2020)
<i>Arizelocichla montana</i> (Reichenow, 1892)	Bulbul concolore	Pycnonotidae
<i>Arizelocichla tephrolaema</i> (Gray, 1862)	Bulbul à gorge grise	Pycnonotidae
<i>Phyllastrephus poensis</i> Alexander, 1903	Bulbul olivâtre	Pycnonotidae
<i>Laniarius atroflavus</i> Shelley, 1887	Gonolek à ventre jaune	Malaconotidae
<i>Cossypha isabellae</i> Gray, 1862	Cossyphe d'Isabel	Muscicapidae
<i>Cisticola chubbi</i> Sharpe, 1892	Cisticole de Chubb	Cisticolidae
<i>Apalis bamendae</i> Bannerman, 1922	Apalis de Bamenda	Cisticolidae
<i>Bradypterus bangwaensis</i> Delacour, 1943	Mégalure du Cameroun	Locustellidae
<i>Cyanomitra oritis</i> (Reichenow, 1892)	Souimanga à tête bleue	Nectariniidae
<i>Nesocharis shelleyi</i> Alexander, 1903	Dos-vert à tête noire	Estrildidae
<i>Ploceus bannermani</i> Chapin, 1932	Tisserin de Bannerman	Ploceidae

I.1.6. Importance des oiseaux au sein de l’écosystème

Les oiseaux constituent un chaînon important dans la stabilité et l’équilibre écosystémique tant bien sur le plan écologique, sanitaire qu’économique. Ils participent de manière active à la dissémination de graines dans l’environnement, favorisant ainsi la pollinisation, et luttent efficacement contre les insectes ravageurs de cultures (Ndang’ang’a *et al.*, 2013 ; Whelan *et al.*, 2015). En outre, certaines espèces d’oiseaux sont d’excellents agents de nettoyage de l’environnement en participant au ramassage de carcasses d’animaux morts avant l’installation de spores porteuses des maladies et luttent ainsi contre les éruptions des maladies telles que la Tuberculose, le Botulisme, la Rage, etc. (Ogada *et al.*, 2012 ; Whelan *et al.*, 2015). Par ailleurs, les oiseaux constituent une source de croissance économique qui génère de revenus et de motivation pour la conservation à travers l’écotourisme (Areaya *et al.*, 2013 ; Whelan *et al.*, 2015). Selon Birdlife International (2018), 20 à 40 % de voyageurs d’agrément sont le plus souvent intéressés par l’observation de la faune à l’échelle mondiale et l’avitourisme représenterait de nos jours le plus gros marché pour les voyages d’Europe vers les pays en voie développement.

I.2. Biogéographie

La biogéographie est une discipline scientifique qui étudie et/ou explique la distribution des groupes d'organismes vivants ou taxons dans divers milieux du globe terrestre afin d'élucider les relations mutuelles entre ces différents milieux, entraînant leurs regroupements en régions d'une part, et d'établir leur origine en y incluant des facteurs ainsi que des processus présents et passés d'autre part (Nelson et Platnick, 1980 ; Myers et Giller, 1988 ; Hengeveld, 1990 ; Nguembock, 2008). Selon que ces distributions sont expliquées à une échelle de temps écologique courte ou à une échelle évolutive longue, la biogéographie est subdivisée en deux grandes branches à savoir : la biogéographie écologique et biogéographie historique (Nelson et Platnick, 1981).

I.2.1. Biogéographie historique

Pour comprendre l'évolution des taxons, les naturalistes ont contribué de manière significative au développement du concept de biogéographie historique. A travers ce concept, Linné (1735) fut l'un des premiers à étudier la diversité des organismes vivants en s'intéressant de façon particulière à leur point de départ ou origine. De ses observations et interprétations, une explication de l'origine et de la distribution des espèces surgit celle dite de l'explication de « centre d'origine ou de dispersion » (Darwin, 1872). Le principe de la dispersion repose sur le fait que, les espèces apparaissent par création dans une petite région (centre) et de cette région, elles se dispersent vers d'autres régions proches ou lointaines, au fur et à mesure que les régions deviennent disponibles pour la colonisation par ces espèces, capables de survivre et de se propager dans ces régions. En pratique, ce principe permettait d'expliquer la présence des espèces communes dans différents milieux mais ne pouvait pas donner une explication pour ce qui est de la répartition des espèces différentes dans différents milieux (Hengeveld, 1990 ; Blondel, 1995 ; Lomolino *et al.*, 2006 ; Nguembock, 2008).

Pour répondre à ce problème de la répartition des espèces différentes dans divers milieux, Candolle (1820) introduisit dans le débat scientifique les concepts des stations, des habitations ou des régions botaniques. Il introduisit dans ce débat l'influence des facteurs externes (climat, température, végétation, eau, etc.), les relations d'une part entre ces facteurs et la localité de croissance des espèces (les stations), et d'autre part, entre ces facteurs externes et l'indication générale du pays de croissance des espèces (les habitations avec leurs géographie et géologie). Toutefois, Candolle avait mis en lumière l'existence de plusieurs

« régions botaniques » qui sont les ancêtres des « aires d'endémisme » dans lesquelles on s'attend à trouver des espèces de plantes et d'animaux qui n'existent à l'état indigène que dans une région donnée, et nulle part ailleurs sur terre. Ainsi, il identifia vingt régions botaniques et ajouta que, toute île assez éloignée d'un continent pour avoir sa propre flore représente une autre région botanique. Par la suite, Wallace (1876) utilisa les termes de Candolle mais avec des équivalents modernes notamment **la biogéographie historique** pour l'étude des habitations et **la biogéographie écologique** pour celle des stations (Nelson et Platnick, 1981).

Cependant, il est aussi à noter qu'en biogéographie historique, par contraste, la distribution des taxons actuels est combinée aux hypothèses de relations cladogénétiques entre ces taxons pour inférer de connections historiques entre les aires ou les biomes dans lesquels ils sont distribués (Rosen, 1978). Néanmoins, la biogéographie historique implique ainsi différentes échelles : elle peut se situer aussi bien à une petite échelle qu'à une plus grande échelle ; elle s'intéresse non seulement à la répartition des organismes vivants mais également aux phénomènes de diversification et de spéciation des flores et des faunes (Hengeveld, 1990 ; Blondel, 1995 ; Lomolino *et al.*, 2006 ; Nguembock, 2008). Ainsi, les deux concepts les plus utilisés en biogéographie historique sont **la vicariance** et **la dispersion**.

I.2.1.1. Concept de la vicariance

Le concept de la vicariance explique les distributions disjointes de taxons c'est-à-dire le processus par lequel la spéciation allopatrique est provoquée par un événement abiotique ou biotique (Myers et Giller, 1988). À la suite d'un tel événement, un ancêtre est divisé en deux ou plusieurs populations disjointes qui se différencient en deux ou plusieurs taxons descendants allopatriques (Nelson et Platnick, 1981). Selon Ridley (2003), la vicariance peut être définie comme une fragmentation ou une division de l'aire de répartition géographique d'un taxon. Ce concept est lié à la spéciation par la fragmentation et cela conduit inéluctablement à la rupture des flux géniques entre les individus des populations qui partageaient autrefois une même aire géographique. Cette division peut ainsi avoir lieu à une petite échelle (environnement forestier) ou à une plus grande échelle (séparation d'un grand continent en deux continents par un océan) (Nelson et Platnick, 1981). Ainsi, les ornithologues se sont servis de ce concept pour expliquer la répartition des populations de taxons souvent sédentaires aussi bien à petite échelle (au sein d'une écozone par exemple)

qu'à plus grande échelle (entre diverses écozones par exemple). Dans la pratique, les ornithologues évaluent d'abord les capacités de mobilité des taxons avant de poser leurs hypothèses de vicariance ou de dispersion (Mayr, 1963).

I.2.1.2. Concept de la dispersion

Le concept de dispersion est lié à la diversification par le mouvement ; c'est un processus d'extension de l'aire de répartition d'un taxon à partir d'un taxon fondateur qui se maintient à l'aire géographique initiale. Selon Sibley et Ahlquist (1990), la dispersion peut être définie comme le processus ou les processus par lesquels une espèce étend l'aire de distribution d'une population. C'est un phénomène qui serait lié aux contraintes environnementales entre autres la pression pour les ressources, quelle que soit leur nature dans un milieu donné. En général, la compétition pour ces ressources peut être l'élément déclencheur pour les mécanismes de dispersion. Contrairement à la vicariance, la dispersion a souvent été évoquée beaucoup plus pour des taxons à forte capacité migratoire pouvant traverser des barrières géographiques telles que les montagnes, les océans, les déserts, etc. (Blondel, 1995 ; Nguembock, 2008).

I.2.2. Biogéographie écologique

Globalement, la biogéographie écologique permet d'examiner la distribution des taxons pour découvrir pourquoi ils sont à présent limités à cette distribution particulière (Nelson et Platnick, 1981). Pour cela, elle s'intéresse à d'autres objectifs l'ouvrant vers l'écologie ou vers l'étude de l'évolution et éclatant ainsi les échelles spatio-temporelles traditionnelles (Mayr, 1963). Toutefois, les mécanismes ou les interactions écologiques entre autres la colonisation, l'extinction, la compétition, la prédation, etc. seraient ainsi à l'origine de la répartition géographique des organismes vivants (Blondel, 1995). Cette nouvelle perception ou approche de la biogéographie démontre que la distribution des organismes vivants serait dépendante non seulement des facteurs historiques mais également des facteurs abiotiques et biotiques.

I.2.2.1. Facteurs abiotiques

Les facteurs abiotiques ou écologiques représentent l'ensemble des éléments physico-chimiques d'un écosystème ayant des influences sur une biocénose donnée. Autrement, c'est l'action du non-vivant sur le vivant et ce sont notamment les facteurs édaphiques, climatiques,

chimiques et topographiques. Ils se révèlent au travers de ces contraintes physiques de l'environnement, des limites dans le développement physiologique de certains organismes vivants impactant ainsi sur leur potentiel adaptatif. Ainsi, le cas des manchots est un exemple typique des espèces d'oiseaux dont la distribution est limitée à des conditions écologiques particulières ou spécifiques. Il est donc à noter que, les facteurs abiotiques particulièrement ceux climatiques sont susceptibles de limiter la répartition de certaines espèces, mais pourraient également agir à toutes les échelles géographiques et expliqueraient tout de même la distribution actuelle d'espèces boréales (Hengeveld, 1990 ; Blondel, 1995 ; Lomolino *et al.*, 2006 ; Nguembock, 2008).

I.2.2.2. Facteurs biotiques

Les facteurs biotiques ou biologiques indiquent l'ensemble des interactions du vivant sur le vivant dans un écosystème et englobent les relations intra et interspécifiques qui sont susceptibles de contraindre la répartition des organismes vivants ou taxons. Il s'agit de relations telles que la compétition, la prédation, le parasitisme, etc. ; néanmoins, ces facteurs biologiques ne s'expriment que de façon locale (Hengeveld, 1990 ; Blondel, 1995 ; Lomolino *et al.*, 2006 ; Nguembock, 2008). Toutefois, Förschler et Kalko (2006) ont démontré que les conditions environnementales et la présence des prédateurs locaux influenceraient la sélection ou le choix de l'emplacement des nids du venturon montagnard (*Serinus citrinella*) au niveau des arbres et cela a eu un impact dans la structuration de ses deux sous-populations notamment dans le comportement de nidification.

I.3. Biologie moléculaire

La biologie moléculaire est une discipline scientifique qui a pour objet la compréhension des mécanismes du fonctionnement de la cellule au niveau des gènes ou marqueurs génétiques. Dans cette discipline, plusieurs marqueurs sont utilisés pour étudier les organismes vivants afin de les classer et/ou d'établir leurs liens de parenté. Ces marqueurs sont regroupés en deux catégories à savoir : les marqueurs mitochondriaux dont l'ensemble constitue le génome mitochondrial et les marqueurs nucléaires qui représentent le génome nucléaire.

I.3.1. Génome mitochondrial

Le génome mitochondrial est transmis par la lignée maternelle de manière clonale donc hérité maternellement (non recombinant). Chez les oiseaux, cet ADNmt code pour 2 ARNr (12S et 16S), 22 ARNt et 13 polypeptides mitochondriaux de complexes des oxydations phosphorylantes parmi approximativement 70 de la chaîne de transport des électrons. Il renferme une région non codante (CR, Région de Contrôle) et présente une taille de 16 - 19 kb (Nguembock, 2008). Le génome mitochondrial présente des avantages inhérents à son mode de transmission (Lansman *et al.*, 1983 ; Hayashi *et al.*, 1985 ; Clayton, 1992).

En biologie moléculaire, le génome mitochondrial apparaît comme le génome le plus utilisé depuis l'avènement des techniques moléculaires au travers de sa structure qui est bien conservée dans tout l'ensemble du règne animal (Harshman, 1996 ; Mindell *et al.*, 1998 ; Ericson *et al.*, 2003 ; Fjeldså *et al.*, 2003 ; Fuchs, 2006 ; Nguembock, 2008). L'ordre des gènes mitochondriaux s'est révélé être différent au sein du règne animal et chez les oiseaux, deux ordres ont été décrits et les gènes généralement impliqués dans ces changements sont situés à proximité de la région de contrôle (Desjardins et Morais, 1990 ; Mindell *et al.*, 1998 ; Harrison *et al.*, 2004 ; Nguembock, 2008) (**Figure 3**). De manière générale et selon différents auteurs (Mindell et Thacker, 1996 ; Harshman, 1996 ; Fuchs, 2006 ; Nguembock, 2008), le génome mitochondrial présente un taux d'évolution plus rapide que le génome nucléaire mais seulement, les gènes mitochondriaux n'évoluent pas tous à la même vitesse.

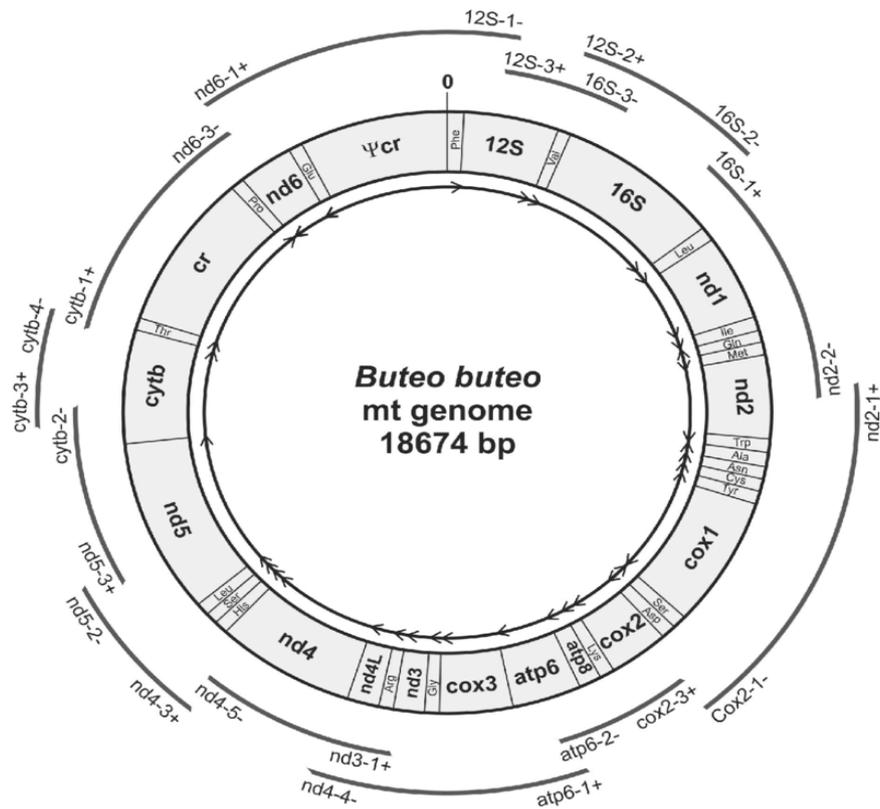


Figure 3 : ordre des gènes mitochondriaux chez *Buteo buteo* (Que-Kun Peng *et al.*, 2014)

I.3.1.1. Marqueur ND2

Le ND2 est l'un des marqueurs de l'ADN mitochondrial codant pour un des 42 polypeptides du complexe I de la chaîne respiratoire. Située dans la membrane mitochondriale interne, la chaîne respiratoire est composée de cinq complexes multienzymatiques (I, II, III, IV et V) qui fonctionnent comme transporteurs d'électrons (Zorov *et al.*, 1997 ; Adawalla *et al.*, 1999). En effet, le ND2 fait partie des gènes les plus utilisés dans les études de relations de parenté des animaux en général et des oiseaux en particulier (Lovett, 2004 ; Lerner et Mindell, 2005 ; Nguembock *et al.*, 2007). Ce marqueur code pour un polypeptide de 1041 pb et sa position est constante chez les oiseaux entre les séquences codant pour les ARNt M et W (Desjardins et Morais, 1990). En outre, le ND2 présente plusieurs caractéristiques entre autres la non présence d'insertions et de délétions dans le cadre de lecture de la séquence, la vitesse d'évolution de la séquence nucléotidique rapide, la bonne résolution des branches terminales des arbres, etc. (Ericson *et al.*, 2003 ; Fjeldså *et al.*, 2003 ; Moyle et Marks, 2006 ; Fuchs, 2006 ; Nguembock, 2008).

I.3.1.2. Marqueur ND3

Tout comme le ND2, le ND3 est également un des marqueurs de l'ADN mitochondrial codant pour un des 42 polypeptides du complexe I de la chaîne respiratoire. C'est un marqueur relativement utilisé dans les études phylogénétiques des oiseaux et son taux d'évolution a été bien déterminé au sein de certains groupes (Moyle et Marks, 2006 ; Fuchs, 2006 ; Nguembock, 2008a). Le ND3 code pour un polypeptide de 351 pb et sa position constante chez les oiseaux est située entre les séquences codant pour les ARNt G et R (Desjardins et Morais, 1990). Il possède par ailleurs, les mêmes caractéristiques que le ND2.

I.3.1.3. Marqueur ATPase6

L'ATPase6 est aussi un des marqueurs de l'ADN mitochondrial codant pour un des 12 polypeptides du complexe V de la chaîne respiratoire. Ce marqueur fait partie des gènes mitochondriaux relativement utilisés dans les études phylogénétiques des oiseaux (Taveres *et al.*, 2006 ; Hughes *et al.*, 2007 ; Nguembock *et al.*, 2012). En revanche, la structure de ce marqueur ainsi que son fonctionnement restent encore à explorer. Néanmoins, ses caractéristiques sont celles d'un gène codant pour un polypeptide c'est-à-dire qu'on observe ni insertions ni délétions dans le cadre de lecture, une vitesse d'évolution rapide, une bonne résolution des branches terminales, l'utilisation pour des divergences récentes, etc. (Ericson *et al.*, 2003 ; Fjeldså *et al.*, 2003 ; Moyle et Marks, 2006 ; Fuchs, 2006 ; Nguembock, 2008).

I.3.2. Génome nucléaire

Caractéristique des eucaryotes, le génome nucléaire est localisé dans le noyau sous forme de chromosomes. Chez les oiseaux, le génome nucléaire est réparti en micro-chromosomes et macro-chromosomes ; dans leur système de détermination sexuelle de type WZ/ZZ et contrairement aux mammifères, les femelles des oiseaux possèdent deux chromosomes sexuels de types différents WZ tandis que les mâles en ont deux de même type ZZ. Il est important de noter que le chromosome W par rapport au chromosome Z apparaît non seulement plus petit mais également bien conservé (Schmid, 1962 ; Ellegren, 2005 ; Nguembock, 2008). Cependant, mesuré en nombre de nucléotides (pb, kp ou Mp) ou en masse d'ADN par cellule (pg ou Mpb), le génome nucléaire des oiseaux actuels est plus petit que celui des Mammifères, des Crocodiliens, des Chéloniens et des Lépidosauriens ; il

apparaît également plus petit chez les oiseaux volants que chez ceux non volants (Gregory, 2004 ; Ellegren, 2005).

En phylogénie, le génome nucléaire apparaît nettement moins utilisé comparativement au génome mitochondrial. De par sa conservation et surtout sa vitesse d'évolution plus lente par rapport au génome mitochondrial, le génome nucléaire est régulièrement utilisé dans la résolution des nœuds profonds au cours d'une reconstruction phylogénétique. Ainsi, il est généralement utilisé pour les relations intergénériques, infra-ordinales, interfamiliales mais rarement utilisé pour les relations interspécifiques ou sub-spécifiques (Irestedt *et al.*, 2002 ; Ericson *et al.*, 2003 ; Fuchs *et al.*, 2004 ; Alström *et al.*, 2006 ; Nguembock *et al.*, 2007 ; Nguembock *et al.*, 2008a ; Nguembock *et al.*, 2008b ; Nguembock, 2008).

I.3.2.1. Intron2 de la myoglobine

La myoglobine est une protéine de la famille multigénique des globines chez les vertébrés, impliquée dans le transport ou le stockage du dioxygène. L'intron2 de la myoglobine fait partie des marqueurs moléculaires utilisés dans les études phylogénétiques des oiseaux (Irestedt *et al.*, 2002 ; Ericson *et al.*, 2003 ; Fjeldså *et al.*, 2003 ; Alström *et al.*, 2006 ; Nguembock *et al.*, 2007 ; Nguembock *et al.*, 2008a ; Nguembock *et al.*, 2008b). Situé entre les exons 2 et 3 (Heslewood *et al.*, 1998), l'intron2 de la myoglobine séquencé dans certains groupes aviaires présente une longueur variant entre 650 et 750 paires de bases (Irestedt *et al.*, 2002 ; Ericson *et al.*, 2003 ; Fjeldså *et al.*, 2003 ; Alström *et al.*, 2006 ; Nguembock *et al.*, 2007 ; Nguembock *et al.*, 2008a ; Nguembock *et al.*, 2008b). En revanche, les caractéristiques de l'intron2 de la myoglobine sont celles d'un marqueur nucléaire notamment la présence d'insertions et de délétions brisant la lecture de l'alignement des séquences, la vitesse d'évolution lente, la résolution des nœuds profonds de l'arbre, l'utilisation pour des divergences anciennes, etc. (Ericson *et al.*, 2003 ; Fjeldså *et al.*, 2003 ; Nguembock, 2008).

I.3.2.2. Glycéraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase (GAPDH)

Le GAPDH est une enzyme glycolytique qui participe aux événements nucléaires tels que la transcription, le transport d'ARN, la réplication de l'ADN et l'apoptose chez les eucaryotes (Stone *et al.*, 1985, Ercolani *et al.*, 1988). Ce gène joue un rôle important dans le métabolisme des glucides ainsi que dans la phosphorylation oxydative réversible du

glycéraldéhyde-3-phosphate en présence de phosphate inorganique et de nicotinamide adénine dinucléotide (NAD) (Ercolani *et al.*, 1988). Par ailleurs, le nombre de paires de bases concernant le GAPDH reste variable et ses caractéristiques sont celles d'un marqueur nucléaire avec la présence d'insertions et de délétions qui brisent la lecture de l'alignement des séquences, la vitesse d'évolution lente, la résolution des nœuds profonds de l'arbre, etc.

I.4. Phylogénie

I.4.1. Historique de la phylogénie

La systématique phylogénétique est une méthode de classification taxonomique des organismes basée sur leur histoire évolutive (Hennig, 1950). Selon cet auteur, tous les caractères n'ont pas la même vitesse d'évolution et seul le partage de caractères dont l'état s'est transformé est témoin d'une parenté étroite : on parle d'une homologie phylogénétique ou synapomorphie. A contrario, les caractères restés à l'état primitif (ou simplésiomorphies) ne témoignent pas d'une parenté étroite (Hennig, 1950).

Le terme « phylogénie » fut inventé à la base par Haeckel (1866) pour définir l'enchaînement des espèces animales et végétales au cours de temps. Jusqu'alors, le concept était exprimé par le mot « généalogie ». En effet, c'est dans la dernière édition de l'Origine des espèces que Darwin (1872), introduisit le mot phylogénie avec la définition suivante : les lignées généalogiques de tous les êtres organisés. Le mot est resté et selon Darlu et Tassy (1993), il s'agit du « cours historique de la descendance des êtres organisés ». Sinon, jusqu'à l'œuvre de taxinomie fondamentale de l'entomologiste Hennig (1950), la construction phylogénétique obéissait au principe du « triple parallélisme » qui, est une expression conçue par le zoologiste Agassiz (1859) et reprise par Haeckel (1866) pour exprimer que l'anatomie comparée, l'ontogénie et la paléontologie fournissent les sources de la reconstruction phylogénétique.

Par ailleurs, la phylogénie moléculaire basée sur l'ADN a fait son apparition à la suite des travaux de Sibley et Ahlquist (1990) basés sur les hybridations ADN-ADN. Elle est actuellement utilisée dans la recherche de parenté entre les taxons et s'appuie de manière spécifique sur le séquençage d'ADN. L'analyse phylogénétique a pour objectif de reconstruire des liens de parenté entre les organismes et d'estimer leurs temps de divergence. Dans la pratique, on dispose trois gros paquets de méthodes régulièrement utilisés pour la

reconstruction phylogénétique en l'occurrence l'approche cladistique, les approches phénétiques et celles probabilistes.

I.4.1.1. Approche cladistique

L'approche cladistique vise à reconstruire la phylogénie d'un taxon par la mise en évidence des séries de transformation au sein d'un caractère, de l'état plésiomorphe (primitif) vers l'état apomorphe (dérivé). Selon les principes de cette approche, il n'était pas possible de regrouper les espèces sur la base d'un caractère primitif partagé parce qu'en général celui-ci est déjà présent en dehors du taxon étudié. A cet effet, seules les synapomorphies (caractères dérivés partagés) sont le signe d'apparement exclusif au sein du taxon étudié et les regroupements basés sur ces caractères conduisent à la formation de groupes monophylétiques (Hennig, 1950,1966).

I.4.1.2. Approches phénétiques

Les approches phénétiques ou méthodes de distances se proposent de reconstruire des arbres en partant des ressemblances observées entre chaque paire d'unités évolutives : on parle de la ressemblance globale établie à partir du maximum d'observations disponibles. Toutefois, ces observations doivent être homogènes et peuvent être des séquences nucléotidiques d'un même gène, un ensemble des caractères morphologiques codés présents ou absents, etc. Selon ces approches phénétiques, la parenté sera étroite entre deux taxons si leur ressemblance globale est importante ; et par rapport à la globalité de la ressemblance, les liens de parenté sont fondés non seulement sur les synapomorphies mais également sur les plésiomorphies, les autapomorphies et les homoplasies (Ericson *et al.*, 2003 ; Fjeldså *et al.*, 2003 ; Nguembock, 2008 ; Kumar *et al.*, 2018).

Pour déterminer la similitude globale, les méthodes de distance calculent un indice de similitude globale entre deux taxons ; ainsi, le principe stipule que plus la ressemblance entre deux taxa est importante, plus l'indice de similitude est élevé. Concrètement, cet indice correspond à une distance obtenue entre un couple de taxons et dans le cas des séquences protéiques alignées, cette distance notée **d** est déterminée par la formule suivante :

$$\mathbf{d} = \frac{\mathbf{\text{nombre de substitutions}}}{\mathbf{\text{nombre de sites considérés}}}$$

Toutefois, en fonction des hypothèses évolutives impliquées ainsi que les algorithmes utilisés, les méthodes phénétiques peuvent être regroupées en plusieurs catégories entre autres les méthodes agglomératives, les méthodes de vraisemblance, les méthodes d'ajustement et les méthodes de parcimonie. L'usage des méthodes agglomératives consiste à regrouper ensemble les Unités Evolutives qui se ressemblent le plus et de situer les différents niveaux de hiérarchie entre eux sur la base de l'intensité de leur ressemblance.

I.4.1.2.1. UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Averages)

Cette méthode est utilisée pour reconstruire des arbres phylogénétiques si les séquences ne sont pas trop divergentes. C'est une méthode qui utilise un algorithme de clustérisation séquentielle dans lequel les relations sont identifiées dans l'ordre de leur similarité et la reconstruction de l'arbre se fait étape par étape grâce à cet ordre. Il y a d'abord identification des deux séquences les plus proches et ce groupe est ensuite traité comme un tout, puis on recherche la séquence la plus proche et ainsi de suite jusqu'à ce qu'il n'y ait plus que deux groupes. Cette méthode impose que les distances soient ultra-métriques c'est-à-dire que les séquences évoluent à une vitesse constante (hypothèse d'horloge moléculaire). En pratique, cette technique de construction d'arbre trouve un seul arbre à partir d'une matrice de distances, par agglomération successive des taxons, des plus proches aux plus éloignés. Cette méthode a l'avantage de pouvoir s'effectuer à la main si la matrice n'est pas trop grande (Saitou et Nei, 1987 ; Kumar *et al.*, 2018).

I.4.1.2.2. Neighbor-Joining

Cette méthode introduit un critère de minimisation de la longueur totale de l'arbre. Elle conduit à un seul arbre, mais ne choisit pas d'agglomérer nécessairement au départ les taxons les plus proches. Le Neighbor-Joining est la méthode de distances la plus utilisée en phylogénie de manière générale. Elle assume que les distances sont proches de l'additivité, mais pas ultra-métriques, donc elle n'implique pas l'hypothèse d'horloge moléculaire. La méthode du Neighbor-Joining consiste également à calculer les longueurs des branches de telle sorte que les distances déduites de l'arbre soient les plus proches des distances mesurées entre les séquences ; elle calcule ensuite la longueur de l'arbre qui est égale à la somme des longueurs de ses branches. A chaque étape d'agglomération, elle choisit en revanche d'agglomérer les taxons dont le regroupement va minimiser la longueur totale de l'arbre. Cette méthode possède un algorithme bien élaboré (Saitou et Nei, 1987 ; Kumar *et al.*, 2018).

I.4.1.3. Approches probabilistes

Les méthodes probabilistes assument explicitement la connaissance des modalités d'évolution des caractères. En effet, en plus de la matrice et de l'arbre, elles utilisent un modèle constitué d'un ensemble de paramètres dont le réglage formule plusieurs hypothèses d'évolution connues *a priori*. Ces hypothèses concernent surtout l'évolution des états de caractères et sont exprimées en termes de probabilités. Par exemple, avec les caractères qualitatifs comme les acides nucléiques des séquences d'ADN, le modèle va stipuler que la probabilité de passer d'une adénine à une cytosine sera de 0,3 ; tandis que celle de passer d'une adénine à une guanine sera de 0,5 (Nguembock, 2008). Ainsi, comme tout arbre implique des changements d'états de caractères le long de ses branches, toutes les probabilités associées aux transformations impliquées par un arbre donné vont se multiplier et fournir une valeur globale de vraisemblance des données associées à cet arbre. Parmi les arbres possibles, l'arbre choisi est celui dont la vraisemblance de données au regard du modèle est maximale (Ericson *et al.*, 2003 ; Fjeldså *et al.*, 2003 ; Nguembock, 2008).

Ces méthodes fonctionnent sur les caractères moléculaires pour lesquels on peut établir des modèles d'évolution des protéines ou des acides nucléiques. Pour les caractères morphologiques, ces méthodes sont très difficiles à appliquer, car, compte tenu de leur nature hautement intégrée, on n'a aucune idée des probabilités de transformation d'un état à un autre, ou plus généralement des modèles à construire (Saitou et Nei, 1987 ; Kumar *et al.*, 2018).

Cependant, il est à noter que les méthodes probabilistes les plus courantes sont le Maximum de vraisemblance (Maximum Likelihood) et l'Inférence Bayésienne. Elles sont de plus en plus utilisées en phylogénie moléculaire pour la construction des arbres, contrairement aux deux autres méthodes (cladistique et phénétique) et plusieurs logiciels intégrant le principe du maximum de vraisemblance sont disponibles (PhyML, MrBAYES, SWEEP-BOTT, PARTITION, NHML, MEGA X, etc.).

I.4.1.3.1. Maximum de vraisemblance (Maximum Likelihood)

La méthode de Maximum de vraisemblance évalue les arbres possibles en termes de probabilité. La démarche consiste à rechercher la vraisemblance des données **D** sous différentes hypothèses évolutives **H** d'un modèle **M** et à retenir les hypothèses qui rendent cette vraisemblance maximale. Dans le cas d'analyse des séquences, les données **D** sont des

séquences comparées et l'hypothèse **H** est l'arbre phylogénétique. Ensuite, il faut cependant chercher à trouver l'arbre dont la vraisemblance est maximale (Felsenstein, 1981 ; Kumar *et al.*, 2018). Dans cette méthode de Maximum de vraisemblance, les sites de l'alignement sont considérés comme étant indépendants ; et la probabilité d'observer les états de caractères pour un site donné dépend de la topologie de l'arbre, de ses longueurs de branches et du modèle décrivant l'évolution des séquences le long de ses branches (Delsuc et Douzery, 2004).

Ainsi, la vraisemblance est la probabilité d'observer les données **X**, sachant l'hypothèse **T** ($\Pr(\mathbf{X}|\mathbf{T}\mathbf{M})$) ; et dans cette formule, les données **X** constituent l'alignement des séquences comparées tandis que l'hypothèse **T** représente l'arbre phylogénétique ainsi que le modèle d'évolution des séquences **M** avec les paramètres associés entre autres les longueurs de branches (Felsenstein, 1981).

En revanche, l'incorporation de modèles explicites d'évolution des séquences dont les paramètres peuvent être estimés au cours de l'analyse confère à cette méthode non seulement la capacité d'estimer la phylogénie mais également le mode d'évolution des séquences, ce qui permet de mieux estimer le nombre de substitutions qui a eu lieu au cours du temps. Toutefois, la méthode de ML est souvent considérée comme la plus fiable de toutes les méthodes phylogénétiques et de ce fait, permet d'obtenir le résultat le plus proche de l'arbre évolutif réel (Felsenstein, 2004). Cette méthode permet non seulement d'appliquer les différents modèles d'évolution des séquences mais également d'estimer les longueurs des branches en fonction de changement évolutif. Cependant, il est important de noter que cette méthode est coûteuse au niveau du temps de calcul (Wafae El Alaoui, 2008).

I.4.1.3.2. Inférence Bayésienne

C'est une méthode qui fait appel au concept des probabilités postérieures (le théorème de Bayes) où la probabilité est estimée sur la base d'un modèle et d'une certaine connaissance des données. Le théorème de Bayes stipule qu'un événement **A** dépend de **n** causes **C_i** qui sont toutes incompatibles (mutuellement exclusives). En théorie de probabilités, le théorème de Bayes énonce des probabilités conditionnelles : soit **A** et **B** deux événements, le théorème de Bayes permet de déterminer la probabilité de **A** sachant **B**, si l'on connaît les probabilités de **A**, de **B**, de **B** sachant **A** (Bayes, 1763). Ce théorème de Bayes est défini par la formule ci-dessous ; et conventionnellement, $\mathbf{P}(\mathbf{A}/\mathbf{B})$ représente la probabilité que l'événement **A** soit réalisé si **B** est vrai tandis que $\mathbf{P}(\mathbf{A})$ est la probabilité que **A** soit réalisé.

$$P(A/B) = \frac{P(B/A) * P(A)}{P(B)}$$

En pratique, la probabilité postérieure d'une topologie est impossible à calculer, mais elle peut être approximée en utilisant la méthode « Markov Chain Monte Carlo » (MCMC), qui échantillonne des arbres en proportion de leur probabilité postérieure (Bayes, 1763 ; Huelsenbeck *et al.*, 2001).

La méthode Bayésienne est beaucoup plus rapide que le Maximum de vraisemblance d'une part, et permet en phylogénie, l'utilisation de modèles d'évolution sophistiqués d'autre part. Néanmoins, elle présente quelques défauts car les probabilités postérieures ont tendance à surestimer la fiabilité des nœuds internes des phylogénies (Tierney, 1994 ; Nguembock, 2008 ; Kumar *et al.*, 2018).

I.4.2. Phylogénie de la classe des Oiseaux

Les genres modernes des oiseaux sont apparus au Néogène, il y a environ 18 à 23,8 millions d'années ; par contre les espèces modernes quant à elles, sont apparues au Plio-Pléistocène, il y a 0,08 à 5,3 millions d'années (James, 2005). En revanche, les oiseaux fossiles du Néogène ressemblaient généralement aux taxons modernes et ceux qui ne pouvaient pas être attribués aux genres ou espèces modernes étaient placés dans des familles modernes avec un faible degré de confiance (Becker, 1987 ; Olson et Rasmussen, 2001). Toutefois, des efforts considérables étaient employés pour résoudre les branches profondes des phylogénies concernant les Néornithes et ceci à travers le séquençage d'ADN et le codage des caractères morphologiques de ces oiseaux modernes (Livezey et Zusi, 2001 ; Cracraft *et al.*, 2004). Ainsi, Sibley et Monroe (1990) ont mis en évidence la position phylogénétique ci-dessous concernant la classe des Oiseaux.

Classification phylogénétique selon Sibley et Ahlquist (1990)

Règne des Animalia Linnaeus, 1758 : c'est un groupe taxinomique caractérisé par l'absence d'une paroi cellulaire cellulosique et est constitué des êtres vivants eucaryotes, pluricellulaires et hétérotrophes.

Embranchement des Chordata Haeckel, 1874 : c'est un groupe caractérisé par la présence d'une lamelle cartilagineuse d'origine mésodermique située du côté dorsal de l'animal appelée notochorde.

Sous embranchement des Vertebreta Linnaeus, 1758 : ce sont des organismes animaux qui possèdent une colonne vertébrale.

Classe des Aves Linnaeus, 1758 : les Aves sont des animaux qui présentent un corps couvert de plumes et d'écailles avec des mâchoires dépourvues de dents, ils sont ovipares et leurs membres antérieurs sont transformés en ailes.

Sous classe des Neornithes Haeckel, 1866 : ils constituent un groupe taxinomique caractérisé par un bec corné, possédant des prémaxillaires et maxillaires soudés, un bassin évasé et du bréchet sur le sternum.

À la suite de cette classification, plusieurs autres niveaux taxinomiques aussi bien qu'ordinal, familial, générique et spécifique ont été définis au sein de ce grand groupe des vertébrés. On peut citer par exemple, l'ordre des Passeriformes qui compte plusieurs familles parmi lesquelles celle des Ploceidae.

I.4.3. Taxinomie et phylogénie de la famille des Ploceidae

Largement distribuée dans la zone afrotropicale avec quelques espèces en Asie tropicale et dans les îles de l'Océan Indien, la famille des Ploceidae constitue un groupe d'oiseaux diversifiés de petite et moyenne tailles, granivores et insectivores (Fry et Keith, 2004 ; del Hoyo *et al.*, 2010 ; Sinclair *et al.*, 2010). Cette famille des Ploceidae compte en son sein 117 espèces décrites, réparties dans 15 genres (*Amblyospiza*, *Anaplectes*, *Brachycope*, *Bubalornis*, *Dinemellia*, *Euplectes*, *Foudia*, *Histurgops*, *Malimbus*, *Philetairus*, *Plocepasser*, *Ploceus*, *Pseudonigrita*, *Quelea* et *Sporopipes*) (Gill et Donsker, 2020). La famille des Ploceidae appartient à la superfamille des Passeroidea et à l'ordre des Passeriformes.

I.4.3.1. Quelques aspects phylogénétiques de la superfamille des Passeroidea

Selon Sibley et Ahlquist (1990), la superfamille des Passeroidea est la plus large comparativement aux deux autres superfamilles de l'ordre des Passeriformes (Muscicapoidea et Sylvioidea). En revanche, ces études de Sibley et Ahlquist (1990) basées sur l'hybridation

ADN-ADN classaient certains taxons de cette superfamille, en l'occurrence les genres *Chloropsis* et *Irena*, comme appartenant à l'infra ordre des Corvida (Barker *et al.*, 2002 ; Barker *et al.*, 2004 ; Jonsson et Fjeldså, 2006). Cependant, les études moléculaires plus récentes ont montré que ces taxons appartenaient aussi bien à l'infra ordre des Passerida qu'à la superfamille des Passeroidea (Barker *et al.*, 2002 ; Barker *et al.*, 2004 ; Johansson *et al.*, 2008).

Par ailleurs, la phylogénie de plusieurs familles et plus largement les relations de parenté au sein de cette superfamille sont très peu élucidées compte tenu du fait que certains taxons ont été largement étudiés alors que d'autres un peu moins (Jonsson et Fjeldså, 2006). Néanmoins, quelques relations de parenté ont été trouvées entre certains taxons de cette superfamille des Passeroidea. Ainsi, un lien de parenté bien établi entre les taxons *Arcanator orostruthus* et *Modulatrix strictigula* a été démontré et ces taxons africains seraient les premiers à diverger au sein de cette superfamille des Passeroidea (Barker *et al.*, 2004 ; Johansson *et al.*, 2008). Il a également été suggéré que le genre *Kakamega*, ayant une relation de parenté bien établie avec le genre *Arcanator* pourrait également être associé aux taxons basaux de cette superfamille (Jensen et Brogger-Jensen, 1992 ; Johansson *et al.*, 2008).

I.4.3.2. Quelques aspects phylogénétiques de l'ordre des Passeriformes

Les liens de parenté au sein de l'ordre des Passeriformes ainsi que les classifications de certains taxons ont été longtemps controversés (Jonsson et Fjeldså, 2006). En effet, les passereaux à eux seuls comptent environ 6 500 espèces d'oiseaux, soit 60 % des oiseaux existants selon Gill et Donsker (2020). Ainsi, comparés aux autres groupes aviaires de même âge, les passereaux constituent le seul groupe qui a présenté une évolution considérable aussi bien au niveau de la richesse spécifique qu'au niveau de la distribution du point de vue écologique (Ericson *et al.*, 2006).

Toutefois, la monophylie de l'ordre des Passeriformes était démontrée tant sur le plan morphologique (Raikow, 1982) que sur le plan moléculaire (Johanson *et al.*, 2001 ; Cracraft *et al.*, 2004). Cet ordre des Passeriformes est subdivisé en deux sous-ordres : les Tyranni ou Suboscines et les Passeri ou Oscines (Müller, 1878 ; Ames, 1971 ; Raikow, 1982 ; Sibley et Ahlquist, 1990 ; Mindell, 1997). De ces deux sous-ordres, le sous-ordre des Passeri est le plus large et a été au centre de nombreuses études phylogénétiques (Jonsson et Fjeldså, 2006). Ainsi, Sibley et Ahlquist (1990) utilisaient l'approche d'hybridation ADN-ADN et

établissaient davantage une partition de sous-ordre des Passeri en deux clades : le clade des Corvida et le clade des Passerida qui étaient supposés être des groupes monophylétiques. L'hypothèse de la monophylie des Corvida et Passerida émise par Sibley et Ahlquist (1990) a été rejetée par plusieurs études récentes qui ont montré que le groupe des Corvida était paraphylétique et qu'à la base, on observe une radiation des Passerida qui seraient un groupe monophylétique (Ericson *et al.*, 2002a ; Ericson *et al.*, 2002b ; Barker *et al.*, 2002 ; Barker *et al.*, 2004). Depuis lors, les Passerida sont considérés comme un groupe monophylétique dans presque toutes les phylogénies (Ericson et Johansson, 2003). En plus de ces deux groupes issus des passériformes, plusieurs études moléculaires ont pu démontrer que deux espèces endémiques de Nouvelle Zélande (*Acanthisitta chloris* et *Xenicus gilviventris*, taxons de la famille des Acanthisittidae) constituent un groupe-frère à tous les autres oiseaux passériformes (Ericson *et al.*, 2002a ; Barker *et al.*, 2002 ; Barker *et al.*, 2004). Ces résultats ont fortement contribué dans la compréhension des origines biogéographiques des oiseaux passériformes et leur évolution (Edwards et Boles, 2002 ; Ericson *et al.*, 2003 ; Barker *et al.*, 2004).

I.4.3.3. Caractères généraux et évolution phylogénétique de la famille des Ploceidae

Largement distribués dans les différentes écozones africaines, les plocéidés sont bien connus pour leur ingéniosité dans le tissage de structures de nidification étonnantes, ce qui leur confère le nom de tisserins (weaverbirds) (De Silva *et al.*, 2019). Les tisserins sont également connus comme des taxons dont le plumage varie énormément, non seulement au sein de la famille mais également au sein d'un même genre voire au sein d'une même espèce (Borrow et Demey, 2001 ; De Silva *et al.*, 2019). Par exemple au niveau spécifique, on peut noter cette variation de plumages en fonction de sexes et de saisons. Certaines espèces de plocéidés comme les oiseaux veufs (widowbirds) présentent un plumage d'ornementation. De plus, il faut aussi noter une grande diversité comportementale au sein de cette famille entre autres l'organisation sociale, le système de reproduction, etc. (De Silva *et al.*, 2019). Ainsi, la polygynie existe chez beaucoup de taxons de cette famille notamment chez les genres *Ploceus* et *Euplectes* ; les mâles occupent de petits territoires sur les arbres et élaborent des nids dans lesquels ils attirent les femelles mais ne participent ni à l'incubation, ni à l'alimentation des oisillons (Ali, 1931 ; Ambedkar, 1964 ; Craig, 1980). Les nids sont construits à base d'herbes et des fibres du palmier à partir des branches les plus externes des arbres (Quader, 2006). Typiquement, les nids construits présentent une structure en dôme avec une entrée latérale ;

ils sont suspendus sur les arbres et arbustes (Borrow et Demey, 2001). Sinon, l'un des critères d'identification des ploceïdés est leur bec court et cônique ; ils s'alimentent principalement des graines mais aussi des insectes tels que les chenilles, les termites, etc. (Fry et Keith, 2004). En outre, leurs vocalisations produisent des voix éclatantes, des bourdonnements, des gazouillis voire des verbiages (Borrow et Demey, 2001). En revanche, la majeure partie des espèces de cette famille des Ploceidae sont sédentaires mais on note tout de même quelques espèces migratrices (Borrow et Demey, 2001).

Les études phylogénétiques modernes des tisserins commencent avec les travaux d'hybridation ADN-ADN de Sibley et Ahlquist (1990) et ces derniers avaient classé les tisserins comme une sous famille (Ploceinae) appartenant à la famille des Passeridae. Toutefois, les travaux phylogénétiques les plus récents ont pu ériger cette sous famille des Ploceinae en famille des Ploceidae (Dickinson et Christidis, 2014 ; Clements *et al.*, 2015 ; De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019). En revanche, les relations de parenté au sein de cette famille restent encore très controversées ; par exemple selon De Silva *et al.* (2019), cette famille des Ploceidae compterait en son sein 17 genres et 117 espèces. Par contre, selon Gill et Donsker (2020), cette famille compte environ 117 espèces mais avec 15 genres identifiés.

Tableau VII : nombre des genres décrits au sein de la famille des Ploceidae selon plusieurs auteurs

Genres	Nombre d'espèces	Dowsett et Dowsett-Lemaire (1993)	Dickinson (2003)	De Silva <i>et al.</i> (2019)	Gill et Donsker (2020)
<i>Amblyospiza</i>	1	✓	✓	✓	✓
<i>Anaplectes</i>	1	✓	✓	✓	✓
<i>Anomalospiza</i>	1	✓		✓	
<i>Brachycope</i>	1		✓	✓	✓
<i>Bubalornis</i>	2	✓	✓	✓	✓
<i>Dinemellia</i>	1		✓	✓	✓
<i>Euplectes</i>	17	✓	✓	✓	✓
<i>Foudia</i>	7	✓	✓	✓	✓
<i>Histurgops</i>	1			✓	✓
<i>Malimbus</i>	10	✓	✓	✓	✓
<i>Pachyphantes</i>	1			✓	
<i>Philetairus</i>	1	✓		✓	✓
<i>Ploceus</i>	64	✓	✓	✓	✓
<i>Plocepasser</i>	4	✓		✓	✓
<i>Pseudonigrita</i>	2	✓		✓	✓
<i>Quelea</i>	3	✓	✓	✓	✓
<i>Sporopipes</i>	2	✓	✓	✓	✓

I.4.3.4. Position systématique de la famille des Ploceidae selon plusieurs auteurs (Fry et Keith, 2004 ; Dickinson et Christidis, 2014 ; Clements *et al.*, 2015 ; De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019 ; Gill et Donsker, 2020)

Règne des Animalia : (voir p. 37)

Embranchement des Chordata : (voir p.38)

Classe des Aves : (voir p.38)

Sous classe des Neornithes : (voir p.38)

Infraclasse des Neoaves : ce sont des vertébrés présentant une fenêtre pré-orbitaire soudée à l'orbite.

Superordre des Passerimorphae : ils sont caractérisés par la présence d'une insertion dans un alignement des séquences des introns nucléaires (retro-posons).

Ordre des Passeriformes : ce sont des organismes vivants qui ouvrent leur bec pour se faire nourrir dans le nid et sont également caractérisés par la disposition anisodactyle de leurs doigts au niveau de pattes.

Sous ordre des Passeri : ce sont des oiseaux ayant une syrinx bien développée.

Infra ordre des Passerida : ils sont caractérisés par une insertion synapomorphique d'un nucléotide dans l'alignement des séquences du gène nucléaire c-myc (Ericson *et al.*, 2000).

Superfamille des Passeroidea : ce sont des oiseaux présentant une insertion de quatre nucléotides dans l'alignement des séquences du gène nucléaire RAG-1 (Chiari *et al.*, 2004).

Famille des Ploceidae : ce sont des oiseaux à bec court cône et fort ; ils sont également connus à travers leur capacité à tisser leurs structures de nidification.

I.4.3.5. Relations intergénériques au sein de la famille des Ploceidae

Jusqu'à date, la phylogénie de la famille des Ploceidae apparaît toujours controversée ; mais quelques hypothèses sont émises sur certains taxons au sein de cette famille en ce qui concerne les relations de parenté intergénériques. Selon l'étude de Prager *et al.* (2008) sur

quelques taxons des plocéidés, la famille n'apparaissait pas monophylétique et le genre *Amblyospiza* est basal au sein de la famille même comme cette position n'apparaissait pas soutenue dans leur phylogénie. Néanmoins, les genres *Euplectes*, *Quelea*, *Foudia* et *Ploceus* apparaissaient monophylétiques dans cette phylogénie et le genre *Foudia* a pour proche parent le genre *Quelea* (Prager *et al.*, 2008).

Par ailleurs, d'autres études phylogénétiques plus récentes menées sur la famille des Ploceidae ont montré la monophylie de cette famille avec un fort soutien au nœud et le genre *Amblyospiza* était également apparu comme le premier taxon à diverger du groupe (De Silva *et al.*, 2017 ; Mahamat, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019). Ainsi, De Silva *et al.* (2017) ont suggéré plusieurs relations intergénériques au sein de la famille. Selon plusieurs auteurs (De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019), les genres *Sporopipes*, *Plocepasser*, *Philetairus* et *Pseudonigrita* forment un groupe monophylétique ; et au sein de ce clade, on note une parenté bien établie entre *Philetairus* et *Pseudonigrita* qui constitueraient à leur tour un groupe-frère avec *Plocepasser*, et ensuite avec le genre *Sporopipes* (De Silva *et al.*, 2017). En revanche, certaines études basées sur la morphologie plaçaient également le genre *Histurgops* au sein de ce clade (Chapin, 1917 ; Sushkin, 1927 ; del Hoyo *et al.*, 2010 ; Summers-Smith, 2010). Par ailleurs, les genres *Bubalornis* et *Dinemellia* seraient des taxons frères et les deux constitueraient un groupe monophylétique frère aux vrais tisserins (De Silva *et al.*, 2017). Plusieurs autres relations ont été mises en évidence au sein de la famille des Ploceidae par différents auteurs ; ainsi, Warren *et al.* (2012) et Päckert *et al.* (2016) ont suggéré une parenté étroite entre les genres *Ploceus* et *Foudia* tandis que De Silva *et al.* (2017) ont plutôt proposé un lien de parenté entre les genres *Quelea* et *Foudia* qui constitueraient un clade frère à celui constitué d'une partie des descendants du genre *Ploceus*. En effet, le genre *Ploceus* apparaît polyphylétique (Warren *et al.*, 2012 ; Päckert *et al.*, 2016 ; De Silva *et al.*, 2017).

I.4.3.6. Relations interspécifiques au sein de la famille des Ploceidae

Depuis Hall et Moreau (1970), un nombre de « super espèces » a été reconnu au sein de la famille des Ploceidae. Selon ces auteurs, la « super espèce » regroupe des espèces qui descendraient immédiatement d'un ancêtre commun et seraient presque ou complètement allopatriques alors qu'un « groupe d'espèces » rassemblerait des espèces sympatriques ou partiellement, qui seraient étroitement apparentées. Ainsi, plusieurs relations interspécifiques au sein de la famille des Ploceidae ont été présentées dans le cadre de ces

concepts et même Sibley et Monroe (1990) ont utilisé ces notions. Concernant la famille des Ploceidae, on peut donc remarquer les cas de : *Euplectes orix*, *Euplectes nigroventris* et *Euplectes franciscanus* qui ont été respectivement considérées comme des sous-espèces de *E. orix* (Hall et Moreau, 1970) , *E. afer* et *E. diadematus* (Craig, 1993a, b). En revanche, les travaux moléculaires de plusieurs auteurs (Prager *et al.*, 2008 ; De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019) ont permis de mettre en évidence plusieurs relations interspécifiques parmi lesquelles celles entre *Euplectes psammocromius* et *Euplectes progne*, *E. axillaris* et *E. albonotatus*, *Foudia madagascariensis* et *Foudia sechellarum*, *Quelea cardinalis* et *Quelea quelea*, *Ploceus melanocephalus* et *Ploceus taeniopterus*.

**CHAPITRE II : CADRE GÉOGRAPHIQUE,
MATÉRIEL ET MÉTHODES**



***Cinnnyris venustus* Shaw, 1799**

II.1. Cadre géographique

Le Plateau de l'Adamaoua est situé dans la partie septentrionale du Cameroun entre le 6° et le 8° degré de latitude Nord et entre le 10° et le 16° degré de longitude Est (Ajayi et Crowder, 1974). C'est une zone de transition forêt/savane, limitrophe avec plusieurs régions biogéographiques entre autres la plaine de la Bénoué du côté Nord, les hautes terres de l'Ouest camerounais dans le côté Sud-Ouest et le plateau sud-camerounais du côté Sud-Est (Ajayi et Crowder, 1974 ; Louette, 1981 ; Yonkeu, 1993). Cette zone de transition présente une altitude comprise entre 900 et 1 500 m, mais certains sommets peuvent atteindre 2 000 m d'altitude et cette zone couvre une superficie d'environ 100 000 km² (Louette, 1981). Le Plateau de l'Adamaoua est couvert par une végétation tropicale présentant un ensemble d'essences végétales diversifiées en milieu forestier et de même que dans la partie savanicole de cette région (Letouzey, 1968 ; Louette, 1981 ; Yonkeu, 1993). Ainsi, trois sites ont été explorés lors de nos descentes sur le terrain dont deux dans le Département de la Vina, le premier étant la zone de prairie située dans le village Tchabbal (coordonnées géographiques : 07°33.272'N et 13°33.607'E) et le deuxième est une zone savanicole dans le village Baouro (coordonnées géographiques : 07°37.649'N et 13°32.888'E). Le troisième site est une zone forestière dans le village Mayo-Njarendi (coordonnées géographiques : 06°37.892'N et 11°57.319'E) dans le Département de Mayo Banyo (**Figure 4**).

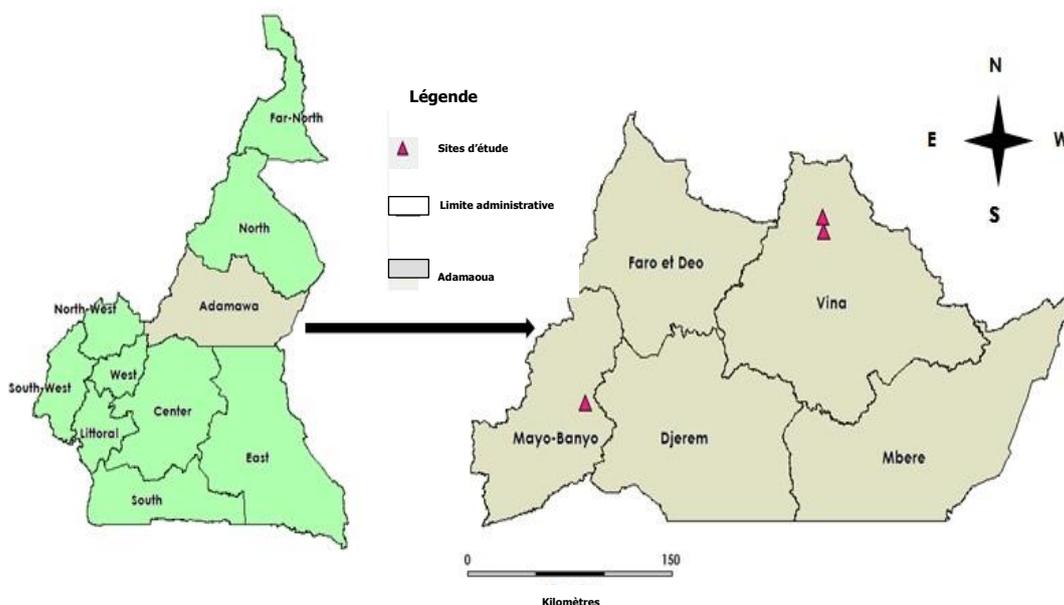


Figure 4 : localisation géographique des sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua

II.1.1. Quelques aspects géologiques du Plateau de l'Adamaoua

Du point de vue géologique, la région de l'Adamaoua est caractérisée par un ensemble de roches notamment les roches granitiques, volcaniques, métamorphiques et sédimentaires. Les roches granitiques recouvrent la plus grande partie du Centre et de l'Ouest du Plateau de l'Adamaoua mais sont également retrouvées vers l'Extrême-Est de cette zone de transition (Yonkeu, 1993). Elles forment des faciès peu uniformes qui seraient d'une part homogènes, pauvres en minéraux ferromagnésiens et riches en gros grains de quartz ou de feldspaths, et d'autre part, formeraient de chaos de grosses boules ou un débit anguleux fin avec quelques grandes dalles sur les sommets (Rippstein, 1985 ; Yonkeu, 1993). Toutefois, il faut noter qu'en plus des migmatites et des vieux granites du socle précambrien, ces faciès sont associés aux granites alcalins plus récents de l'ère Cénozoïque qui formeraient aujourd'hui les massifs de la région de l'Adamaoua (Yonkeu, 1993).

Les roches volcaniques se rencontreraient au centre du Plateau de l'Adamaoua mais couvriraient également la partie Est de la région. En effet, après une période d'érosion intense correspondant pour les géologues à la formation des grès à la fin du Crétacé et au début du Cénozoïque dans la région, le socle précambrien s'est trouvé recouvert par des basaltes à olivines, représentant ainsi un volcanisme ancien de type hawaïen qui s'étendrait jusqu'à la zone de l'ouest du Cameroun (Bachelier, 1957 ; Yonkeu, 1993). Il a été suivi d'un volcanisme moyen de type péleén daté du Pliocène à la fin du Néogène et au début du Quaternaire, représenté par des trachyandésites et des phonolites. On a également noté au Quaternaire un volcanisme récent de type vulcano-strombolien qui a donné des scories et des basaltes plus ou moins bulleux dans cette région (Yonkeu, 1993). Les édifices d'émission de ce volcanisme se sont bien conservés et s'orientent selon un jeu de failles où seuls les volcans de la cassure principale (Nord-Ouest, Ouest à Sud-Est, Est) ont eu des coulées importantes. En revanche, certains volcans ont donné naissance à des lacs de cratère et leur caractère volcanique a engendré des sources d'eau minéralisée et salée dans la région (Yonkeu, 1993).

Concernant les roches métamorphiques, on rencontre plusieurs catégories entre autres les granodiorites, la syénite, le gabbro et le gneiss qui sont répartis sur la partie Ouest du Plateau de l'Adamaoua. Par ailleurs, parmi les catégories de roches sédimentaires rencontrées dans la région de l'Adamaoua, on peut citer les grès qui sont disséminées au Sud et à l'Ouest du Plateau (Yonkeu, 1993).

II.1.2. Quelques aspects géographiques et relief du Plateau de l'Adamaoua

Situé entre les 6° et 8° degrés de latitude Nord et les 10° et 16° degrés de longitude Est, la Région de l'Adamaoua occupe sensiblement le centre du Cameroun. Cette région est limitée au Nord par une falaise assez abrupte qui la sépare de vastes plaines de la Bénoué et du Faro (Yonkeu, 1993). En revanche, le Plateau de l'Adamaoua s'infléchit progressivement dans ses parties Sud et Sud-Est mais s'étend néanmoins au-delà de la frontière de la République Centrafricaine dans sa partie Est. A l'Ouest, le Plateau de l'Adamaoua s'étend au-delà de la frontière du Nigéria et dans la partie Sud-Ouest, une autre falaise sépare ce dernier de la plaine Tikar (Yonkeu, 1993). De manière générale, le relief du Plateau de l'Adamaoua est très irrégulier dans son ensemble et de nombreuses rivières ont creusé de profonds talwegs qui donnent un paysage vallonné avec quelques larges vallées entre autres la Vina, le Mbéré, le Djerem, le Meng, etc. (Yonkeu, 1993).

II.1.3. Hydrographie du Plateau de l'Adamaoua

Connu par ses multiples cours d'eaux, le Plateau de l'Adamaoua est le véritable château d'eau du Cameroun. Le Plateau alimente le bassin du Niger par la Bénoué qui reçoit elle-même plusieurs cours d'eaux entre autres le Faro et le Deo (Yonkeu, 1993) ; ce Plateau alimente également le bassin de la Sanaga par la Vina-sud, le Djerem et le Lom (**Figure 5**). En outre, le Plateau de l'Adamaoua approvisionne le bassin du Logone par la Vina-nord et le Mbéré (Pelleray, 1959). Ainsi, les périodes de crues ont le plus souvent lieu aux mois de septembre et d'octobre, tandis que celles de décrues s'observent au mois de mars ; toutefois, les réserves d'eau demeurent suffisantes pour qu'aucun cours d'eau ne s'assèche par exemple pendant les périodes de décrues (Pelleray, 1959).



Figure 5 : réseau hydrographique du Plateau de l’Adamaoua (carte de google map modifiée par Mahamat)

II.1.4. Couvert végétal du Plateau de l’Adamaoua

La majeure partie de l’Adamaoua peut être définie comme une savane arbustive ou arborée caractérisée par une prédominance du genre *Hyparrhenia* au niveau du tapis herbacé (Letouzey, 1968 ; Yonkeu, 1993). Toutefois, les espèces végétales comme *Terminalia macroptera* occupent également de grandes surfaces dans la zone du Plateau de l’Adamaoua, mais à des étages ou niveaux supérieurs contrairement aux autres espèces comme *Daniellia oliveri* (Letouzey, 1968 ; Yonkeu, 1993) (**Figures 6 et 7**). Sinon, les savanes arbustives à *Terminalia macroptera* se trouvent généralement sur des sols profonds au niveau des versants de vallée en contrebas de zones indurées ou en recouvrant entièrement des interfluves vallonnés (Yonkeu, 1993). Dans le premier cas, les ligneux n’occupent qu’une faible place par rapport à la strate herbacée et dans le deuxième cas, ils dominent le paysage et commandent le développement des graminées (Letouzey, 1968 ; Boutrais, 1974 ; Yonkeu, 1993).



Figure 6 : végétation de type savanicole sur le flanc nord du Plateau de l'Adamaoua (Vina)

Toutefois, lorsque la densité des ligneux augmente et que leur couvert devient plus continu, on se trouve en présence de savanes boisées. En général, la limite est souvent difficile à définir sur le Plateau de l'Adamaoua avec la formation précédente arbustive (Yonkeu, 1993). Les peuplements de *Daniellia* (avec un semis plus serré) prennent localement l'aspect de savanes boisées sur le Plateau et ces boisements sont fréquents sur les hautes surfaces cuirassées entre 1 200 et 1 300 m (Boutrais, 1974). Ainsi, le couvert feuillu ne laisse filtrer qu'une lumière tamisée et une certaine fraîcheur règne au niveau du sous-bois ; de plus, la présence quasi permanente de *Nephrolepsis undulata* (fougère) vient corroborer cette ambiance fraîche sous *D. oliveri*. L'ambiance forestière est encore plus accentuée dans les boisements de *Samanea leptophylla* et la composition du tapis herbacé est élevée sous cette espèce végétale partant du bassin de la Vina jusqu'au Nord de Tibati (Letouzey, 1968). Dans ces zones forestières, les graminées n'occupent plus la première place et sont remplacées par *Aframomum* sp., les fougères du genre *Nephrolepsis* et les Cyperacées (*Cyperus mapanioides*), révélatrices de l'humidité du sol sous la forêt (Letouzey, 1968 ; Boutrais, 1974). En revanche, des intrusions de savanes soudanaises à *Uapaca togoensis* ont gagné le Plateau par le bassin du Faro, atteignant le bassin de la Vina et se propageant jusqu'au Sud du Djerem vers Ngaoundal (**Figure 7**). Sinon, le paysage est le même qu'en zone soudanaise mais avec des arbres de plus grande taille (Yonkeu, 1993).

Par ailleurs, on note la présence de belles prairies recouvrant le haut-plateau granitique notamment les pentes méridionales basaltiques du Tchabbal Mbabo. Ces prairies se retrouvent à des altitudes plus modestes sur les cônes et les épanchements de laves de la région. En effet,

ces prairies définissent un paysage montagnard caractéristique, que les Foulbés désignent par le terme « *tchabbal* » (Letouzey, 1968 ; Boutrais, 1974).



Figure 7 : végétation de type forestier dans le côté sud-ouest du Plateau de l'Adamaoua (Banyo)

II.1.5. Facteurs climatiques dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua

II.1.5.1. Pluviométrie

Le climat dans cette région de l'Adamaoua est du type tropical soudanien défini par deux saisons dont la plus longue est celle pluvieuse qui dure sept mois et parfois neuf mois de pluies selon les zones (Letouzey, 1968 ; Louette, 1981 ; Yonkeu, 1993). Toutefois, la haute altitude du Plateau de l'Adamaoua et son relief génèrent certaines conditions climatiques particulières avec des précipitations annuelles allant de 1 200 à 2 000 mm, et par conséquent, une humidité relative ayant une valeur moyenne mensuelle de 40 à 50 % en saison sèche et de 70 à 90 % pendant la saison de pluies (Yonkeu, 1993).

Cependant, la répartition mensuelle moyenne de pluies permet de constater que la quasi-totalité des précipitations enregistrées dans la région de l'Adamaoua est généralement reçue entre le mois de mars et celui d'octobre avec parfois quelques précipitations en saison

sèche. En effet, vers le Sud du Plateau de l'Adamaoua (Banyo, Tibati), la saison sèche a tendance à se réduire à 3 mois (décembre - février) mais les pluies n'y sont pas totalement négligeables entre décembre et janvier. Le mois d'août et celui de septembre sont les plus arrosés, mais il est à noter qu'environ 75 % des précipitations sont enregistrées dans la période allant de mai à septembre (Pamo et Yonkeu, 1986 ; Yonkeu, 1993).

II.1.5.2. Température

La température est l'un des facteurs écologiques qui influencent le développement et la distribution des êtres vivants. En effet, les températures moyennes annuelles sous abri étaient évaluées dans plusieurs localités du Plateau de l'Adamaoua ; et par conséquent, des valeurs ont été enregistrées entre autres $22,0 \pm 0,2^\circ \text{C}$ pour la localité de Ngaoundéré, $23,1 \pm 0,2^\circ \text{C}$ pour celle de Meiganga et $23,5 \pm 0,3^\circ \text{C}$ concernant les localités de Tibati et Banyo (Suchel, 1988 ; Yonkeu, 1993). En revanche, les températures sont peu variables d'une année à l'autre ; mais, l'évolution annuelle des moyennes mensuelles de températures moyennes minimales et maximales de l'air sous abri montre que la période chaude se situe entre février et mars, mois au cours desquels la moyenne de températures maximales varie entre $31,6^\circ \text{C}$ (Ngaoundéré) et $33,9^\circ \text{C}$ (Tibati) (Yonkeu, 1993). Cependant, les températures moyennes minimales sont enregistrées entre décembre et janvier et varient entre 10°C (Ngaoundéré) et 19°C (Banyo, Tibati, Meiganga). Les amplitudes thermiques sont relativement importantes surtout entre novembre et mars correspondant à la saison sèche dans la région de l'Adamaoua. Ainsi, les différences de température entre les moyennes mensuelles maximales et les moyennes mensuelles minimales varient pour cette période entre $14,1^\circ \text{C}$ et $20,1^\circ \text{C}$. Ces différences connaissent cependant une légère baisse au cours de la saison de pluies ($8,4^\circ \text{C}$ à $13,7^\circ \text{C}$ entre avril et octobre). Sinon du point de vue climatique, la localité de Ngaoundéré serait la moins chaude et celle de Tibati est la plus chaude dans cette partie du Cameroun (Yonkeu, 1993).

II.1.5.3. Hygrométrie

Il convient de noter que le degré hygrométrique de l'air est maximal au mois de juillet et celui d'août (saison de pluies) avec une humidité relative moyenne mensuelle de 80 %, puis elle décroît rapidement pour atteindre une moyenne de 41,6 % en février. Ainsi, la moyenne annuelle de l'humidité relative enregistrée pour toutes les saisons confondues est de 65,5 %.

Toutefois, la moyenne mensuelle maximale pour les mois les plus humides (de juillet à octobre) varie entre 99,2 et 99,4 % tandis que la moyenne mensuelle minimale concernant les mois les plus secs (décembre à février) oscille entre 16,7 et 20,9 % (Yonkeu, 1993).

II.2. Matériel et méthodes

II.2.1. Technique d'échantillonnage

Pour mener cette étude, des filets japonais à poches verticales ont été utilisés pour capturer les oiseaux (Spencer, 1972 ; Keyes et Grue, 1982 ; Bub, 1991). C'est la méthode la plus adaptée pour capturer les oiseaux de petite et moyenne taille tels que les passereaux (Keyes et Grue, 1982). Par ailleurs, la méthode de collecte visuelle a été également utilisée pour échantillonner les taxons des canopées ; mais, à cause des difficultés liées à l'identification d'un taxon par simple observation visuelle à distance, tous les oiseaux inventoriés par cette méthode visuelle n'ont pas été pris en compte dans les analyses statistiques effectuées dans le cadre de cette thèse.

De manière pratique, trois habitats principaux ont été ciblés dans le Plateau de l'Adamaoua (prairie, savane et forêt) et dans chaque habitat des transects de 1 kilomètre carré ont été tracés pour le déploiement des filets. D'un autre côté, une distance de 100 mètres a été définie entre les filets lors de leur déploiement sur le terrain dans chaque transect. Sinon, les séances de capture ont toujours débuté tôt le matin dès 5 heures avec le déploiement d'un nombre de huit (08) filets (trois filets de 3 x 15 m, quatre de 2 x 12 m et un de 2 x 9 m) jusqu'au coucher du soleil autour de 18 heures pour le retrait de ces filets. Après le déploiement des filets, des tournées ont été organisées le long de la journée après chaque 40 minutes pour visiter les filets et superviser les captures. Le nombre de filets utilisés sur le terrain ainsi que leurs dimensions sont restés inchangés dans tous les sites investigués. Par ailleurs, il faut noter que ces filets ont été déployés en tenant compte des itinéraires des oiseaux, des sites de repos, de fourragement et de reproduction de ces animaux. Ces activités ont été menées sur une période de deux ans allant de 2018 à 2020 (Octobre 2018 à Juin 2020) avec un pas d'échantillonnage de trois mois consécutifs. Au total, 05 descentes d'un mois ont été effectuées dans le Plateau de l'Adamaoua et pour chaque descente, les trois sites ciblés dans cette zone d'étude ont été investigués (un jour de capture aux filets et deux jours de sensibilisation de la population). Globalement, 15 missions de capture d'oiseaux ont été

effectuées dans le Plateau de l'Adamaoua, réparties en 05 pour chacun des sites investigués (prairie, savane et forêt) dans cette zone de transition forêt/savane.

Concrètement, les techniques utilisées pour capturer les oiseaux sur le terrain se résumaient en deux grandes étapes :

- **Installation des filets** : ici, la première des choses a été la recherche des supports (piquets) pour soutenir les filets et la deuxième chose était l'emplacement desdits filets. Ces filets pourvus de trois poches verticales ont été fixés sur les piquets et bien tendus par des ficelles (**Figure 8**). Ainsi, après l'installation de nos 08 filets, un lieu très éloigné de la zone de capture sur notre site d'étude a toujours été choisi et servant de base pour l'identification des oiseaux capturés ainsi que le prélèvement des tissus musculaires.



Figure 8 : filet japonais à poches verticales adapté pour la capture des oiseaux

- **Dégagement des oiseaux** : après l'installation des filets et le choix d'une base servant comme lieu de travail dans le site d'étude, des tournées ont été effectuées (toutes les 40

minutes) pour superviser les captures et dégager les oiseaux piégés dans nos filets. L'étape de dégagement des oiseaux a consisté à libérer d'abord les pattes des filets, puis progressivement les ailes et enfin la tête (**Figure 9**). Ainsi, les spécimens capturés ont été introduits dans des sacs en toile et transportés délicatement jusqu'au lieu d'identification.



Figure 9 : technique de dégagement des oiseaux des filets japonais à poches verticales : (A) libération des pattes du spécimen ; (B) libération des ailes et de la tête du spécimen

II.2.2. Identification, mensurations et investigation des habitats

Durant nos investigations dans le Plateau de l'Adamaoua, tous les spécimens ont été identifiés sur la base de leurs caractères morphologiques et de leur distribution géographique (Borrow et Demey, 2001, 2014) (**Figure 10A**). Toutefois, il faut noter que tous les spécimens identifiés étaient immédiatement relâchés dans la nature après prélèvement de tissus musculaires par le truchement d'une lame et d'une pince qui sont stérilisées au préalable (**Figure 10B**). Dès lors, les tissus prélevés ont été conservés dans des tubes Eppendorf contenant de l'alcool à 70 % (**Figure 10C**). En revanche, des plumes ont été également prélevées sur les spécimens capturés et conservées dans des emballages plastiques étiquetés.



Figure 10 : identification des oiseaux et prélèvement des tissus : (A) guide d'identification, (B) prélèvement de tissus musculaires, (C) conservation de tissus prélevés dans un tube Eppendorf

Pour compléter les critères de diagnoses morphologiques, des mensurations ont été effectuées sur certaines parties essentielles qui concourent à l'identification d'un oiseau ; et ceci par le truchement d'un pied à coulisse de marque ELG ayant une dimension de 150 mm (**Figure 11**). Parmi ces parties mesurées, on peut citer entre autres la taille du bec des oiseaux capturés, la longueur des ailes, la taille du tarse, la taille totale de l'oiseau, etc. Par ailleurs, les habitats de ces oiseaux étaient caractérisés (ou scrutés) au travers des observations et les principales menaces anthropiques sur la biodiversité particulièrement celles qui pèsent sur les oiseaux dans le Plateau de l'Adamaoua ont été systématiquement enregistrées.



Figure 11 : mensurations sur des taxons au travers d'un pied à coulisse (marque ELG)

II.2.3. Exploitation des données d'échantillonnage

II.2.3.1. Mesure de la diversité et distribution de l'avifaune

II.2.3.1.1. Richesse spécifique

La Richesse spécifique, en général notée **S** représente le nombre total ou moyen d'espèces recensées par unité de surface (Ramade, 1984).

II.2.3.1.2. Abondances absolue et relative

L'abondance représente l'importance numérique d'un taxon dans un peuplement. On distingue entre autres l'abondance absolue qui mesure la densité de la population de taxons dans son habitat, et l'abondance relative ou probabilité d'occurrence de taxons notée **pi** (Ramade, 1984).

Si dans un peuplement donné, **ni** est le nombre d'individus d'un taxon **i** et **N** le nombre total d'individus que comporte le peuplement, l'abondance relative est calculée par la formule suivante :

$$pi = \frac{ni}{N} \times 100$$

Dans le cadre de cette thèse, **ni** représente l'abondance absolue de taxons **i** au sein de l'échantillon, et **N** le nombre total d'individus de l'échantillon. Pour estimer cette valeur de l'abondance relative, les logiciels SAS v9.0 et EXCEL 2016 ont été utilisés.

II.2.3.1.3. Fréquence d'occurrence

La fréquence d'occurrence (**Fo %**) est le rapport entre **P** qui est le nombre de relevés contenant l'espèce étudiée, sur **R** qui est le nombre total de relevés effectués, multiplié par 100. Cette fréquence est déterminée par la formule suivante :

$$Fo = \frac{P * 100}{R}$$

Selon Dajoz (1985), lorsqu'on obtient une valeur de fréquence d'occurrence définie dans l'intervalle $75 \% \leq Fo < 100 \%$, il faut déduire que le taxon est constant dans le milieu ; mais, à 100% de fréquence d'occurrence, ce dernier est omniprésent. Par ailleurs, si la valeur se définit dans l'intervalle $50 \% \leq Fo < 75 \%$, on parle d'un taxon régulier dans le milieu. En revanche, le taxon est dit accessoire si la valeur obtenue rentre dans l'intervalle $25 \% \leq Fo < 50 \%$ tandis que dans l'intervalle $5 \% \leq Fo < 25 \%$, le taxon est dit accidentel dans le milieu. Enfin, on parle d'un taxon rare lorsque la valeur obtenue est inférieure à 5% , soit $Fo < 5 \%$.

II.2.3.1.4. Évaluation de différents indices de diversité

Dans le cadre de cette étude, les différents indices de diversité ont été estimés avec le logiciel PAST v3.12 et les valeurs de ces indices ont été analysées et lues par rapport à un intervalle de confiance de 95% .

II.2.3.1.4.1. Indice de diversité de Shannon-Weaver

L'indice de diversité de Shannon-Weaver est basé sur la théorie d'information et représente la mesure de la somme du degré d'incertitude lorsqu'on se propose de prédire à quel taxon appartiendrait un individu pris au hasard dans une capture de **S** taxa et **N** individus. Il est noté **H'** et présente une valeur qui tend vers **0** lorsqu'il n'y a pas de diversité au sein d'une communauté dans un milieu naturel ; par contre **H'** prend la valeur maximale **ln (S)** si plusieurs taxons sont représentés (Pearson et Rosenberg, 1978). En pratique, l'indice de Shannon-Weaver augmente lorsque le nombre des taxa croît, et théoriquement, il peut atteindre des valeurs élevées. Selon plusieurs auteurs (Ramade, 1984 ; Grall et Coïc, 2005) la valeur de **H'** varie de **0** à **ln (S)** et cet indice est déterminé par la relation ci-dessous. Dans la formule, **ni/N** représente la proportion d'individus de taxon **i** par rapport à l'échantillon **N** et **S** le nombre total des taxa.

$$H' = - \sum_{i=1}^S \left(\frac{ni}{N} \right) \times \ln \left(\frac{ni}{N} \right)$$

II.2.3.1.4.2. Indice de Simpson

L'indice de Simpson noté λ représente la proportion d'abondance de taxon i et permet d'estimer la diversité alpha d'une communauté donnée dans l'environnement (Pearson et Rosenberg, 1978). La valeur de cet indice est obtenue à travers la formule ci-dessous et dans cette formule de l'indice de Simpson, n_i indique le nombre d'individus de taxon i dans l'échantillon et N le nombre total d'individus de l'échantillon. En revanche, l'indice de diversité de Simpson est généralement lu par la valeur $D = 1 - \lambda$; par conséquent, le maximum de diversité est représenté par la valeur 1 et le minimum de diversité par la valeur 0 . Il est important de noter que la valeur de D augmente lorsque la diversité augmente.

$$\lambda = \sum_{i=1}^S \frac{n_i (n_i - 1)}{N (N - 1)}$$

II.2.3.1.4.3. Indice d'équitabilité de Pielou

L'indice d'équitabilité encore appelé régularité de distribution des taxons est un élément important de diversité. Il permet de mesurer l'équirépartition des taxons d'une communauté par rapport à une répartition théorique égale pour l'ensemble des taxons. Cet indice prend la valeur 0 lorsqu'il y a une suprématie d'un taxon et la valeur 1 dans le cas d'une distribution égale des taxons (Pearson et Rosenberg, 1978 ; Ramade, 1984 ; Grall et Coïc, 2005). Selon Blondel (1979), l'équirépartition correspond au rapport de la diversité observée (H') à la diversité maximale (H_{\max} ou $\ln(S)$) et est exprimée en bits. Il est déterminé par la formule ci-dessous :

$$J = \frac{H'}{\ln(S)}$$

II.2.3.1.5. Analyse de la distribution spatiale des taxons échantillonnés

La distribution spatiale, en écologie, désigne l'arrangement spatial des organismes vivant dans leur milieu naturel (Preston, 1948). En fonction de la structuration des habitats et des relations existant entre les organismes dans le milieu, la distribution spatiale peut être uniforme, aléatoire ou agrégée. Ainsi dans le cadre de cette étude, la fonction K de Ripley qui

définit les distances entre les points a été tracée pour déterminer le mode de répartition spatiale des taxons dans le Plateau de l'Adamaoua. Cette fonction K de Ripley est souvent transformée et notée L(d) ; elle est définie par la formule suivante :

$$L(d) = \sqrt{\frac{A \sum_{i=1}^N \sum_{j=1, j \neq i}^N k(i, j)}{\pi N(N-1)}}$$

Où A représente la surface, N le nombre des points, d la distance et k(i, j) la pondération.

Si les points sont distribués au hasard, la fonction K(d) représentant la densité moyenne des points en fonction de la distance d doit augmenter comme le carré de la distance. Par ailleurs, la fonction L(d) définie par la racine carrée de K(d) est proportionnelle à la distance ; et la différence L(d)-d doit être égale à zéro si les points sont distribués de manière aléatoire. Par contre, si les points sont groupés en agrégats, la différence L(d)-d est supérieure à zéro et la fonction montre des brisures entre les points (Ripley, 1979).

II.2.3.1.6. Analyse de la répartition biogéographique des taxons

Afin de tester la différence entre les distributions des taxons échantillonnés dans les différents sites investigués, une analyse de variance (ANOVA) à un facteur de variabilité a été effectuée. L'élément de variabilité testé dans le cadre de cette étude est la végétation étant donné que le Plateau de l'Adamaoua constitue une mosaïque complexe de forêt et de savane. En effet, les échantillons étaient collectés de manière indépendante c'est-à-dire les oiseaux des zones forestières d'une part, et ceux des zones savaniques d'autre part. Ainsi, l'hypothèse fondamentale (H_0) correspondrait au cas où les distributions suivent la loi normale tandis que l'hypothèse alternative (H_1) définirait une différence dans la distribution des taxons au sein de différents sites investigués (Hammer *et al.*, 2001). A la fin de cette analyse, le test F de Fisher était lu sur un intervalle de confiance de 95 %. En effet, l'hypothèse de base H_0 est rejetée, si la probabilité (p) obtenue est inférieure à la valeur seuil de 5 %. En revanche, le test F de Fisher est déterminé par la formule ci-contre :

$$F = \frac{CME}{CMR} = \frac{\frac{SCE}{k-1}}{\frac{SCR}{n-k}}$$

Dans la formule ci-dessus, **F** indique la loi de Fisher à **k-1** et **n-k** degré de liberté ; **CME** représente les carrés de moyennes expliquées, **CMR** les carrés de moyennes résiduelles, **SCE** la somme des carrés expliqués et **SCR** indique la somme des carrés résiduels. Dans le cadre de cette étude, cette analyse de variance était effectuée par le logiciel PAST v3.12.

En outre, le test de comparaison HSD de Tukey (1977) ainsi que son diagramme ont été réalisés par le même logiciel PAST v3.12 pour observer la répartition moyenne actuelle des populations d'oiseaux dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua (Preston, 1948).

II.2.3.1.7. Menaces anthropogéniques

Les menaces anthropiques renvoient aux activités humaines diverses qui impactent négativement la biodiversité dans un milieu ou une région donnée (Birdlife International, 2017, Kiros *et al.*, 2018). En effet, des observations par la méthode visuelle ont permis de recenser les actions néfastes à la biodiversité dans le Plateau de l'Adamaoua lors de nos investigations. Ainsi, l'impact de l'anthropisation dans le Plateau de l'Adamaoua a été évalué à travers une analyse modélisée des abondances des espèces identifiées dans cette zone de transition forêt/savane afin de prédire dans le temps, l'évolution des taxons d'oiseaux dans le milieu et ceci grâce au logiciel PAST v3.12 (Hammer *et al.*, 2001). Cette analyse prédictive a été évaluée par la fonction ci-dessous définie par Hammer *et al.* (2001).

$f(s) = \text{Log}(n)$ où **s** représente l'espèce identifiée et **n** l'abondance absolue de cette espèce.

II.2.3.2. Analyse de l'effort d'échantillonnage

L'estimation de l'effort d'échantillonnage a été évaluée dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua par le truchement du logiciel PAST v3.12. En effet, la représentation graphique du nombre d'espèces inventoriées dans les différents sites investigués en fonction des abondances a été déterminée par les courbes de raréfaction de Sounders. En général, les courbes de raréfaction évoluent toujours de manière croissante, même pour des inventaires très poussés dans les forêts tropicales, et cela rend la notion

d'aire minimale plus complexe à cause de l'apparition sans cesse des espèces dites rares ou accidentelles (Gillet, 2000 ; Omatoko *et al.*, 2015).

II.2.4. Études moléculaires

Une fois au laboratoire, les tissus musculaires prélevés sur le terrain ont été examinés à travers quatre étapes principales : l'extraction de l'ADN, l'amplification, la purification et le séquençage.

II.2.4.1. Extraction de l'ADN

Le protocole d'extraction de l'ADN utilisé dans le cadre de cette étude était celui basé sur le Cetyltriméthylammonium bromide (CTAB) (Winnepenninckx *et al.*, 1993). En effet, notre tampon d'extraction préchauffé à 60°C était composé de 2 % d'hexadecyltriméthylammonium bromide, 100 mM de TrisHCl (pH = 8), 20 mM d'EDTA, 1,4 M de NaCl, 0,2 % de β-mercaptoéthanol et 0,1 mg/mL de protéinase K.

Ainsi, dans un tube Eppendorf contenant 0,8 mL du tampon d'extraction, un tissu musculaire provenant de nos échantillons (0,4 g pour chaque échantillon) a été broyé en utilisant un scapel et une pince pendant 1 heure pour permettre la lyse enzymatique ainsi que la brisure des parois des cellules. Après le broyage, nous avons ajouté 0,8 mL de Chloroforme-Isoamyle alcool, mélangé la solution doucement en inversant le tube pendant 2 minutes, puis essorer pendant 10 minutes à 4°C à une vitesse maximale dans une centrifugeuse. Ensuite, la phase aqueuse était transvasée attentivement (couche blanche au-dessus de la solution) dans un autre tube Eppendorf propre. Dans ce tube contenant cette phase aqueuse, nous avons ajouté 1 µL de DNase et incubé pendant 30 minutes à 37°C. Par la suite, nous avons ajouté un volume de 0,6 mL d'une solution d'isopropanol, mélangé doucement en inversant le tube et puis nous avons laissé précipiter pendant 1 heure à -20°C. Enfin, le tube a été placé dans une centrifugeuse pendant 15 minutes à 4°C pour sédimenter l'ADN sous forme de culot. L'ADN obtenu a été rincé en ajoutant 500 µl d'éthanol à 70 %, puis séché à l'air. Ce culot séché était systématiquement repris dans un volume de Tris Borate Éthylène Diamine Tétra-Acétique (TBE) variant de 25 à 40 µl selon la taille du culot obtenu puis conservé à une température qui variait entre -15° et -30°C.

II.2.4.2. Amplification de l'ADN

L'ADN extrait a été amplifié par réaction de polymérisation en chaîne (PCR) (Mullis *et al.*, 1986 ; Saiki *et al.*, 1988) en utilisant les amorces nécessaires à l'amplification des marqueurs choisis dans le cadre de notre étude notamment le ND2, le ND3, l'ATPase6, l'intron2 de la Myoglobine et le Glycéraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase (GAPDH) (**Tableau VIII**).

Tableau VIII : différentes amorces utilisées lors de l'amplification des marqueurs mitochondriaux et nucléaires

Marqueurs	Noms des amorces	Séquences	Auteurs
ND2	L5219Met	5'TGR ATR GGV CTN AAY CAR AC 3'	Sorenson <i>et al.</i> (1999)
ND2	H6313Trp	5'GNG MGM GAT RAK GAG AAG GCT A 3'	Sorenson <i>et al.</i> (1999)
ND3	L10755	5'GAC TTC CAA TCT TTA AAA TCT GG 3'	Chesser (1999)
ND3	H11151	5'GAT TTG TTG AGC CGA AAT CAA C 3'	Chesser (1999)
ATPase6	A8PWL	5'CCT GAA CCT GAC CAT GAA C 3'	Eberhard et Bermingham (2004)
ATPase6	C03HMH	5'CAC ATA GTR GAC CCC AGC CCA TG 3'	Eberhard et Bermingham (2004)
MYO2	MYO2	5'GCC ACC AGG CAC AAG AAG ATC CC 3'	Slade <i>et al.</i> (1993)
MYO2	MYO2IntF	5'TRAGAC CCA TAA AAC TAA GTG 3'	Nguembock <i>et al.</i> (2007)
GAPDH	G3P14b	5'AAG TCC ACA ACA CGG TTG CTG TA 3'	Fjeldså <i>et al.</i> (2003)
GAPDH	G3PintL1	5'GAA CGA CCA TTT TGT CAA GCT GGT T 3'	Fjeldså <i>et al.</i> (2003)

En effet, nous avons réalisé l'amplification par PCR à travers une répétition de la phase d'élongation à partir des amorces ci-dessus et ceci grâce à une ADN-polymérase thermo-résistante (Taq polymérase). Ainsi, cette amplification a été effectuée à l'aide d'un Thermocycleur en respectant les trois étapes suivantes :

- la dénaturation à travers une augmentation de la température autour de 94° C et deux sous étapes ont été effectuées : une première dénaturation de 3 minutes à 94° C et une deuxième de 40 secondes à 94° C, et à la fin de cette phase de dénaturation nous avons obtenu un ADN simple brin ;

- l'hybridation des amorces qui a été effectuée à une température optimale variant de 52° C à 58° C avec un temps constant de 30 secondes ;

- l'élongation du brin complémentaire qui a également été effectuée à une température de 72° C mais en deux temps : un premier temps qui a duré 50 secondes et un deuxième de 5 minutes.

II.2.4.3. Purification de l'ADN

Les produits PCR obtenus ont été purifiés en utilisant le kit de purification « QiaQuick PCR purification kit » et le « Kit Montage PCR Millipore ». Le principe consistait à arrêter les fragments d'ADN amplifiés par une membrane qui a joué le rôle de filtre. Ainsi, l'ADN purifié a été par la suite dosé grâce à un spectrophotomètre avant d'être séquencé.

II.2.4.4. Séquençage de l'ADN

Les produits purifiés ont donc été séquencés et le principe du séquençage utilisé dans le cadre de notre étude a été celui de Sanger *et al.* (1977) qui repose sur l'arrêt aléatoire de l'élongation du brin complémentaire d'ADN par l'enzyme polymérase en fonction de l'ajout des didéoxynucléotides triphosphates (ddNTPs) et chaque séquence était lue dans les deux sens. Selon cette méthode de Sanger *et al.* (1977), l'un des deux brins (le brin sens) issus de l'amplification s'hybride en présence d'une amorce spécifique et pour la simplicité du schéma, nous avons pris une amorce de cinq (05) paires de bases. Le mélange réactionnel contenait outre les tampons et l'ADN-polymérase, des déoxynucléotides triphosphates (dNTP, dA-, dC-, dG-, dT-TP) et des didéoxynucléotides triphosphates (ddNTP, ddA-, ddC-, ddG-, ddT-TP). Ainsi, l'incorporation aléatoire d'un ddNTP à la place d'un dNTP ne permet plus la polymérisation par l'ADN-polymérase et l'extension s'arrête. À la fin de la réaction de la séquence effectuée par des cycles thermiques identiques à ceux de la PCR (PCR asymétrique, car une seule amorce était utilisée au lieu de deux), nous avons obtenu des fragments de tailles différentes. Ces fragments ont été soumis à la migration dans un champ électrique (une électrophorèse capillaire) ; et chaque ddNTP étant marqué par un fluorophore différent, un signal lumineux spécifique de la base didéoxy incorporée apparaît. Les fragments étant de tailles différentes et la résolution allant jusqu'à une base de différence, il faut simplement recueillir ce signal et en déduire la séquence. Ainsi, les signaux lumineux ont été analysés par un logiciel spécifique et le résultat de l'analyse était lu sous forme d'un électrophorégramme. En revanche, des logiciels d'interprétation des séquences ont également été utilisés. Par ailleurs, toute réaction de séquence d'un fragment d'ADN a systématiquement été effectuée sur le brin sens et le brin anti sens pour confirmer le résultat.

II.2.5. Alignement des séquences et préparation des matrices

Toutes les séquences obtenues ont été alignées grâce aux logiciels d'alignement de séquences Sequencher v3.1 (Gene Codes, 1998) et BioEdit v7.0.5.3 (Hall, 1999 ; Hall, 2001) (**Figure 12**). Ainsi, les séquences des loci du génome mitochondrial ont été alignées dans un contig général constituant la matrice principale avec les deux logiciels d'alignement. Durant ces alignements, aucune insertion, ni délétion et même de codon stop n'ont été détectés dans le cadre de lecture, suggérant ainsi que les séquences étaient d'origine mitochondriale et non des pseudo-gènes nucléaires (Sorenson et Quinn, 1998 ; Nguembock, 2008).

Toutefois, les séquences des loci du génome nucléaire ont été alignées dans un contig général constituant la matrice principale avec le logiciel d'alignement Sequencher puis exportées dans le logiciel d'alignement BioEdit où elles étaient manuellement mieux alignées ; mais la lecture de ces alignements se trouve très souvent briser par la présence d'insertions et de délétions.

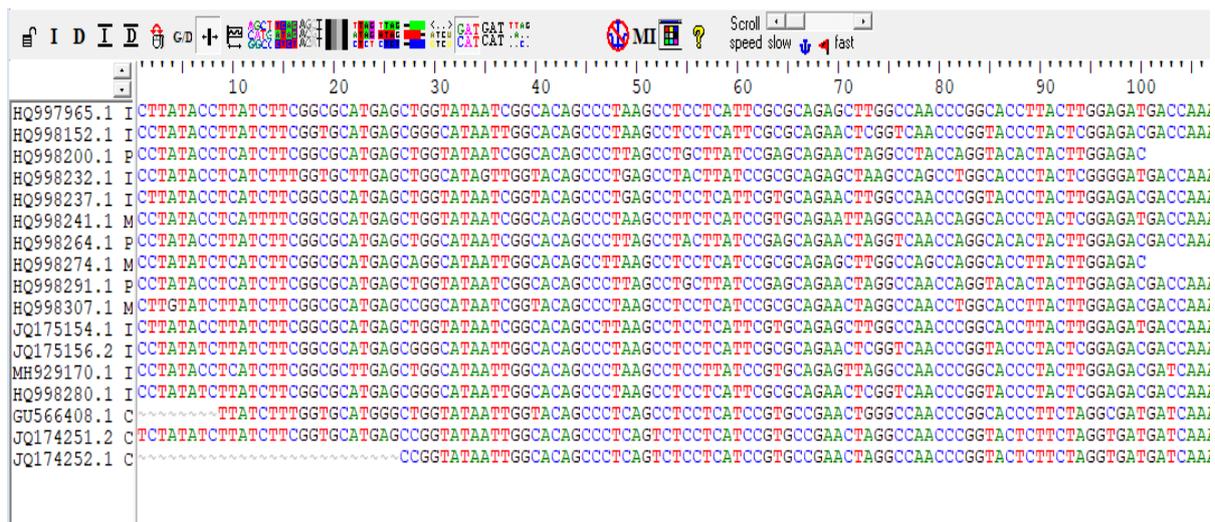


Figure 12 : alignement des séquences d'ADN par usage du logiciel BioEdit

II.2.6. Analyses phylogénétiques proprement dites

II.2.6.1. Analyses séparées

Dans le présent travail, le logiciel MEGA X v10.2.4 a été utilisé pour les analyses phylogénétiques (Kumar *et al.*, 2018). Ainsi, les méthodes phénétiques entre autres le « Neighbor-Joining » (NJ) et le « Unweighted Pair Group Method using Averages » (UPGMA) ont systématiquement été utilisées pour avoir une première idée sur les relations de

parenté à travers les différents jeux de données. Sinon, la méthode probabiliste (le Maximum de Vraisemblance) a principalement été utilisée pour inférer les relations phylogénétiques. Toutes ces méthodes de reconstruction d'arbres ont été conduites séparément pour chaque jeu de données et les gaps (insertions et délétions) étaient traités comme des données manquantes.

II.2.6.2. Analyses combinées

Pour effectuer ce type d'analyses, on a fait appel à une méthode probabiliste qui utilise un modèle d'évolution indépendant pour chaque partition (Nylander *et al.*, 2004 ; Nguembock, 2008). En effet, ces analyses combinées ont été donc effectuées par la méthode de Maximum de vraisemblance dans le cadre de cette thèse.

II.2.6.3. Évaluation des distances génétiques

La distance génétique (**d**) entre deux séquences est une fonction du temps et de la vitesse d'évolution λ de deux séquences (Nei et Kumar, 2000). L'unité de la distance génétique est le nombre total de substitutions par site et rapportée à la longueur des deux séquences alignées ; et toutefois, les positions comportant des gaps étaient systématiquement éliminées. La distance génétique mesure la dissimilarité entre les séquences. Elle prend toujours des valeurs supérieures ou égales à zéro : $d \in [0 ; \infty [$ (Nei et Kumar, 2000). Cette distance génétique est exprimée par la formule ci-dessus.

$$d = \frac{\text{nombre de substitutions}}{\text{nombre de sites considérés}}$$

La distance consiste à compter le nombre de nucléotides différents entre deux séquences, mais cela ne renseigne pas sur la vraie estimation des mutations en un site donné au cours du temps. Il faut donc apporter des « corrections » aux valeurs de ces mesures : on parle alors de « distance corrigée ». Les méthodes de correction basées sur l'hypothèse de régularité du processus évolutif sont nombreuses, mais elles présentent quelques traits de différences entre autres la variation de la fréquence des nucléotides, le type de substitution, la probabilité de substitution, etc. (Nuel et Prum, 2007). Celles utilisées dans le cadre de cette étude étaient :

- **la méthode de Jukes – Cantor** : elle suppose que les quatre nucléotides ont les mêmes fréquences ($p(A) = p(C) = p(G) = p(T)$) et leurs substitutions équiprobables c'est-à-dire la probabilité α de transition et la probabilité β de transversion sont égales ($\alpha = \beta$).

$$d_{ij} = -\frac{3}{4} \ln \left(1 - \frac{4}{3} D \right)$$

Où **D** représente la distance observée et calculée à partir de l'alignement. Elle exprime le nombre des nucléotides différents entre les séquences **i** et **j** ou le pourcentage de différences entre ces séquences.

- **la méthode de Tajima - Nei** : ici les fréquences des nucléotides ne sont pas égales comme dans le modèle de Jukes – Cantor ($p(A) \neq p(C) \neq p(G) \neq p(T)$) ; mais les transitions et les transversions sont équivalentes ($\alpha = \beta$). La distance **d_{ij}** est corrigée selon la formule ci-dessous.

$$d_{ij} = -B \ln \left(1 - \frac{D}{B} \right)$$

Le paramètre **B** dépend de la nature des bases qui composent les séquences, $B = 1 - \sum q_i^2$ et **q_i** étant la somme des fréquences des nucléotides ($pA^2 + pC^2 + pG^2 + pT^2$).

- **le modèle de Kimura à deux paramètres** : dans ce modèle, les paramètres α et β sont différents ($\alpha \neq \beta$) ; les transitions et les transversions ne sont pas équivalentes en termes de proportions. Les transitions étant plus nombreuses, on a donc la formule suivante.

$$d_{ij} = -\frac{1}{2} \ln(1 - 2P - Q) + \frac{1}{4} \ln(1 - 2Q)$$

Où **P** représente la fréquence des transitions et **Q** celle des transversions

II.2.6.4. Congruence des jeux de données et robustesse des nœuds

Pour déterminer si les jeux de données étaient congruents ou non, une comparaison des arbres obtenus avec les différentes méthodes utilisées a été effectuée. Autrement dit, les topologies ainsi que les supports aux nœuds étaient systématiquement comparés. Sinon, se référant aux valeurs de bootstrap, les critères pour les nœuds valides étaient fixés à plus de 50 % pour les méthodes phénétiques utilisées et à plus de 70 % concernant les méthodes

probabilistes (Felsenstein, 1985 ; Tamura et Nei, 1993 ; Nguembock, 2008 ; Kumar *et al.*, 2018).

CHAPITRE III :
RÉSULTATS ET DISCUSSION



Oriolus auratus Vieillot, 1817

III.1. Résultats

III.1.1. Diversité et distribution des oiseaux dans le Plateau de l'Adamaoua

L'étude menée dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua a permis d'échantillonner 205 spécimens d'oiseaux dont 186 ont été effectivement capturés puis identifiés. Ces 186 spécimens identifiés ont été répartis dans 28 familles, 45 genres et 61 espèces (**Figure 13**). Par observation visuelle, nous avons échantillonné 19 individus qui seraient répartis dans 6 espèces entre autres *Crinifer piscator*, *Corvus albus*, *Lamprotornis chloropterus*, *Lamprotornis purpureus*, *Buphagus africanus* et *Necrosyrtes monachus*.

III.1.1.1. Richesse spécifique observée dans le Plateau de l'Adamaoua

Statistiquement, 61 espèces ont été identifiées dans le Plateau de l'Adamaoua de manière générale. Cependant, dans les différents habitats investigués dans cette zone de transition forêt/savane, on a observé une répartition statistique différente de ces 61 espèces identifiées. Ainsi, 06 espèces ont été identifiées dans les zones de prairie tandis que 33 et 35 espèces ont été recensées dans les zones de savane et de forêt respectivement (**Tableau IX**).

Tableau IX : richesse spécifique observée dans les différents sites investigués dans le Plateau de l'Adamaoua

Espèces identifiées	Prairie	Savane	Forêt
<i>Accipiter badius</i> (Gmelin, 1788)		✓	
<i>Agapornis</i> sp.		✓	
<i>Amandava subflava</i> (Vieillot, 1819)	✓		
<i>Anthus cervinus</i> (Pallas, 1811)		✓	
<i>Anthus</i> sp.		✓	
<i>Atimastillas flavicollis</i> (Swainson, 1837)			✓
<i>Batis orientalis</i> (Heuglin, 1871)		✓	
<i>Cinnyricinclus leucogaster</i> (Boddaert, 1783)			✓
<i>Cinnyris chloropigiuis</i> (Jardine, 1842)			✓
<i>Cinnyris</i> sp.		✓	
<i>Cinnyris venustus</i> (Shaw, 1799)		✓	
<i>Colius striatus</i> Gmelin, 1789	✓	✓	✓
<i>Coracina pectoralis</i> (Jardine et Selby, 1828)			✓
<i>Cossypha albicapilla</i> (Vieillot, 1818)			✓
<i>Cossypha niveicapilla</i> Lafresnaye, 1838		✓	✓
<i>Crithagra mozambica</i> Müller, 1776			✓
<i>Cyanomitra obscura</i> (Jardine, 1843)			✓
<i>Dendropicos goertae</i> Müller, 1776		✓	
<i>Estrilda nonnula</i> Hartlaub, 1883		✓	
<i>Euplectes gierowii</i> Cabanis, 1880		✓	
<i>Euplectes hordeaceus</i> Linnaeus, 1758		✓	
<i>Euplectes macroura</i> Gmelin, 1789	✓		
<i>Eurillas virens</i> Cassin, 1857			✓
<i>Euschistospiza dybowskii</i> (Oustalet, 1892)			✓
<i>Falco vespertinus</i> Linnaeus, 1766			✓
<i>Ficedula hypoleuca</i> Pallas, 1764		✓	✓
<i>Halcyon malimbica</i> Shaw, 1812			✓
<i>Indicator minor</i> Stephens, 1815			✓
<i>Ispidina picta</i> Boddaert, 1783		✓	✓
<i>Lagonosticta sanguinodorsalis</i> Payne, 1998		✓	
<i>Laniarius aethiopicus</i> Gmelin, 1789		✓	
<i>Laniarius leucorhynchus</i> Hartlaub, 1848			✓
<i>Laniarius poensis</i> Alexander, 1903			✓
<i>Lybius dubius</i> Gmelin, 1788		✓	
<i>Macrosphenus concolor</i> Hartlaub, 1857			✓
<i>Melaenornis pallidus</i> (von Müller, 1851)		✓	
<i>Merops bulocki</i> Vieillot, 1817			✓
<i>Muscicapa aquatica</i> Heuglin, 1864			✓
<i>Oriolus auratus</i> Vieillot, 1817			✓
<i>Ploceus baglafecht</i> Daudin, 1802		✓	
<i>Ploceus cucullatus</i> Müller, 1776		✓	
<i>Ploceus intermedius</i> Rüppell, 1845		✓	
<i>Ploceus nigricollis</i> Vieillot, 1805		✓	
<i>Ploceus</i> sp.		✓	
<i>Pogoniulus bilineatus</i> Sundevall, 1850			✓
<i>Pogoniulus chrysoconus</i> Temminck, 1832		✓	✓
<i>Pycnonotus barbatus</i> Desfontaines, 1789	✓	✓	✓
<i>Pyrrhurus scandens</i> Swainson, 1837			✓
<i>Pytilia hypogrammica</i> Sharpe, 1870			✓
<i>Smithornis capensis</i> (Smith, 1839)			✓
<i>Streptopelia capicola</i> Sundevall, 1857		✓	
<i>Streptopelia semitorquata</i> Rüppell, 1837			✓
<i>Sylvietta brachyura</i> Lafresnaye, 1839			✓
<i>Tchagra senegalus</i> Linnaeus, 1766		✓	
<i>Terpsiphone viridis</i> Müller, 1776			✓
<i>Turdoides plebejus</i> Cretschmar, 1828		✓	
<i>Turdoides reinwardtii</i> Swainson, 1831		✓	✓
<i>Turdus pelios</i> Bonaparte, 1850	✓	✓	✓
<i>Turtur afer</i> Linnaeus, 1766	✓	✓	✓
<i>Turtur tympanistria</i> Temminck, 1809			✓
<i>Zosterops senegalensis</i> Bonaparte, 1850		✓	
Totaux	06	33	35

III.1.1.2. Abondances de l'avifaune de la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua

III.1.1.2.1. Abondances des familles inventoriées

Au total, 28 familles ont été identifiées lors de nos investigations dans le Plateau de l'Adamaoua ; de ces 28 familles, 19 représentaient l'ordre des Passeriformes avec une abondance relative d'environ 67,86 %, contre 9 familles seulement, soit 32,14 % de non passeriformes. Ainsi, la famille la plus abondante était celle des Pycnonotidae avec 36 individus capturés, soit 19,25 % de l'échantillon. Cette famille était suivie par trois autres, en l'occurrence les Columbidae, les Turdidae et les Muscicapidae avec respectivement 10,74 %, 10,21 % et 9,68 % comme abondances relatives (**Tableau X**).

Tableau X : abondances des familles d'oiseaux échantillonnés dans le Plateau de l'Adamaoua

Ordres	Familles	Abondances absolues	Abondances relatives (%)
Accipitriformes	Accipitridae	1	0,54
Coliiformes	Coliidae	8	4,3
Columbiformes	Columbidae	20	10,74
Coraciiformes	Alcedinidae	8	4,3
	Meropidae	1	0,54
Falconiformes	Falconidae	1	0,54
Passeriformes	Campephagidae	1	0,54
	Estrildidae	5	2,69
	Eurylaimidae	2	1,08
	Fringillidae	1	0,54
	Indicatoridae	2	1,08
	Leiothrichidae	8	4,3
	Macrosphenidae	3	1,61
	Malaconotidae	10	5,37
	Monarchidae	2	1,08
	Motacillidae	2	1,08
	Muscicapidae	18	9,68
	Nectariniidae	5	2,69
	Oriolidae	1	0,54
	Platysteiridae	6	3,22
	Ploceidae	16	8,60
	Pycnonotidae	36	19,25
	Sturnidae	1	0,54
	Turdidae	19	10,21
	Zosteropidae	1	0,54
Piciformes	Lybiidae	6	3,22
	Picidae	1	0,54
Psittaciformes	Psittacidae	1	0,54
Totaux	28	186	100

Toutefois, les Estrildidae constituaient la famille ayant le plus grand nombre de taxons avec 05 genres et 05 espèces ; elle est suivie par la famille des Pycnonotidae avec 04 genres et 04 espèces identifiés. Mais il est important de noter que la famille des Ploceidae était celle qui présentait le plus grand nombre d'espèces, soit 8 espèces pour seulement 2 genres identifiés (Tableau XI et Figure 13).

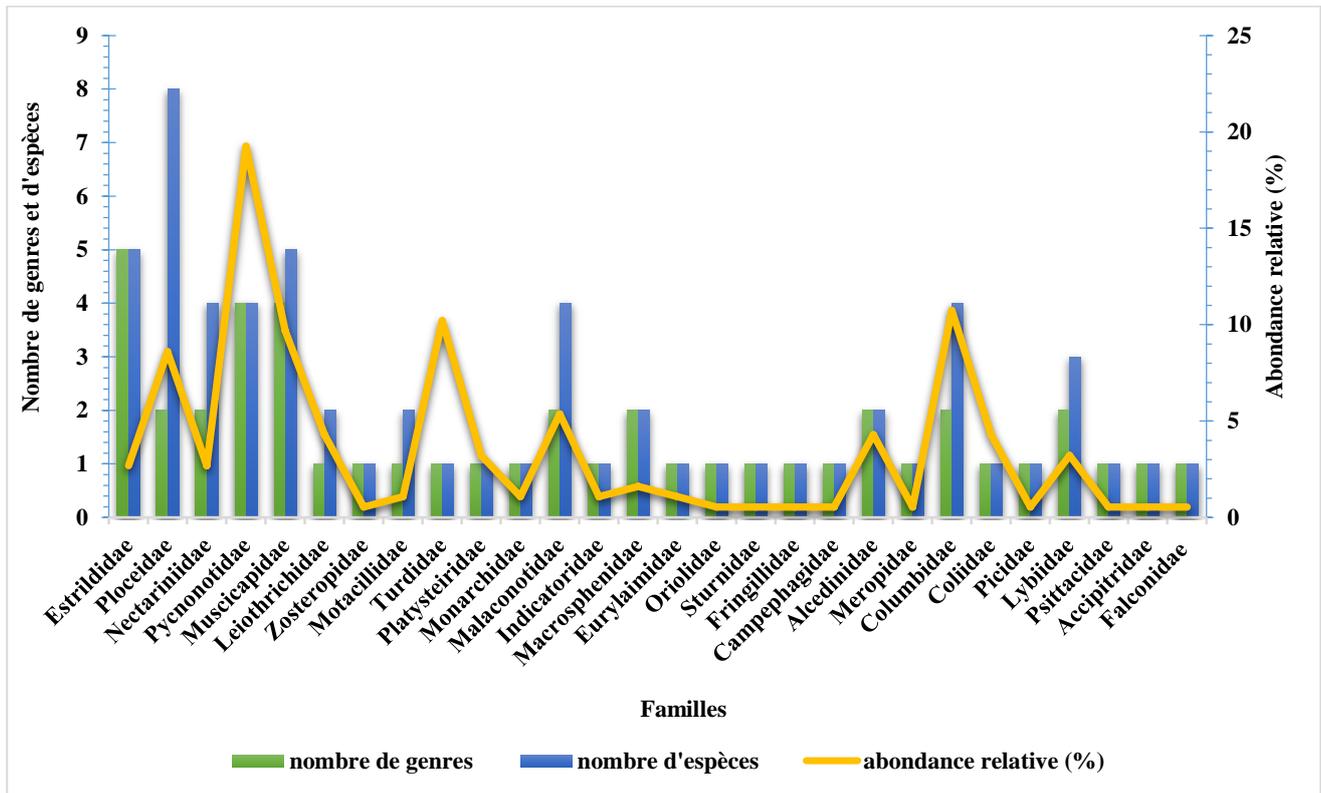


Figure 13 : diagramme représentatif du nombre de genres et d'espèces ainsi que la courbe exprimant les abondances relatives au sein des familles inventoriées

Tableau XI : nombre d'espèces identifiées au sein des ordres et des familles inventoriés dans le Plateau de l'Adamaoua

Ordres	Familles	Espèces identifiées
Accipitriformes	Accipitridae	<i>Accipiter badius</i> (Gmelin, 1788)
Coliiformes	Coliidae	<i>Colius striatus</i> Gmelin, 1789
Columbiformes	Columbidae	<i>Streptopelia capicola</i> Sundevall, 1857 <i>Streptopelia semitorquata</i> Rüppell, 1837 <i>Turtur afer</i> Linnaeus, 1766 <i>Turtur tympanistria</i> Temminck, 1809
Coraciiformes	Alcedinidae	<i>Halcyon malimbica</i> Shaw, 1812 <i>Ispidina picta</i> Boddaert, 1783
	Meropidae	<i>Merops bulocki</i> Vieillot, 1817
Falconiformes	Falconidae	<i>Falco vespertinus</i> Linnaeus, 1766
Passeriformes	Campephagidae	<i>Coracina pectoralis</i> (Jardine et Selby, 1828)
	Estrildidae	<i>Amandava subflava</i> (Vieillot, 1819) <i>Estrilda nonnulla</i> Hartlaub, 1883 <i>Euschistospiza dybowskii</i> (Oustalet, 1892) <i>Lagonosticta sanguinodorsalis</i> Payne, 1998 <i>Pytilia hypogrammica</i> Sharpe, 1870
	Eurylaimidae	<i>Smithornis capensis</i> (Smith, 1839)
	Fringillidae	<i>Crithagra mozambica</i> Müller, 1776
	Indicatoridae	<i>Indicator minor</i> Stephens, 1815
	Leiothrichidae	<i>Turdoides plebejus</i> Cretzschmar, 1828 <i>Turdoides reinwardtii</i> Swainson, 1831
	Macrosphenidae	<i>Macrosphenus concolor</i> Hartlaub, 1857 <i>Sylvietta brachyura</i> Lafresnaye, 1839
	Malaconotidae	<i>Laniarius aethiopicus</i> Gmelin, 1789 <i>Laniarius leucorhynchus</i> Hartlaub, 1848 <i>Laniarius poensis</i> Alexander, 1903 <i>Tchagra senegalus</i> Linnaeus, 1766
	Monarchidae	<i>Terpsiphone viridis</i> Müller, 1776
	Motacillidae	<i>Anthus cervinus</i> (Pallas, 1811) <i>Anthus</i> sp.
	Muscicapidae	<i>Cossypha albicapilla</i> (Vieillot, 1818) <i>Cossypha niveicapilla</i> Lafresnaye, 1838 <i>Ficedula hypoleuca</i> Pallas, 1764 <i>Melaenornis pallidus</i> (von Müller, 1851) <i>Muscicapa aquatica</i> Heuglin, 1864
	Nectariniidae	<i>Cinnyris chloropigius</i> (Jardine, 1842) <i>Cinnyris</i> sp. <i>Cinnyris venustus</i> (Shaw, 1799) <i>Cyanomitra obscura</i> (Jardine, 1843)
	Oriolidae	<i>Oriolus auratus</i> Vieillot, 1817
	Platysteiridae	<i>Batis orientalis</i> (Heuglin, 1871)
	Ploceidae	<i>Euplectes gierowii</i> Cabanis, 1880 <i>Euplectes hordeaceus</i> Linnaeus, 1758 <i>Euplectes macroura</i> Gmelin, 1789 <i>Ploceus baglafecht</i> Daudin, 1802 <i>Ploceus cucullatus</i> Müller, 1776 <i>Ploceus intermedius</i> Rüppell, 1845 <i>Ploceus nigricollis</i> Vieillot, 1805 <i>Ploceus</i> sp.
	Pycnonotidae	<i>Atimastillas flavicollis</i> (Swainson, 1837) <i>Eurillas virens</i> Cassin, 1857 <i>Pycnonotus barbatus</i> Desfontaines, 1789 <i>Pyrrhurus scandens</i> Swainson, 1837
	Sturnidae	<i>Cinnyricinclus leucogaster</i> (Boddaert, 1783)
	Turdidae	<i>Turdus pelios</i> Bonaparte, 1850
	Zosteropidae	<i>Zosterops senegalensis</i> Bonaparte, 1850
Piciformes	Lybiidae	<i>Lybius dubius</i> Gmelin, 1788 <i>Pogoniulus bilineatus</i> Sundevall, 1850 <i>Pogoniulus chrysoconus</i> Temminck, 1832
	Picidae	<i>Dendropicops goertae</i> Müller, 1776
Psittaciformes	Psittacidae	<i>Agapornis</i> sp.

III.1.1.2.2. Abondances génériques des taxons capturés dans le Plateau de l'Adamaoua

L'inventaire de l'avifaune dans le Plateau de l'Adamaoua nous a permis d'identifier 45 genres dont le plus abondant était le genre *Pycnonotus* avec 31 spécimens sur les 186 capturés, soit 16,67 %. En observant les valeurs des abondances mises en évidence dans cette zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua, ce genre *Pycnonotus* était suivi par les genres *Turdus*, *Turtur* et *Cossypha* avec respectivement chacun 19 (10,22 %), 18 (9,68 %) et 12 (6,45 %) individus (**Tableau XII**). Il est important de souligner que la plupart des genres inventoriés présentait une valeur d'abondance relative égale à 0,54 %, soit 1 seul individu capturé durant l'échantillonnage. En revanche, le genre le plus représenté, en termes d'espèces, était le genre *Ploceus* avec 5 espèces identifiées en son sein. Ce genre était suivi par trois autres notamment les genres *Euplectes*, *Laniarius* et *Cinnyris* avec 3 espèces chacun (**Tableau XII**).

Tableau XII : abondances génériques et nombre d'espèces identifiées au sein de chaque genre inventorié dans le Plateau de l'Adamaoua

Genres	Abondances absolues	Abondances relatives (%)	Nombre d'espèces
<i>Accipiter</i>	1	0,54	1
<i>Agapornis</i>	1	0,54	1
<i>Amandava</i>	1	0,54	1
<i>Anthus</i>	2	1,07	2
<i>Atimastillas</i>	2	1,07	1
<i>Batis</i>	6	3,22	1
<i>Cinnyricinthus</i>	1	0,54	1
<i>Cinnyris</i>	4	2,15	3
<i>Colius</i>	8	4,3	1
<i>Coracina</i>	1	0,54	1
<i>Cossypha</i>	12	6,45	2
<i>Crithagra</i>	1	0,54	1
<i>Cyanomitra</i>	1	0,54	1
<i>Dendropicos</i>	1	0,54	1
<i>Estrilda</i>	1	0,54	1
<i>Euplectes</i>	5	2,69	3
<i>Eurillas</i>	2	1,07	1
<i>Eushistospiza</i>	1	0,54	1
<i>Falco</i>	1	0,54	1
<i>Ficedula</i>	4	2,15	1
<i>Halcyon</i>	2	1,07	1
<i>Indicator</i>	2	1,07	1
<i>Ispidina</i>	6	3,22	1
<i>Lagonosticta</i>	1	0,54	1
<i>Laniarius</i>	8	4,3	3
<i>Lybius</i>	1	0,54	1
<i>Macrosphenus</i>	2	1,07	1
<i>Melaenornis</i>	1	0,54	1
<i>Merops</i>	1	0,54	1
<i>Muscicapa</i>	1	0,54	1
<i>Oriolus</i>	1	0,54	1
<i>Ploceus</i>	11	5,91	5
<i>Pogoniulus</i>	5	2,69	2
<i>Pycnonotus</i>	31	16,67	1
<i>Pyrhurus</i>	1	0,54	1
<i>Pytilia</i>	1	0,54	1
<i>Smithornis</i>	2	1,07	1
<i>Streptopelia</i>	2	1,07	2
<i>Sylvietta</i>	1	0,54	1
<i>Tchagra</i>	2	1,07	1
<i>Terpsiphone</i>	2	1,07	1
<i>Turdoides</i>	8	4,3	2
<i>Turdus</i>	19	10,22	1
<i>Turtur</i>	18	9,68	2
<i>Zosterops</i>	1	0,54	1
Totaux	186	100	61

III.1.1.2.3. Abondances des espèces échantillonnées dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua

Globalement, la majeure partie des 61 espèces identifiées dans le Plateau de l'Adamaoua a présenté une valeur d'abondance relative égale à 0,52 %, soit 1 individu dans l'échantillon obtenu. Toutefois, le taxon le plus abondant dans cette zone d'étude était l'espèce *Pycnonotus barbatus* avec 16,67 %, soit 31 spécimens capturés ; et ce taxon était suivi par l'espèce *Turdus pelios* avec une abondance relative de 10,21 %, soit 19 individus. Après ces deux taxons, on peut lister également les espèces comme *Turtur afer*, *Cossypha niveicapilla* et *Colius striatus* ayant respectivement pour abondance relative 6,45 %, 4,84 % et 4,30 % (**Tableau XIII** et **Figure 14**).



A

Pycnonotus barbatus Desfontaines, 1789



B

Turdus pelios Bonaparte, 1850



C

Turtur afer Linnaeus, 1766



D

Cossypha niveicapilla Lafresnaye, 1838



E

Colius striatus Gmelin, 1789

Figure 14 : taxons abondamment inventoriés dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua : (A) *P. barbatus*, (B) *T. pelios*, (C) *T. afer*, (D) *C. niveicapilla*, (E) *C. striatus*

Tableau XIII : abondances des espèces capturées dans les différents sites investigués dans le Plateau de l'Adamaoua

Espèces	Prairie	Savane	Forêt	Totaux	Abondances relatives (%)
<i>Accipiter badius</i> (Gmelin, 1788)	0	1	0	1	0,52
<i>Agapornis</i> sp.	0	1	0	1	0,52
<i>Amandava subflava</i> (Vieillot, 1819)	1	0	0	1	0,52
<i>Anthus cervinus</i> (Pallas, 1811)	0	1	0	1	0,52
<i>Anthus</i> sp.	0	1	0	1	0,52
<i>Atimastillas flavicollis</i> (Swainson, 1837)	0	0	2	2	1,07
<i>Batis orientalis</i> (Heuglin, 1871)	0	6	0	6	3,22
<i>Cinnyricinclus leucogaster</i> (Boddaert, 1783)	0	0	1	1	0,52
<i>Cinnyris chloropigius</i> (Jardine, 1842)	0	0	2	2	1,07
<i>Cinnyris</i> sp.	0	1	0	1	0,52
<i>Cinnyris venustus</i> (Shaw, 1799)	0	1	0	1	0,52
<i>Colius striatus</i> Gmelin, 1789	1	3	4	8	4,30
<i>Coracina pectoralis</i> (Jardine et Selby, 1828)	0	0	1	1	0,52
<i>Cossypha albicapilla</i> (Vieillot, 1818)	0	0	3	3	1,61
<i>Cossypha niveicapilla</i> Lafresnaye, 1838	0	3	6	9	4,84
<i>Crithagra mozambica</i> Müller, 1776	0	0	1	1	0,52
<i>Cyanomitra obscura</i> (Jardine, 1843)	0	0	1	1	0,52
<i>Dendropicos goertae</i> Müller, 1776	0	1	0	1	0,52
<i>Estrilda nonnula</i> Hartlaub, 1883	0	1	0	1	0,52
<i>Euplectes gierowii</i> Cabanis, 1880	0	2	0	2	1,07
<i>Euplectes hordeaceus</i> Linnaeus, 1758	0	1	0	1	0,52
<i>Euplectes macroura</i> Gmelin, 1789	2	0	0	2	1,07
<i>Eurillas virens</i> Cassin, 1857	0	0	2	2	1,07
<i>Euschistospiza dybowskii</i> (Oustalet, 1892)	0	0	1	1	0,52
<i>Falco vespertinus</i> Linnaeus, 1766	0	0	1	1	0,52
<i>Ficedula hypoleuca</i> Pallas, 1764	0	2	2	4	2,15
<i>Halcyon malimbica</i> Shaw, 1812	0	0	2	2	1,07
<i>Indicator minor</i> Stephens, 1815	0	0	2	2	1,07
<i>Ispidina picta</i> Boddaert, 1783	0	2	4	6	3,22
<i>Lagonosticta sanguinodorsalis</i> Payne, 1998	0	1	0	1	0,52
<i>Laniarius aethiopicus</i> Gmelin, 1789	0	5	0	5	2,69
<i>Laniarius leucorhynchus</i> Hartlaub, 1848	0	0	2	2	1,07
<i>Laniarius poensis</i> Alexander, 1903	0	0	1	1	0,52
<i>Lybius dubius</i> Gmelin, 1788	0	1	0	1	0,52
<i>Macrosphenus concolor</i> Hartlaub, 1857	0	0	2	2	1,07
<i>Melaenornis pallidus</i> (von Müller, 1851)	0	1	0	1	0,52
<i>Merops bulocki</i> Vieillot, 1817	0	0	1	1	0,52
<i>Muscicapa aquatica</i> Heuglin, 1864	0	0	1	1	0,52
<i>Oriolus auratus</i> Vieillot, 1817	0	0	1	1	0,52
<i>Ploceus baglafecht</i> Daudin, 1802	0	1	0	1	0,52
<i>Ploceus cucullatus</i> Müller, 1776	0	2	0	2	1,07
<i>Ploceus intermedius</i> Rüppell, 1845	0	1	0	1	0,52
<i>Ploceus nigricollis</i> Vieillot, 1805	0	1	0	1	0,52
<i>Ploceus</i> sp.	0	6	0	6	3,22
<i>Pogoniulus bilineatus</i> Sundevall, 1850	0	0	1	1	0,52
<i>Pogoniulus chrysoconus</i> Temminck, 1832	0	1	3	4	2,15
<i>Pycnonotus barbatus</i> Desfontaines, 1789	12	17	2	31	16,67
<i>Pyrrhurus scandens</i> Swainson, 1837	0	0	1	1	0,52
<i>Pytilia hypogrammica</i> Sharpe, 1870	0	0	1	1	0,52
<i>Smithornis capensis</i> (Smith, 1839)	0	0	2	2	1,07
<i>Streptopelia capicola</i> Sundevall, 1857	0	1	0	1	0,52
<i>Streptopelia semitorquata</i> Rüppell, 1837	0	0	1	1	0,52
<i>Sylvietta brachyura</i> Lafresnaye, 1839	0	0	1	1	0,52
<i>Tchagra senegalus</i> Linnaeus, 1766	0	2	0	2	1,07
<i>Terpsiphone viridis</i> Müller, 1776	0	0	2	2	1,07
<i>Turdoides plebejus</i> Cretzschmar, 1828	0	3	0	3	1,61
<i>Turdoides reinwardtii</i> Swainson, 1831	0	2	3	5	2,69
<i>Turdus pelios</i> Bonaparte, 1850	8	8	3	19	10,21
<i>Turtur afer</i> Linnaeus, 1766	6	4	2	12	6,45
<i>Turtur tympanistris</i> Temminck, 1809	0	0	6	6	3,22
<i>Zosterops senegalensis</i> Bonaparte, 1850	0	1	0	1	0,52
Totaux	30	85	71	186	100
Abondances relatives par site en %	16,13	45,70	38,17	100	

Au niveau des différents sites investigués dans le Plateau de l'Adamaoua, l'espèce *Pycnonotus barbatus* était la plus abondante dans les zones de prairie (12 spécimens) et de savane (17 spécimens). Dans la zone savanicole ce taxon était suivi par deux autres en termes d'abondance, il s'agit des espèces *Turdus pelios* et *Batis orientalis* avec respectivement 8 et 6 individus (**Tableau XIII**). Par ailleurs, nous avons noté dans nos résultats, une richesse spécifique de 6 avec une valeur d'abondance relative égale à 16,13 % (30 individus capturés) au niveau de la prairie. En revanche, cette richesse spécifique était de 33 dans la zone savanicole avec une abondance relative de 45,70 %, soit 85 individus capturés dans cette zone tandis que dans la zone forestière, la richesse spécifique était de 35 avec 71 individus capturés, soit 38,17 % du nombre total d'individus échantillonnés (**Tableau XIV**).

Tableau XIV : abondance et richesse spécifique obtenues dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua

	Sites investigués			Totaux
	Prairie	Savane	Forêt	
Richesse spécifique	6	33	35	-
Abondance absolue	30	85	71	186
Abondance relative (%)	16,13	45,70	38,17	100

III.1.1.3. Fréquences d'occurrence des espèces capturées dans la zone du Plateau de l'Adamaoua

De manière générale, les valeurs des fréquences d'apparition des taxons inventoriés dans le Plateau de l'Adamaoua ont varié de 6,67 % à 66,67 % (**Tableau XV**). En effet, trois espèces ont régulièrement été rencontrées dans cette zone de transition forêt/savane selon les valeurs des fréquences d'occurrence ; il s'agit de *Pycnonotus barbatus* avec 66,67 % comme fréquence d'apparition, *Turdus pelios* et *Turtur afer* avec respectivement 60 % et 53,33 % des fréquences d'occurrence (**Tableau XV**). Toutefois, plusieurs taxons ont été accessoirement observés dans cette zone de transition : on peut citer d'une part, l'espèce *Cossypha niveicapilla* avec 46,67 % de fréquence d'occurrence, et d'autre part, les espèces ayant présentées la même valeur de fréquences d'apparition de 26,67 % notamment *Ficedula hypoleuca*, *Turdoides reinwardtii*, *Ispidina picta* et *Colius striatus* (**Tableau XV**).

Tableau XV : abondances absolues et fréquences d'occurrence des espèces inventoriées dans le Plateau de l'Adamaoua

Espèces	Abondances absolues	Nombre de capture en 15 missions	Fréquences d'occurrence	Appréciation
<i>Accipiter badius</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Agapornis</i> sp.	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Amandava subflava</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Anthus cervinus</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Anthus</i> sp.	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Atimastillas flavicollis</i>	2	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Batis orientalis</i>	6	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Cinnyricinclus leucogaster</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Cinnyris chloropigiuis</i>	2	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Cinnyris</i> sp.	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Cinnyris venustus</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Colius striatus</i>	8	4	26,67 %	Accessoire
<i>Coracina pectoralis</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Cossypha albicapilla</i>	3	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Cossypha niveicapilla</i>	9	7	46,67 %	Accessoire
<i>Crithagra mozambica</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Cyanomitra obscura</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Dendropicos goertae</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Estrilda nonnula</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Euplectes gierowii</i>	2	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Euplectes hordeaceus</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Euplectes macroura</i>	2	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Eurillas virens</i>	2	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Euschistospiza dybowskii</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Falco vespertinus</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Ficedula hypoleuca</i>	4	4	26,67 %	Accidentelle
<i>Halcyon malimbica</i>	2	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Indicator minor</i>	2	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Ispidina picta</i>	6	4	26,67 %	Accessoire
<i>Lagonosticta sanguinodorsalis</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Laniarius aethiopicus</i>	5	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Laniarius leucorhynchus</i>	2	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Laniarius poensis</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Lybius dubius</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Macrosphenus concolor</i>	2	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Melaenornis pallidus</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Merops bulocki</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Muscicapa aquatica</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Oriolus auratus</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Ploceus baglafecht</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Ploceus cucullatus</i>	2	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Ploceus intermedius</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Ploceus nigricollis</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Ploceus</i> sp.	6	3	20 %	Accidentelle
<i>Pogoniulus bilineatus</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Pogoniulus chrysoconus</i>	4	3	20 %	Accidentelle
<i>Pycnonotus barbatus</i>	31	10	66,67 %	Régulière
<i>Pyrrhurus scandens</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Pytilia hypogrammica</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Smithornis capensis</i>	2	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Streptopelia capicola</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Streptopelia semitorquata</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Sylvietta brachyura</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle
<i>Tchagra senegalus</i>	2	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Terpsiphone viridis</i>	2	2	13,33 %	Accidentelle
<i>Turdoides plebejus</i>	3	3	20 %	Accidentelle
<i>Turdoides reinwardtii</i>	5	4	26,67 %	Accessoire
<i>Turdus pelios</i>	19	9	60 %	Régulière
<i>Turtur afer</i>	12	8	53,33 %	Régulière
<i>Turtur tympanistria</i>	6	3	20 %	Accidentelle
<i>Zosterops senegalensis</i>	1	1	6,67 %	Accidentelle

III.1.1.4. Indices de diversité obtenus dans les différents sites d'échantillonnage

Les indices de diversité obtenus dans cette étude ont donné des valeurs positives dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua. Ainsi, l'indice de Shannon a donné une valeur de 3,38 dans le milieu forestier, 3,05 dans le site savanicole et 1,44 dans la prairie. Comparativement, la valeur de l'indice de Shannon obtenue en forêt est plus grande que celle obtenue en savane et qui, à son tour est supérieure à celle obtenue au niveau de la prairie. Il convient de noter que toutes ces valeurs de l'indice de Shannon se rapprochent de leurs valeurs maximales dans les différents sites investigués dans cette zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua (**Tableau XVI**). En revanche, l'indice de Simpson a donné des valeurs significatives dans les différents sites (0,72 en zone de prairie, 0,93 pour le site savanicole et 0,96 concernant le milieu forestier) au niveau du Plateau de l'Adamaoua. D'un autre côté, l'indice d'équitabilité de Pielou, quant à lui, a également donné des valeurs significatives dont 0,95 dans le site forestier, 0,87 en milieu savanicole et 0,81 au niveau de la prairie (**Tableau XVI**).

Tableau XVI : indices de diversité des oiseaux inventoriés ainsi que la richesse spécifique dans les différents sites investigués dans le Plateau de l'Adamaoua

Indices	Prairie	Savane	Forêt
Nombre d'individus	30	85	71
Richesse spécifique (S)	6	33	35
Simpson (1- λ)	0,72	0,93	0,96
Shannon (H')	1,44	3,05	3,38
$\ln(S) = H_{\max}$	1,79	3,50	3,56
Équitabilité de Pielou (J')	0,81	0,87	0,95

III.1.1.5. Distribution spatiale des taxons dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua

L'analyse de la distribution spatiale a montré un rassemblement en agrégats des points représentant les taxons échantillonnés (**Figure 15A**) ; ainsi, en observant la courbe qui indique l'évolution spatiale de la fonction K de Ripley, on remarque des brisures entre les points représentant les taxons dans l'espace (**Figure 15B**).

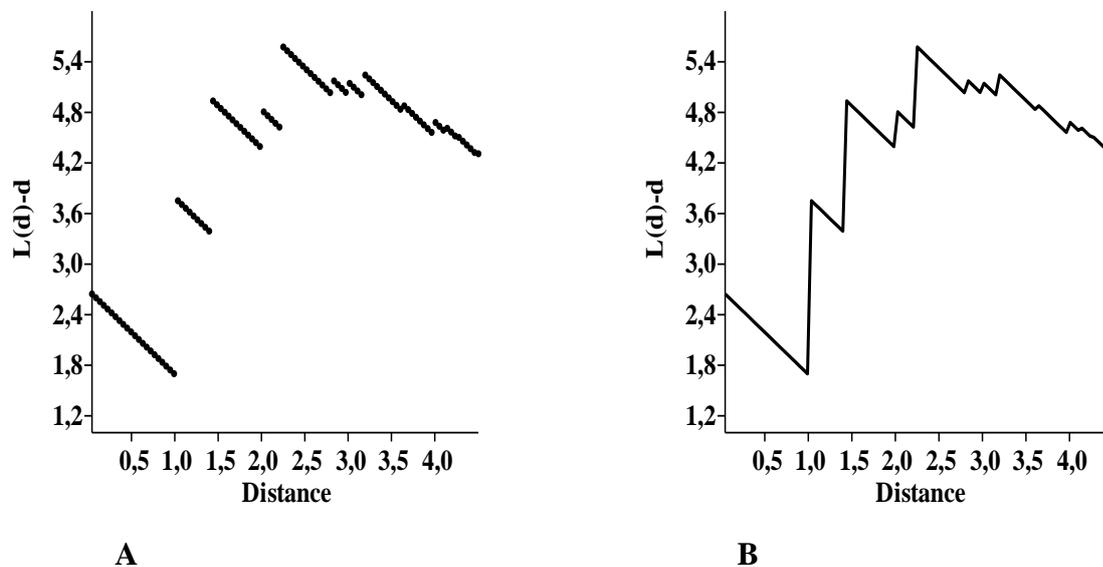


Figure 15 : distribution spatiale des oiseaux inventoriés dans le Plateau de l'Adamaoua : (A) distribution des points représentant les taxons dans l'espace et (B) évolution de la fonction K de Ripley définissant le type de distribution spatiale

III.1.1.6. Répartition biogéographique des taxons dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua

L'analyse de la variance (ANOVA) effectuée a donné des valeurs de probabilité significatives ; ainsi, le test F de Fisher a donné une valeur de probabilité de 0,04 qui est inférieure au seuil de probabilité conventionnelle de 0,05 (**Tableau XVII**). Cette valeur de probabilité indique qu'il y a une dissimilarité concernant la répartition des taxons dans les différents sites investigués. Par ailleurs, le test HSD de Tukey a donné une faible probabilité de ressemblance concernant les distributions des taxons entre la prairie et la savane ($p = 0,04$) ; il en est de même pour les répartitions des taxons entre la prairie et la forêt avec une probabilité de 0,16 (voir triangle supérieur du **Tableau XVIII**). Par contre, entre la savane et la forêt on a obtenu une valeur significative de 0,86 (voir triangle supérieur du **Tableau XVIII**). Dans cette même veine, les écarts moyens observés entre les distributions des taxons dans les différents sites investigués étaient les suivants : 3,34 entre la prairie et la savane, 2,59 entre la prairie et la forêt et 0,74 entre la savane et la forêt (triangle inférieur du **Tableau XVIII**).

Tableau XVII : analyse de la distribution biogéographique des taxons dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua (test ANOVA)

	Somme des carrés	Degré de liberté	Moyenne des carrés	Valeur F de Fisher	Probabilité
Entre les sites	26,36	2	13,18	3,07	0,04
Au sein des sites	772,59	180	4,29		
Totaux	798,95	182			
Test de Levene	0,10				

Tableau XVIII : valeurs des probabilités et des écarts moyens obtenus par le test de comparaison HSD de Tukey entre les différents habitats investigués (le triangle supérieur représente les valeurs de probabilité de ressemblance entre les distributions des taxons dans les différents habitats et le triangle inférieur les écarts moyens entre ces habitats)

	Prairie	Savane	Forêt
Prairie		0,04	0,16
Savane	3,34		0,86
Forêt	2,59	0,74	

Dans cette même veine des analyses sur la distribution des taxons, les boîtes à moustaches ont montré des modèles de distribution dissymétrique des taxons aussi bien dans les milieux savanicoles que dans les milieux forestiers au niveau du Plateau de l'Adamaoua. Ainsi, les valeurs médianes s'écartent des valeurs moyennes dans les différents sites investigués dans cette zone de transition (**Figure 16**).

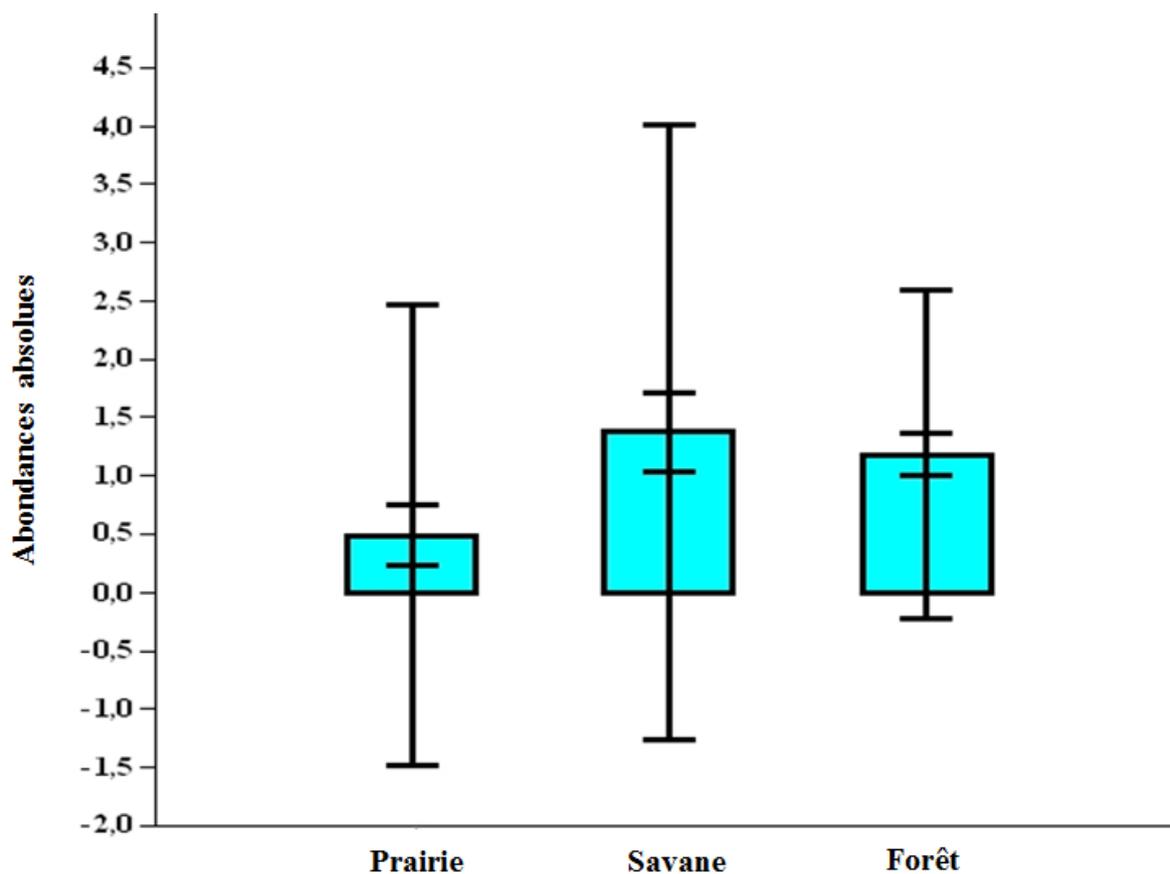


Figure 16 : boîtes à moustaches montrant les modèles de distribution des oiseaux dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua

III.1.1.7. Menaces anthropogéniques et leurs impacts

Nos observations sur le terrain ont permis de noter plusieurs menaces qui pèsent sur la biodiversité en général mais en particulier celles qui impactent la diversité des oiseaux. Ainsi, il ressort que les activités anthropiques constituent les principales menaces avec notamment le déboisement forestier par les villageois aussi bien à travers la coupe de bois que le feu de brousse pour développer l'espace cultivable (**Figure 17**). De plus, l'usage régulier de pesticides pour lutter contre les insectes ravageurs de cultures constitue également une menace pour la biodiversité mais particulièrement pour les oiseaux qui utilisent la végétation comme ressource principale (alimentaire, abris, reproduction, etc.). Sinon, pour des besoins culturels et alimentaires, de poisons mortels mélangés aux grains ou à la viande sont utilisés dans cette région pour appâter les oiseaux afin de les abattre. Nous avons également observé des menaces anthropogéniques telles que le surpâturage et le braconnage qui sont réguliers dans le Plateau de l'Adamaoua pendant la période sèche. Par ailleurs, nous avons aussi noté

une destruction massive de la forêt causée par la construction de certaines infrastructures routières, les exploitations illégales de bois et de ressources minières, etc.

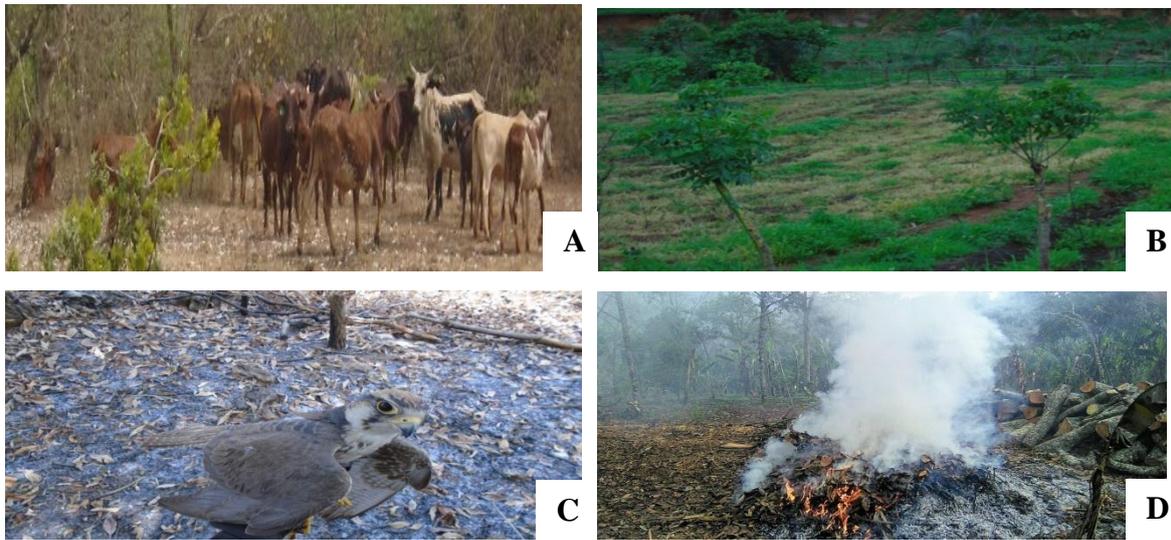


Figure 17 : quelques exemples d'activités anthropogéniques observées au niveau du Plateau de l'Adamaoua : (A) surpâturage, (B) pesticides, (C) feux de brousse, (D) déboisement

En revanche, l'analyse modelée au travers de la fonction logarithmique des abondances d'espèces identifiées dans le Plateau de l'Adamaoua a donné une courbe décroissante évoluant dans le sens négatif du plan d'un repère (**Figure 18**). Toutefois nous avons également observé que, le logarithme de l'abondance de plusieurs taxons capturés dans cette zone de transition forêt/savane est nul (**Figure 18**). Parmi ces taxons, on peut citer entre autres : *Amandava subflava*, *Euschistospiza dybowskii*, *Estrilda nonnula*, *Lagonosticta sanguinodorsalis*, *Pytilia hypogrammica*, *Euplectes hordeaceus*, *Ploceus nigricollis*, *Ploceus intermedius*, *Cinnyris venustus*, *Cyanomitra obscura*, *Pyrrhurus scandens*, *Melaenornis pallidus*, *Muscicapa aquatica*, *Zosterops senegalensis*, etc. (**Tableau XV**). Ces taxons ont représenté environ 52,46 % de l'échantillon, soit 32 des 61 espèces identifiées dans le Plateau de l'Adamaoua. Les espèces dont le logarithme de l'abondance était supérieur à zéro, représentaient seulement 47,54 % de l'échantillon (**Tableau XV**).

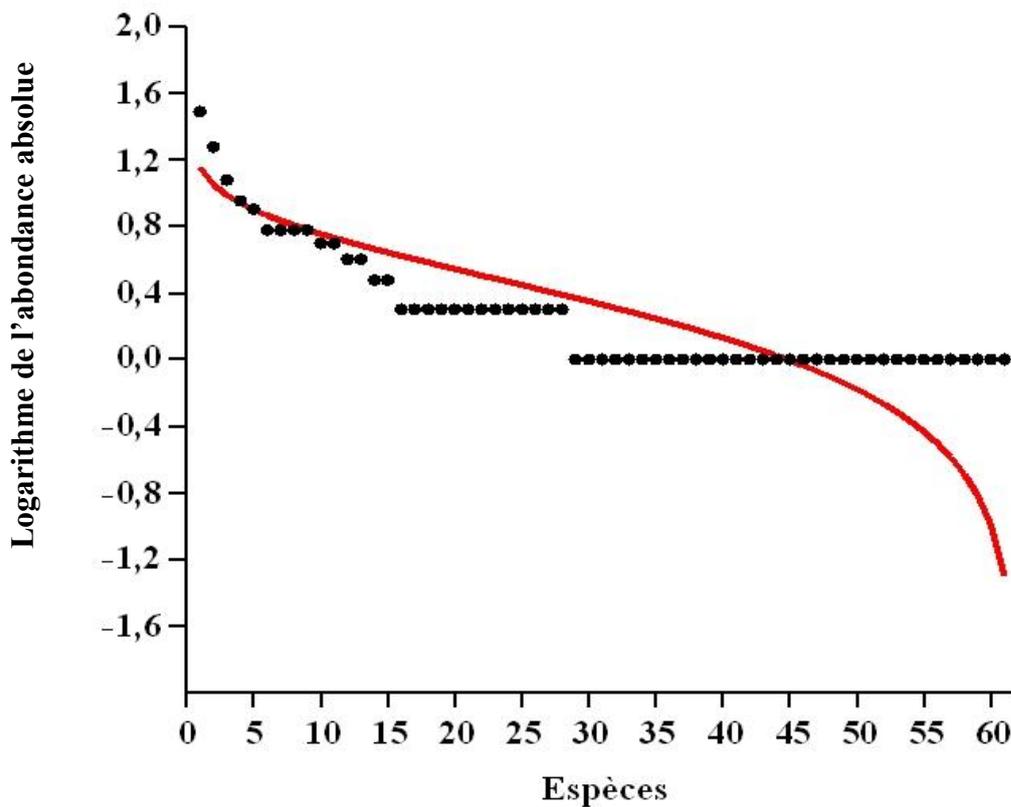


Figure 18 : prédiction de l'évolution des taxons dans l'environnement au niveau du Plateau de l'Adamaoua

III.1.1.8. Examen des courbes de raréfaction

Globalement, l'élaboration des courbes de raréfaction des espèces en fonction de la taille de l'échantillon obtenue a montré que le niveau maximal de la diversité du milieu n'est pas encore atteint dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua (**Figure 19**). Toutefois, la courbe estimant l'effort d'échantillonnage dans la prairie avec 30 individus et 06 espèces semble atteindre son niveau maximal asymptotique contrairement aux zones savanicole et forestière où les courbes semblent encore évoluer vers leurs niveaux maximaux asymptotiques malgré leurs 32 et 36 espèces échantillonnées, respectivement (**Figure 19** et **Annexe 5**).

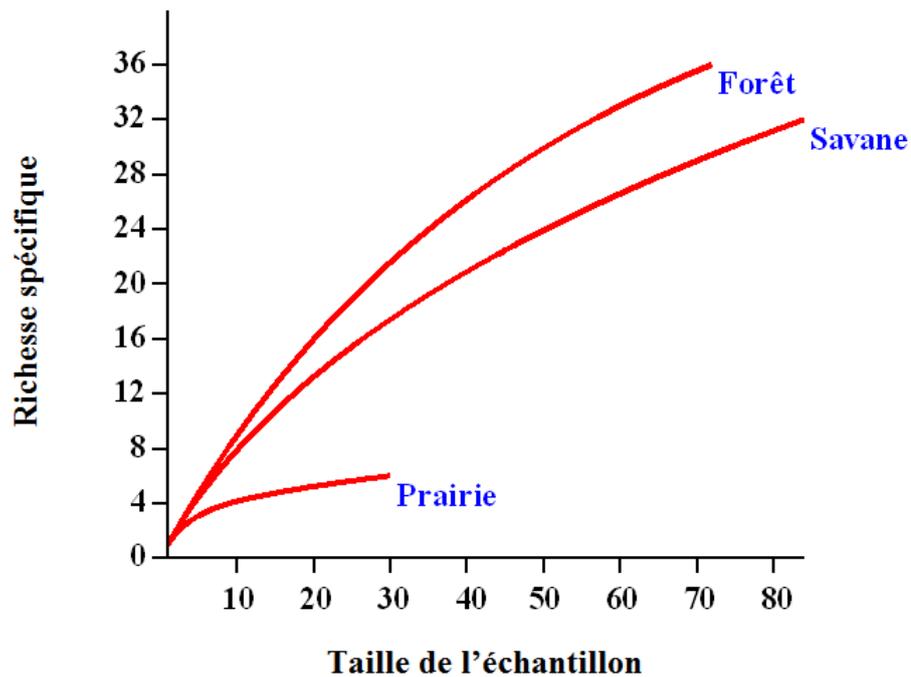


Figure 19 : courbes de raréfaction exprimant la richesse spécifique en fonction de la taille de l'échantillon pour chaque site investigué dans le Plateau de l'Adamaoua

III.1.1.9. Description morphologique et mensurations du taxon *Lagonosticta sanguinodorsalis*

Un spécimen de *Lagonosticta sanguinodorsalis* a été capturé lors de nos investigations dans le Plateau de l'Adamaoua et au vu de l'importance liée à l'aire de distribution de ce taxon, nous avons effectué quelques mensurations sur certaines parties essentielles permettant d'identifier ce dernier. Toutefois, d'autres critères de diagnose morphologique de ce spécimen ont été également mis en évidence. Ainsi, ce spécimen capturé au niveau du Plateau de l'Adamaoua a présenté une taille de 10,14 cm (allant de la rectrice jusqu'à l'extrémité terminale du bec) avec un plumage multicoloré (gris, rouge, noir et brun) et aussi des taches blanches au niveau des flancs (**Figure 20**).



Figure 20 : morphologie du spécimen capturé et identifié dans le Plateau de l'Adamaoua au Cameroun

Ce spécimen capturé dans le Plateau de l'Adamaoua a un bec bleu-gris, cône, dur et long de 10,7 mm ; de plus, entre les yeux et la base du bec de ce taxon, on observe de lores de couleur rouge claire et éclatante (**Figure 21A**). On a également observé un plumage brunâtre sur le dos et les couvertures alaires supérieures et médianes. Partant de la gorge de ce taxon jusqu'au niveau de la partie supérieure de l'abdomen, on note un plumage rouge-grisâtre tandis que la couronne de la tête ainsi que la face de cet animal montraient un plumage gris brillant (**Figure 21B**). Ce taxon a un anneau de couleur grise brillante autour des yeux et un iris de couleur noire-brunâtre (**Figure 21D**) ; nous avons également noté au niveau des flancs de ce spécimen plusieurs taches blanches sur le plumage (**Figure 21C**). Au niveau du postérieur de ce spécimen, partant du croupion à la partie supérieure de la rectrice, nous avons noté un plumage de couleur rouge vive ; et la rectrice elle-même, longue de 46,5 mm, présentait une coloration noire en escalier (**Figure 21E**). Les pattes de cet oiseau étaient grises foncées avec des tarses mesurant 11,8 mm de long et une disposition anisodactyle des doigts (**Figure 21F**).



Figure 21 : critères de diagnose permettant d'identifier le spécimen de *L. sanguinodorsalis* capturé au niveau du Plateau de l'Adamaoua [bec (A), tête et face (B), flanc (C), yeux (D), couple croupion/rectrice (E) et pattes (F)]

III.1.1.10. Quelques espèces migrantes inter-éozones échantillonnées dans le Plateau de l'Adamaoua

Dans nos résultats issus de données d'échantillonnage obtenues dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua, de nombreux taxons d'oiseaux migrants intra et inter continentaux ont été mis en évidence. Ainsi, plusieurs espèces migratrices du paléarctique entre autres *Anthus cervinus* (Motacillidae), *Ficedula hypoleuca* (Muscicapidae) et *Falco vespertinus* (Falconidae) ont été capturées et identifiées dans le Plateau de l'Adamaoua (**Figure 22**). Des migrants intra-africains ont été également capturés dans cette zone de transition forêt/savane en l'occurrence *Ispidina picta* (Alcedinidae) (**Figure 23**).



Anthus cervinus (Pollas, 1811)



Ficedula hypoleuca Pollas, 1764



Falco vespertinus Linnaeus, 1766

Figure 22 : oiseaux migrateurs inter-continentaux capturés dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua : (A) *Anthus cervinus*, (B) *Ficedula hypoleuca*, (C) *Falco vespertinus*



Ispidina picta Boddaert, 1783

Figure 23 : espèce migratrice intra-africaine capturée dans le Plateau de l'Adamaoua

III.1.2. Analyses phylogénétiques de la famille des Ploceidae

Afin d'inférer certaines relations de parenté au sein de la famille des Ploceidae, plusieurs analyses phylogénétiques ont été effectuées en s'appuyant d'abord sur les analyses séparées avec des gènes mitochondriaux et nucléaires (**Tableau XIX**), et ensuite les analyses combinées des marqueurs mitochondriaux.

Tableau XIX : noms des taxons (Gill et Donsker 2020), localité de spécimens, identité de l'échantillon et numéro d'accès GenBank des séquences d'ADN utilisées dans cette étude (**le signe – dans le tableau signifie absence**)

Espèce	Localité	Institution	Identité de l'échantillon	Numéro d'accès GenBank				
				ND2	ND3	ATPase6	Myo2	GAPDH
Groupe interne								
<i>Amblyospiza albifrons</i>	South Africa	GenBank	-	MT050801	KY131553	AM710256	-	-
<i>Anaplectes rubriceps</i>	-	GenBank	-	KY120890	KY131554	-	-	-
<i>Bubalornis albirostris</i>	UMMZ	GenBank	A415	AF407035	-	-	-	-
<i>Dinemellia dinemelli</i>	-	GenBank	-	GU816840	KY131556	KY008423	-	-
<i>Euplectes ardens</i>	Cameroon	-	Y10	-	-	-	-	-
<i>Euplectes ardens</i>	Cameroon	-	Y11	-	-	-	-	-
<i>Euplectes ardens</i>	Cameroon	-	U65	-	-	-	-	-
<i>Euplectes ardens</i>	-	GenBank	-	-	KY131559	AM710264	-	-
<i>Euplectes orix</i>	South Africa	GenBank	-	AM709962	-	AM710284	-	-
<i>Euplectes franciscanus</i>	-	GenBank	-	KY120899	KY131562	AM710273	-	-
<i>Euplectes afer</i>	South Africa	GenBank	-	AM709936	-	-	-	-
<i>Euplectes gierowii</i>	-	GenBank	-	AM709952	-	-	-	-
<i>Euplectes hordeaceus</i>	Kenya	GenBank	-	-	-	AM710277	-	-
<i>Foudia sechellarum</i>	Seychelles	GenBank	-	AM709967	JN411217	AM710290	-	-
<i>Foudia madagascariensis</i>	Seychelles	GenBank	-	AM709966	JN411222	KY008425	-	-
<i>Malimbus malimbicus</i>	RCA	GenBank	-	MT050818	KY131572	KY008428	-	-
<i>Malimbus nitens</i>	-	GenBank	-	KY120911	KY131573	-	-	-
<i>Malimbus cassini</i>	-	GenBank	-	-	KY131571	-	-	-
<i>Malimbus cassini</i>	Cameroon	-	Y7	-	-	-	-	-
<i>Malimbus racheliae</i>	-	GenBank	-	KY120912	-	-	-	-
<i>Malimbus rubricollis</i>	-	GenBank	-	KY120913	KY131575	-	-	-
<i>Ploceus bannermani</i>	Cameroon	-	Y14	-	-	-	-	-
<i>Ploceus bannermani</i>	Cameroon	-	U63	-	-	-	-	-
<i>Ploceus cucullatus</i>	Cameroon	-	Y4	-	-	-	-	-
<i>Ploceus cucullatus</i>	Cameroon	-	Y9	-	-	-	-	-
<i>Ploceus cucullatus</i>	-	GenBank	-	-	KY131589	KY008434	-	-
<i>Ploceus intermedius</i>	Cameroon	-	Y8	-	-	-	-	-
<i>Ploceus nigricollis</i>	Cameroon	-	Y12	-	-	-	-	-
<i>Ploceus nigerrimus</i>	Cameroon	-	U66	-	-	-	-	-
<i>Ploceus nigerrimus</i>	Cameroon	-	Y3	-	-	-	-	-
<i>Ploceus alienus</i>	Cameroon	-	Y16	-	-	-	-	-
<i>Ploceus alienus</i>	Cameroon	-	Y17	-	-	-	-	-
<i>Ploceus alienus</i>	Cameroon	-	Y18	-	-	-	-	-
<i>Ploceus alienus</i>	Cameroon	-	Y33	-	-	-	-	-
<i>Ploceus alienus</i>	Cameroon	-	Y19	-	-	-	-	-
<i>Ploceus melanogaster</i>	Cameroon	-	Y5	-	-	-	-	-
<i>Ploceus melanogaster</i>	Cameroon	-	Y6	-	-	-	-	-
<i>Ploceus ocularis</i>	Cameroon	-	Y2	-	-	-	-	-
<i>Ploceus ocularis</i>	Cameroon	-	U62	-	-	-	-	-
<i>Ploceus bertrandi</i>	Cameroon	-	Y27	-	-	-	-	-
<i>Ploceus melanogaster</i>	-	GenBank	-	-	KY131593	-	-	-
<i>Ploceus olivaceiceps</i>	Cameroon	-	Y31	-	-	-	-	-
<i>Ploceus olivaceiceps</i>	Cameroon	-	Y34	-	-	-	-	-
<i>Ploceus olivaceiceps</i>	-	GenBank	-	KY120936	KY131598	-	-	-
<i>Ploceus bicolor</i>	-	GenBank	-	AF447302	JN411232	KY008432	-	-
<i>Ploceus megarhynchus</i>	ZFMK	GenBank	-	KJ455582	-	-	-	-
<i>Ploceus taeniopterus</i>	Kenya	GenBank	-	-	AM709929	AM710293	-	-
<i>Ploceus philippinus</i>	Singapore	GenBank	-	MT050823	-	JN411176	-	-
<i>Ploceus manyar</i>	-	GenBank	-	KJ455581	-	JN411177	-	-
<i>Ploceus insignis</i>	-	GenBank	-	KY120929	KY131591	KY008435	-	-
<i>Ploceus melanocephalus</i>	Kenya	GenBank	-	-	AM709928	AM710292	-	-
<i>Ploceus luteolus</i>	-	GenBank	-	-	KY131592	-	-	-
<i>Ploceus pelzelni</i>	-	GenBank	-	-	KY131599	-	-	-
<i>Ploceus pelzelni</i>	Cameroon	-	Y13	-	-	-	-	-
<i>Quelea erythrops</i>	-	GenBank	-	KY120949	-	KY008445	-	-
<i>Quelea quelea</i>	-	GenBank	-	KC759286	KY131613	AM710295	-	-
<i>Quelea cardinalis</i>	Kenya	GenBank	-	AM709971	AM709930	AM710294	-	-
<i>Sporopipe frontalis</i>	UMMZ	GenBank	-	AF407034	KY131614	KY008446	-	-
<i>Sporopipes squamifrons</i>	-	GenBank	-	KY120952	KY131615	-	-	-
Groupe externe								
<i>Apalis thoracica</i>	-	GenBank	W3	-	-	-	-	-
<i>Arachnothera longirostra</i>	-	GenBank	W1	-	-	-	-	-
<i>Arachnothera longirostra</i>	-	GenBank	W2	-	-	-	-	-
<i>Cyanomitra obscura</i>	-	GenBank	X51	-	-	-	-	-
<i>Linurgus olivaceus</i>	ZMUC	GenBank	-	JN715462	EU881024	EU880998	-	-
<i>Loxia curvirostra</i>	MNHN	GenBank	-	GU816852	EU881013	EU880947	-	-

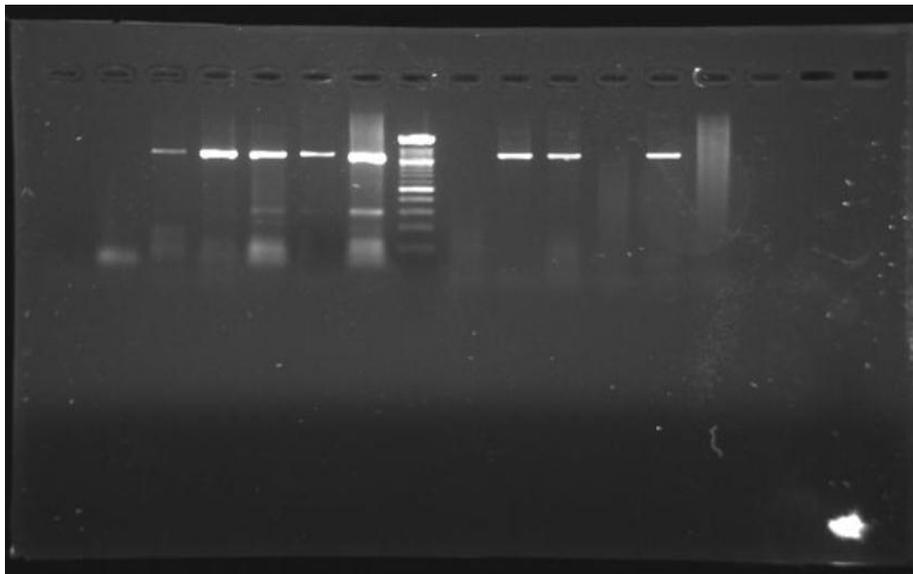
III.1.2.1. Analyses séparées effectuées

III.1.2.1.1. Gènes mitochondriaux examinés

Trois marqueurs mitochondriaux ont été sélectionnés dans le cadre de nos analyses. Il s'agit des gènes ND2, ND3 et ATPase6.

III.1.2.1.1.1. Examen du marqueur ND2

À l'issue de l'amplification, la migration sur gel d'agarose des extraits d'ADN a présenté des tailles importantes pour le caractère ND2 ; et par rapport au témoin, nous avons noté une évolution de la migration pour une taille des fragments de 1041 pb (**Figure 24**). Après le séquençage, 38 séquences dont 02 appartenant au groupe externe ont été examinées dans notre étude concernant ce caractère ND2 (**Tableau XIX**). L'alignement de ces séquences a révélé dans le logiciel MEGA X 486/1041 (soit 46,69 %) sites conservés, 555/1041 (soit 53,31 %) sites variables, 475/1041 (soit 45,63 %) sites informatifs et 80/1041 (soit 7,68 %) sites singlétons. Se basant sur le même alignement, la distance génétique moyenne entre les taxons du groupe interne était de 0,20 % ; par contre les distances génétiques observées entre les couples des taxons ont varié de 0,12 % (*Euplectes gierowii* et *Euplectes afer*) à 0,25 % (*Amblyospiza albifrons* et *Euplectes franciscanus*) (**Annexe 1**).



Légende :

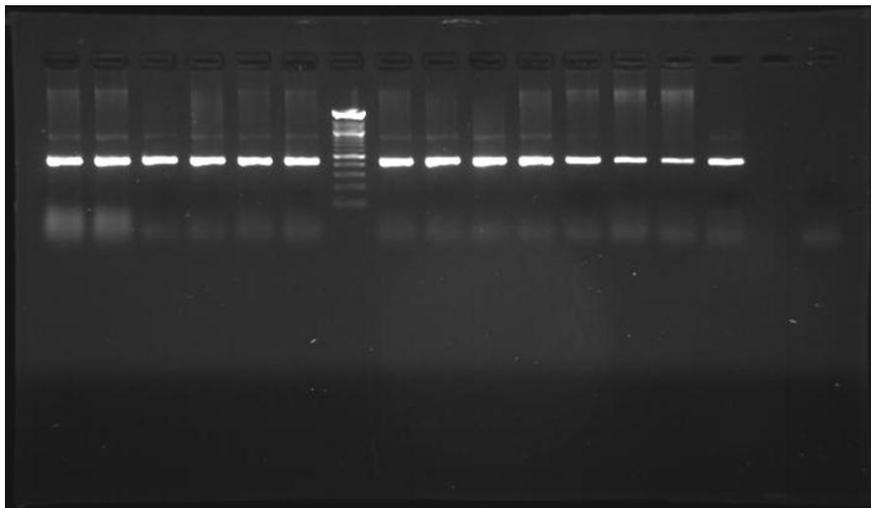
Toutes les bandes blanches représentent les migrations de produits d'amplification du gène ND2 qui se sont arrêtées à 1041pb.

Les trois bandes qui se suivent verticalement au milieu représentent le tube témoin marqué à 500, 1000 et 1500

Figure 24 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur ND2 sur gel d'agarose

III.1.2.1.1.2. Examen du marqueur ND3

Les migrations sur gel d'agarose des extraits d'ADN amplifiés ont présenté des tailles importantes concernant le marqueur mitochondrial ND3 ; et par rapport au témoin, nous avons noté une évolution de la migration pour une taille des fragments de 351 pb (**Figure 25**). Ainsi, sur la base des séquences obtenues après l'amplification, 36 séquences dont 02 appartenant au groupe externe ont été utilisées dans cette étude pour ce caractère ND3 (**Tableau XIX**). Pour ce gène, toutes les séquences de différents taxa présentaient une longueur de 351 paires de bases. Toutefois, l'alignement de ces séquences dans le logiciel MEGA X a permis de ressortir 171/351 (soit 48,72 %) sites conservés, 180/351 (soit 51,28 %) sites variables, 147/351 (soit 41,88 %) sites informatifs et 33/351 (soit 9,40 %) sites singlétons. Toutefois, la distance génétique moyenne observée entre les taxa du groupe d'étude était de 0,17 % ; tandis que celles observées entre les couples des taxons ont varié de 0,01 % (*Ploceus taeniopterus* et *Ploceus melanocephalus*) à 0,19 % (*Euplectes ardens* et *Ploceus cucullatus*) (**Annexe 2**).



Légende :

Toutes les bandes blanches représentent les migrations de produits d'amplification du gène ND3 qui se sont arrêtées à 351pb.

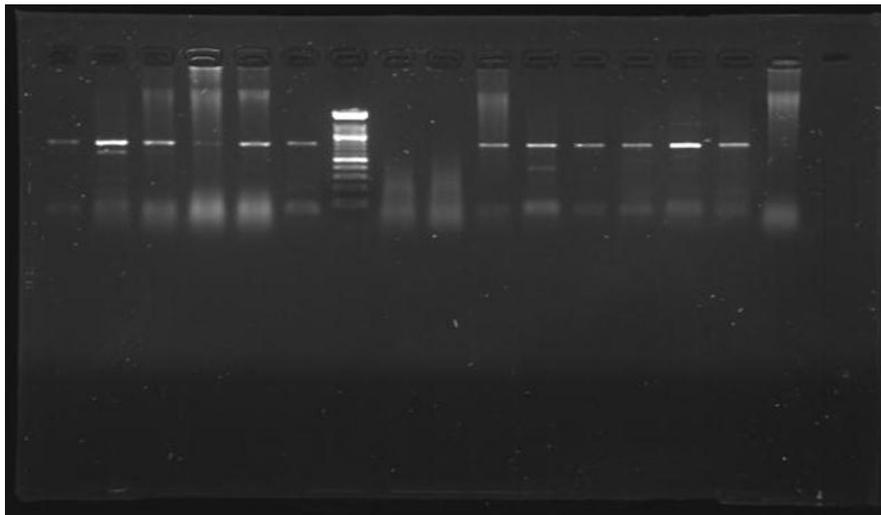
Les trois bandes qui se suivent verticalement au milieu représentent le tube témoin marqué à 500, 1000 et 1500

Figure 25 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur ND3 sur gel d'agarose

III.1.2.1.1.3. Examen du marqueur ATPase6

L'observation des migrations sur gel d'agarose des extraits d'ADN amplifiés a montré des tailles importantes concernant le gène mitochondrial ATPase6 ; et par rapport au témoin, nous avons noté une évolution de la migration pour une taille des fragments de 684 pb (**Figure 26**). Concernant ce gène ATPase6, un nombre de 37 séquences dont 02 appartenant

au groupe externe a été examiné ; et toutes ces séquences présentaient une longueur de 684 paires de bases (**Tableau XIX**). Après alignement dans le logiciel MEGA X, on a noté 372/684 (soit 54,39 %) sites conservés, 312/684 (soit 45,61 %) sites variables, 245/684 (soit 35,82 %) sites informatifs et 67/684 (soit 9,80 %) sites singlétons. En outre, la distance génétique moyenne observée entre les taxons du groupe interne était de 0,16 % ; par ailleurs, les distances observées entre les couples des taxons ont varié de 0,08 (*Ploceus mayar* et *Ploceus philippinus*) à 0,18 (*Foudia sechellarum* et *Amblyospiza albifrons*) (**Annexe 3**).



Légende :

Toutes les bandes blanches représentent les migrations de produits d'amplification du gène ATPase6 qui se sont arrêtées à 684 pb.

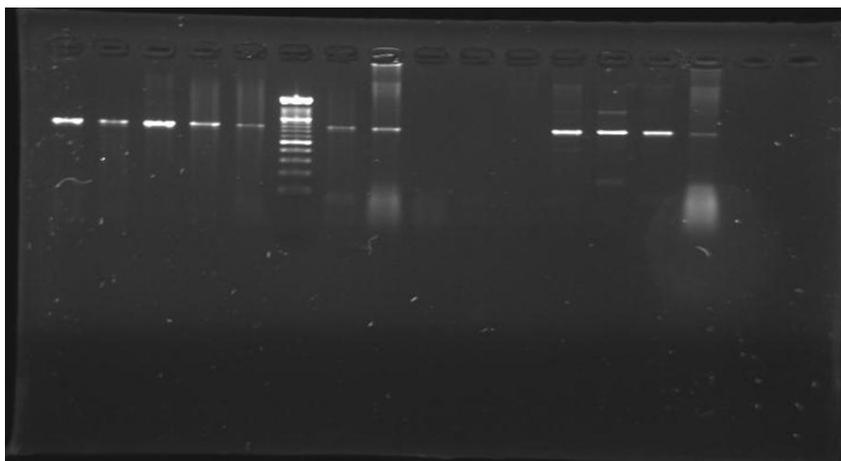
Les trois bandes qui se suivent verticalement au milieu représentent le tube témoin marqué à 500, 1000 et 1500

Figure 26 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur ATPase6 sur gel d'agarose

III.1.2.1.2. Gènes nucléaires examinés

III.1.2.1.2.1. Examen de l'intron2 de la myoglobine

Les migrations sur gel d'agarose des extraits d'ADN amplifiés ont présenté des tailles importantes concernant l'intron2 de la myoglobine ; et par rapport au témoin, nous avons noté une évolution de la migration pour une taille des fragments de 747 pb (**Figure 27**). Pour ce gène nucléaire, 13 séquences parmi lesquelles 02 représentantes de taxons du groupe externe ont été examinées dans le cadre de cette étude (**Tableau XIX**). La longueur de toutes ces séquences examinées était de 747 pb, et lors de l'alignement des séquences, il a été observé 41/747 (soit 5,48 %) sites conservés, 706/747 (soit 94,51 %) sites variables, 545/747 (soit 72,96 %) sites informatifs et 161/747 (soit 21,55 %) sites singlétons.



Légende :

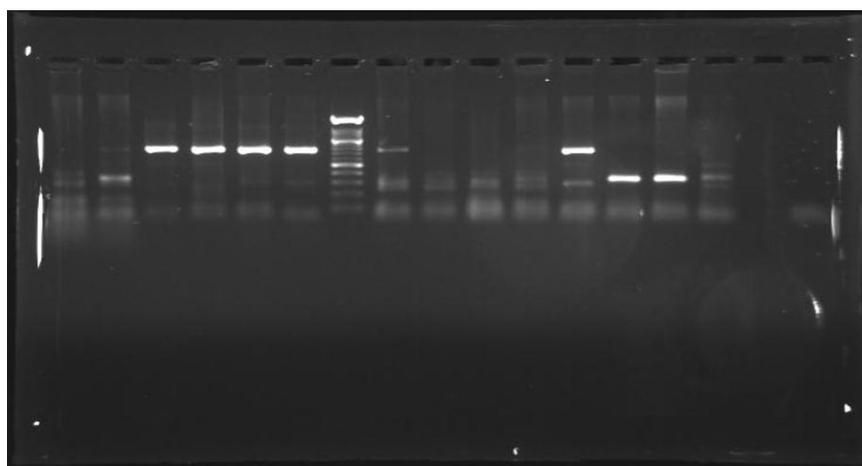
Toutes les bandes blanches représentent les migrations de produits d'amplification du gène intron2 de la myoglobine qui se sont arrêtées à 747 pb.

Les trois bandes qui se suivent verticalement au milieu représentent le tube témoin marqué à 500, 1000 et 1500

Figure 27 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur intron2 de la myoglobine sur gel d'agarose

III.1.2.1.2.2. Examen du marqueur GAPDH

Les migrations sur gel d'agarose des extraits d'ADN amplifiés ont également présenté des tailles importantes avec le caractère nucléaire GAPDH ; et par rapport au témoin, nous avons noté une évolution de la migration pour une taille des fragments de 409 pb (**Figure 28**). En effet, 12 séquences dont 02 appartenant au groupe externe ont été examinées concernant ce gène nucléaire GAPDH (**Tableau XIX**). Ainsi, toutes les séquences examinées ont présenté une longueur de 409 pb, et lors de l'alignement des séquences, nous avons observé 61/409 (soit 14,91 %) sites conservés, 348/409 (soit 85,09 %) sites variables, 151/409 (soit 36,92 %) sites informatifs et 197/409 (soit 48,17 %) sites singlétons.



Légende :

Toutes les bandes blanches représentent les migrations de produits d'amplification du gène GAPDH qui se sont arrêtées à 409 pb.

Les trois bandes qui se suivent verticalement au milieu représentent le tube témoin marqué à 500, 1000 et 1500

Figure 28 : électrophorégramme de produits d'amplification du marqueur nucléaire GAPDH sur gel d'agarose

III.1.2.2. Analyses combinées effectuées

Les marqueurs mitochondriaux (ND2, ND3 et ATPase6) ont fait l'objet d'une analyse combinée ; de ce fait, 20 séquences ont été mises en évidence parmi lesquelles 02 qui représentaient le groupe externe (**Tableau XX**). L'alignement de ces trois marqueurs combinés dans le logiciel MEGA X a donné une longueur de 2076 paires de bases pour toutes les séquences de différents taxons examinés. Cet alignement de séquences a permis de noter 1125/2076 (soit 54,19 %) sites conservés, 951/2076 (soit 45,80 %) sites variables, 726/2076 (soit 34,97 %) sites informatifs et 225/2076 (soit 10,84 %) sites singlétons. Par ailleurs, la distance génétique moyenne observée entre les taxons étudiés était de 0,18 % tandis que les distances observées entre les couples des taxons du groupe interne ont varié de 0,05 % (*Foudia sechellarum* et *Foudia madagascariensis*) à 0,22 % (*Amblyospiza albifrons* et *Euplectes franciscanus*) (**Annexe 4**).

Tableau XX : noms des taxons (Gill et Donsker, 2020), localité des spécimens, identité de l'échantillon et numéro d'accès GenBank des séquences d'ADN concernant l'analyse combinée dans le cadre de cette étude

Espèce	Localité	Institution	Identité de l'échantillon	Numéro d'accès GenBank		
				ND2	ND3	ATPase6
Groupe interne						
<i>Amblyospiza albifrons</i>	South Africa	GenBank	-	MT050801	KY131553	AM710256
<i>Dinemellia dinemelli</i>	-	GenBank	-	GU816840	KY131556	KY008423
<i>Euplectes ardens</i>	Cameroon	-	Y11		KY131559	AM710264
<i>Euplectes ardens</i>	Cameroon	-	U65			AM710264
<i>Euplectes franciscanus</i>	-	GenBank	-	KY120899	KY131562	AM710273
<i>Foudia sechellarum</i>	Seychelles	GenBank	-	AM709967	JN411217	AM710290
<i>Foudia madagascariensis</i>	Seychelles	GenBank	-	AM709966	JN411222	KY008425
<i>Malimbus malimbicus</i>	RCA	GenBank	-	MT050818	KY131572	KY008428
<i>Ploceus bannermani</i>	Cameroon	-	Y14			
<i>Ploceus bannermani</i>	Cameroon	-	U63			
<i>Ploceus cucullatus</i>	Cameroon	-	Y4		KY131589	KY008434
<i>Ploceus melanogaster</i>	Cameroon	-	Y5			
<i>Ploceus alienus</i>	Cameroon	-	Y17			
<i>Ploceus olivaceiceps</i>	Cameroon	-	Y34	KY120936		
<i>Ploceus insignis</i>	-	GenBank	-	KY120929	KY131591	KY008435
<i>Quelea quelea</i>	-	GenBank	-	KC759286	KY131613	AM710295
<i>Quelea cardinalis</i>	Kenya	GenBank	-	AM709971	AM709930	AM710294
<i>Sporopipes frontalis</i>	UMMZ	GenBank	-	AF407034	KY131614	KY008446
Groupe externe						
<i>Linurgus olivaceus</i>	ZMUC	GenBank	-	JN715462	EU881024	EU880998
<i>Loxia curvirostra</i>	MNHN	GenBank	-	GU816852	EU881013	EU880947

Légende : le signe (-) signifie absence

III.1.2.3. Enracinement des arbres phylogénétiques

Pour tous les gènes utilisés ainsi que les méthodes d'analyse, les taxons de la famille des Fringillidae (*Loxia curvirostra* et *Linurgus olivaceus*), ceux de la famille des Nectariniidae (*Arachnothera longirostra* et *Cynomitra obscura*) et un taxon de la famille des Cisticolidae (*Apalis thoracica*) ont permis d'enraciner nos différents arbres phylogénétiques dans le cadre de cette étude. Toutefois, les topologies obtenues avec ce groupe externe (outgroup) ont été semblables aussi bien avec les marqueurs mitochondriaux qu'avec les marqueurs nucléaires ; de ce fait, le taxon choisi pour l'enracinement de tous les arbres obtenus était *Linurgus olivaceus* pour les marqueurs mitochondriaux et *Arachnothera longirostra* concernant les marqueurs nucléaires (**Tableaux XIX et XX**).

III.1.2.4. Quelques résultats bruts issus des analyses phylogénétiques

Au total, six phylogrammes ont été obtenus dont deux avec le génome nucléaire et un avec la combinaison des gènes mitochondriaux (**Figures 33, 34, 35, 36, 37 et 38**). En effet, le nombre de sites informatifs a varié d'un marqueur à un autre qu'il soit mitochondrial ou nucléaire. Ainsi, 475 (soit 45,62 %), 147 (soit 41,88 %) et 245 (soit 35,81%) sites informatifs ont été observés respectivement avec les caractères ND2, ND3 et ATPase6. D'un autre côté, le nombre de sites conservés pour ces caractères mitochondriaux était de 486 (soit 46,69 %) pour le ND2, 171 (soit 48,72 %) concernant le ND3 et 372 (soit 54,39 %) pour l'ATPase6. Avec l'analyse combinée, un nombre de 726 (soit 34,97 %) sites informatifs a été obtenu tandis que le nombre de sites conservés était de 1125 (soit 54,19 %). Par ailleurs, les marqueurs nucléaires notamment la Myo2 et le GAPDH ont présenté respectivement 545 (soit 72,96 %) et 151 (soit 36,92 %) sites informatifs.

En se référant aux analyses effectuées, les topologies finales sont apparues semblables avec les différents marqueurs utilisés. Ainsi, de l'arbre phylogénétique obtenu avec le caractère ND2 en appliquant le ML, 26 nœuds sur les 35 résolus ont présenté une valeur de bootstrap supérieure ou égale à 70 % (**Figure 33**). Avec le gène ND3 et utilisant cette même méthode de ML, 17 nœuds sur les 33 ont montré une valeur de bootstrap supérieure ou égale 70 % (**Figure 34**) tandis que l'arbre phylogénétique obtenu avec le marqueur ATPase6 a présenté 22 nœuds ayant une valeur de bootstrap supérieure à 70 % sur les 34 résolus avec cette même méthode de ML (**Figure 35**). Toujours avec cette méthode de ML, l'arbre

phylogénétique résultant de la combinaison des gènes mitochondriaux a montré 17 nœuds résolus dont 13 ont eu une valeur de bootstrap supérieure à 70 % (**Figure 36**).

III.1.2.5. Congruence des arbres phylogénétiques obtenus

Tous les arbres phylogénétiques obtenus avec les différents marqueurs et même celui obtenu avec le combiné ont globalement présenté les mêmes résultats, mais il y a quelques exceptions liées à la non uniformité des échantillons concernant les différents gènes utilisés. Ainsi, sept clades ont été obtenus avec le caractère ND2, cinq avec le ND3 et l'ATPase6 et quatre avec le combiné (**Figures 33, 34, 35 et 36**). Pour tous ces marqueurs mitochondriaux, les topologies ont été pratiquement semblables et un nouveau sous clade apparaît avec les marqueurs moléculaires ND3 et ATPase6 (**Figures 34 et 35**). En revanche, la monophylie de la famille des Ploceidae a été obtenue aussi bien avec l'analyse séparée qu'avec celle combinée et ceci avec un fort soutien au nœud, soit un bootstrap de 100 %. Par ailleurs, l'échantillonnage n'étant pas uniforme pour les caractères utilisés, les clades ont été diversement obtenus avec ces caractères mais il n'y a aucun conflit entre les différents arbres ; et de ce fait, ils apparaissent congruents, aussi bien entre les marqueurs qu'entre les méthodes utilisées (**Figures 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35 et 36**).

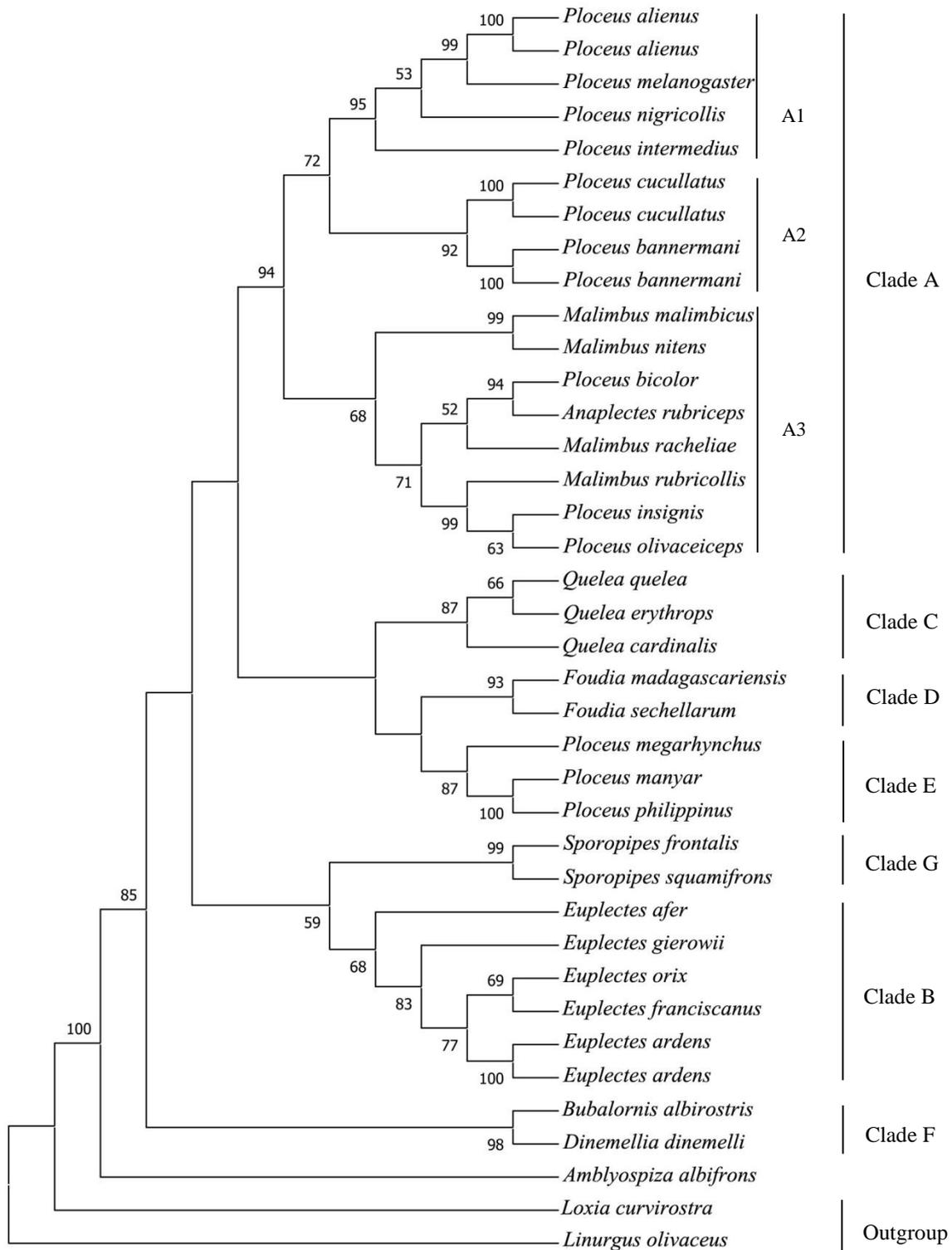


Figure 29 : phénogramme obtenu avec la méthode du Neighbor-Joining à partir de l'analyse du caractère moléculaire ND2 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 50 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

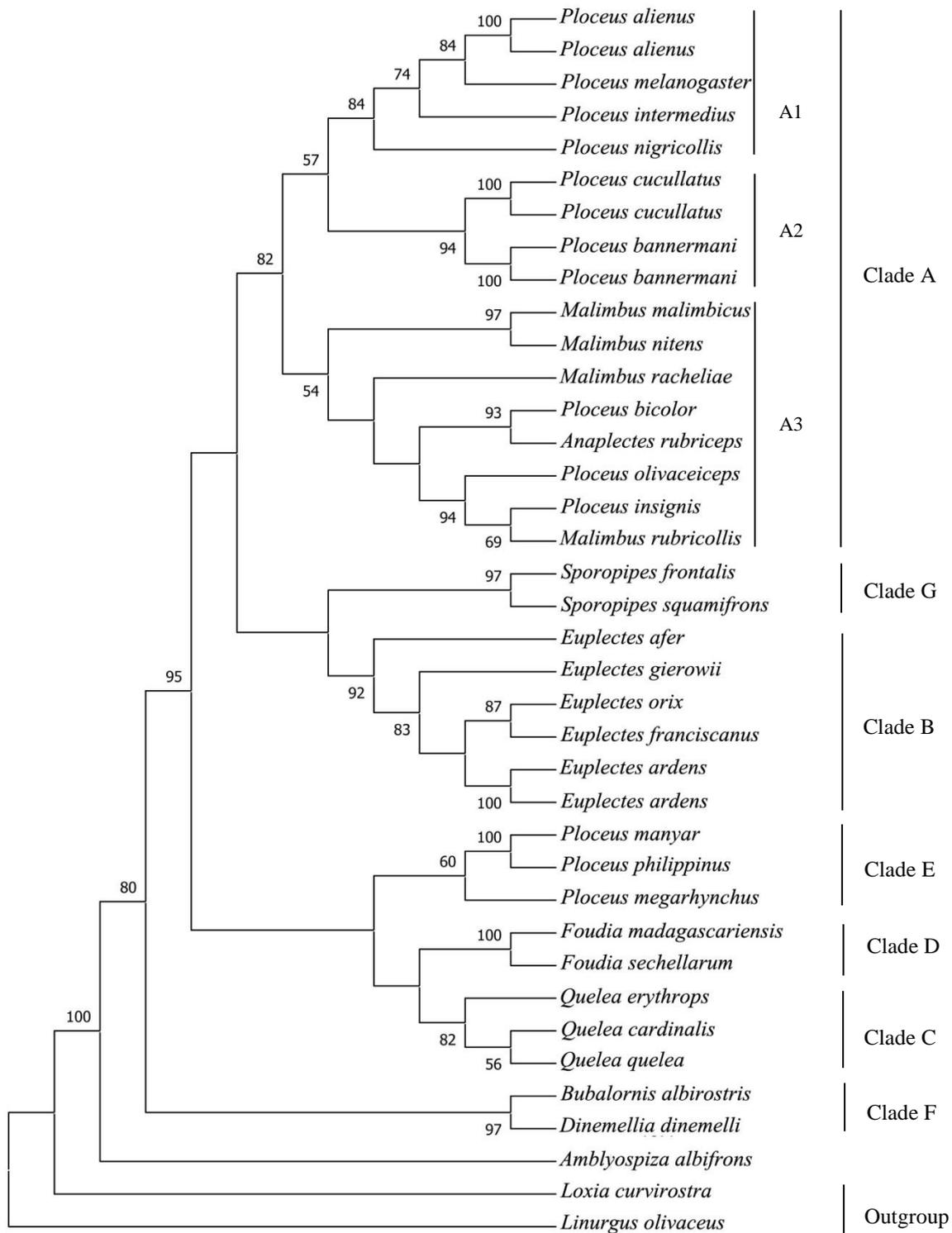


Figure 30 : phénogramme obtenu avec la méthode de UPGMA à partir de l'analyse du caractère moléculaire ND2 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 50 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

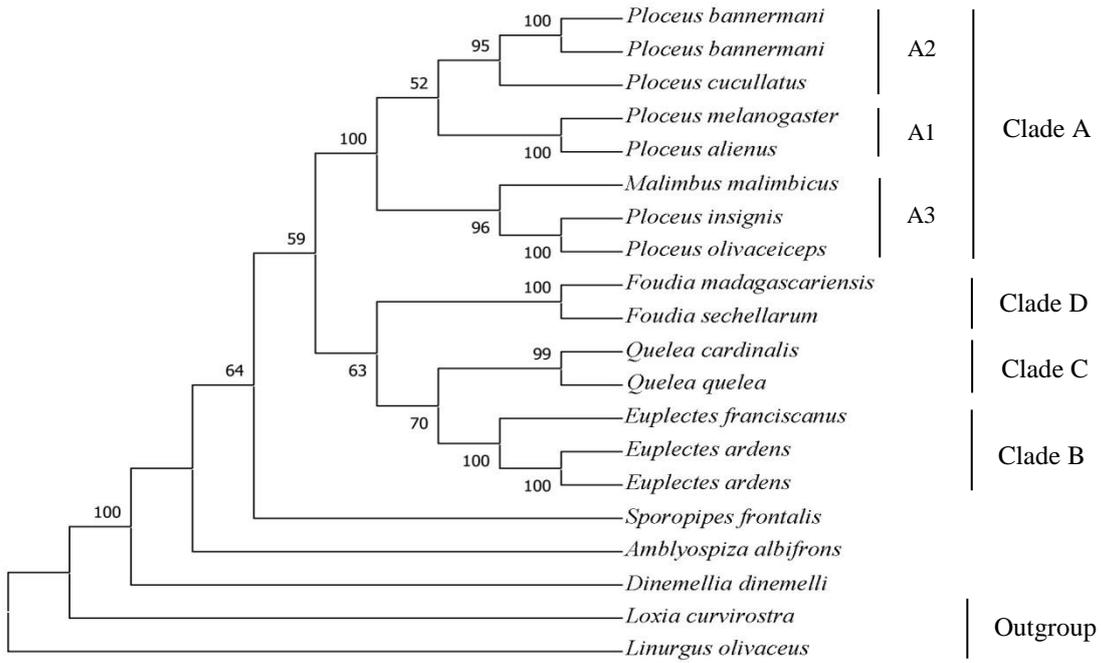


Figure 31 : phénogramme obtenu avec la méthode du Neighbor-Joining à partir de la combinaison des gènes mitochondriaux (ND2, ND3 et ATPase6) et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 50 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

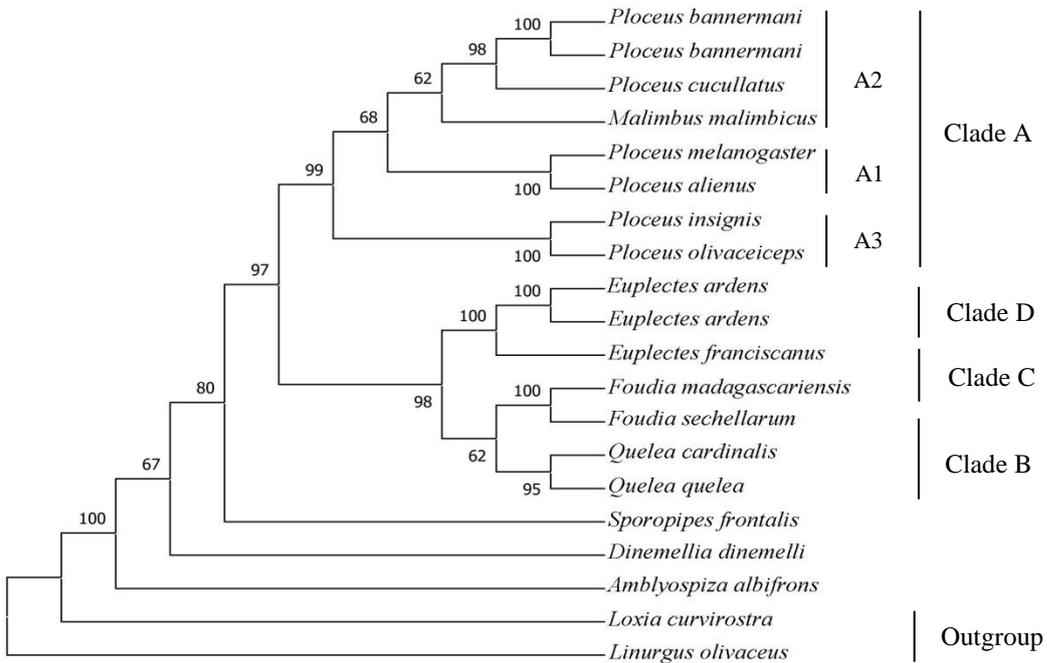


Figure 32 : phénogramme obtenu avec la méthode de UPGMA à partir de la combinaison des gènes mitochondriaux (ND2, ND3 et ATPase6) et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 50 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

III.1.2.6. Présentation des clades obtenus au cours des analyses phylogénétiques

Tous les gènes mitochondriaux utilisés dans cette étude ont montré une robustesse d'un premier nœud de 100 %, soutenant ainsi l'hypothèse de la monophylie de la famille des Ploceidae (**Figures 33, 34, 35 et 36**). Dans cette phylogénie des Ploceidae, plusieurs clades ont été mis en évidence, allant de quatre à sept en fonction de l'échantillon des séquences disponibles pour chacun des caractères moléculaires utilisés. Il s'agit du clade A ayant une robustesse au nœud de 95 % avec les marqueurs ND2 et ATPase6, 72 % avec le ND3 et 100 % avec le combiné. Ce clade A a regroupé en son sein les genres *Anaplectes*, *Malimbus* et une partie des taxons du genre *Ploceus* (**Figures 33, 34, 35 et 36**). Ces analyses ont également mis en lumière le clade B regroupant les taxons du genre *Euplectes* avec des forts soutiens aux nœuds soit 90 %, 97 %, 98 % et 100 % respectivement pour les gènes ND2, ND3, ATPase6 et le combiné (**Figures 33, 34, 35 et 36**). Il y a également le clade C constitué par les taxons du genre *Quelea* avec un soutien au nœud de 93 % pour le ND2, 79 % concernant le ND3, 72 % pour l'ATPase6 et 99 % avec le combiné (**Figures 33, 34, 35 et 36**). On peut tout de même citer le clade D qui regroupe en son sein les taxons du genre *Foudia* ; ce clade D est apparu très soutenu dans toutes les analyses avec une robustesse aux nœuds de 98 % pour le ND2, 99 % avec le ND3 et 100 % concernant l'ATPase6 ainsi que le combiné (**Figures 33, 34, 35 et 36**). D'un autre côté, le clade E, regroupant seulement une partie des taxons du genre *Ploceus* est apparu à la suite des analyses concernant les gènes ND2 et ATPase6 avec respectivement 90 % et 100 % comme valeurs de bootstrap (**Figures 33 et 35**). Par ailleurs, le clade G, quant à lui, est apparu seulement avec les marqueurs ND2 (bootstrap = 98 %) et ND3 (bootstrap = 95 %) (**Figures 33 et 34**) ; et enfin le clade F (bootstrap = 98 %) est présent uniquement avec le marqueur ND2 et a regroupé en son sein deux genres, *Bubalornis* et *Dinemellia* (**Figure 33**).

III.1.2.6.1. Clade A

Le clade A, composé des genres *Anaplectes*, *Malimbus* et d'une partie des taxons du genre *Ploceus*, est apparu très soutenu dans toutes les analyses effectuées avec des valeurs de bootstrap strictement supérieures à 70 % (**Figures 33, 34, 35 et 36**). Cependant, il est subdivisé en sous clades A1, A2, A3 et A4. Le sous clade A1 est constitué de six espèces du genre *Ploceus* dont *P. alienus*, *P. melanogaster*, *P. ocularis*, *P. bertrandi*, *P. nigricollis* et *P. intermedius* (**Figures 33, 35 et 36**). En effet, les espèces *P. alienus* et *P. melanogaster* sont

apparues comme des taxons frères avec un soutien de 97 % et 100 % (**Figures 33 et 36**). Au sein de ce même sous clade A1, l'espèce *P. ocellaris* est apparue comme un taxon frère de *P. bertrandi* avec une valeur de bootstrap de 94 % (**Figure 35**). Ensuite, le sous clade A2, quant à lui, est composé de deux espèces notamment *P. cucullatus* et *P. bannermani* qui sont apparues comme taxons frères avec un soutien de 95 % au sein de notre phylogénie (**Figures 33 et 36**). Le sous clade A3 à son tour est composé de plusieurs espèces entre autres *Anaplectes rubriceps*, *Malimbus malimbicus*, *Malimbus nitens*, *Malimbus racheliae*, *Malimbus rubricollis*, *Ploceus bicolor*, *Ploceus insignis* et *Ploceus olivaceiceps* (**Figures 33, 34, 35 et 36**). Au sein de ce sous clade A3, plusieurs liens de parenté ont été établis en l'occurrence ceux entre *M. malimbicus* et *M. nitens* avec une valeur de bootstrap de 97 % (**Figure 33**), entre *P. bicolor* et *A. rubriceps* à 93 % (**Figure 34**) et celui entre *P. insignis* et *P. olivaceiceps* à 89 % (**Figures 33, 34, 35 et 36**). Enfin le sous clade A4 constitué essentiellement de deux taxons (*Ploceus taeniopterus* et *Ploceus melanocephalus*) qui sont étroitement liés avec un soutien aux nœuds de 99 % et 100 % respectivement avec les marqueurs ND3 et ATPase6 (**Figures 34 et 35**).

III.1.2.6.2. Clade B

Le clade B est constitué par un seul genre, le genre *Euplectes* et a regroupé les espèces *E. orix*, *E. franciscanus*, *E. gierowii*, *E. ardens*, *E. afer* et *E. hordeaceus*. Au sein de ce clade, *E. orix* forme un groupe-frère avec deux autres espèces du même genre à savoir *E. franciscanus* et *E. hordeaceus* (**Figures 33 et 35**). Il ressort également de ce clade que *E. ardens* est un taxon frère de *E. franciscanus* avec une valeur de bootstrap de 100 % (**Figure 36**).

III.1.2.6.3. Clades C et D

Le clade C a regroupé les espèces du genre *Quelea* et il en ressort une relation de parenté étroite entre *Q. cardinalis* et *Q. quelea* avec une valeur de bootstrap supérieure à 70 % (**Figures 34 et 36**). Par contre, le clade D, quant à lui, est constitué par deux espèces du genre *Foudia* en l'occurrence *F. madagascariensis* et *F. sechellarum* qui sont apparues dans nos phylogénies comme des taxons frères avec un très fort soutien aux nœuds et ceci dans toutes nos analyses (**Figures 33, 34, 35 et 36**).

III.1.2.6.4. Clade E

Le clade E est constitué par une partie des taxons du genre *Ploceus* notamment *P. philippinus*, *P. manyar* et *P. megarhynchus* (**Figures 33 et 35**). Tous ces taxons forment un groupe-frère au sein de ce clade, mais on note un lien de parenté plus étroit entre *P. philippinus*, et *P. manyar* avec une robustesse aux nœuds de 100 % (**Figures 33 et 35**).

III.1.2.6.5. Clades F et G

Le clade F a regroupé en son sein deux espèces en l'occurrence *Bubalornis albirostris* et *Dinemellia dinemelli*. Ce clade F est apparu très soutenu avec une valeur de bootstrap de 98 % mettant en évidence l'étroite relation de parenté entre *B. albirostris* et *D. dinemelli* (**Figure 33**). Quant au clade G, il est également constitué de deux espèces du même genre soit *Sporopipes frontalis* et *S. squamifrons* ; ces deux espèces sont apparues comme taxons frères dans nos analyses aussi bien avec le ND3 à 95 % de bootstrap qu'avec le ND2 à 99 % de bootstrap (**Figures 33 et 34**).

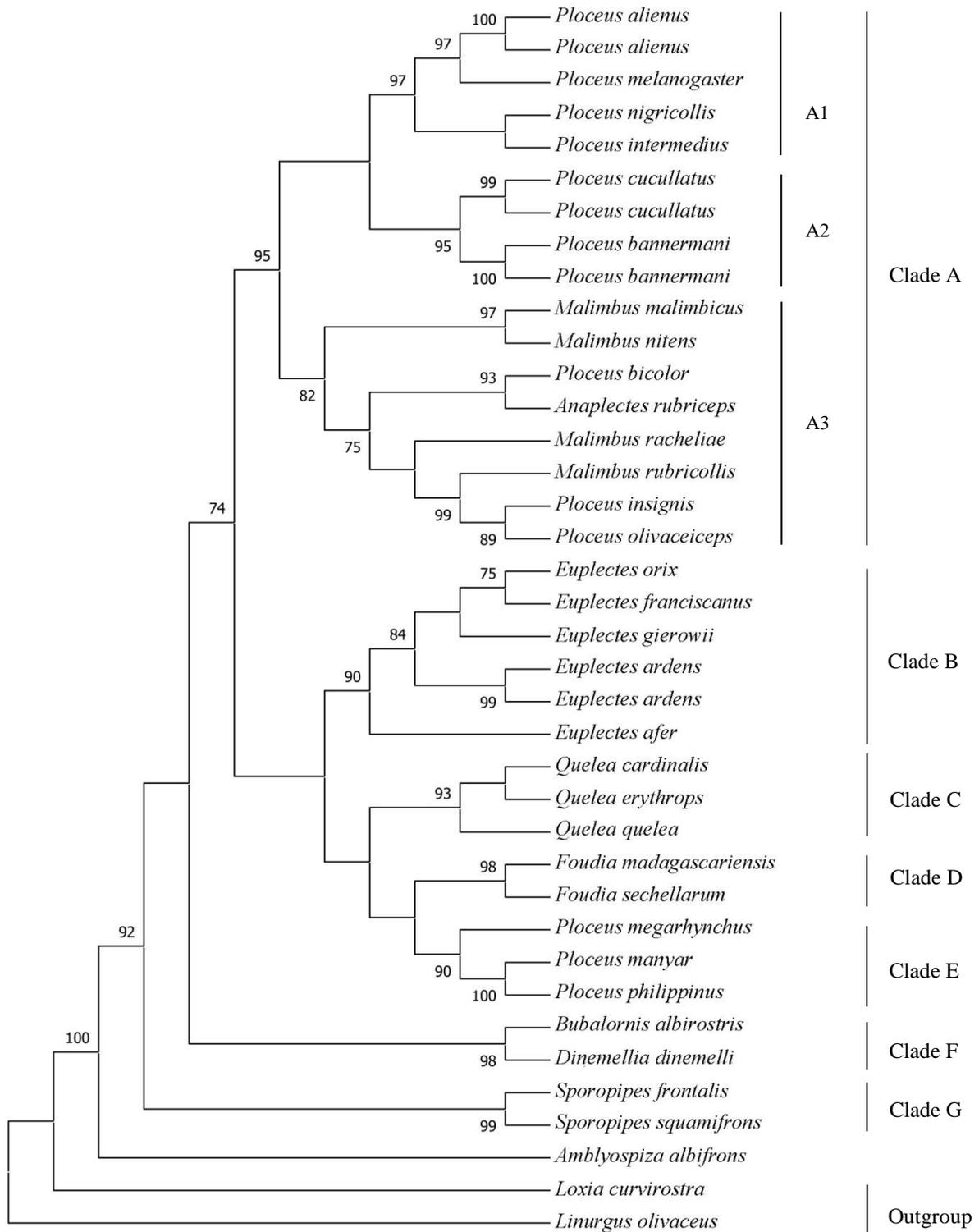


Figure 33 : phylogramme obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de l'analyse du caractère moléculaire ND2 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

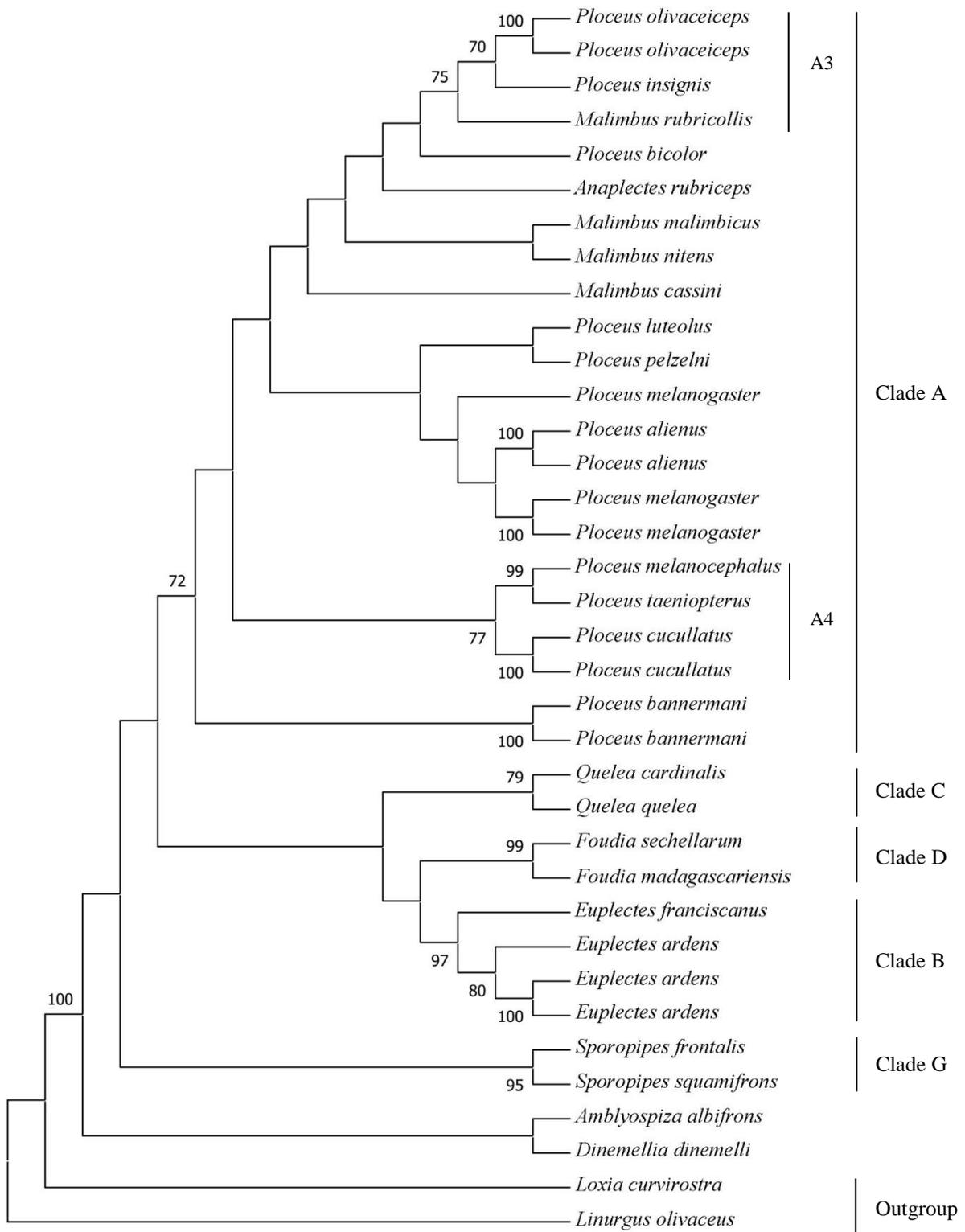


Figure 34 : phylogramme consensuel obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance en utilisant le caractère moléculaire ND3 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

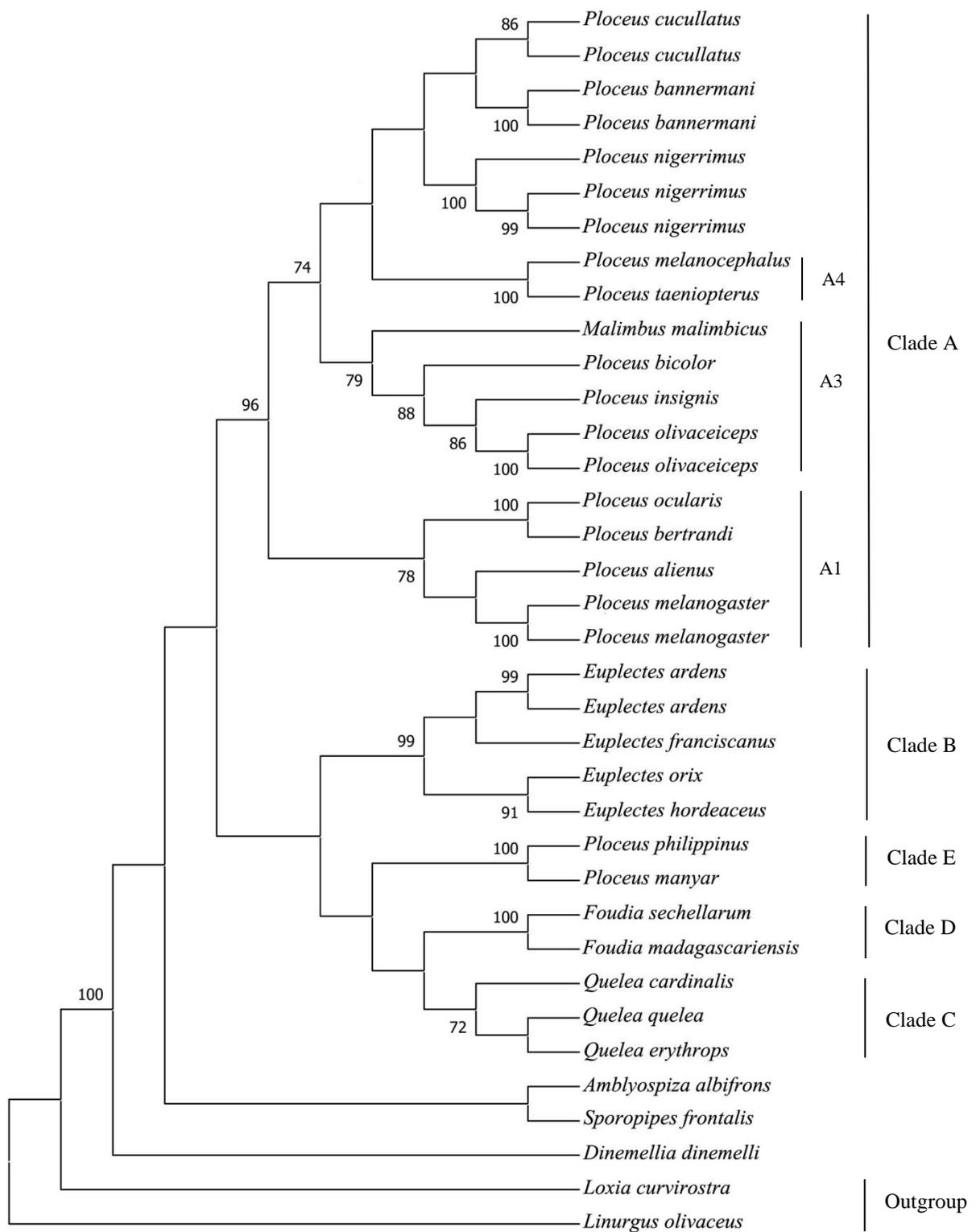


Figure 35 : phylogramme consensuel obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de l'analyse du gène mitochondrial ATPase6 et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

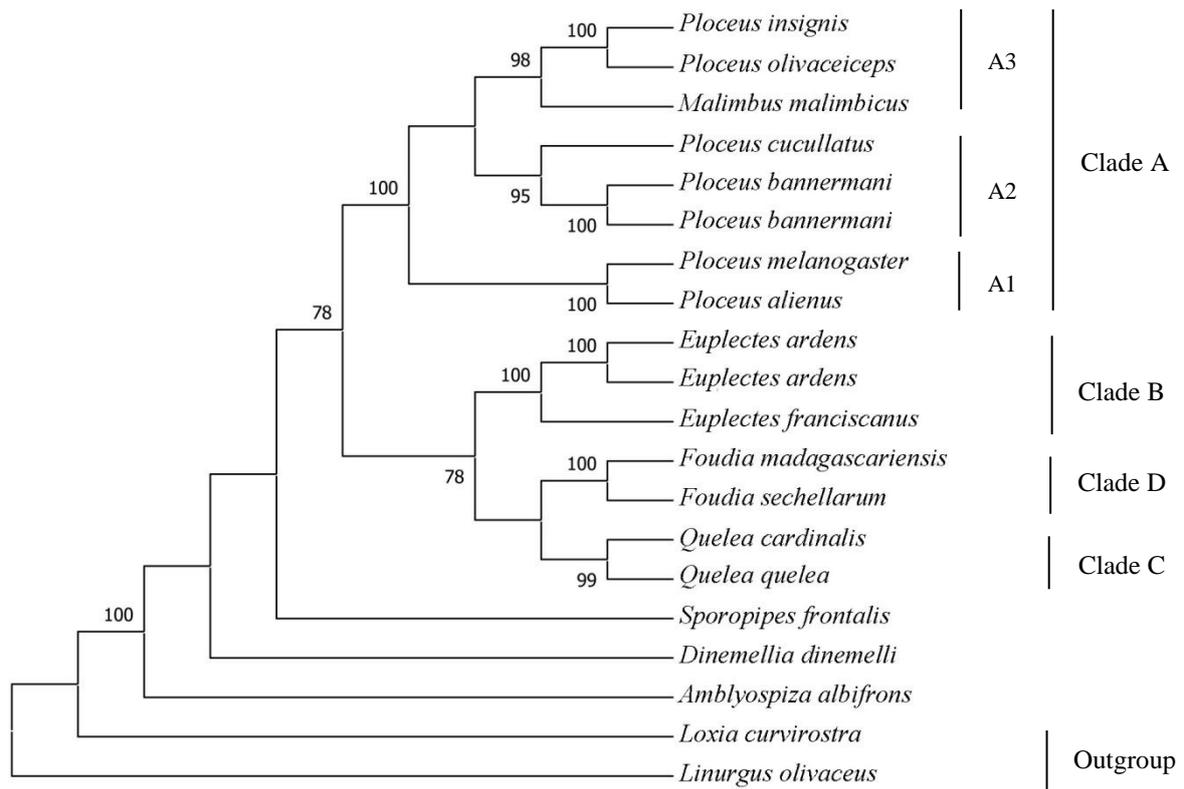


Figure 36 : phylogramme obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de la combinaison des gènes mitochondriaux (ND2, ND3 et ATPase6) et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

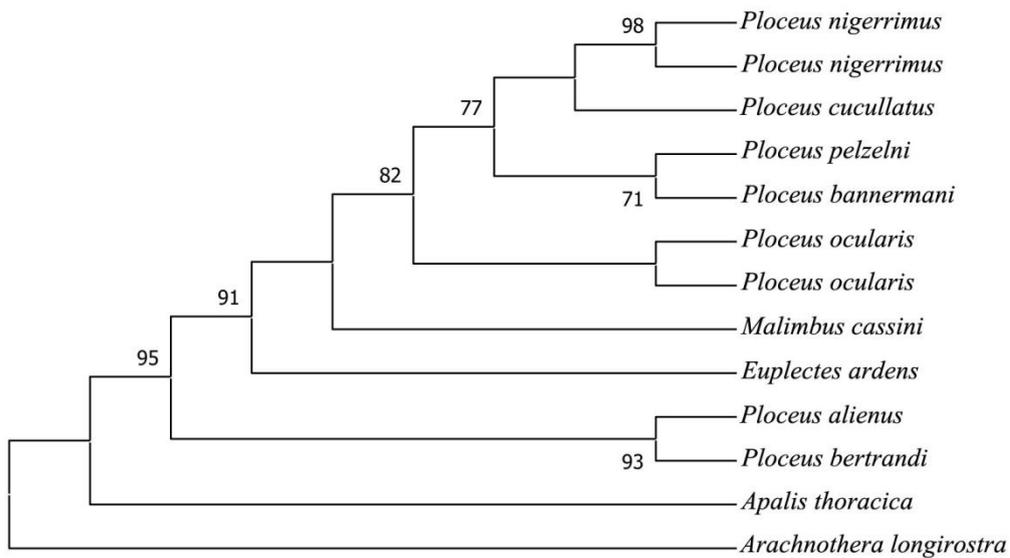


Figure 37 : phylogramme obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de l'intron2 de la Myoglobine et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

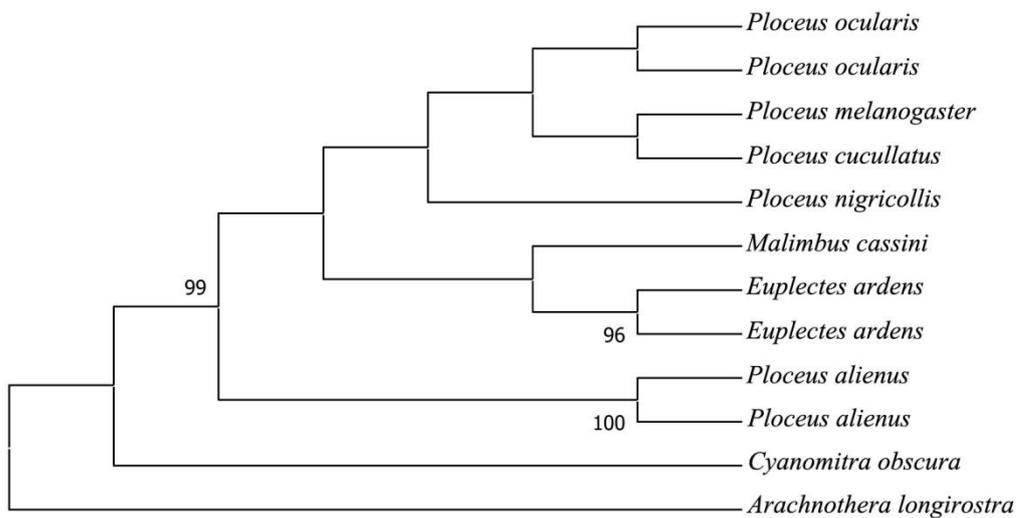


Figure 38 : phylogramme obtenu avec la méthode de Maximum de Vraisemblance à partir de Glycéraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase et toutes les valeurs de bootstrap supérieures ou égales à 70 % sont indiquées au niveau de chaque nœud des branches

III.2. Discussion

III.2.1. Diversité et distribution avifaunistiques dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua

L'étude réalisée sur le Plateau de l'Adamaoua a montré une forte abondance des passéreaux (67,86 %) par rapport aux non passéreaux (32,14 %) (**Tableau VIII**). Des travaux de recherche menés au Cameroun ont indiqué des résultats similaires dans les différents habitats investigués, que ce soit en milieu forestier ou en zone savanicole et de même que dans les zones de transition forêt/savane (Good, 1952, 1953 ; Louette, 1981 ; Fotso *et al.*, 2001 ; Nguembock *et al.*, 2017 ; Nguembock *et al.*, 2019a ; Nguembock *et al.*, 2019b ; Nguembock *et al.*, 2020). Cette forte abondance des oiseaux passériformes s'expliquerait d'une part, par la présence de ces petits oiseaux dans la quasi totalité des habitats au niveau du globe terrestre, et d'autre part, par leur courte période d'incubation leur permettant de se multiplier rapidement pendant la saison de reproduction surtout quand la disponibilité de ressources alimentaires est avérée (Marchant, 1960 ; Lack, 1968 ; Wunderle, 1982 ; Noske et Franklin, 1999 ; Auer *et al.*, 2007).

Par ailleurs, parmi les 28 familles d'oiseaux identifiées dans le Plateau de l'Adamaoua, 07 familles (Leiothrichidae, Platysteiridae, Monarchidae, Malaconotidae, Eurylaimidae, Macrosphenidae et Lybiidae) n'ont pas encore été identifiées jusqu'à date par les travaux menés dans cette partie du Cameroun ; et de ce fait, nos résultats diffèrent de ceux obtenus par nos prédécesseurs dans cette même zone de transition forêt/savane (Good, 1952, 1953 ; Louette, 1981 ; Fotso *et al.*, 2001). En revanche, les familles des Pycnonotidae, des Columbidae et des Turdidae étaient les plus abondantes avec respectivement 19,25 %, 10,74 % et 10,21 % (**Tableau VIII** et **Figure 12**) ; plusieurs auteurs (Akinsola et Oluseye, 2004 ; Okosodo *et al.*, 2016) ont obtenu des résultats similaires concernant la famille des Pycnonotidae et celle des Turdidae. Ces derniers ont montré que certains taxons, appartenant à ces deux familles, abonderaient régulièrement dans les milieux ouverts et les forêts secondaires du fait principalement de la disponibilité de leurs ressources alimentaires (Akinsola et Oluseye, 2004 ; Okosodo *et al.*, 2016). Il faut également noter qu'au sein de ces familles, la plupart des taxons se nourrissent de ressources alimentaires variées entre autres les insectes, les graines, etc. ; et selon Louette (1981), la zone du Plateau de l'Adamaoua avec sa végétation mixte composée de forêt, de savane et de la mosaïque forêt/savane fournirait suffisamment ces types de ressources pour les oiseaux. En outre, la famille des Ploceidae a

présenté la plus grande diversité spécifique avec 8 espèces identifiées en son sein et cette diversité se justifierait d'une part, par le comportement grégaire des taxons de cette famille, et d'autre part, par leur capacité à coloniser divers milieux ou habitats pour des raisons alimentaire et reproductive (Hall et Moreau, 1970 ; Fry et Keith, 2004 ; Nguembock *et al.*, 2017). D'un autre côté, 02 familles (Platysteiridae et Macrosphenidae) identifiées dans le Plateau de l'Adamaoua sont connues comme des taxons ayant de spécificités écologiques ; ainsi, certaines espèces de la famille des Platysteiridae auraient une préférence non seulement pour les forêts dégradées et les savanes, mais également pour les habitats boisés aux pieds des montagnes ou collines (Fjeldså *et al.*, 2006 ; Thomson et Ferguson, 2007 ; Njabo *et al.*, 2008). Par contre, les fauveltes africaines (Macrosphenidae) seraient présentes dans les forêts humides primaires, les milieux savaniques ouverts, les savanes boisées et les broussailles (Bairlein *et al.*, 2006).

III.2.1.1. Richesse spécifique de la faune aviaire et indices écologiques

Nos analyses ont montré que trois espèces étaient régulièrement présentes dans le Plateau de l'Adamaoua : il s'agit de *Pycnonotus barbatus* (avec une fréquence d'occurrence de 66,67 %), *Turdus pelios* (60 %) et *Turtur afer* (53,33 %) (**Tableau XV**) ; ces résultats corroborent ceux présentés par d'autres auteurs dans des habitats similaires (Akinsola et Oluseye, 2004 ; Okosodo *et al.*, 2016). D'une part, il a été démontré que *Pycnonotus barbatus* obtiendrait 70 % de ses ressources alimentaires dans les forêts secondaires et un peu moins dans les forêts primaires où ces ressources seraient seulement de 9 % (Okosodo *et al.*, 2016). D'autre part, des auteurs comme Corlett (1998) et Okosodo *et al.* (2016) ont également montré que, ce bulbul présenterait une capacité adaptative dans divers habitats et changerait son régime alimentaire en fonction de la disponibilité des ressources afin de réduire la compétition qui rend possible la coexistence d'espèces étroitement apparentées. Concernant le taxon *Turdus pelios*, des travaux antérieurs ont montré que l'essentiel de son régime alimentaire résulterait de la matière végétale et d'insectes notamment les orthoptères (Earle et Oatley, 1983 ; Akinsola et Oluseye, 2004). Sinon, la présence permanente de ces taxons dans le Plateau de l'Adamaoua pourrait s'expliquer par la mixture de la végétation qui fournirait la totalité de leurs ressources nutritives de base entre autres les graines, les insectes, etc. Par ailleurs, nous avons noté une différence statistique en termes de richesse spécifique dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua (**Tableau XIV**) ; cette différence observée entre ces trois habitats investigués pourrait s'expliquer par le fait que la

forêt fournit une diversité de ressources vitales pour les oiseaux par rapport à la savane et la prairie qui les fournissent en plus moindre quantité. A cet effet, il a été démontré que la diversité de ressources alimentaires favoriserait la cohabitation des espèces apparentées ou non et limiterait ainsi la compétition inter et intra spécifiques dans le milieu (Louette, 1981 ; Nguembock *et al.*, 2017 ; Nguembock *et al.*, 2019a ; Nguembock *et al.*, 2019b).

Comparativement aux études antérieures menées dans la zone de transition forêt/savane (Good, 1952, 1953 ; Louette, 1981 ; Fotso *et al.*, 2001), dix (10) taxons de rang spécifique ont été nouvellement échantillonnés dans le Plateau de l'Adamaoua. Il s'agit de *Lagonosticta sanguinodorsalis*, *Ploceus intermedius*, *Cyanomitra obscura*, *Ficedula hypoleuca*, *Melaenornis pallidus*, *Batis orientalis*, *Laniarius aethiopicus*, *Smithornis capensis*, *Streptopelia capicola* et *Dendropicos goertae* (**Annexe 7**). De ces dix taxons, six (*Lagonosticta sanguinodorsalis*, *Ploceus intermedius*, *Melaenornis pallidus*, *Laniarius aethiopicus*, *Streptopelia capicola* et *Dendropicos goertae*) n'ont jamais été signalés au Cameroun (Good, 1952, 1953 ; Louette, 1981 ; Fotso *et al.*, 2001 ; Nguembock *et al.*, 2019a, 2019b) ; par contre, les trois autres (*Cyanomitra obscura*, *Batis orientalis* et *Smithornis capensis*) ont été déjà identifiés dans la partie sud du Cameroun (Good, 1952, 1953 ; Louette, 1981 ; Fotso *et al.*, 2001 ; Nguembock *et al.*, 2019a, 2019b). En effet, la pluralité des habitats ainsi que le climat local du Plateau de l'Adamaoua seraient les éléments moteurs qui expliqueraient la présence de ces taxons, en rendant disponible leurs ressources alimentaires. Sinon, il a également été démontré que la diversité avifaunistique est généralement élevée dans les milieux qui offrent un nombre important d'habitats différents entre autres les forêts primaire et secondaire, les zones boisées clairsemées, etc. (Azman *et al.*, 2011 ; Nguembock *et al.*, 2020).

En revanche, cette étude a mis en évidence la présence de l'espèce *Lagonosticta sanguinodorsalis*, qui jusqu'à date, était décrite comme une espèce d'oiseau endémique du Plateau Jos au Nigeria mais identifiée dans certaines zones périphériques telles que la réserve d'Amurum et les Monts Mandara (Payne, 1998 ; Brandt et Cresswell, 2008 ; Abalaka *et al.*, 2010) (**Figure 20**). Dans le Plateau de l'Adamaoua, ce taxon a été capturé et identifié durant la saison sèche au niveau de la mosaïque forêt/savane à 1 130 m d'altitude (**Annexe 8**). Brandt et Cresswell (2008) ont démontré que cette espèce serait très fidèle à son habitat et qu'elle ne répondrait pas au changement des facteurs du milieu (la disponibilité ou non des ressources) par déplacement vers d'autres zones d'habitation, comme c'est souvent le cas de certaines espèces d'oiseaux nomades dans les milieux savaniques où la fréquence de la pluie

est imprévisible (Davies, 1984 ; Dean, 1997). Sinon, la présence de ce taxon dans cette zone pourrait s'expliquer par la similarité des habitats du Plateau Jos avec ceux du Plateau de l'Adamaoua (**Annexe 6**). Selon Fry et Keith (2004), cette armante de rochers, contrairement à certaines espèces de la famille des Estrildidae, est socialement monogame du point de vue comportemental avec un dimorphisme sexuel marqué au niveau de plumage. Par ailleurs, *L. sanguinodorsalis* est un hôte obligatoire d'un taxon parasite de couvées, *Vidua maryae* (famille de Viduidae) ; et toutefois, l'habitat de ces deux espèces « hôte-parasite » serait fortement menacé par les activités anthropiques selon certains auteurs (Brandt et Cresswell, 2008 ; Abalaka et Jones, 2011).

Cependant, dans l'échantillon obtenu dans le Plateau de l'Adamaoua, nous avons dénombré 4 espèces potentiellement nouvelles au sein de plusieurs familles identifiées ; car morphologiquement, ces taxons ne se trouvaient pas dans les guides d'identification d'oiseaux de Borrow et Demey (2001, 2014). Du moins, les genres identifiés pour ces taxons étaient entre autres *Ploceus*, *Cinnyris*, *Anthus* et *Agapornis* ; toutefois, des études moléculaires futures sont indispensables pour terminer l'identification de ces taxons et éventuellement leur nomenclature (**Annexe 9**).

Les valeurs des indices de diversité obtenues ont montré une faune aviaire diversifiée quel que soit l'habitat au niveau du Plateau de l'Adamaoua. Ainsi, l'indice de Shannon (H') a donné des valeurs significatives (3,38 pour le milieu forestier, 3,05 concernant la savane et 1,44 au niveau de la prairie) (**Tableau XVI**) ; ces résultats corroborent ceux obtenus par Nguembock *et al.* (2017, 2019a, 2019b, 2020). Néanmoins, nous avons noté une différence de niveau de diversité dans les différents sites investigués et cela pourrait se justifier par l'abondance de ressources qu'offrent certains habitats, en l'occurrence les milieux forestiers, limitant ainsi le chevauchement de niches et par conséquent, une meilleure cohabitation des espèces. En effet, il a été démontré que la diversité d'un groupe taxinomique dans un milieu dépendrait de plusieurs facteurs écologiques notamment l'abondance des ressources variées, l'absence de compétition et le niveau modéré de la prédation (Brown et Maurer, 1987 ; Miller et Harley, 2001). Sinon, plusieurs auteurs (Amiet et Perret, 1969 ; Heim De Balsac, 1969 ; Nguembock *et al.*, 2017) ont également montré que la végétation montagnarde et les biomes submontagnards offrirait les mêmes conditions d'alimentation qui seraient favorables à toutes les espèces d'oiseaux qu'elles soient sédentaires ou migratrices.

L'analyse de la distribution des taxons a montré une équirépartition des individus au sein des espèces dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua. Cette équirépartition des individus était observée au travers de l'indice d'équitabilité de Pielou qui a présenté des valeurs proches de sa valeur maximale ($J = 1$) dans les différents sites investigués (**Tableau XVI**) ; ces résultats sur la distribution sont en accord avec ceux obtenus par Nguembock *et al.* (2017, 2019a, 2019b, 2020) dans d'autres localités du Cameroun. Toutefois, il a été documenté que la distribution des oiseaux tropicaux serait liée d'une part, aux types de végétation (Louette, 1981), et d'autre part, il existerait une corrélation bien établie entre ces taxons et leurs sites de fourragement (Parsons *et al.*, 2006). En outre, cette distribution des taxons serait également liée à la disponibilité de diverses ressources nutritives qui limiterait systématiquement la compétition entre les individus dans leur environnement (Nguembock *et al.*, 2017 ; Nguembock *et al.*, 2019b).

Par ailleurs, le test ANOVA a fourni une valeur de probabilité ($p = 0,04$) inférieure à la valeur seuil de 0,05 (**Tableau XVII**). Cette faible probabilité montre que les taxons sont différemment distribués dans les zones forestières, savanicoles et dans les prairies ; et cela démontre qu'il existe une forte corrélation entre le type de végétation et la distribution des oiseaux dans l'environnement ; ces résultats corroborent ceux obtenus par Girma *et al.* (2017) et Kiros *et al.* (2018). En effet, le facteur « végétation » joue un rôle important dans la distribution et la survie des espèces d'oiseaux dans un environnement donné ; et de ce fait, plusieurs études écologiques récentes menées dans d'autres écozones et même écorégions ont souligné cette étroite corrélation entre les oiseaux et la végétation (Girma *et al.*, 2017 ; Kiros *et al.*, 2018 ; Nguembock *et al.*, 2019a). Dans nos analyses, la probabilité de ressemblance de distribution entre les milieux savanicoles et les prairies est faible (0,04) tandis que celle entre les zones savanicoles et forestières est plus forte (0,86) (**Tableau XVIII**). De plus, le diagramme de Tukey (boîtes à moustaches) a également montré une répartition dissymétrique des taxons dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua (**Figure 16**). En revanche, il ressort également de nos analyses que les oiseaux sont distribués de manière agrégative dans le Plateau de l'Adamaoua (**Figure 15**). Toutefois, certains auteurs ont démontré que la distribution et l'abondance de plusieurs espèces d'oiseaux sont liées à la composition de la végétation ; mais de manière spécifique, l'abondance des oiseaux dépendrait essentiellement des caractéristiques du milieu, en indiquant que les zones ayant d'importantes ressources végétales abriteraient le plus grand nombre d'espèces (Agyei-Ohemeng *et al.*, 2017 ; Nguembock *et al.*, 2020).

III.2.1.2. Quelques taxons d'oiseaux migrateurs échantillonnés dans le Plateau de l'Adamaoua

L'investigation menée dans le Plateau de l'Adamaoua a permis de mettre en lumière plusieurs oiseaux migrateurs entre autres *Anthus cervinus*, *Ficedula hypoleuca*, *Falco vespertinus* et *Ispidina picta* (**Figures 22 et 23**). Ces résultats ont été déjà mis en évidence dans les travaux antérieurs par plusieurs auteurs (De Greling, 1972a ; Hall, 1977 ; Kavanagh, 1977 ; Louette, 1981 ; Nguembock *et al.*, 2019a ; Nguembock *et al.*, 2019b ; Nguembock *et al.*, 2020). Ainsi, les trois premiers taxons sont décrits comme des migrants paléarctiques souvent rencontrés dans les forêts camerounaises en fonction de saisons mais à des fréquences d'occurrence très faibles (De Greling, 1972a ; Hall, 1977 ; Kavanagh, 1977 ; Louette, 1981). De manière générale, les conditions écologiques en Afrique sont déterminées par l'alternance des saisons sèche et pluvieuse qui sont conduites par un mouvement annuel nord-sud de la Zone de Convergence Inter-Tropicale (Jones, 1995 ; Salewski et Jones, 2006). Structurellement, les migrants paléarctiques utilisent divers habitats mais préférentiellement les milieux ouverts contrairement aux espèces afrotropicales qui ont une écologie similaire (Ulfstrand et Alerstam, 1977 ; Lack, 1990 ; Leisler, 1992 ; Jones, 1998 ; Salewski *et al.*, 2002a). Sinon, il a également été démontré que les oiseaux migrateurs du Paléarctique présenteraient une flexibilité apparente concernant le choix de leur milieu de vie ou habitat (Lack, 1986 ; Rabol, 1993 ; Leisler, 1993 ; Salewski *et al.*, 2002a). De plus, contrairement aux oiseaux sédentaires, les migrants paléarctiques nicheraient préférentiellement dans les plantations d'arbres exotiques durant leur passage dans un environnement donné (Moreau, 1972 ; Vande Weghe, 1979).

III.2.1.3. Menaces anthropiques et conservation de la diversité biologique au niveau du Plateau de l'Adamaoua

L'analyse de nos résultats ainsi que les observations faites lors de nos investigations dans le Plateau de l'Adamaoua ont montré que la biodiversité dans cette partie du Cameroun est sous la pression des activités anthropogéniques et les oiseaux constituent l'un des groupes d'animaux qui souffre de cette perturbation environnementale. Nos résultats et nos observations sont en accord avec ceux obtenus sur la Ligne Volcanique du Cameroun par plusieurs auteurs (Collar et Stuart, 1988 ; Smith et McNiven, 1993 ; Djomo *et al.*, 2014). Dès lors, plusieurs facteurs néfastes à la biodiversité (le phénomène de la déforestation, l'exploitation illégale de bois, le surpâturage, le braconnage, l'usage d'appâts empoisonnés,

les feux de brousse, etc.) ont été enregistrés dans cette zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua. Ainsi, plusieurs études ont mentionné que les principaux facteurs qui impactent la survie des oiseaux ainsi que celle de la biodiversité de manière générale sont les surpâturages, mais au premier plan la déforestation liée à l'expansion agricole, aux constructions de routes et barrages, à l'exploitation de bois et à la production de charbon de bois (Collar et Stuart, 1988 ; Smith et McNiven, 1993 ; Fotso *et al.*, 2001 ; Djomo *et al.*, 2014 ; BirdLife International, 2017 ; Kiros *et al.*, 2018). En outre, le changement de la structure végétale lié aux activités anthropiques diminuerait non seulement la disponibilité et la qualité des ressources alimentaires mais également les sites de repos et de nidification (Kiros *et al.*, 2018). Ainsi, la persistance de ces activités humaines dans l'environnement affecterait d'une part, la diversité, l'abondance ainsi que la distribution des oiseaux, et d'autre part, pourrait également créer d'autres problèmes supplémentaires tels que le risque de prédation, le coût de la migration pour la recherche de ressources et de sites de nidification (Mengesha *et al.*, 2011).

Par ailleurs, un modèle de distribution anormale des populations d'oiseaux au niveau du Plateau de l'Adamaoua a été mis en lumière à travers nos analyses (**Figure 16**) ; ce résultat correspond aux observations faites par plusieurs auteurs (Gaudreau *et al.*, 2015 ; BirdLife International, 2018). Ainsi, ce résultat pourrait s'expliquer par la forte fragmentation des habitats naturels dans cette zone de transition due aux fréquences élevées des activités anthropogéniques, entraînant un changement permanent du climat local. Selon plusieurs auteurs (Berteaux *et al.*, 2010 ; Gaudreau *et al.*, 2015), les changements climatiques seraient à l'origine de la disparition de plusieurs groupes d'oiseaux dans l'environnement. Par ailleurs, la fragmentation des habitats causée par l'action de l'Homme serait considérée comme l'une des plus importantes causes de la diminution ou de la perte de la biodiversité dans l'environnement (Wilcox et Murphy, 1985). Ainsi, Blondel (1991) a montré que le nombre d'espèces ainsi que leur abondance dans un milieu donné seraient dépendants de certains facteurs fondamentaux tels que la taille de l'habitat, le degré d'isolation de cet habitat et son hétérogénéité. Toutefois, il faut noter qu'en plus de ces facteurs énumérés précédemment, la qualité de l'habitat joue également un rôle important concernant la diversité et la distribution des oiseaux. En revanche, la fragmentation rapide de forêts naturelles dans le Plateau de l'Adamaoua a incontestablement eu un impact sur les oiseaux. Sinon, l'abondance des espèces telles que *Pycnonotus barbatus* et *Turdus pelios* dans un milieu est un indicateur de la dégradation des habitats et par conséquent le développement de la forêt secondaire, rendant

ainsi disponible la ressource alimentaire de ces taxons (Earle et Oatley, 1983 ; Corlett, 1998 ; Akinsola et Oluseye, 2004 ; Okosodo *et al.*, 2016). D'un autre côté, il a été démontré que l'expansion de forêts secondaires ainsi que l'extension de zones agricoles et de pâturages favoriseraient la présence des espèces dépendantes des milieux dégradés (Ramírez-Albores, 2007). Selon Asefa *et al.* (2017), la dégradation des habitats impacterait négativement les taxons spécialistes des zones forestières parce qu'ils n'ont souvent pas d'autres alternatives concernant les sites de fourragement et de reproduction. De nos jours, la dégradation et la pollution de l'environnement impacteraient même déjà les migrants paléarctiques dont les populations de certaines espèces ont drastiquement chuté ces dernières décennies (BirdLife International, 2017).

III.2.1.4. Prédiction temporelle des taxons inventoriés dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua

D'après nos analyses de modélisation des abondances, environ 52 % des taxons inventoriés dans le Plateau de l'Adamaoua seraient menacés dans cet environnement (**Figure 18**). Ces résultats corroborent ceux de Stattersfield *et al.* (1998) et BirdLife International (2004) qui ont montré que plusieurs populations d'oiseaux sont en baisse dans beaucoup de régions et d'habitats dans le monde. De tels résultats pourraient s'expliquer d'une part, par la perte des habitats, et d'autre part, par la rareté des ressources alimentaires qui impacte la multiplication ou la reproduction des oiseaux. Ainsi, Stattersfield *et al.* (1998) et BirdLife International (2004) ont observé qu'au niveau mondial, les oiseaux ont diminué de près de 20 à 25 % depuis l'ère préagricole en raison de la modification des habitats naturels que l'Homme a entraîné. Il a également été démontré que l'extinction de certaines espèces sur les continents serait tout de même le résultat direct de la destruction et de la dégradation à grande échelle des habitats, qui sont souvent combinées à la chasse de ces animaux (BirdLife International, 2004).

Plus loin, notre étude a mis en évidence la diminution progressive de plusieurs populations d'oiseaux sédentaires de la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua, au regard de leurs faibles fréquences d'apparition. Il s'agit des taxons comme *Pytilia hypogrammica*, *Lagonosticta sanguinodorsalis*, *Euschistospiza dybowskii*, *Muscicapa aquatica*, *Streptopelia capicola*, *Lybius dubius*, etc. Selon Birdlife International (2004), la plupart des oiseaux terrestres occuperaient des zones de nidification bien plus petites que celles apparemment disponibles. Or en Afrique, l'aire moyenne de distribution des oiseaux

représenterait seulement 1 % de toute la zone continentale au sud du Sahara et par conséquent, les taxons ayant une distribution restreinte seraient potentiellement plus sensibles aux menaces liées à la destruction des habitats (Stattersfield *et al.*, 1998 ; BirdLife International, 2004).

III.2.2. Analyses phylogénétiques de taxons examinés

III.2.2.1. Phylogénie de la famille des Ploceidae

Sibley et Ahlquist (1990) avaient suggéré que les Tisserins soient rangés dans une sous famille dite Ploceinae, appartenant à la grande famille des Passeridae sur la base des travaux d'hybridation ADN-ADN. Depuis lors, cette sous famille a été érigée en famille des Ploceidae incluant plusieurs genres dont la plupart sont endémiques ou ont une origine africaine (Dowsett et Dowsett-Lemaire, 1993 ; Borrow et Demey, 2001 ; Dickinson, 2003 ; De Silva *et al.*, 2017 ; Gill et Donsker, 2020). En effet, nos résultats confirment l'existence de cette famille par le truchement de sa monophylie solidement soutenue avec les différents caractères moléculaires utilisés, aussi bien avec l'analyse séparée (ND2, ND3, ATPase6, Myo2 et GAPDH) qu'avec celle combinant les caractères mitochondriaux (ND2, ND3 et ATPase6) (**Figures 33, 34, 35, 36, 37 et 38**) ; nos résultats sur la monophylie de ce groupe corroborent ceux obtenus par De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019). En outre, nos résultats tout comme ceux de plusieurs auteurs ont permis de démontrer que la famille des Ploceidae comprend des genres endémiques aussi bien d'Afrique que des îles de l'océan indien (Dowsett et Dowsett-Lemaire, 1993 ; Borrow et Demey, 2001 ; Dickinson, 2003 ; Fry et Keith, 2004 ; del Hoyo *et al.*, 2010 ; Sinclair *et al.*, 2010 ; De Silva *et al.*, 2017 ; Gill et Donsker, 2020).

Par ailleurs, nos résultats ont également permis de constater qu'au sein de la famille des Ploceidae, le genre monotypique *Amblyospiza* serait le premier taxon à diverger et constituerait donc le taxon basal de ce groupe (**Figures 33 et 36**) ; ce résultat est en accord avec ceux obtenus par d'autres auteurs (Prager *et al.*, 2008 ; De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019). D'un autre côté, des résultats significatifs ont été également obtenus dans nos analyses entre autres la polyphylie du genre *Ploceus* et la paraphylie du genre *Malimbus* (**Figure 33**) et cela corrobore les résultats mis en lumière par De Silva *et al.* (2017).

III.2.2.2. Relations intergénériques au sein de la famille des Ploceidae

De nos analyses, il ressort trois relations intergénériques en l'occurrence la relation entre *Bubalornis* et *Dinemellia* au sein du clade F, celles entre *Ploceus* et *Anaplectes* d'une part, et d'autre part, entre *Malimbus* et *Ploceus* qui sont tous des taxons appartenant au sous clade A3 du grand clade A (**Figure 33**) ; ces résultats sont en accord avec plusieurs travaux précédents menés sur la famille des Ploceidae (Dickinson, 2003 ; De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019). En effet, la relation entre *Bubalornis* et *Dinemellia* est fortement soutenue avec une valeur de bootstrap de 98 %, formant ainsi le clade F dans nos analyses (**Figure 33**). Cette relation de parenté entre ces deux genres, établie sur la base du caractère moléculaire ND2, pourrait s'expliquer du point de vue morphologique par le partage d'un énorme bec conique et pointu ainsi que la présence d'un plumage noir et blanc retrouvé chez ces deux taxons (Borrow et Demey, 2001 ; Dickinson, 2003 ; Fry et Keith, 2004). Communément appelés « Tisserins bisons », les genres *Bubalornis* et *Dinemellia* fréquentent pratiquement les mêmes habitats en l'occurrence les milieux semi-arides ainsi que les savanes d'Afrique ; et de plus sur le plan éthologique, ces taxons construiraient des nids semblables selon certains auteurs (Borrow et Demey, 2001 ; Dickinson et Christidis, 2014). Par ailleurs, les genres *Ploceus* et *Anaplectes* sont également apparus comme des taxons frères dans notre phylogénie au sein du sous clade A3 (**Figure 33**) ; la relation de parenté entre ces deux taxons était également trouvée dans la phylogénie de la famille des Ploceidae proposée par De Silva *et al.* (2017). Écologiquement, ces deux taxons évolueraient dans des habitats similaires en l'occurrence les milieux savaniques (Borrow et Demey, 2001 ; HBW et BirdLife International, 2018) ; et de plus, ils présenteraient en commun un caractère solitaire du point de vue comportemental mais ils se regrouperaient également en petits groupes dans leurs milieux naturels ou habitats (Borrow et Demey, 2001). Toujours dans le sous clade A3, la relation entre *Malimbus* et *Ploceus* est apparue très soutenue dans nos résultats (**Figures 33 et 35**) ; ces résultats corroborent ceux obtenus par De Silva *et al.* (2017) qui ont également mis en évidence cette relation de parenté entre *Malimbus* et *Ploceus* dans leur phylogénie sur la famille des Ploceidae. En effet, la similitude de leur milieu d'habitation pourrait justifier le rapprochement de ces genres car ces deux taxons sont retrouvés aussi bien dans la forêt que dans les milieux semi-ouverts (Borrow et Demey, 2001 ; HBW et BirdLife International, 2018). De plus, *Ploceus* étant polyphylétique, certains auteurs ont même suggéré que toutes les espèces afrotropicales appartenant à ce genre *Ploceus* soient renommées comme

appartenant au genre *Malimbus* à la suite de leur lien de parenté fort soutenu (De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019).

Cependant, l'alignement des séquences nucléaires (Myoglobine et GAPDH) a montré plusieurs autapomorphies propres au genre *Malimbus* comparativement aux taxons du genre *Ploceus*. Ainsi, concernant les séquences de l'intron 2 de la Myoglobine, nous avons observé des délétions sur trois nucléotides qui brisent le cadre de lecture dans les positions allant de 296 à 298 et de 304 à 306, marquant une grande différence entre les genres *Ploceus* et *Malimbus*. La lecture de ces séquences a également montré deux autres délétions propres au genre *Malimbus*, l'une sur deux nucléotides dans les positions 300 et 301 et l'autre sur un nucléotide à la position 308 de notre alignement. Ces résultats sont en désaccord avec ceux obtenus par De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019) qui ont suggéré que toutes les espèces afrotropicales, appartenant au genre *Ploceus*, soient renommées comme appartenant au genre *Malimbus*. D'un autre côté, l'examen du marqueur GAPDH a mis en évidence d'autres caractères autapomorphes qui marquent la différence entre les séquences de ces deux genres. Ainsi, plusieurs délétions ont été observées dans la séquence de *Malimbus* notamment celles visibles dans les positions 160, 162, 165, 170 et 182 de notre alignement. De plus, on a observé le long de la séquence de *Malimbus* une insertion de la Cytosine non retrouvée chez *Ploceus* et qui brise le cadre de lecture dans les positions 195, 206, 207, 208, 210, 211, 214, 215, 216, 218, 221, 222, 223 et 225 de notre alignement. On a également noté une triple insertion de la Guanine propre au genre *Malimbus* dans les positions allant de 202 à 204. Toujours dans le cadre de lecture des séquences, d'autres insertions ont été également observées notamment celle de l'Adénosine aux positions 227 et 252, celle de la Guanine aux positions 253 et 263, et enfin celle de la Thymine à la position 262 de notre alignement. Ces résultats confirment l'existence de ces deux genres afrotropicaux *Ploceus* et *Malimbus* et cela va en droite ligne du maintien de ces deux genres comme deux lignées naturelles différentes (Sibley et Alhquist, 1990 ; Dickinson, 2003 ; Gill et Donsker, 2020). Toutefois, nos résultats entrent en contradiction avec ceux obtenus par De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019). Mais morphologiquement, le genre *Ploceus* se caractérise par la dominance d'un plumage jaune sur l'ensemble du corps avec parfois des taches noires tandis que chez le genre *Malimbus*, il y a plutôt une dominance d'un plumage noir sur l'ensemble du corps accompagné des taches rouges ou jaunes.

III.2.2.3. Relations interspécifiques mises en évidence au sein de différents clades obtenus

Au sein du clade A, il ressort de nos résultats plusieurs relations de parenté interspécifiques dont les plus importantes sont celles entre *Ploceus cucullatus* et *Ploceus bannermani* et entre *P. bertrandi* et *P. ocularis* (**Figures 33 et 35**). En effet, de toutes les phylogénies déjà proposées sur la famille des Ploceidae, ces deux relations n'ont pas été élucidées (De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019). D'une part, le non positionnement jusqu'à date du taxon endémique du Cameroun, *P. bannermani*, au sein de la famille des Ploceidae pourrait expliquer l'absence de ces deux nouvelles relations de parenté dans les phylogénies précédentes mises en évidence par De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019). D'autre part, on observe néanmoins des synapomorphies morpho-écologiques qui pourraient justifier l'étroite parenté entre ces deux taxons. Ainsi, la relation de parenté entre *P. bannermani* et *P. cucullatus* pourrait s'expliquer par des synapomorphies morphologiques telles que la présence d'un bec noir, la présence du plumage jaune et brillant tacheté du noir au niveau des ailes ainsi que la rectrice, la présence d'un masque noir quittant de la base du bec en passant par les yeux et les conduits auditifs jusqu'à la partie supérieure de la gorge (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004 ; HBW et BirdLife International, 2018) (**Annexe 10**). Une autre synapomorphie morphologique pouvant justifier la relation de parenté entre ces deux espèces est la couleur brune claire des pattes (Borrow et Demey, 2001) (**Annexe 10**). De plus, *P. cucullatus* étant ubiquiste, on peut également noter une similarité concernant leurs milieux d'habitation, car *P. bannermani* fréquente aussi bien les forêts montagneuses humides que les maquis dans les zones de hautes altitudes (Borrow et Demey, 2001 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Lepage, 2020a). Ainsi, la distance génétique estimée entre *P. bannermani* et *P. cucullatus* est de 0,1 % aussi bien avec le caractère ND2 qu'avec la combinaison des gènes mitochondriaux (**Annexes 1 et 4**) ; cette distance génétique attesterait de la relation de parenté très étroite entre ces deux taxons à une probabilité de 99,9 %. D'un autre côté, le lien de parenté établi entre *P. bertrandi* et *P. ocularis*, au sein de ce clade A, pourrait également se justifier par quelques synapomorphies morphologiques entre autres le bec conique et noir, la présence d'un plumage vert olive couvrant le dos, les ailes et ainsi que la rectrice, la couleur pâle-crémeeuse des yeux (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Lepage, 2020a ; Gill et Donsker, 2020) (**Annexe 10**). En plus de ces synapomorphies, on peut ajouter le plumage noir entourant les yeux et au niveau de la gorge ainsi que la présence du plumage

jaune clair le long des flancs de ces deux espèces (Borrow et Demey, 2001 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Lepage, 2020a ; Gill et Donsker, 2020). Selon Borrow et Demey (2001), *P. bertrandi* ne serait pas distribué biogéographiquement dans l'écozone « Afrique de l'ouest » contrairement à *P. ocularis* ; en effet, *P. bertrandi* serait essentiellement distribué en Afrique de l'est (Mozambique, Malawi, Tanzani, Zambie) (Gill et Donsker, 2020). Néanmoins, *P. bertrandi* et *P. ocularis* fréquentent des habitats similaires (forêt, savane sèche, prairies) (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004) ; et la distance génétique estimée entre ces deux taxons est de 0,01 % (**Annexe 3**). De plus, la relation de parenté entre *Ploceus bicolor* et *Anaplectes rubriceps* est aussi mise en évidence dans nos résultats au sein de ce même clade A (**Figure 33**) ; ces résultats corroborent ceux obtenus dans les phylogénies de De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019). Plusieurs synapomorphies morphologiques pourraient expliquer cette étroite relation de parenté entre ces taxons notamment leur taille corporelle (15 cm), la coloration brune claire de leurs pattes et les similitudes dans la construction des nids en forme de chaussettes renversées (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004). En général, ces deux taxons sont solitaires mais se regroupent parfois en petits groupes dans les savanes boisées et les buissons (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Lepage, 2020a) ; et ces similitudes étho-écologiques pourraient également justifier leur rapprochement génétique.

Dans notre phylogénie, la relation de parenté entre *Euplectes orix* et *Euplectes franciscanus* est établie au sein du clade B avec une robustesse au nœud de 75 % (**Figure 33**). Ce résultat est en accord avec ceux proposés par Prager *et al.* (2008) et De Silva *et al.* (2017). Morphologiquement, on observe quelques synapomorphies entre ces deux taxons en l'occurrence la coloration noire du bec, la présence d'un plumage ventral noir d'une part, et d'un plumage dorsal rouge éclatant d'autre part (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Lepage, 2020a ; Gill et Donsker, 2020) (**Annexe 11**). De plus, une autre synapomorphie entre ces deux taxons est celle de leurs syrinx qui produisent les mêmes sons « chiz-chiz » lors de leurs chants (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004). Selon Sibley et Monroe (1990), ces deux taxons ont une attraction particulière pour les zones herbacées humides. D'un autre côté, une relation de parenté fortement soutenue avec une valeur de bootstrap de 100 % observée dans nos phylogrammes au sein de ce même clade B, est celle entre *E. franciscanus* et *E. ardens* (**Figure 36**). Cette relation a également été retrouvée par Prager *et al.* (2008) mais non établie dans les phylogénies proposées par De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019). Cette divergence de résultats

pourrait s'expliquer par la différence des échantillons utilisés lors des différentes études. Néanmoins, quelques synapomorphies morphologiques pourraient justifier l'étroite relation de parenté entre ces deux taxons notamment leur petite taille comprise entre 12 et 14 cm, la présence de plumages noir et rouge, la couleur noire de becs, etc. (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Lepage, 2020a ; Gill et Donsker, 2020) (**Annexe 11**).

Par ailleurs, dans le clade C, la relation entre *Quelea cardinalis* et *Quelea quelea* a été systématiquement trouvée dans nos analyses (**Figures 34 et 36**). Le genre *Quelea* apparaît monophylétique avec ses trois espèces et toutes ont été incluses dans nos analyses. Cette monophylie du genre a également été trouvée dans les phylogénies proposées par Prager *et al.* (2008) et De Silva *et al.* (2017). Ainsi, la relation de parenté entre *Q. cardinalis* et *Q. quelea* mise en lumière dans nos phylogrammes corrobore aussi le résultat obtenu par Prager *et al.* (2008), mais ce résultat diffère de celui obtenu par De Silva *et al.* (2017). La différence observée entre ces phylogénies pourrait s'expliquer par l'absence de la troisième espèce *Q. erythroptus* dans l'analyse de Prager *et al.* (2008) et dans certaines de nos analyses. Sinon, *Q. cardinalis* et *Q. quelea* sont des taxons coloniaux et endémiques du continent africain selon plusieurs auteurs (Sibley et Monroe, 1990 ; Elliot, 2000 ; Dickinson, 2003 ; Fry et Keith, 2004 ; Birdlife International, 2018 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Lepage, 2020a ; Gill et Donsker, 2020). De plus, ces deux taxons présentent quelques synapomorphies morphologiques (les pattes brunes claires, la taille corporelle allant de 11 à 13 cm, le plumage brun tacheté au niveau des ailes) qui semblent justifier leur lien de parenté (Elliot, 2000 ; Borrow et Demey, 2001 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Lepage, 2020a ; Gill et Donsker, 2020). Le clade D, quant à lui, regroupe les espèces du genre *Foudia* qui apparaît également monophylétique dans toutes nos analyses (**Figures 33, 34, 35 et 36**), corroborant ainsi les résultats obtenus par Prager *et al.* (2008) et même ceux de De Silva *et al.* (2017). Au sein de ce clade D, la relation de parenté entre *F. madagascariensis* et *F. sechellarum* était trouvée suite à nos analyses et ce résultat est en accord avec celui obtenu par Prager *et al.* (2008), mais ce lien de parenté n'a pas été mis en évidence dans les phylogénies de De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019). Selon plusieurs auteurs (Moreau, 1960a, 1960b ; Crook, 1961 ; Safford, 1997 ; Dickinson, 2003 ; Gill et Donsker, 2020), ces deux taxons sont endémiques de plusieurs îles des côtes africaines (les îles Comores, les Seychelles, etc.). Ce genre compte sept espèces mais seules deux ont été prises en compte dans nos analyses. Ces deux taxons présentent également quelques synapomorphies aussi bien

morphologiques (la taille comprise entre 10 et 12 cm, la forme des becs ainsi que leur couleur noire, les pattes brunes, etc.) (**Annexe 11**) qu'éthologique notamment la construction de même type des nids ayant une structure en dôme (Rasamison et Andrianarimisa, 2013).

Le clade E regroupe en son sein les taxons asiatiques appartenant au genre *Ploceus*, illustrant davantage la polyphylie de ce genre au sein de la famille des Ploceidae. Dans ce clade E, la relation de parenté entre *Ploceus manyar* et *Ploceus philippinus* est établie dans notre phylogénie avec une robustesse au nœud de 100 % dans notre phylogramme avec le marqueur ND2 (**Figure 33**). Ces résultats corroborent ceux proposés dans les phylogénies de De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019). Ainsi, *P. manyar* et *P. philippinus* partagent quelques synapomorphies morphologiques pouvant expliquer leur lien de parenté étroit notamment leur taille identique de 15 cm, ainsi que la construction de leurs nids en forme de dôme ayant parfois une ouverture latérale (Dickinson, 2003 ; Fry et Keith, 2004 ; HBW et BirdLife International, 2018). Du point de vue écologique, ces deux espèces fréquentent les mêmes types d'habitats en l'occurrence les prairies, les rizières, les forêts clairsemées (Dickinson, 2003 ; Fry et Keith, 2004 ; Gill et Donsker, 2020) ; de plus, la distance génétique estimée dans notre phylogénie entre ces deux taxons est de 0,04 %, démontrant qu'ils seraient proches à une probabilité de 99,96 % (**Annexe 1**).

Le clade F est formé de deux espèces appartenant à deux genres différents : il s'agit de : *Bubalornis albirostris* et *Dinemellia dinemelli* (**Figure 33**). D'après nos résultats, ces deux espèces forment un groupe-frère et cette relation de parenté a également été trouvée dans les phylogénies de De Silva *et al.* (2017) et De Silva *et al.* (2019). Selon la classification de Dickinson (2003), ces deux taxons appartenaient à une même sous famille, la sous famille des Bubalornithinae. Le lien de parenté entre ces deux taxons pourrait s'expliquer par des synapomorphies morphologiques notamment leur énorme bec pointu, leur taille corporelle allant de 20 à 25 cm, les plumages alaire et dorsal de couleur noire (Borrow et Demey, 2001 ; Dickinson, 2003 ; Fry et Keith, 2004 ; Gill et Donsker, 2020) (**Annexe 12**). Certains auteurs (Borrow et Demey, 2001 ; Dickinson et Christidis, 2014) ont également démontré que ces deux taxons sont semblables du point de vue éthologique, surtout leur façon de construire leurs nids avec des brindilles ou des rameaux souples sur les arbres. Par ailleurs, la distance génétique estimée entre *Bubalornis albirostris* et *Dinemellia dinemelli* dans notre phylogénie est de 0,18 % ; et cela démontre que génétiquement ces deux taxons sont très proches avec une probabilité allant jusqu'à 99,82 % (**Annexe 1**). D'un autre côté, le clade G met en

exergue la relation de parenté entre *Sporopipes frontalis* et *Sporopipes squamifrons* qui est établie avec une valeur de bootstrap de 99 % dans notre phylogénie (**Figure 33**). Cette relation de parenté a également été mise en lumière par plusieurs auteurs (De Silva *et al.*, 2017 ; De Silva *et al.*, 2019). Les synapomorphies morphologiques observées entre ces deux taxons (leur petite taille de 11 cm, leur bec court et brun, leurs pattes de couleur brune, une couronne faciale grise tachetée du noir, etc.) pourraient justifier cette étroite relation de parenté (Borrow et Demey, 2001 ; Fry et Keith, 2004 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Gill et Donsker, 2020) (**Figure 34**). Ces deux espèces sont toutes endémiques d’Afrique et fréquentent essentiellement les savanes sèches ainsi que les maquis secs (Dickinson, 2003 ; Fry et Keith, 2004 ; HBW et BirdLife International, 2018 ; Gill et Donsker, 2020) ; de plus, la distance génétique estimée entre ces deux taxons lors de nos analyses est de 0,12 % (**Annexe 1**).

CONCLUSION GÉNÉRALE



Lybius dubius Gmelin, 1788

Au terme de cette étude menée sur le Plateau de l'Adamaoua, il ressort que les oiseaux passériformes étaient les plus abondants avec environ 68 % par rapport aux non passériformes qui représentaient seulement 32 %. En effet, 28 familles ont été identifiées dans cette zone de transition forêt/savane dont 07 familles (Leiothrichidae, Platysteiridae, Monarchidae, Malaconotidae, Eurylaimidae, Macrosphenidae et Lybiidae) étaient nouvellement recensées dans cette partie du Cameroun. Ainsi, les familles les plus abondantes (représentant à elles seules environ 40 % de l'échantillon) étaient celles des Pycnonotidae, des Columbidae et des Turdidae tandis que la famille la plus diversifiée était celle des Ploceidae. Par ailleurs, cette étude a également mis en évidence 10 espèces nouvellement échantillonnées dans le Plateau de l'Adamaoua ; il s'agit de : *Lagonosticta sanguinodorsalis*, *Ploceus intermedius*, *Cyanomitra obscura*, *Ficedula hypoleuca*, *Melaenornis pallidus*, *Batis orientalis*, *Laniarius aethiopicus*, *Smithornis capensis*, *Streptopelia capicola* et *Dendropicos goertae*. De plus, les espèces abondamment rencontrées dans cette région de transition étaient *Pycnonotus barbatus* (66,67 %), *Turdus pelios* (60 %) et *Turtur afer* (53,33 %). De manière générale, la faune aviaire est apparue diversifiée dans le Plateau de l'Adamaoua. Cette diversité avifaunistique est plus marquée dans les habitats forestiers, mais un peu moins ou non diversifiée dans les milieux savanicoles et les prairies. Toutefois, les spécimens inventoriés ont équitablement été répartis au sein des espèces mais avec une distribution spatiale agrégative. D'un autre côté, il ressort également de nos analyses que plus de 50 % des taxons identifiés dans la présente étude seraient menacés dans leurs différents habitats au niveau du Plateau de l'Adamaoua suite aux activités anthropogéniques variées (surpâturage, déboisement, feux de brousse, pesticides, etc.) dans cette zone de transition. Concernant l'histoire évolutive de la famille des Ploceidae réalisée lors de notre étude, des travaux phylogénétiques effectués, cette famille est apparue monophylétique avec un fort soutien au nœud, soit 100 % de valeur de bootstrap. Ainsi, les Ploceidae constituent un groupe naturel et nos différentes analyses phylogénétiques ont montré qu'*Amblyospiza albifrons* serait le premier taxon à diverger et donc basal au sein de cette famille. Dans cette famille, le genre *Ploceus* apparaît polyphylétique dans nos phénogrammes et phylogrammes tandis que le genre *Malimbus* est apparu paraphylétique. Par contre, plusieurs autres genres impliqués dans nos analyses sont apparus monophylétiques notamment les genres *Euplectes*, *Quelea*, *Foudia* et *Sporopipes*. En revanche, plusieurs relations de parenté intergénériques entre les taxons afrotropicaux ont été mises en lumière ; il s'agit de la relation entre les genres *Bubalornis* et *Dinemellia*, ensuite celle entre *Ploceus* et *Anaplectes* d'une part, et enfin celle entre *Ploceus* et *Malimbus* d'autre part. Pour les relations interspécifiques, la position phylogénétique de *Ploceus bannermani* est d'emblée clarifiée

dans notre phylogénie et ce dernier apparaît comme taxon frère de *Ploceus cucullatus* au sein de la famille des Ploceidae. D'un autre côté, cette étude vient également clarifier la position phylogénétique du taxon *Ploceus bertrandi* qui est apparu très proche de *Ploceus ocularis* dans notre phylogénie. Dans la même lancée, plusieurs autres relations interspécifiques ont été mises en évidence entre autres celles entre *Ploceus bicolor* et *Anaplectes rubriceps*, entre *Euplectes orix* et *E. franciscanus*, entre *Quelea cardinalis* et *Q. quelea*, entre *Foudia madagascariensis* et *F. sechellarum* mais aussi celle entre *Ploceus manyar* et *P. philippinus*, qui sont des taxons d'origine asiatique. Notre étude a également permis de mettre en lumière la relation de parenté entre *Bubalornis albirostris* et *Dinemellia dinemelli*. De plus, la relation de parenté entre *Sporopipes frontalis* et *S. squamifrons* a également été trouvée dans cette étude.

RECOMMENDATIONS



Accipiter badius Gmelin, 1788

Le Plateau de l'Adamaoua, faisant partie intégrante de la Ligne Volcanique du Cameroun, est une écorégion importante pour la promotion de la biodiversité de manière générale, mais plus spécifiquement celle de la faune aviaire qui est l'une des ressources premières en matière de tourisme dans le monde. Par ailleurs, certaines espèces d'oiseaux sont des bioindicateurs du milieu et leur présence ou leur absence dans un environnement donné pourrait expliquer un changement de certains paramètres écologiques fondamentaux entre autres les facteurs biotiques et abiotiques. De plus, les oiseaux luttent de manière très efficace contre le déboisement à travers le phénomène de la pollinisation et de dissémination de graines des plantes dans l'environnement (Whelan *et al.*, 2015). Certains oiseaux participent également à la lutte contre les insectes ravageurs de cultures, et d'autres sont d'excellents agents de nettoyage de l'environnement au travers des actions de ramassage de carcasses d'animaux morts, limitant ainsi la prolifération de spores porteuses de maladies (Tuberculose, Rage, Botulisme, etc.) (Ogada *et al.*, 2012) . Pour toutes les raisons évoquées ci-dessus et sur la base de nos observations faites durant l'échantillonnage ainsi que l'analyse de données collectées dans cette zone de transition forêt/savane, nous proposons quelques recommandations aussi bien au pouvoir public qu'aux populations locales et ainsi qu'aux chercheurs.

Au pouvoir public nous suggérons :

- l'organisation régulière des meetings de sensibilisation des populations locales sur les multiples rôles joués par les oiseaux dans l'équilibre écosystémique, la santé et le tourisme ;
- la création d'une Zone Importante pour la Conservation des Oiseaux (ZICO) au niveau du Plateau de l'Adamaoua afin de limiter l'impact de l'anthropisation d'une part, et également de mieux contrôler la fragmentation des habitats d'autre part ;
- le renforcement des mesures de prévention à la déforestation, à la pollution et aux braconnages ;
- le renforcement et l'application sur le terrain de la loi N° 94/01 du 20 janvier 1994 portant régime des forêts, de la faune et de la pêche.

Aux populations locales nous recommandons :

- une gestion efficiente de l'environnement à travers de la mise sur pieds d'un programme semestriel ou annuel de reboisement ;
- les patrouilles anti braconnages ;
- la diminution de l'usage des pesticides qui sont des polluants.

Aux chercheurs nous suggérons :

- la recherche en mettant l'accent sur la surveillance des activités néfastes à l'environnement ainsi que leur impact à long terme ;
- la participation à la formation des populations sur la conservation de la Biodiversité de manière générale.

PERSPECTIVES



Laniarius poensis Alexander, 1903

Globalement, les résultats ainsi obtenus sur la faune aviaire du Plateau de l'Adamaoua constituent une avancée importante des connaissances sur ce groupe de vertébrés dans les zones de transition forêt/savane. Cette étude fait également ressortir les activités dangereuses menées par l'Homme dans le Plateau de l'Adamaoua. De plus, les phylogénies obtenues ont permis de connaître l'évolution de la famille des Ploceidae ainsi que les positions phylogénétiques de nouveaux taxons inventoriés au sein de cette famille. Dans l'optique d'approfondir nos connaissances sur l'avifaune camerounaise et/ou africaine, nous envisageons dans nos futures recherches :

- d'étendre l'échantillonnage sur l'ensemble de la région de l'Adamaoua et dans d'autres écorégions pour une meilleure connaissance de l'avifaune ;
- d'identifier davantage les taxons menacés ainsi que ceux endémiques afin de mieux les protéger ;
- de mettre sur pied une technique appropriée concernant l'échantillonnage des taxons de canopées ;
- d'effectuer les analyses phylogénétiques sur d'autres groupes taxinomiques afin d'améliorer davantage les connaissances en phylogénie des taxons camerounais ;
- de mener des études biogéographiques sur des populations de quelques taxons des ploceidés du Cameroun qui ont des proches parents en Afrique de l'Est en y impliquant des méthodes de datation afin de déterminer leur temps de divergence.

**RÉFÉRENCES
BIBLIOGRAPHIQUES**



***Coracina pectoralis* Jardine et Selby, 1828**

Abalaka, J.I., Ottosson, Ulf., Tende, T. et Larson, K. (2010). Rock Firefinch *Lagonosticta sanguinodorsalis* in the Mandara Mountains, north-east Nigeria: a new subspecies?. *African Bird Club Bulletin* 17(2): 210 - 211.

Abalaka, J.I. et Jones, P.J. (2011). Population densities of the Rock Firefinch *Lagonosticta sanguinodorsalis* and some other estrildine and viduine finches on the Jos Plateau, Nigeria. In: Harebottle DM, Craig AJFK, Anderson MD, Rakotomanana H, Muchai M (eds). *Proceedings of the 12th Pan-African Ornithological Congress, 2008*. Cape Town. *Animal Demography Unit*: 131 - 134.

Adawalla, P., Eyre-Walker, A. et Maynard-Smith, J. (1999). Linkage disequilibrium and recombination in hominid mitochondrial DNA. *Science* 286: 2524 - 2525.

Agassiz, L. (1859). *An essay on classification*. Longman, Brown, Green, Longmans and Roberts, London. 381p.

Agyei-Ohemeng, J., Danquah, E. et Adu Yeboah, B. (2017). Diversity and Abundance of Bird Species in Mole National Park, Damongo, Ghana. *Journal of Natural Sciences Research* 7(12): 20 - 33.

Ajayi, J.F.A. et Crowder, S. (1974). *History of West Africa*. London : Longman. 86p.

Akinsola, I.A. et Oluseye, A.O. (2004). A twelve-month field study of the West African Thrush *Turdus pelios* (Passeriformes: Muscicapidae). Part 1: food and feeding ecology. *Revista de Biologia Tropical* 52 (4): 1001 - 1007.

Ali, S. (1931). The nesting habits of the baya (*Ploceus philippinus*). A new interpretation of their domestic relations. *The Journal of the Bombay Natural History Society* 34: 947 - 964.

Alström, P., Ericson, P.G.P., Olsson, U. et Sundberg, P. (2006). Phylogeny and classification of the avian superfamily Sylvioidea. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 38: 381 - 397.

Ambedkar, V.C. (1964). *Some Indian weaver birds: a contribution to their breeding biology*. University of Bombay Press, Bombay. 83p.

Ames, P.L. (1971). The morphology of the syrinx in passerine birds. Peab. *Bulletin du Muséum National d'Histoire Naturelle* 37: 1 - 194.

Amiet, J.L. (1987). Aires disjointes et taxons vicariants chez les Anoures au Cameroun: implications paléo-climatiques. *Alytes* 6 : 99 - 115.

Amiet, J.L. et Perret, J.L. (1969). Contribution à la faune de la région de Yaoundé (Cameroun). II Amphibiens Anoures. *Annales de la Faculté des Sciences du Cameroun* 3: 117 - 137.

Areaya, H., Yonas, M. et Haileselasie, T.H. (2013). Community composition and abundance of residential birds in selected church forests, Tigray Region, Northern Ethiopia. *Scientific Research and Essays* 22: 1038 - 1047.

Asefa, A., Davies, A.B., McKechnie, A.E., Kinahan, A.A. et van Rensburg, B.J. (2017). Effects of anthropogenic disturbance on bird diversity in Ethiopian montane forests. *Condor: Ornithological Applications* 119: 416 - 430.

Auer, S.K., Bassar, R.D., Fontaine, J.J. et Martin, T.E. (2007). Breeding Biology of Passerines in a Subtropical Montane Forest in Northwestern Argentina. *Condor* 109: 321 - 333.

Austin, G.T. et Smith, E.L. (1972). Winter foraging ecology of mixed insectivorous bird flocks in oak woodland in southern Arizona. *The Condor* 74: 17 - 24.

Azman, N.M., Latip, N.S.A. et Sah, S.A.M. (2011). Avian diversity and feeding guilds in a secondary forest, an oil palm plantation and a paddyfield in riparian areas of the Kerian River Basin, Perak, Malaysia. *Tropical Life Sciences Research* 22(2): 45 - 64.

Bachelier, G. (1957). Etude pédologique de la zone du volcanisme récent au sud-est de Ngaoundéré (Cameroun). *Agronomie Tropicale* 12(5) : 0151 - 1238.

Bairlein, F. (2006). Family Sylviidae (Old World Warblers). In del Hoyo J, Elliott A, Christie DA (Eds). *Handbook of the Birds of the World*. Volume 11. Old World Flycatchers to Old World Warblers. Lynx Edicions, Barcelona: 492 - 575 pp.

- Barker, F.K., Barrowclough, G.F. et Groth, J.G. (2002).** A phylogenetic hypothesis for passerine birds: taxonomic and biogeographic implications of an analysis of nuclear DNA sequence data. *Proceedings of the Royal Society of London B* 269: 295 - 308.
- Barker, F.K., Cibois, A., Schikler, P., Feinstein, J. et Cracraft, J. (2004).** Phylogeny and diversification of the largest avian radiation. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 101: 11040 - 11045.
- Baker, A.J., Haddrath, O., McPherson, J.D. et Cloutier, A. (2014).** "Genomic Support for a Moa-Tinamous Clade and Adaptive Morphological Convergence in Flightless Ratites". *Molecular Biology and Evolution* 31 (7): 1686 - 1696.
- Bayes, T. (1763).** "An Essay towards solving a Problem in the Doctrine of Chances." *Philosophical Transactions of the Royal Society of London* 53: 370 - 418.
- Becker, J.J. (1987).** *Neogene Avian Localities of North America*. Smithsonian Institution Press, Washington, D.C. 771p.
- Berteaux, D., de Blois, S., Angers, J. F., et al. (2010).** The CC-Bio Project: studying the effects of climate change on Quebec Biodiversity. *Diversity* 2: 1181 - 1204.
- BirdLife International. (2004).** Threatened birds of the world 2004. CD-ROM. Cambridge, UK : BirdLife International. Downloaded from <http://www.birdlife.org>. Consulté le 01/09/2020.
- BirdLife International. (2018).** État des populations d'oiseaux dans le monde : prenons le pouls de la planète. Cambridge, UK: BirdLife International. Downloaded from <http://www.birdlife.org>. Consulté le 01/09/2020.
- BirdLife International. (2017).** Palearctic-African migratory birds have suffered substantial declines. Downloaded from <http://www.birdlife.org>. Consulté le 01/09/2020.
- Blondel, J. (1979).** Biogéographie de l'avifaune algérienne et dynamique des communautés. Séminaire international avifaune algérienne, Département de Zoologie Agricole et Forestière, Institut National Agronomique, El Harrach. 15p.

Blondel, J. (1991). Birds in biological isolates. In: Perrins CM, Lebreton JD, Hiron GJM, editors. *Bird Populations Studies. Relevance to Conservation and Management*. Oxford, UK: Oxford Ornithology Press : 45 - 72.

Blondel, J. (1995). *Biogéographie : approche écologique et évolutive*. Masson, Paris, n°27. 298p.

Borrow, N. et Demey, R. (2014). *A guide to the Birds of Western Africa: Second Edition*. Princeton University Press. 592p.

Borrow, N. et Demey, R. (2001). *A guide to the Birds of Western Africa*. Princeton University Press, Princeton and Oxford. 832p.

Boutrais, J. (1974). Les conditions naturelles de l'élevage sur le Plateau de l'Adamaoua (Cameroun). *Série lettres et Sciences Humaines (2)*: 145 - 198.

Brandt, M. et Cresswell, W. (2008). Breeding behaviour, home range and habitat selection in rock firefinches *Lagonosticta sanguinodorsalis* in the wet and dry season in central Nigeria. *Ibis* 150: 495 - 507.

Brown, J.H. et Maurer, B.A. (1987). Evolution of species assemblages: effects of energetic constraints and species dynamics on the diversification of North American avifauna. *The American Naturalist* 130: 1 - 17.

Bub, H. (1991). Bird trapping and bird banding. Translated by F. Hamerstrom and K. WuertzSchaefer. Cornell University Press, Ithaca, NY.

Byaruhanga, A., Kasoma, P. et Pomeroy, D. (2001). Important Bird Areas in Uganda. Kampala: Nature Uganda. 166p.

Candolle, A.P.d. (1820). Essai élémentaire de géographie botanique. *Dictionnaire des sciences naturelles* 18 : 359 - 422.

Chapin, J.P. (1917). The classification of the weaver-birds. *Bulletin of the American Museum of Natural History* 37: 243 - 273.

Chiari, Y., Vences, M., Vieites, D.R., Rabemananjara, F., Bora, P., Ravoahangimalala, O.R. et Meyer, A. (2004). New evidence for parallel evolution of color patterns in Malagasy poison frogs (*Mantella*). *Molecular Ecology* 13: 3763 - 3774.

Clayton, D.A. (1992). Structure and function of the mitochondrial genome. *Journal of Inherited Metabolism Disease* 15: 439 - 447.

Clements, J.F., Schulenberg, T.S., Iliff, M.J., Roberson, D., Fredericks, T.A., Sullivan, B.L. et Wood, C.L. (2018). The eBird/Clements checklist of birds of the world: v2018. Downloaded from [http:// www.birds.cornell.edu/clementschecklist/download](http://www.birds.cornell.edu/clementschecklist/download) / [http:// www.birds.cornell.edu/clementschecklist/download](http://www.birds.cornell.edu/clementschecklist/download) /. Consulté le 01/09/2020.

Clements, J.F., Schulenberg, T.S., Iliff, M.J., Roberson, D., Fredericks, T.A., Sullivan, B.L., Wood, C. (2015). The eBird/Clements Checklist of Birds of the World: v2015. Downloaded from <http://www.birds.cornell.edu/clementschecklist/download>. Consulté le 01/09/2020.

Clements, J.F., Schulenberg, T.S., Iliff, M.J., Billerman, S.M., Fredericks, T.A., Sullivan, B.L. et Wood, C.L. (2019). The eBird/Clements Checklist of Birds of the World: v2019. Downloaded from <https://www.birds.cornell.edu/clementschecklist/download/>. Consulté le 01/09/2020.

Collar, N.J. et Stuart, S.N. (1985). *Threatened birds of Africa and related islands: the ICBP/IUCN Red Data Book*. Third edition (part1). Cambridge, U.K.: International Council for Bird Preservation. 796p.

Collar, N.J. et Stuart, S.N. (1988). Key forests for threatened birds in Africa. Cambridge, U.K.: International Council for Bird Preservation (Monograph 3), 32 Cambridge Road, Cambridge CB3 0PJ, England, UK. 102p.

Corlett, R.T. (1998). Frugivory and seed dispersal by birds in Hong Kong shrubland. *Forktail* 13: 23 - 27.

Cracraft, J., Barker, F.K., Braun, M., Harshman, J., Dyke, G.J., Feinstein, J., Stanley, S., Cibois, A., Schikler, P. et Beresford, P. (2004). Phylogenetic relationships among

modern birds (Neornithes): toward an avian tree of life. In: Cracraft J, Donoghue MJ, editors. *Assembling the tree of life*. New York: Oxford University Press.: 468 - 489.

Craig, A.J.F.K. (1980). Behaviour and evolution in the genus *Euplectes*. *Journal fir Ornithologie* 121: 144 - 161.

Craig, A.J.F.K. (1993a). Geographical variation and taxonomy of the genus *Euplectes* (Aves, Ploceidae), Part I: the short-tailed bishop birds. *Journal of African Zoology* 107: 83 - 96.

Craig, A.J.F.K. (1993b). Geographical variation and taxonomy of the genus *Euplectes* (Aves, Ploceidae), Part II: the long-tailed widow birds. *Journal of African Zoology* 107: 139 - 151.

Crook, J.H. (1961). The fodies (Ploceinae) of the Seychelles Islands. *Ibis* 103a : 517 - 548.

Dajoz, R. (1985). *Précis d'écologie*. Edition Dunod, Paris. 505p.

Darlu, P. et Tassy, P. (1993). *La reconstruction phylogénétique, Concepts et méthodes*. Masson, Paris. 244p.

Darwin, C. (1872). *The Origin of Species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life*. London: John Murray. 6^e edition. 458p.

Davies, S. (1984). Nomadism as a response to desert conditions in Australia. *Journal of Arid Environments* 7: 183 - 195.

De Greling, C. (1972a). Sur les migrations et mouvements migratoires de l'avifaune Ethiopienne, d'après les fluctuations saisonnières des densités de peuplement en savane soudanienne au Nord-Cameroun. *L'Oiseau et la revue française d'ornithologie* 42: 1 - 27

De Silva, T.N., Peterson, A.T., Bates, J.M., Sumudu, W.F. et Girard, M.G. (2017). Phylogenetic relationships of weaverbirds (Aves: Ploceidae): A first robust phylogeny based on mitochondrial and nuclear markers. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 109: 21 - 32.

De Silva, T.N., Peterson, A.T. et Perktas, U. (2019). An extensive molecular phylogeny of weaverbirds (Aves: Ploceidae) unveils broad nonmonophyly of traditional genera and new relationships. *The Auk* 20: 1 - 21.

Dean, W.R.J. (1997). The distribution and biology of nomadic birds in the Karoo, South Africa. *Journal of Biogeography* 24: 769 - 779.

del Hoyo, J., Elliott, A. et Christie, D. (2010). *Handbook of the Birds of the World*. volume 15: Weavers to New World Warblers. Lynx Edicions, Barcelona, Spain. 879p.

del Hoyo, J., Collar, N.J., Christie, D.A., Elliott, A., Fishpool, L.D.C., Boesman, P. et Kirwan, G.M. (2016). *HBW and BirdLife International Illustrated Checklist of the Birds of the World*. Volume 2: Passerines. Lynx Edicions and BirdLife International, Barcelona, Spain and Cambridge, UK. 1013p.

Delsuc, F. et Douzery, E.J.P. (2004). "Les méthodes probabilistes en phylogénie moléculaire. (2) L'approche Bayésienne." *Biosystema : Avenir et pertinence des méthodes d'analyses en phylogénie moléculaire* 22: 75 - 86.

Desjardins, P. et Morais, R. (1990). Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome a novel gene order in higher vertebrates. *Journal of Molecular Biology* 212: 599 - 634.

Dickinson, E.C. (2003). *The howard and moore complete checklist of the birds of the world*. 3rd edition. Princeton, NJ: Princeton University Press. 1056p.

Dickinson, E.C. et Christidis, L. (2014). *The Howard and Moore complete checklist of the birds of the World*. 4th edition 2. East Bourne: Aves Press. 752p.

Djomo, N.E., Sedláček, O., Bayly, N., Albrecht, T., Ferenc, M., Reif, J., Motombi, F.N. et Hořák, D. (2014). Comparison of avian assemblage structures in two upper montane forests of the Cameroon volcanic line: lessons for bird conservation. *Biodiversity Conservation* 23: 1469 - 1484.

Dodman, T., Barlow, C., Sá, J. et Robertson, P. (2004). *Zonas Importantes para as Aves na Guiné-Bissau / Important Bird Areas in Guinea-Bissau*. Wetlands International, Dakar; Senegal. Gabinete de Planificação Costeira, ODZH, Bissau. 130p.

Dowsett, R.J. et Dowsett-Lemaire, F. (1993). Comments on the taxonomy of some Afrotropical bird species. *Tauraco Research Report* 5: 323 - 389.

Earle, R.A. et Oatley, T.B. (1983). Populations, ecology and breeding of the Orange Thrush at two sites in eastern South Africa. *Ostrich* 54: 205 - 212.

Edwards, S.V. et Boles, W.E. (2002). Out of Gondwana: the origin of passerine birds. *Trends in Ecology and Evolution* 17: 347 - 349.

Ellegren, H. (2005). The avian genome uncovered. *Trends in Ecology and Evolution* 20: 180 - 186.

Elliot, C.C.H. (2000). "Quelea Management in Eastern and Southern Africa" Workshop on Research Priorities for Migrant Pests of Agriculture in Southern Africa. Plant Protection Research Institute, Pretoria, South Africa: 24 - 26 pp.

Ercolani, L., Brian, F., Denaro, M. et Alexander, M. (1988). Isolation and Complete Sequence of a Functional Human Glyceraldehyde-3-phosphate Dehydrogenase Gene. *Journal of Biological Chemistry* 263(30): 15335 - 15341.

Ericson, P.G.P., Johansson, U.S. et Parsons, T.J. (2000). Major divisions of oscines revealed by insertions in the nuclear gene c-myc: a novel gene in avian phylogenetics. *The Auk* 117: 1077 - 1086.

Ericson, P.G.P., Christidis, L., Cooper, A., Irestedt, M., Jackson, J., Johansson, U.S. et Norman, J.A. (2002a). A Gondwanan origin of passerine birds supported by DNA sequences of the endemic New Zealand wrens. *Proceedings of the Royal Society of London B* 269: 235 - 241.

Ericson, P.G.P., Christidis, L., Irestedt, M. et Norman, J.A. (2002b). Systematic affinities of the lyrebirds (Passeriformes: Menura), with a novel classification of the major groups of passerine birds. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 25: 53 - 62.

Ericson, P. G. P. et Johansson, U. S. (2003). Phylogeny of Passerida (Aves: Passeriformes) based on nuclear and mitochondrial sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 29: 126 - 138.

Ericson, P.G.P., Irestedt, M. et Johansson, U.S. (2003). Evolution, biogeography, and patterns of diversification in passerine birds. *Journal of Avian Biology* 34: 3 - 15.

Ericson, P.G.P., Zuccon, D., Ohlson, J.I., Johansson, U.S., Alvarenga, H. et Prum, R.O. (2006). Higher-level phylogeny and morphological evolution of tyrant flycatchers, cotingas, manakins and their allies (Aves: Tyrannida). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40: 471 - 483.

Evans, K.L., Chamberlain, D.E., Hatchwell, B.J., Gregory, R.D. et Gaston, K.J. (2011). What makes an urban bird? *Global Change Biology* 17(1): 32 - 44.

EWNHS. (1996). Important Bird Areas of Ethiopia. Addis Ababa: Ethiopian Wildlife and Natural History Society. 300p.

Felsenstein, J. (1981). "Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach." *Journal of Molecular Evolution* 17 (6): 368 - 376.

Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39: 783 - 791.

Felsenstein, J. (2004). *Inferring phylogenies*. Sunderland, MA, USA, Sinauer Associates, Inc. 664p.

Fjeldså, J., Zuccon, D., Irestedt, M., Johansson, U.S. et Ericson, P.G.P. (2003). *Sapayoa aenigma*: a New World representative of 'Old World suboscines'. *Proceedings of the Royal Society of London B* 27: 238 - 241.

Fjeldså, J., Bowie, R.C.K. et Kiure, J. (2006). The forest batis, *Batis mixta*, is two species: description of a new, narrowly distributed Batis species in the Eastern Arc biodiversity hotspot. *Journal of Ornithology* 147: 578 - 590.

Förschler, M.I. et Kalko, E.K.V. (2006). Breeding ecology and nest site selection in allopatric mainland Citril Finches *Carduelis [citrinella] citrinella* and insular Corsican Finches *Carduelis [citrinella] corsicanus*. *Journal of Ornithology* 147: 553 - 564.

Fotso, R., Dowsett-Lemaire, F., Dowsett, R.J., Scholte, P., Languy, M. et Bowden, C. (2001). Cameroon in important bird areas of Africa and associated islands: priority sites for conservation. In: Fishpool LDC, Evans MI, Eds. *Birdlife Conservation Series N°11*. Newbury and Cambridge, UK: Pisces Publications and Birdlife International 2001: 133 - 159.

Fry, C.H. et Keith, S. (2004). *The birds of Africa*. Christopher Helm, London, Volume 7. 728p.

Fuchs, J. (2006). *Biogéographie comparée des oiseaux forestiers de l'Ancien Monde : phylogénie et datation moléculaire*. Thèse de Doctorat, PhD, Université Paris VI. 300p.

Fuchs, J., Bowie, R.C.K., Fjeldså, J. et Pasquet, E. (2004). Phylogenetic relationships of the African bush-shrikes and helmet-shrikes (Passeriformes: Malaconotidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 33: 428 - 439.

Furness, R.W., Greenwood, J.J.D. et Jarvis, P.J. (1993). Can birds be used to monitor the environment? In: Furness, RW, Greenwood JJD, editors. *Birds as Monitors of Environmental Change*. London, UK: Chapman & Hall: 1 - 41.

Gatesire, T., Nsabimana, D., Nyiramana, A., Seburanga, J.L. et Mirville, M.O. (2014). Bird Diversity and Distribution in relation to Urban Landscape Types in Northern Rwanda. *The Scientific World Journal* 2014: 1 - 12.

Gaudreau J., Perez L. et Legendre, P. (2015). Identification des variables expliquant la distribution spatiale d'oiseaux de la forêt boréale et modélisation de tendances futures : une approche multivariée. *European Journal of Geography* 2015: 1 - 22.

Gene Codes Corporations. (1998). Sequencher, version 3.1. DNA sequence analysis Software. Ann Arbor, MI. <http://www.genecodes.com>.

Gill, F. et Donsker, D. (2020). IOC World Bird List (v 10.1). Doi 10.14344/IOC.ML.10.1. <http://www.worldbirdnames.org/>. Consulté le 01/09/2020.

Gillet, F. (2000). La phytosociologie synusiale intégrée : Guide méthodologique. Laboratoire d'écologie végétale et de phytosociologie de l'Université de Neuchâtel, Institut de Botanique, Laboratoire d'écologie végétale et de phytosociologie, Rue Émile-Argand 11 CH-2007 Neuchâtel. 68p.

Girma, Z., Mamo, Y. et Mengesha, G. (2017). Seasonal abundance and habitat use of bird species in and around Wondo Genet Forest, south-central Ethiopia. *Ecology and Evolution* 7(10): 3397 - 3405.

Good, A.I. (1952). *The birds of French Cameroon: Non-passerines*. Mémoire IFAN, Centre du Cameroun. *Sciences Naturelles* 1: 1 - 203.

Good, A.I. (1953). *The birds of French Cameroon: Passerines*. Mém IFAN, Centre du Cameroun. *Sciences Naturelles* 2: 1 - 269.

Grall, J. et Coïc, N. (2005). Synthèse des méthodes d'évaluation de la qualité du benthos en milieu côtier : 16 - 20 pp.

Grassé, P.P. (1977). *Reproduction, Biologie, Evolution et Systématique : Oiseaux et Mammifères*. Tome III. MASSON Paris New York Barcelone et Milan. 395p.

Gregory, T.R. (2004). *The Evolution of the Genome*. Elsevier Academic Press, Inc., London, UK. 768p.

Hackett, S.J., Kimball, R.T., Reddy, S., Bowie, R.C.K., Braun, E.L., Braun, M.J., Chojnowski, J.L., Cox, W.A., Han, K.L. et Harshman, J. (2008). A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. *Science* 320: 1763 - 1768.

Haeckel, E. (1866). *Generelle Morphologie der Organismen*. Georg. Reimer, Berlin. 632p.

Hall, B.P. et Moreau, R. E. (1970). *An Atlas of speciation in African passerine birds*. Trustees of the British Museum (Natural History), London. 423p.

Hall, P. (1977). The Birds of Maiduguri. *Bulletin of the Nigerian Ornithologists' Society* 13(43): 15 - 36.

Hall, T.A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95 - 98.

Hall, T. (2001). BioEdit. <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>. Consulté le 01/09/2020.

Hammer, Ø., Harper, D.A.T. et Ryan, P.D. (2001). PAST: Paleontological Statistics Software. Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica* 4(1): 9 pp.

Harrison, G.L., McLenachan, P.A., Phillips, M.J., Slack, K.E., Cooper, A. et Penny, D. (2004). Four new avian mitochondrial genome help get to basic evolutionary questions in the Late Cretaceous. *Molecular Biology and Evolution* 21: 974 - 983.

Harshman, J. (1996). *Phylogeny, evolutionary rates, and ducks*. Thesis, University of Chicago. 608p.

Hayashi, J.I., Tagashira, Y. et Yoshida, M.C. (1985). Absence of extensive recombination between interspecies and intraspecies mitochondrial DNA in mammalian cells. *Experimental Cell Research* 160: 387 - 395.

HBW et BirdLife International. (2018). Handbook of the Birds of the World and BirdLife International digital checklist of the birds of the world. Version 3. Available at: http://datazone.birdlife.org/userfiles/file/Species/Taxonomy/HBW_BirdLife_Checklist_v3_Nov18.zip. Consulté le 01/09/2020.

Heim De Balsac, H. (1969). Contribution à la faune de la région de Yaoundé (Cameroun). I. Premier aperçu sur la faune des Soricidae (Mammifères Insectivores). *Annales de la Faculté Sciences de Yaoundé* 2: 49 - 58.

Hengeveld, R. (1990). *Dynamic Biogeography*. Cambridge University Press, Cambridge. 250p.

Hennig, W. (1950). *Grundzuge einer theorie der Phylogenetischen Systematik*. Deutscher Zentralverlag (Berlin). 370p.

Hennig, W. (1966). *Phylogenetic Systematics*. University of Illinois Press (Urban). 263p.

Heslewood, M.M., Elphinstone, M.S., Tidemann, S.C. et Baverstock, P.R. (1998). Myoglobin intron variation in the Gouldian Finch *Erythrura gouldiae* assessed by temperature gradient gel electrophoresis. *Electrophoresis* 19: 142 - 151.

Huelsenbeck, J.P., Ronquist, F., Nielsen, R. et Bollback, J.P. (2001). "Bayesian inference of phylogeny and its impact on evolutionary biology." *Science* 294: 2310 - 2314.

- Hughes, J., Kennedy, M., Johnson, K.P., Palma, R.L. et Page, R.D. (2007).** Multiple Cophylogenetic Analyses Reveal Frequent Cospeciation between Pelicaniform Birds and Pectinopygus Lice. *Systematic Biology* 56: 232 - 251.
- Irestedt, M., Fjeldså, J., Johansson, U.S., Ericson, P.G.P. (2002).** Systematic relationships and biogeography of the tracheophone suboscines (Aves: Passeriformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 23: 499 - 512.
- James, H.F. (2005).** Paleogene fossils and the radiation of modern birds. *The Auk* 122(4): 1049 - 1054.
- Jensen, F.P. et Brøgger-Jensen, S. (1992).** The forest avifauna of the Udzungwa Mountains, Tanzania. *Scopus* 15: 65 - 83.
- Johansson, U.S., Parsons, T.J., Irestedt, M. et Ericson, P.G.P. (2001).** Clades within the 'higher land birds', evaluated by nuclear DNA sequences. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 39: 37 - 51.
- Johansson, U.S., Fjeldså, J. et Bowie, R.C.K. (2008).** Phylogenetic relationships within Passerida (Aves: Passeriformes): a review and a new molecular phylogeny based on three nuclear intron markers. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 48: 858 - 876.
- Jones, P. (1995).** Migration strategies of Palaearctic passerines in Africa. *Israel Journal of Zoology* 41: 393 - 406.
- Jones, P. (1998).** Community dynamics of arboreal insectivorous birds in African savannas in relation to seasonal rainfall patterns and habitat change. In: Newbery DM, Prins HHT, Brown ND (eds) *Dynamics of tropical communities*. Blackwell Science, London: 421 - 447.
- Jønsson, K.A. et Fjeldså, J. (2006).** A phylogenetic supertree of oscine passerine birds (Aves: Passeri). *Zoologica Scripta* 35: 149 - 186
- Kavanagh, M. (1977).** Some birds in Cameroon. *Bulletin of the Nigerian Ornithologists' Society* 13 (44): 133 - 138.
- Keyes, B.E. et Grue, C.E. (1982).** Capturing birds with mist nets. a review. *North American Bird Bander* 7: 2 - 14.

Kiros, S., Afework, B. et Legese, K. (2018). A preliminary study on bird diversity and abundance from Wabe fragmented forests around Gubre subcity and Wolkite town, Southwestern Ethiopia. *International Journal of Avian and Wildlife Biology* 3: 333 - 340.

Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. et Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution* 35: 1547 - 1549.

Lack, D. (1968). *Ecological adaptations for breeding birds*. Methuen, London. 409p.

Lack, P. (1986). Ecological correlates of migrants and residents in a tropical African savanna. *Ardea* 74: 111 - 119.

Lack, P. (1990). Palaearctic-African systems. In: Keast E (eds). Biogeography and ecology of forest bird communities. Academic, The Hague.: 345 - 356.

Lansman, R.A., Avise, J.C., Aquadro, C.F., Shapira, J.F. et Daniel, S.W. (1983). Extensive genetic variation and mitochondrial in among geographic populations of the deer mouse, *Peromyscus maniculatus*. *Evolution* 37: 1 - 16.

Leisler, B. (1992). Habitat selection and coexistence of migrants and Afrotropical residents. *Ibis* 134: 77 - 82.

Leisler, B. (1993). Habitat use and coexistence of Palaearctic migrants and Afrotropical residents. In: Wilson RT (ed) Birds and the African environment. *Proceedings of the 8th Pan-African Ornithological Congress*. Bujumbura, Burundi: 565 - 570.

Lepage, D. (2020). Liste des oiseaux du Cameroun. Avibase, la base de données mondiale des oiseaux. Consulté sur. [https://avibase.bsceoc.org/checklist.jsp?Lang=FR & region=cm & list=clements & format=1](https://avibase.bsceoc.org/checklist.jsp?Lang=FR®ion=cm&list=clements&format=1) [24/07/2020].

Lepage, D. (2020a). Liste des oiseaux de Continental Africa. Avibase, la base de données mondiale des oiseaux. Consulté sur. [https://avibase.bsceoc.org/checklist.jsp?Lang=FR & region=afc & list=clements & format=1](https://avibase.bsceoc.org/checklist.jsp?Lang=FR®ion=afc&list=clements&format=1) [17/07/2020].

Lerner, H.R. et Mindell, D.P. (2005). Phylogeny of eagles, Old World vultures, and other Accipitridae based on nuclear and mitochondrial DNA. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 37: 327 - 346.

Letouzey, R. (1968). *Etude phytogéographique du Cameroun*. Paris : Editions Paul Lechevalier. 511p.

Linné, C.v. (1735). *Systema naturae*. First edition. *Dutch Classics on History and Science* 8: 48p.

Livezey, B.C. et Zusi, R.L. (2001). Higher-order phylogenetics of modern Aves based on comparative anatomy. *Netherlands Journal of Zoology* 51(2): 179 - 205.

Lomolino, M.V., Riddle, B.R. et Brown, J.H. (2006). *Biogeography*. Third edition. Sinauer Associates, Sunderland, USA. 845p.

Louette, M. (1981). *The birds of Cameroon: An annotated check-list*. *Verhandeling Wetenschappen Jaargang* 43: 1 - 163.

Lovette, I.J. (2004). Molecular phylogeny and plumage signal evolution in a Trans Andean and circum Amazonian avian species complex. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 32: 512 - 523.

Mahamat, S. (2017). *Etude de la diversité avifaunistique d'un des versants du Mont Messa (colline Abobo-Etetak) et analyse phylogénétique de la famille des Ploceidae Sundervall, 1836 (Oiseaux, Passeriformes)*. Mémoire de Master en Biologie et Physiologie Animales, Facultés des Sciences, Université de Yaoundé I. 50p.

Marchant, S. (1960). The breeding of some S.W. Ecuadorian birds. *Ibis* 4: 349 - 382.

Mayr, E. (1963). *Animal species and evolution*. Harvard University Press, Cambridge, Massachusetts. 814p.

Mayr, G. (2011). Metaves, Mirandornithes, Strisores and other novelties, a critical review of the higher-level phylogeny of neornithine birds. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 49: 58 - 76.

- Mengesha, G., Mamo, Y. et Bekele, A. (2011).** A comparison of terrestrial bird community structure in the undisturbed and disturbed areas of the Abijata Shalla lakes national park, Ethiopia. *International Journal of Biodiversity and Conservation* 3: 389 - 404.
- Miller, S.A. et Harley, J.P. (2001).** *Zoology*. 5th color edition. McGraw Hill, Boston. 538p.
- Mindell, D.P., Sorenson, M.D. et Dimcheff, D.E. (1998).** An extra nucleotide is not translated in mitochondrial ND3 of some birds and turtles. *Molecular Biology and Evolution* 15: 1568 - 1571.
- Mindell, D.P. et Thacker, C.E. (1996).** Rates of molecular evolution: phylogenetic issues and applications. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 27: 279 - 303.
- Mindell, D.P. (1997).** *Avian Molecular Evolution and Systematics*. San Diego: California Academic Press. 382p.
- Mitchell, K.J. Llamas, B., Soubrier, J., Rawlence, N.J., Worthy, T.H., Wood, J., Lee, M.S.Y. et Cooper, A. (2014).** Ancient DNA reveals elephant birds and kiwi are sister taxa and clarifies ratite bird evolution. *Science* 344(6186): 898 - 900.
- Moreau, R.E. (1960a).** The Ploceine weavers of the Indian Ocean Islands. *Journal of Ornithology* 101: 29 - 49.
- Moreau, R.E. (1960b).** Conspectus and classification of the Ploceine weaver-birds. *Ibis* 102: 443 - 471.
- Moreau, R.E. (1972).** *The Palaearctic-African bird migration systems*. Academic Press, London New York. 384p.
- Moyle, R.G. et Marks, B.D. (2006).** Phylogenetic relationships of the bulbuls (Aves: Pycnonotidae) based on mitochondrial and nuclear DNA sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40: 687 - 695.
- Müller, J.P. (1878).** *On certain variation in the vocal organs of the Passeres that have hitherto escaped notice*. (Translation Bell, F.J.). London: MacMillan. 106p.

- Mullis, K., Faloona, F., Saiki, R., Horn, G. et Erlich, H. (1986).** Specific enzymatic amplification of DNA *in vitro*: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 51: 263 - 273.
- Myers, A.A. et Giller, P.S. (1988).** *Analytical Biogeography, an integrated Approach to the Study of Animal and Plant Distributions*. Chapman & Hall, London. 578p.
- Ndang'ang'a, P.K., Njoroge, J.B.M. et Vickery, J. (2013).** Quantifying the contribution of birds to the control of arthropod pests on kale, *Brassica oleracea acephala*, a key crop in East African highland farmland. *International Journal of Pest Management* 59 (3): 211 - 216.
- Nei, M. et Kumar, S. (2000).** *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press. Oxford, U.K. 333p.
- Nelson, G. et Platnick, N.I. (1980).** A vicariance approach to historical biogeography. *Bioscience* 30: 339 - 343.
- Nelson, G. et Platnick, N.I. (1981).** *Systematics and biogeography: cladistics and vicariance*. Columbia University Press, New York. 567p.
- Newton, I. (2003).** *The speciation and biogeography of birds*. London: Academic Press. 656p.
- Nguembock, B. (2008).** *Etude phylogénétique et biogéographique de l'avifaune forestière des montagnes de l'Ouest du Cameroun*. Thèse, Université Paris VI, France. 301p.
- Nguembock, B., Cibois, A., Rauri, C.K., Bowie, M.D., Cruaud, C. et Pasquet, E. (2009).** Phylogeny and biogeography of the genus *Illadopsis* (Passeriformes: Timaliidae) reveal the complexity of diversification of some African taxa. *Journal of Avian Biology* 40(2): 113 - 125.
- Nguembock, B., Cruaud, C. et Denys, C. (2012).** A large evaluation of passerine Cisticolids (Aves: Passeriformes): More about their phylogeny and diversification. *Open Ornithology Journal* 5: 42 - 56.
- Nguembock, B., Mahamat, S., Azang, E.D.O. et Guehoda, Y. (2015).** On the base of molecular data, a great difference between sedentary subspecies of *Prinia subflava* Gmelin,

1789 suggests resurrecting name *Prinia mutatrix* Meise, 1936. *Journal of Advances in Biology* 8 (1): 1477 - 1492.

Nguembock, B., Mahamat, S., Kemtchouan, W., Azang, E.D.O., Guehoad, Y., Factheu, C. et Nkingop Djopmou, P.H. (2017). Bird Survey of the Abobo-Etetak Hill (Yaounde, Cameroon) and a Glance on the Avifaunistic Diversity of this Hill (Abobo-Etetak). *The Open Ornithology Journal* 10: 31 - 41.

Nguembock, B., Nkingop, D.P.H., Mahamat, S. et Azang, E.D.O. (2019a). Diversity and Abundance in a Lowland of the Centre Region of Cameroon (Ekoko II village) confirm High Diversity in the Congo Basin Forest and species variety due to luxuriant vegetation. *International Journal of Animal Research* 2019: 1 - 13.

Nguembock, B., Azang, E.D.O. et Mahamat, S. (2019b). Bird survey in a forest mountain of Congo Basin (Eloumden, Cameroon) and diversity analysis confirm high diversity of world second reserve and correlation between species diversity and vegetation. *International Journal of Avian Wildlife and Biology* 4(4): 118 - 127.

Nguembock, B. (2020). The Birds of Cameroon: The Dynamism of the Cameroonian Avifauna Revealed by Several Bird Surveys in the Centre Region of Cameroon in the Heart of the Congo Basin Forest, Case of Migratory Birds. *International Journal of Zoology and Animal Biology* 3(6): 1 - 4.

Nguembock, B., Fjeldså, J., Tillier, A. et Pasquet, E. (2007). A phylogeny for the Cisticolidae (Aves: Passeriformes) based on nuclear and mitochondrial DNA sequence data, a reinterpretation of an unique nest-building specialization. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 42: 272 - 286.

Nguembock, B., Fjeldså, J., Couloux, A., Cruaud, C. et Pasquet, E. (2008a). Polyphyly of the genus *Apalis* and a new generic name for the species *pulchra* and *ruwenzorii*. *Ibis* 150: 756 - 765.

Nguembock, B., Fjeldså, J., Cruaud, C. et Pasquet, E. (2008b). molecular phylogenetic analysis of all members of the genus *Elminia* confirms their presence within the Stenostiridae clade. *Zoologica Scripta* 37: 591 - 602.

Nguembock, B., Mahamat, S., Kemtchouan, W., Azang, E.D.O., Guehoad, Y., Factheu, C. et Nkingop Djopmou, P.H. (2017). Bird Survey of the Abobo-Etetak Hill (Yaounde, Cameroon) and a Glance on the Avifaunistic Diversity of this Hill (Abobo-Etetak). *Open Ornithology Journal* 10: 31 - 41.

Nguembock, B., Guehoad, Y., Mahamat, S. et Azang, E.D.O. (2020). The birds of Cameroon: a bird survey from the Febe Mountain (Centre region, Cameroon) coupled with a diversity analysis confirm a higher bird diversity in mountains compared to lowlands in this region of the Congo Basin Forest. *Biodiversity International Journal* 4(3): 140 - 149.

Njabo, K.Y., Bowie, R.C.K. et Sorenson, M.D. (2008). Phylogeny, biogeography and taxonomy of the African wattle-eyes (Aves: Passeriformes: Platysteiridae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 48: 136 - 149.

Noske, R.A. et Franklin, D.C. (1999). Breeding seasons of land birds in the Australian monsoonal tropics: diverse responses to a highly seasonal environment. *Australian Journal of Biological Sciences* 12: 72 - 90.

Nuel, G. et Prum, B. (2007). *Analyse statistique des séquences biologiques*. Modélisation markovienne, alignements et motifs. Lavoisier, Paris. 361p.

Nylander, J.A.A., Ronquist, F., Huelsenbeck, J.P. et Nieves-Aldrey, J.L. (2004). Bayesian phylogenetic analysis of combined data. *Systematic Biology* 53: 47 - 67.

Ogada, D.L., Torchin, M.E., Kinnaird, M.F. et Ezenwa, V.O. (2012). Effects of vulture declines on facultative scavengers and potential implications for mammalian disease transmission. *Conservation Biology* 26(3): 453 - 460.

Okosodo, E.F., Orimaye, J.O. et Obasogie, F.O. (2016). Food and Feeding Ecology of Common Bulbul (*Pycnonotus barbatus*) in Leventis Foundation Agricultural School Ilesa South Western Nigeria. *Greener Journal of Agricultural Sciences* 6(1): 10 - 16.

Olson, S.L. et Rasmussen, P.C. (2001). Miocene and Pliocene birds from the Lee Creek Mine, North Carolina. In *Geology and Paleontology of the Lee Creek Mine, North Carolina* (C.E. Ray and D.J. Bohaska, Eds.). Smithsonian Contributions to Paleobiology, n° 90: 233 - 265.

- Omatoko, J., Nshimba, H., Bogaert, J., Lejoly, J., Shutsha, R., Shaumba, J.P., Asimonyio, J. et Ngbolua K.N. (2015).** Etudes floristique et structurale des peuplements sur sols argileux à *Pericopsis elata* et sableux à *Julbernardia seretii* dans la forêt de plaine d'UMA en République Démocratique du Congo. *International Journal of Innovation and Applied Studies* 13. 452 - 463.
- Päckert, M., Martens, J., Sun, Y.H. et Strutzenberger, P. (2016).** The phylogenetic relationships of Przevalski's Finch *Urocynchramus pylzowi*, the most ancient Tibetan endemic passerine known to date. *Ibis* 158: 530 - 540.
- Pamo, T.E. et Yonkeu, S. (1986).** Aire phytosociologique minimale de la strate herbacée de quelques formations pastorales du Plateau de l'Adamaoua. *Revue Scientifique et Technique* 4(2) : 25 - 38.
- Parsons, H., Major, R.E. et French, K. (2006).** Species interactions and habitat associations of birds inhabiting urban areas of Sydney, Australia. *Austral Ecology* 31: 217 - 27.
- Payne, R.B. (1998).** A new species of firefinch *Lagonosticta* from northern Nigeria and its association with the Jos Plateau Indigobird *Vidua maryae*. *Ibis* 140: 369 - 381.
- Pearson, T.H et Rosenberg, R. (1978).** Macrobenthic succession in relation to organic enrichment and pollution of marine environment. *Oceanography and Marine Biology: an Annual Review* 16: 229 - 311.
- Pelleray, H. (1959).** *Fleuves et rivières du Cameroun. In: Atlas du Cameroun.* Yaoundé: ORSTOM ; IRCAM. 31p.
- Prager M., Johansson, E.I.A. et Andersson, S. (2008).** A molecular phylogeny of the African widowbirds and bishops. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 46: 290 - 302.
- Preston, F. W. (1948).** The Commonness and Rarity of Species. *Ecology* 29(3). 254 - 283.
- Quader, S. (2006).** Sequential settlement by nesting male and female Baya weaverbirds *Ploceus philippinus*: the role of monsoon winds. *Journal of Avian Biology* 37: 396 - 404.

- Que-Kun Pen, Kun Zhang, Yan-Xu Wu, Shuai Tan et Fang-Dong Zou. (2014).** Complete mitochondrial genome of Himalayan buzzard (*Buteo buteo burmanicus*). *Mitochondrial DNA*: 1 - 2.
- Rabol, J. (1993).** Competition between overwintering Willow Warblers *Phylloscopus trochilus* and local warblers in the *acacia savanna* in Kenya. In: Madsen J (eds). *Proceedings of the 7th Nordic Ornithological Congress*, Skive: 76 - 96.
- Raikow, R.J. (1982).** Monophyly of the Passeriformes: test of a phylogenetic hypothesis. *The Auk* 99: 431 - 445.
- Ramade, F. (1984).** *Éléments d'écologie*. Ecologie Fondamentale, Mac-Graw-Hill, Paris. 397p.
- Ramírez-Albores, J.E. (2007).** Bird diversity and conservation of alto Balsas (Southwestern Puebla), Mexico. *Revista de Biología Tropical* 55: 287 - 300.
- Rasamison, A.S. et Andrianarimisa, A. (2013).** First breeding survey of the endemic Madagascar Red Fody *Foudia madagascariensis* and Forest Fody *Foudia omissa*. Ranomafana National Park, Madagascar. *Vertebrate Zoology* 63(2): 233 - 240.
- Ridley, M. (2003).** *Evolution*. Third Edition, University of Oxford, Blackwell publishing. 800p.
- Ripley, B.D. (1979).** Tests of 'randomness' for spatial point patterns. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B* 41: 368 - 374.
- Rippstein, G. (1985).** *Etude de la végétation de l'Adamaoua : évolution, conservation, régénération d'un écosystème pâturé au Cameroun*. Maisons-Alfort. 367p.
- Rosen, R. (1978).** *Fundamentals of measurement and representation of natural systems*. North-Holland Series in General Research Systems. New York, Oxford: North-Holland. 221p.
- Safford, R.J. (1997).** The nest of sympatric native and introduced fody *Foudia* species on Mauritius. *Ostrich* 68: 27 - 30.

Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S., Scharf, S.J., Higuchi, R., Horn, G.T., Mullis, K.B. et Erlich, H.A. (1988). Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science* 239: 487 - 491.

Saitou, N. et Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4: 406 - 425.

Salewski, V., Falk, K.H., Bairlein, F. et Leisler, B. (2002a). A preliminary assessment of the habitat selection of two Palearctic migrant passerine species in West Africa. *Ostrich* 73: 114 - 118.

Salewski, V. et Jones, P. (2006). Palearctic passerines in Afrotropical environments: a review. *Journal of Ornithology* 147 (2): 192 - 201.

Sanger, F., Nicklen, S. et Coulson, A.R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 74: 5463 - 5467.

Schmid, W. (1962). DNA replication patterns of the heterochromosomes in *Gallus domesticus*. *Cytogenetics* 1: 344 - 352.

Sibley, C.G. et Ahlquist, J.E. (1990). *Phylogeny and Classification of Birds: A Study in Molecular Evolution*. Yale University Press, New Haven, CT. 976p.

Sibley, C.G., Ahlquist, J. et Monroe, B.L. (1988). A classification of the living birds of the world based on DNA-DNA hybridization studies. *Auk* 105: 409 - 423.

Sibley, C.G. et Monroe, B.L. (1990). *Distribution and Taxonomy of Birds of the World*. New Haven, CT, London: Yale University Press: 940p.

Sinclair, I., Ryan, P., Christy, P. et Hockey, P. (2010). *Birds of Africa, South of the Sahara*. Cape Town: Struik Nature, London: New Holland. 767p.

Smith, T.B. et McNiven, D. (1993). Preliminary survey of the avifauna of Mount Tchabal Mbabo, west-central Cameroon. *Bird Conservation International* 3: 13 - 19.

Sorenson, M.D. et Quinn, T.W. (1998). Numts: a challenge for avian systematics and population biology. *Auk* 115: 214 - 221.

Spencer, R. (1972). The ringer's manual. 2nd edition. British Trust Ornithology. Beech Grove. Tring. Hertfordshire. England: 28 - 42 pp.

Stattersfield, A.J., Cosby, M.L., Long, A.J., Wege, D.C. et Rayner, A.P. (1998). Endemic bird areas of the world: priorities for biodiversity conservation. Cambridge, UK: BirdLife International, n° 7. 846p.

Stone, E.M., Rothblum, K.N., Alevy, M.C., Kuo, T.M. et Schwartz, R. (1985). Complete sequence of the chicken Glyceraldehyde-3-phosphate Deshydrogenase gene. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 82: 1628 - 1632.

Strohbach, M.W., Haase, D. et Kabisch, N. (2009). Birds and the city: Urban biodiversity, land use, and socioeconomics. *Ecology and Society* 14: 31 - 45.

Stuart, S.N. (1986). Conservation of Cameroon montane forests. Report of the International Council for bird Preservation (ICBP). Cambridge, UK. 263p.

Suchel, J.B. (1988). *Les climats du Cameroun*. Thèse de Doctorat d'Etat. Tome III. 472p.

Summers-Smith, J.D. (2010). *The Sparrows*. A & C Black Publishers, London. 352p.

Sushkin, P.P. (1927). On the Anatomy and Classification of the Weaver Birds. *Bulletin of the American Museum of Natural History* 57: 1 - 32.

Tamura, K. et Nei, M. (1993). Estimation of the Number of Nucleotide Substitutions in the Control Region of Mitochondrial DNA in Humans and Chimpanzees. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 10: 512 - 526.

Taveres, E.S., Baker, A.J., Pereira, S.L. et Miyaki, C.Y. (2006). Phylogenetic relationships and historical biogeography of Neotropical parrots (Psittaciformes: Psittacidae: Arini) inferred from mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Systematic Biology* 55: 454 - 470.

Thiollay, J.M. (1985). The West African avifauna: in DIAMOND, A.W. & LOVEJOY, T.E. (eds.) *Conservation of Tropical Forest Birds*. Tech. Publ.4, International Council for Bird Preservation, Cambridge: a review: 171 - 186.

Thompson, R.L. et Ferguson, J.W.H. (2007). Composition and foraging behaviour of mixed-species flocks in two adjacent African woodland habitats: a spatial and temporal perspective. *Ostrich* 78: 65 - 73.

Tierney, L. (1994). "Markov chains for exploring posterior distributions." *Annals of Statistics* 22: 1701 - 1762.

Tukey, J.W. (1977). *Exploratory Data Analysis*. EDA, Reading, Mass, Addison-Wesley. 712p.

Ulfstrand, S. et Alerstam, T. (1977). Bird communities in *Brachystegia* and *Acacia* woodlands in Zambia. A quantitative study with special reference to the significance of habitat modification for the Palaearctic. *Journal of Ornithology* 118: 156 - 174.

UNEP-WCMC. (2016). The State of Biodiversity in Africa: A mid-term review of progress towards the Aichi Biodiversity Targets. UNEP-WCMC, Cambridge, UK. 94p.

Vande Weghe, J. P. (1979). The wintering and migration of Palaearctic passerines in Rwanda. *Gerfaut* 69: 29 - 43.

Wafae El Alaoui. (2008). *Estimation des longueurs de branche et artefact sur la datation moléculaire*. Mémoire, Université de Montréal. 128p.

Wallace, A.R. (1876). *The Geographical Distribution of Animals; with a study of the relations of living and extinct faunas as elucidating the past changes of the Earth's surface*. New York: Harper & Brothers. I. 503p.

Warren, B.H., Bermingham, E., Bourgeois, Y., Estep, L.K., Prys-Jones, R.P., Strasberg, D. et Thébaud, C. (2012). Hybridization and barriers to gene flow in an island bird radiation. *Evolution* 66: 1490 - 1505.

Whelan, C.J., Sekercioglu, C.H. et Wenny, D.G. (2015). Why birds matter: from economic ornithology to ecosystem services. *Journal of Ornithology* 156 (1): 1 - 13.

Wilcox, B.A. et Murphy, D.D. (1985). Conservation Strategy: The Effects of Fragmentation on Extinction. *The American Naturalist* 125: 879 - 887.

Winnepenninckx, B., Backeljau, T. et De Wachter, R. (1993). Extraction of high molecular weight DNA from mollusks. *Trends Genetics* 9: 407p.

Wunderle, J.W.J.R. (1982). The timing of the breeding season in the Bananaquit (*Coereba flaveola*) on the island of Grenada, W. I. *Biotropica* 14: 124 - 131.

Yonkeu, S. (1993). *Végétation des pâturages de l'Adamaoua (Cameroun): écologie et potentialités pastorales.* Thèse de Doctorat, Université de Rennes I, Rennes, France. 243p.

Zicoma. (1999). *Les Zones d'Importance pour la Conservation des Oiseaux à Madagascar.* Antananarivo: ZICOMA. 265p.

Zorov, D.B., Krasnikov, B.F., Kuzminova, A.E., Vysokikh, M.Y. et Zorova, L.D. (1997). Mitochondria revisited. Alternative functions of mitochondria. *Bioscience Reports* 17: 507 - 520.

**PUBLICATION ISSUE DE LA
THÈSE**



***Lagonosticta sanguinodorsalis* Payne, 1998**

The extension of the distribution range of the Rock Firefinch *Lagonosticta sanguinodorsalis* (Estrildidae, Passeriformes) to the Adamawa Plateau of Cameroon in the Congo Basin Forest

Abstract

The distribution range of *Lagonosticta sanguinodorsalis* was until today limited to Nigeria and north-west Cameroon, and therefore, this species was considered as endemic of these distribution areas. In its original description, this estrildid finch showed a multivariuous plumages specially the red, grey, black and brown coloration. Ecologically, this sedentary species proved a high degree of fidelity to its range but no ornithological research had taken place in Northern Cameroon, and particularly in the Adamawa Plateau. This study aims to suggest a possible extension of the geographical range of *L. sanguinodorsalis*. In our bird survey, the Japanese mist nets have been used to capture and identify birds; moreover, measurements were taken before the specimens were released into their natural environment and muscle tissue was also taken for future molecular study. Furthermore, observations were made to characterize different habitats of the Adamawa Plateau and geographic coordinates were systematically recorded by GPS. A specimen of *L. sanguinodorsalis* was captured in the Adamawa Plateau at 1171 m altitude (07°37.723'N, 013°32.932'E) showing all diagnostic criteria of the species especially the blue-grey bill and bright reddish-brown back as well as the grey plumage at the top of the head. In addition, our measurements have given total size of 10.14 cm, beak length of 10.7 mm, length of tail of 46.5 mm and tarsal length of 11.8 mm. The main habitats highlighting in the Adamawa Plateau were mostly wooded environment, gallery forests, bushes, rocky outcrops, inselbergs and forestry valleys. Beyond the resemblance of their plumage coloration and also because of the similarities between the vegetation types in the Jos Plateau and the Adamawa Plateau, we suggest an extension of the range of *L. sanguinodorsalis* to the Adamawa Plateau. This would accordingly its endemism in large area from Nigeria to north-west and north-central Cameroon.

Keywords: endemism, range, measurements, mist nets method, sedentary bird

Introduction

A large family of small passerines, the waxbills constitute a multicolored group with great specific diversity in the Afrotropical region.¹⁻⁴ It is an Old World family in which species are variously distributed in forest environments but also in savannah areas.^{1,3,5,6} Typically, these small passerines are described as having a short but generally sturdy and conical bills.^{2,7,8} Within this family, the shape of bills is very diverse for example small in *Nigrita*, massive and notched in *Spermophaga*, slender in *Parmoptila* but usually bright red or silvery or even pink as in *Lagonosticta*.² Most of the species within this large family are granivores; they eat ripe seeds, mainly small, and sometimes unripe but some of those are specialized for example taxa which feed only on insects.^{2,3} In addition, these small passerines perch and nest in woody and herbaceous vegetation.² Their flight is often roaring and there are no migrants but many nomadic species.^{2,9-11} The waxbills are mainly sedentary and some of them, especially African species, are parasitised by whydahs and indigo birds; nestlings of the host and the nest parasite regularly show similar mouth markings and identical juvenile plumages.^{2,7,12} Among the parasitized taxa, *L. sanguinodorsalis* is listed with its main host *Vidua maryae*.^{11,13,14} *L. sanguinodorsalis* is described until today as being present only in a well-defined and limited distribution range in Nigeria and north-west of Cameroon; more precisely, the species is found mainly in the Jos Plateau in central Nigeria even if recent studies have reported it near Cameroon in the Mandara Mountains.^{7,13,15-17} According to some authors,^{2,17} this species lives mainly in bushy and grassy rocky

outcrops on the Plateau and grassy inselbergs; it is generally found in areas of 900 m above sea level. It moves single, in pairs or in small family groups along streams in the rainy season, and where small ponds remain in the dry season.² In a study carried out on the birds of the Adamawa Plateau of Cameroon, a transition area between forests and savannahs, we captured an individual of *Lagonosticta sanguinodorsalis* which expands the distribution range of the species by over than 17 300 sq km. To support this range extension, this study aims to provide diagnostic criteria (evidenced by photographs) which lead us to identify the species, and to compare the vegetation surrounding the capture site with information on its habitat in Nigeria.

Material and methods

Details on the study site

Located in north-central Cameroon, the Adamawa Plateau borders the Benue plain to the north, the western highlands to the southwest, and the South Cameroonian Plateau to the south.¹⁸ The Adamawa Plateau rises to an altitude of between 900 and 1500 m with some summits reaching 2000 m above sea level. The whole Plateau covers an area of more than 100000 sq km.¹⁹ This area has a humid tropical climate of altitude defined by two main seasons including a long rainy season that extends over seven to nine months and the Plateau is covered by tropical vegetation showing a set of plants from forest and savannah.¹⁹⁻²² Furthermore, the altitude of the Adamawa Plateau and its relief generate some particular climatic conditions with annual

Volume 5 Issue 2 - 2021

Sali Mahamat,¹ Billy Nguembock,¹ Esther Diane Olivia Azang,¹ Joseph Lebel Tamesse²

¹Zoology Laboratory, Department of Animal Biology and Physiology, University of Yaounde I, P.O. Box 812 Yaounde, Cameroon

²Zoology Laboratory, Higher Teacher Training College, Department of Biological Sciences, University of Yaounde I, P.O. Box 47, Yaounde, Cameroon

Correspondence: Sali Mahamat, Zoology Laboratory, Ornithology Unit, Department of Animal Biology and Physiology, University of Yaounde, Yaounde, Cameroon, Tel+237695501901, Email sali_mahamat@yahoo.fr

Received: May 11, 2021 | Published: July 12, 2021

precipitation of between 1200 and 2000 mm and monthly relative humidity averages of 40 to 50% during the dry season and 70 to 90% during the rainy season.²² Temperatures fluctuate depending on the seasons with average monthly values between 10 and 34°C.²²

Bird sampling method

We used the Japanese mist nets to sample birds during our investigations in the forest–savannah transition zone of the Adamawa Plateau. In Ornithology, mist nets are undoubtedly the most common method used to capture small and medium-sized birds for research purposes.^{23,24} In the field, mist nets were opened early in the morning (5: 00 AM) and closed late at sunset (6: 30 PM). The mist nets were attached with the mounting poles but it was also interesting to choose an appropriate mist-netting site for the success of the capture. The ensuring success of the capture in the field was closely linked to some basic elements such as the birds' preferred flight patch, their foraging areas, roosts and shady sites. The rounds of the nets were made after every 40 minutes and the captured birds were immediately removed from the nets and identified, sometimes measured, and then released into the wild after muscle tissue removal for future molecular studies.

Identification, measurements and geographical coordinates

Our identifications followed international standard, and were based on the main morphological characteristics such as the size, the plumage coloration, the shape of the beak, the color of the eyes, the color of the beak and legs, and the arrangement of the fingers, among others, but also on geographic distribution of birds captured.^{7,12} To complete these basic identifiers, some measurements were made (to the nearest 0.1 mm) using a caliper to measure some key parts of the species such as tarsal length, beak size, tail length as well as the total length of the specimen. The geographical coordinates of the investigated sites were systematically recorded using a handheld device (GPS).

Results

Bird species collected and identified in the Adamawa Plateau

We captured 186 bird specimens belonging to 61 species according to Gill and Donsker²⁵ (Mahamat *et al.* in preparation). Several waxbills were identified, but the most important in our sample was without a doubt *Lagonosticta sanguinodorsalis*.

Diagnostic criteria for the identification of *Lagonosticta sanguinodorsalis*

We captured one specimen of *Lagonosticta sanguinodorsalis*. Given it was collected out of its known geographical range, we proceeded morphologically to take in-depth measurements following the diagnostic criteria in birds as defined by international standards for the morphological description of a species. Thus, the specimen captured in the Adamawa Plateau and identified as a specimen of *L. sanguinodorsalis* presented a total length of 10.14 cm with a mixed-colored plumage of grey, red, black, brown and white spots (Figure 1).

This specimen had a blue–grey, hard and conical beak with a length of 10.7 mm. Between the eyes and the basis of the beak, there were brilliant red lores (Figure 2A). The upper wing coverts and back of the specimen showed brownish plumage and the lower parts from throat to chest to upper belly were greyish red (Figure 1), whereas the crown from head to face showed light gray plumage (Figure 2B). We

also noted many white spots on the plumage along of flanks (Figure 2C). The eye–ring was light gray, the iris dark brown (Figure 2D). However, in the backside part of the specimen, from the rump to the upper tail coverts, the plumage was deep red; additionally, the tail was black with red edges corresponding to rectrices which had a length of 46.5 mm (Figure 2E). The specimen's feet were dark grey with an anisodactyl arrangement of the fingers and the tarsus measured 11.8 mm (Figure 2F).



Figure 1 Specimen captured in the Adamawa Plateau in Cameroon and identified as a Rock Firefinch, *Lagonosticta sanguinodorsalis* (photo by first author).



Figure 2 Diagnostic criteria for the identification of the Rock Firefinch, *Lagonosticta sanguinodorsalis*, captured in the Adamawa Plateau, Cameroon: beak (A), head (B), flank plumage (C), eyes (D), couple rump–tail (E) and feet (F) (photo by first author).

Some characteristics of the habitat of Rock Firefinch captured in the Adamawa Plateau

Our specimen of *Lagonosticta sanguinodorsalis* was captured at an altitude of 1171 m at 07°37.723'N, 013°32.932'E. The site was a biotope made of wooded savannah, opened in some places revealing large bushes and rocks strewn with small shrubs. Present in the Vina Department over an area of 17300 sq km, this site is also surrounded by rocky outcrops, inselbergs and forest valleys showing a few pockets of tropical rainforest (Figure 3).

Discussion

Main morphological features of *L. sanguinodorsalis*

The specimen captured in the Adamawa Plateau and examined in this study showed many of the diagnostic features corresponding to

Lagonosticta sanguinodorsalis such as beak form, presence of lores, and the coloration patterns of the plumage (Figures 1, 2A–2B). All these morphological characteristics highlighted in our results have been mentioned in several other studies on the Rock Firefinch from the original description until ecological and breeding behaviour, population density and genetic structure studies.^{2,7,11,13,15,26–28} For instance, the combination of the blue–grey beak in the adult and the predominantly reddish–brown and shiny back in the female allow *L. sanguinodorsalis* to be easily identified and distinguished from other finches as already revealed by some authors.^{2,7,13} Thus in *L. sanguinodorsalis*, morphological characteristics of identification based on the plumage coloration such as white spots in flanks (Figure 2C), the dark red covering its rump until the upper tail (Figure 2E), the black tail with red edges on the outer rectrices (Figure 2E) and the dark grey of their legs (Figure 2F) have also been mentioned by several authors.^{2,7,12,13,26} However, some colors in this specimen could bring it closer to an immature of *L. umbrinodorsalis*; only beyond the plumage coloration, the measurements obtained on the captured specimen go in the same direction as well Mills¹⁵ who had already observed the Rock Firefinch in Northern Cameroon but unlike us who captured it in our nets. Thus, based on the tissues of the specimen captured in the field, a future molecular study with other specimens of the same locality will clarify observations made in this study.

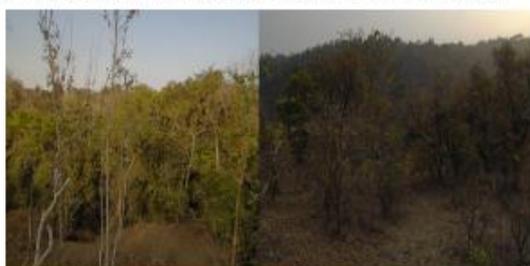


Figure 3 Vegetation surrounding the capture site of *L. sanguinodorsalis* within the Adamawa Plateau.

Analysis of some measurements taken on the specimen of the Rock Firefinch captured on the Adamawa Plateau

The measurements taken on the specimen collected in the Adamawa Plateau gave a general body size of 10.14 cm (Figure 1). According to Borrow and Demey^{7,12} and Fry and Keith², the size in length of the adult specimens of *Lagonosticta sanguinodorsalis* is between 10 and 11 cm in length confirming that the overall measured size of the captured specimen was that of *L. sanguinodorsalis*. The measurements of its tail be 46.5mm (Figure 2E) and its tarsus be 11.8 mm (Figure 2F) were appeared quite close to those suggested by some authors^{2,13} for which the length of the tail as well as that of the tarsus in female of *L. sanguinodorsalis* were 48 mm and 14 mm respectively while in male of Rock Fire finch, these lengths were 51 mm and 15 mm respectively. Otherwise, our results provided a value of 10.7 mm for the length of its beak (Figure 2A); however, the beak size that we measured was longer than what previous studies reported be 8.0 mm for the female and 9.0 mm for the male.^{2,13} in this case, the differences observed in measurements could be due to the different stages of development of the species. But comparing the length of the beak in the specimen captured in the Adamawa Plateau (10.7 mm; Figure 2A) to that of individuals of the populations from the Jos Plateau (i.e. 8.0 mm), this difference should be an adaptation to its diet in the Adamawa Plateau which offers many various types of vegetation and

therefore many types of food resources. Brandt and Cresswell¹¹ reveal that the long and slender beak of this estrildid finch should be an adaptation in order to obtain seeds buried between rocks.



Figure 4 Distribution of the locations of *L. sanguinodorsalis* in Nigeria and Cameroon.

Habitats and ecological behaviour of *L. sanguinodorsalis*

We collected *Lagonosticta sanguinodorsalis* in the forest/savannah transition area of the Adamawa Plateau, in a wooded area with rocky outcrops not far from fluent small river between rocks and valleys (Figure 3). In Nigeria, this species has been observed in various vegetation types such as grassy inselbergs, woods, bushes, rock outcrops, thickets, bushy savannah, gallery forest, etc.^{2,7,11,13,17,26} Mills¹⁵ and Languy¹³ reported repeatedly sighting *L. sanguinodorsalis* in Northern Cameroon where the vegetation is predominantly sahelian; the Adamawa Plateau offers various types of vegetation which could explain its presence in this part of Cameroon. Several authors^{9,11,29} have noted that *L. sanguinodorsalis* showed a high degree of site fidelity and does not respond to changes in the availability of food and water by moving to different areas like some nomadic birds in the desert or in savannah habitats where occurrence of rain and food is unpredictable. Moreover, this species prefers inselberg habitat for the nest–site requirements, and the rocky boulders might provide shelter from predators as nests are well hidden from view and serve as shade against direct sunlight and high temperatures.^{11,30} Brandt and Cresswell¹¹ noticed that in order to avoid the strong inter–specific competition for food resources, *L. sanguinodorsalis* also appears to favor inselbergs particularly during the non–breeding season, which allows it to quietly feed on the seeds that accumulate between rocks.

Similarity between the different ranges of *L. sanguinodorsalis*

Both in Nigeria and Cameroon, there are similar characteristics in the sites occupied by *Lagonosticta sanguinodorsalis*. In our study on the Adamawa Plateau, *L. sanguinodorsalis* was captured at an altitude of 1171 m while Payne¹ reported captures at an altitude of 1280 m in the Toboru hill on the east of the Jos Plateau; Brandt and Cresswell¹¹ reported captures at altitudes between 1280 and 1320 m in the Amurum Reserve, north–east of the Jos Plateau (Table 1). Other mentions in the Mandara Mountains²⁶ correspond at altitudes comprised between 1200 and 1494 m (Table 1).

Extension of the distribution area

The main result of this study, it is diagnostic criteria used for the identification of the specimen of *Lagonosticta sanguinodorsalis* captured in the Adamawa Plateau (Figures 1, 2A–2F). For many years

to date, this species has been considered endemic to several parts of Nigeria but to Cameroon only in northwest because no ornithological survey previously carried out in the Adamawa Plateau reported the presence of *L. sanguinodorsalis*.^{10,31,32} Our study thus allows us to

formally suggest the extension of the distribution area of the Rock Fire finch, *L. sanguinodorsalis* to the Adamawa Plateau in Cameroon. But a future molecular study with other specimens of this species in the Adamawa Plateau will have to confirm this presence.

Table 1 Geographical coordinates and altitudes of the sites where *L. sanguinodorsalis* individuals were captured or observed in Nigeria and Cameroon

Observation/Capture site	Geographical coordinates	Altitude (m)	Reference
Nigeria: Jos Plateau, Toboru hill	09°53'N, 08°59'E	1 280	Payne ¹³
Nigeria: Jos Plateau, Amurum reserve	09°87'N, 08°98'E	1 280 - 1 320	Brandt and Cresswell ¹¹
Nigeria : Mandara Mountains	11°02'N, 13°44'E	1 200- 1 494	Abalaka et al. ²⁵
Cameroon: Adamawa Plateau	07°38'N, 13°33'E	1 171	This study

Conclusion

Morphological descriptions and measurements carried out have allowed identification of specimen of *Lagonosticta sanguinodorsalis* within the Adamawa Plateau. The presence of *L. sanguinodorsalis*, a sedentary bird, on the Adamawa Plateau must be considered as an essential argument to support from now the extension of its distribution range from Nigeria to north-west and north-central Cameroon. *L. sanguinodorsalis* would develop preferences for the high altitudinal areas but further investigations in the Adamawa region would be necessary to confirm this hypothesis as well as those which require a better understanding of how it occupies the landscape, the state of its population density, its relationship with its common brood-parasite, *Vidua maryae*, or another within this part of the Congo Basin Forest.

Acknowledgements

We are grateful to the Rufford Small Grant foundation for its financial support which allowed us to conduct this study in the Adamawa Plateau. Many thanks to Idea Wild foundation that also supported this research by granting field materials. We are indebted to Prof. Sophie Calmé (University of Sherbrooke, Canada) for her unconditional support during the preparation of the research grant proposal and for her revisions and suggestions to improve this manuscript. We also recognize the contribution of Prof. Christiane Denys (National Museum of Natural History, France) and Dr. Armand P. Mvogo Ndongo (University of Douala, Cameroon) for their great support on the research project proposal as well as their precious comments. We also thank R.J. Dowsett for his comments that improved an early version of this manuscript. We express our gratitude to Dr. Clarisse Njua Yafi (University of Yaounde I, Cameroon), who proof read this paper. Finally, we thank our local field guides who helped us sampling birds in the Adamawa region.

Conflicts of interest

Authors declare that there is no conflict of interest.

References

- Sibley CG, Monroe BL. Distribution and Taxonomy of Birds of the World. New Haven CT. London. Yale University Press. 1990.
- Fry CH, Keith S. The birds of Africa VII. Christopher Helm, London. 2004.
- Schidelko K, Stiels D, Rödder D. Historical stability of diversity patterns in African estrildid finches (Aves: Estrildidae)? *Biological Journal of the Linnean Society*. 2011;102:455-470
- Dickinson EC. The Howard & Moore complete checklist of the birds of the world. 3rd edn. Princeton. NJ Princeton University Press. 2003.

- Goodwin D. Estrildid Finches of the World. Ithaca. New York. Cornell University Press. 1982.
- Clement P, Harris A, Davis J. *Finches and Sparrows*. Princeton. Princeton University Press. 1993.
- Demey R, Borrow N. *A guide to the Birds of Western Africa*. Princeton University Press. Princeton and Oxford. 2001:832.
- Schidelko K, Wüstenhagen N, Stiels D, et al. Continental shelf as potential retreat areas for Austral-Asian estrildid finches (Passeriformes: Estrildidae) during the Pleistocene. *Journal of Avian Biology*. 2013;44:121-132.
- Dean WRJ. The distribution and biology of nomadic birds in the Karoo. South Africa. *Journal of Biogeography*. 1997;24:769-779.
- Nicolai J, Steinbacher J. *Handbuch der Vogelpflege. Prachtfinken. Afrika*. Stuttgart Eugen Ulmer. 2007.
- Brandt M, Cresswell W. Breeding behaviour, home range and habitat selection in rock firefinches *Lagonosticta sanguinodorsalis* in the wet and dry season in central Nigeria. *Ibis*. 2008;150:495-507.
- Demey R, Borrow N. *A guide to the Birds of Western Africa: 2nd edn*. Princeton University Press. 2014:592.
- Payne RB. A new species of firefinch *Lagonosticta* from northern Nigeria and its association with the Jos Plateau indigobird *Vidua maryae*. *Ibis*. 1998;140:368-381.
- Abalaka JI, Jones PJ. Population densities of the Rock Firefinch *Lagonosticta sanguinodorsalis* and some other estrildid and viduine finches on the Jos Plateau, Nigeria. In: Harebottle DM, Craig AJFK, Anderson MD, Rakotomanana H, Muchai M (eds) Proceedings of the 12th Pan-African Ornithological Congress, 2008. Cape Town. Animal Demography Unit. 2011:131-134.
- Mills MSL. Rock firefinch *Lagonosticta sanguinodorsalis* and its brood parasite, Jos Plateau indigobird *Vidua maryae*, in northern Cameroon. *Bulletin of the African Bird Club*. 2010;17:86-89.
- Del Hoyo J, Collar NJ, Christie DA, et al. *Handbook of the Birds of the World and Bird Life International Illustrated Checklist of the Birds of the World. Passerines*. Lynx Edicions and Bird Life International. Barcelona. Spain and Cambridge. UK. 2016;2.
- Bird Life International. *Lagonosticta sanguinodorsalis*. The IUCN Red List of Threatened Species. 2017.
- Boutrais J. Les conditions naturelles de l'élevage sur le Plateau de l'Adamaoua (Cameroun). *Série lettres et Sciences Humaines*. 1974;2:145-198.
- Louette M. The birds of Cameroon An annotated check-list. *Verhandeling Wetens chappen Jaargang*. 1981;43:1-163.
- Letouzey R. *Etude phytogéographique du Cameroun*. Paris. edns Paul Lechevalier. 1968.

Citation: Mahamat S, Nguembock B, Azang EDO, et al. The extension of the distribution range of the Rock Firefinch *Lagonosticta sanguinodorsalis* (Estrildidae, Passeriformes) to the Adamawa Plateau of Cameroon in the Congo Basin Forest. *Biodiversity Int J*. 2021;5(2):31-35. DOI: 10.15406/bij.2021.05.00195

21. Suchel JB. *Les climats du Cameroun*. Thèse de Doctorat d'Etat. Tome III. 1988:472.
22. Yonkeu S. *Végétation des pâturages de l'Adamaoua (Cameroun). écologie et potentialités pastorales*. Thèse de doctorat. Université de Rennes I. Rennes, France. 1993:243.
23. Spencer R. *The ringer's manual*. 2nd edn. British Trust Ornithology. Beech Grove. Tring. Hertfordshire. England. 1972:28–42.
24. Keyes BE, Gruc CE. Capturing birds with mist nets. a review. *North American Bird Bander*. 1982;7:2–14.
25. Gill F, Donsker D. IOC World Bird List (version 10.1). 2020. Doi 10.14344/IOC.ML.10.1.
26. Abalaka JI, Ottosson Ulf, Larson K. et al. Rock Firefinch *Lagonosticta sanguinodorsalis* in the Mandara Mountains. north-east Nigeria. a new subspecies?. *African Bird Club Bulletin*. 2013;17(2):210–211.
27. Abalaka JI, Hansson B. Microsatellite markers for population genetic studies of the rock firefinch, *Lagonosticta sanguinodorsalis*. *African Zoology*. 2014;49(2):301–306.
28. Olsson U, Alström P. A comprehensive phylogeny and taxonomic evaluation of the waxbills (Aves: Estrildidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2020;146:106757.
29. Davies S. Nomadism as a response to desert conditions in Australia. *Journal of Arid Environments*. 1984;7:183–195.
30. Wright D, Jones P. Population densities and habitat associations of the range-restricted Rock Firefinch *Lagonosticta sanguinodorsalis* on the Jos Plateau, Nigeria. *Bird Conservation International*. 2005;15:287–295.
31. Good AL. The birds of French Cameroon: *Passerines*. Mémoire de l'IFAN, Centre du Cameroun. *Sciences Naturelles*. 1953;2:1–203.
32. Fotso R, Dowsett-Lemaire F, Dowsett R J, et al. Cameroon in important bird areas of Africa and associate dislands. priority sites for conservation. In. Fishpool LDC, Evans MI, Eds. Birdlife Conservation Series N°11. Newbury and Cambridge. UK Pisces Publications and Birdlife International. 2001:133–159.
33. Languy M. *The birds of Cameroon, their status and distribution*. Tervuren. Belgium Royal Museum for Central Africa. 2019.

ANNEXES



***Dendropicos goertae* (Statius Müller, 1776)**

Annexe 1 : évaluation des distances génétiques entre les taxons concernant le marqueur mitochondrial ND2, estimées avec le logiciel MEGA X

v10.2.4

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	
1- <i>E. afer</i>																									
2- <i>E. gierowii</i>	0,1270266934																								
3- <i>E. orix</i>	0,1304343762	0,0983380632																							
4- <i>F. madagascariensis</i>	0,1828392468	0,1756501757	0,1795317591																						
5- <i>F. sechellarum</i>	0,1833591437	0,1838056610	0,1800418080	0,0687466158																					
6- <i>Q. cardinalis</i>	0,2010093636	0,1887443180	0,1889035706	0,1650629125	0,1653909357																				
7- <i>P. bicolor</i>	0,2031459688	0,1878780312	0,2076979205	0,1831038531	0,1757536503	0,1905066274																			
8- <i>B. albirostris</i>	0,1926405602	0,2173175622	0,2298797643	0,2038244877	0,2376645524	0,2218287214	0,2579549928																		
9- <i>D. dinemelli</i>	0,2223286124	0,2424243371	0,2135861547	0,1881874331	0,2049724688	0,1900239241	0,2545648628	0,1896834878																	
10- <i>Q. quelea</i>	0,1755058203	0,1609804859	0,1612416445	0,1305352389	0,1452092239	0,1132490864	0,2107532643	0,2430694037	0,2506022671																
11- <i>P. manyar</i>	0,2097734231	0,2364131031	0,2320266029	0,1769397163	0,1623442450	0,2122045971	0,1264441576	0,2658884825	0,2584082933	0,2004623669															
12- <i>P. philippinus</i>	0,1979109476	0,2323539790	0,2117734783	0,1808815520	0,1513100506	0,2244425289	0,2116398779	0,2684229701	0,2580363366	0,1974751181	0,0489400391														
13- <i>M. racheliae</i>	0,2245487538	0,2210872280	0,2084868824	0,1990813286	0,1873427126	0,2203926228	0,1424987573	0,2751942262	0,2361761080	0,1996173553	0,2107405624	0,2060481534													
14- <i>M. malimbicus</i>	0,1583844921	0,1551357569	0,1551357569	0,1653233744	0,1470323855	0,1793433181	0,1377229624	0,2407031578	0,2415203800	0,1994495951	0,2123808448	0,2074638876	0,1546138053												
15- <i>P. megarhynchus</i>	0,2174693080	0,1957346013	0,2037508086	0,1844086504	0,1658562486	0,1958899071	0,2084118246	0,2454715674	0,2756522255	0,1651896073	0,1750787318	0,1634127719	0,2048651697	0,2054821437											
16- <i>S. frontalis</i>	0,1606291564	0,1659419059	0,1582310686	0,1834026079	0,1957346013	0,2197181192	0,2297056902	0,2520277819	0,2656992448	0,2201271404	0,2349647222	0,2339746106	0,2343681111	0,2346431034	0,2218174502										
17- <i>E. ardens</i>	0,1048339528	0,0992776526	0,0756221528	0,1771443847	0,1996856375	0,1720214533	0,2051055361	0,2132302199	0,2582494984	0,1851919613	0,2198929900	0,1948573103	0,2150103488	0,1887990807	0,1999864405	0,2354761500									
18- <i>P. alienus</i>	0,1778054049	0,1915072483	0,1828361788	0,1997178933	0,1915976796	0,2080055168	0,1539162968	0,2448440888	0,2351872627	0,1993471214	0,2280015829	0,2193935175	0,1667989035	0,1514401919	0,2145548930	0,2145760431	0,1910425580								
19- <i>P. melanogaster</i>	0,2265124347	0,2266786156	0,2270118170	0,2814536025	0,2671697307	0,2528243440	0,1775107362	0,2629578809	0,2635240240	0,2601985774	0,2444556872	0,1866339519	0,1775776573	0,2461304135	0,2389801686	0,2198215499	0,0830791036								
20- <i>P. alienus</i>	0,1677429395	0,1764656307	0,1683893689	0,1917793021	0,1800697525	0,2000198383	0,1523079537	0,2509030537	0,2398709570	0,2018090802	0,2281162669	0,2230232904	0,1633103087	0,1524064582	0,2224666032	0,2133525305	0,1895553005	0,0031666533	0,0830791036						
21- <i>P. nigricollis</i>	0,1493351810	0,1500483021	0,1499166287	0,1739784293	0,1662092697	0,2032172822	0,1823501781	0,2869190200	0,2638424647	0,2234330417	0,2319050249	0,2240712420	0,1635883879	0,1613711310	0,2469020939	0,2457888930	0,2273503951	0,1285589694	0,1339761429	0,1266735202					
22- <i>P. intermedius</i>	0,1469557212	0,1549879648	0,1779902600	0,1733526121	0,1583058011	0,1969840505	0,1448859686	0,2515515653	0,2449396996	0,1888633108	0,2084538727	0,1994429116	0,1498904754	0,1387497226	0,2127691240	0,2083003951	0,1860746448	0,0985685047	0,1271664841	0,0959968861	0,1156130311				
23- <i>P. cucullatus</i>	0,1683248083	0,1728483068	0,1807461492	0,1825067121	0,1711168542	0,1615035779	0,1465544375	0,2400971113	0,2427782489	0,1917044739	0,1930543815	0,2025092140	0,1477516506	0,1344009295	0,2167315124	0,2181955612	0,2040211900	0,1342504947	0,1573792004	0,1291398531	0,1553040633	0,1334763766			
24- <i>E. ardens</i>	0,1125832281	0,0839075885	0,0839388168	0,1733063635	0,1855357979	0,1789202269	0,2123667890	0,2403763162	0,2722506136	0,1978363148	0,2209940169	0,2026550198	0,2136503861	0,2032595352	0,2078745016	0,2313565416	0,0022869677	0,1937179954	0,2216980438	0,1978111999	0,2295947614	0,1945387437	0,2046157456		
25- <i>P. cucullatus</i>	0,1677633965	0,1683965213	0,1762289137	0,1780278627	0,1667228222	0,1659216849	0,1425749279	0,2419785858	0,2378265879	0,1918812911	0,1924399979	0,1994992024	0,1463802453	0,1305212735	0,2134071442	0,2161619359	0,2007316747	0,1341037076	0,1538552290	0,1290089199	0,1511618244	0,1323248808	0,0029172466	0,2033196633	
26- <i>P. insignis</i>	0,1881622693	0,1724925754	0,1683893689	0,1557122360	0,1843105649	0,1874785859	0,1374144877	0,2384909177	0,2527977749	0,1952561132	0,22236550713	0,2125719308	0,1483997286	0,1361965970	0,2009059469	0,2316514441	0,2088253247	0,1530956871	0,1745855270	0,1505497704	0,1687571459	0,1410715569	0,1512922759	0,2140892000	
27- <i>Q. erythropus</i>	0,2030417095	0,2134631027	0,2011078293	0,1824896878	0,1890224588	0,1358365716	0,2141718664	0,2622763163	0,2767619764	0,1212004178	0,1985817115	0,1958169417	0,2243070098	0,2100367468	0,1909342003	0,2213459542	0,2083931536	0,2018724132	0,2451175713	0,1997171251	0,2395514501	0,2036614596	0,2223462002	0,2141277349	
28- <i>A. rubriceps</i>	0,1748865653	0,1674629344	0,1791354080	0,1824896878	0,1590532663	0,1616918052	0,0986856066	0,2600136011	0,2408487286	0,2026376941	0,2037187274	0,2048123785	0,1261655313	0,1295940624	0,1952158257	0,2330775294	0,2056071523	0,1524948899	0,1721140729	0,1473809899	0,1602539926	0,1418477672	0,1408683886	0,2095272988	
29- <i>M. rubricollis</i>	0,1991704456	0,1834294166	0,1555133774	0,1585213942	0,1748865653	0,1985920647	0,1312184118	0,2558242389	0,2383893108	0,1932143609	0,2214890014	0,2104111098	0,1309957526	0,1396857190	0,2003084832	0,2341144730	0,1931216871	0,1387820045	0,1572142338	0,1356689353	0,1582213304	0,1399404130	0,1486756166	0,1984755922	
30- <i>P. olivaceiceps</i>	0,1760900864	0,1486825334	0,1525476724	0,1557122360	0,1884136363	0,1999280155	0,1460265557	0,2395121877	0,2299002871	0,1868006229	0,2149871177	0,2074455818	0,1541411335	0,1446411749	0,2018427834	0,2304281377	0,2090047328	0,1757402235	0,1928522275	0,1694497393	0,1760878715	0,1462071182	0,1733569199	0,1973172755	
31- <i>M. nitens</i>	0,2024209116	0,17866780015	0,1867775204	0,1776936751	0,1545439421	0,1925239744	0,1479939342	0,2572663781	0,2483827021	0,2063082397	0,2105595889	0,1930577429	0,1590339330	0,1019724783	0,2035699543	0,2605685912	0,2113910795	0,1483676968	0,1752878754	0,1495768434	0,1794983618	0,1553426543	0,1531290457	0,1889215286	
32- <i>P. bannermani</i>	0,1798108952	0,1740253864	0,2114849778	0,1979746381	0,1977058115	0,1839131757	0,1482053229	0,2422501100	0,2376487206	0,1922418745	0,2123327925	0,2105726208	0,1609538119	0,1264688590	0,2001775463	0,1988857467	0,2226267369	0,1615544064	0,1655945004	0,1615544064	0,1432166185	0,1387262541	0,1187501030	0,2203819177	
33- <i>P. bannermani</i>	0,1857994296	0,1775547833	0,2144911728	0,1808922549	0,1858915565	0,1801696301	0,1424792983	0,2347038602	0,2381915274	0,1889238451	0,1981195245	0,2098348162	0,1555558320	0,1329865578	0,2202682341	0,2012253638	0,2063528997	0,1342824777	0,1614179637	0,1353972634	0,1560857618	0,1184424882	0,1031905327	0,2121167414	
34- <i>S. squamifrons</i>	0,1612804703	0,1697626874	0,1459851589	0,2018240715	0,2109354296	0,2222310908	0,2155071874	0,2232035354	0,2223477404	0,1982060540	0,22705582327	0,2163025925	0,2264845783	0,2083161764	0,2218703487	0,1242950147	0,1955326742	0,1860039201	0,2231402017	0,1850449140	0,2253798080	0,1979375879	0,1948828110	0,2017036844	
35- <i>E. franciscanus</i>	0,104943112	0,082471525	0,0550725105	0,1739258565	0,1864616866	0,1754095034	0,2094663750	0,2455221251	0,2621345808	0,2023353995	0,2114718986	0,2069846078	0,												

Annexe 2 : évaluation des distances génétiques entre les taxons concernant le marqueur mitochondrial ND3, estimées avec le logiciel MEGA X

v10.2.4

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
<i>1- L. olivaceus</i>																						
<i>2- L. curvirostra</i>	0,1208990114																					
<i>3- P. melanocephalus</i>	0,2188900016	0,2270299214																				
<i>4- P. taeniopterus</i>	0,2154166278	0,2312138285	0,0085897189																			
<i>5- Q. cardinalis</i>	0,2557340259	0,2720310919	0,1923470349	0,1813869278																		
<i>6- E. ardens</i>	0,2714719276	0,2785378768	0,1974742833	0,1899758825	0,1811432227																	
<i>7- F. sechellarum</i>	0,2884072873	0,2849812172	0,1581803699	0,1583950605	0,1816304430	0,1476808121																
<i>8- F. madagascariensis</i>	0,2654528216	0,2701695419	0,1510024794	0,1512059868	0,1739309709	0,1481809011	0,0625765981															
<i>9- Q. quelea</i>	0,2611878197	0,2665018624	0,1772116054	0,1739309709	0,1224795283	0,1466476585	0,1774484403	0,1591419500														
<i>10- P. bicolor</i>	0,2660500248	0,2698559554	0,1339973602	0,1374705345	0,1897075437	0,1798558173	0,1923350266	0,1880919703	0,1520310555													
<i>11- A. albifrons</i>	0,2562202534	0,2669901272	0,1852914721	0,1855567423	0,2139734163	0,2271903226	0,1903091729	0,1989914042	0,1945506668	0,2142903810												
<i>12- D. dinemelli</i>	0,2396616074	0,2746408401	0,2075549309	0,2078626985	0,2159083879	0,2321796044	0,2503614607	0,2213983202	0,2091199622	0,2294908518	0,1982084849											
<i>13- M. cassini</i>	0,2469973636	0,2796903615	0,1177995570	0,1079352567	0,1991904884	0,2351265786	0,1740644449	0,1741808795	0,1945396536	0,1307942954	0,2238767576	0,2383669365										
<i>14- M. malimbicus</i>	0,2431717846	0,2554765664	0,1452373443	0,1417062763	0,1980383535	0,1686688812	0,1780805448	0,1636305173	0,1635213945	0,1202048415	0,2354226804	0,2157027133	0,1449484793									
<i>15- S. frontalis</i>	0,2385383493	0,2430449686	0,1732029631	0,1659827017	0,1903740457	0,1579600518	0,1744142035	0,1683051288	0,1661001111	0,1902972439	0,2065541274	0,1775855312	0,1593656509									
<i>16- P. melanogaster</i>	0,2570626865	0,2679448880	0,1346100142	0,1245649550	0,1846827248	0,1645514133	0,1847959896	0,1584995694	0,1581803699	0,1275975364	0,2016789921	0,2129275273	0,1289341400	0,1521531851	0,1511016102							
<i>17- E. franciscanus</i>	0,2652252457	0,2585146405	0,1541105234	0,1437004253	0,1383257834	0,0888968932	0,1397513716	0,1326023858	0,1307341409	0,1765951747	0,2075390729	0,2167456999	0,1813770156	0,1593656509	0,1456496775	0,1506957747						
<i>18- S. squamifrons</i>	0,2319891046	0,2563523280	0,1920205020	0,1922958645	0,2263492675	0,1982593249	0,1903091729	0,1748019765	0,1954206594	0,2022581764	0,2231059037	0,2121580222	0,1958159423	0,1877060069	0,1034708474	0,1886626850	0,1739321301					
<i>19- A. rubriceps</i>	0,2513523059	0,2595453117	0,1280968662	0,1213706272	0,1938549765	0,1738148876	0,1505921631	0,1840144019	0,1738148876	0,1037247081	0,2040326166	0,2089557787	0,1146219642	0,1180261726	0,1584934381	0,1444711255	0,1882416049					
<i>20- M. rubricollis</i>	0,2446652074	0,2685557393	0,1312204762	0,1212123854	0,2025492022	0,2015274713	0,2073094674	0,1913747778	0,1778326738	0,1070474086	0,2259696570	0,2351728735	0,1313044204	0,1372010075	0,1582784994	0,1409617517	0,1833719422	0,1980250427	0,1141816018			
<i>21- M. nitens</i>	0,2232050101	0,2610233880	0,1489842373	0,1454291659	0,2287783764	0,2002054312	0,1831772383	0,1822723652	0,1937112214	0,1042493993	0,2396566774	0,2252539449	0,1381015275	0,1077283057	0,1602481948	0,1282634152	0,1738148876	0,1768920770	0,1181782578	0,1477049922		
<i>22- P. luteolus</i>	0,2816691003	0,2805401171	0,1485949912	0,1450503099	0,1977691282	0,2015415243	0,1859820182	0,1673738991	0,1695973574	0,1313098977	0,2505779239	0,2298629027	0,1494870118	0,1358563916	0,1742974657	0,1163038454	0,1758680606	0,2074298826	0,1314809021	0,1520548820	0,1326939512	
<i>23- P. pelzelni</i>	0,2562669590	0,2635712434	0,1583799377	0,1480986046	0,1917459766	0,2074298826	0,2053137340	0,1892893771	0,1708938079	0,1271046227	0,2299875913	0,2264875630	0,1424552129	0,1319090424	0,1701782635	0,1128838135	0,1812456424	0,2237862173	0,1148434888	0,1275975364	0,1627367632	0,1105991722
<i>24- P. bannermani</i>	0,2034757268	0,2357804428	0,1169713981	0,1138907926	0,1356523394	0,1794714933	0,1736904132	0,1550527090	0,1412613138	0,1071160787	0,1971107165	0,1764570535	0,1372918405	0,1249699437	0,1547354317	0,1237651924	0,1478841729	0,1839665658	0,1279307662	0,1381901861	0,1209025381	0,1244876222
<i>25- P. bannermani</i>	0,2034757268	0,2357804428	0,1169713981	0,1138907926	0,1356523394	0,1794714933	0,1736904132	0,1550527090	0,1412613138	0,1071160787	0,1971107165	0,1764570535	0,1372918405	0,1249699437	0,1547354317	0,1237651924	0,1478841729	0,1839665658	0,1279307662	0,1381901861	0,1209025381	0,1244876222
<i>26- P. alienus</i>	0,2420592652	0,2523276609	0,1637215067	0,1497128893	0,2057907458	0,2398257664	0,2364016672	0,1830175001	0,1828376750	0,1914353927	0,2559329620	0,2461852254	0,1403987937	0,1647710280	0,1608869750	0,0980031128	0,1880093207	0,2183816763	0,1834433754	0,1674104632	0,1766327287	0,1491787333
<i>27- P. alienus</i>	0,2220106250	0,2445204439	0,1463567641	0,1345544274	0,1943970348	0,2090080980	0,1937419688	0,1584447101	0,1662522497	0,1736715616	0,2234653527	0,2300997686	0,1225242132	0,1591639758	0,1564481564	0,0982453363	0,1665172394	0,2049031557	0,1747696920	0,1662939723	0,1621072566	0,1338433466
<i>28- E. ardens</i>	0,2637440907	0,2413502603	0,1733351225	0,1626264295	0,1634124134	0,0919097874	0,1572070214	0,1429295335	0,1584934381	0,1784584360	0,2354226804	0,2426689799	0,2092890760	0,1777136384	0,1719710738	0,1735746551	0,0911071763	0,1947030170	0,171368989	0,1960534072	0,1946847746	0,1815086066
<i>29- P. melanogaster</i>	0,2651850081	0,2359715072	0,1280944401	0,1181013969	0,1894400083	0,1953884801	0,1712458387	0,1596961776	0,1593719418	0,1506472491	0,2385423227	0,2426689799	0,1318215042	0,1419842088	0,1811144860	0,0841866162	0,1630657735	0,1929941662	0,1281788666	0,1445638315	0,1388281348	0,1236045266
<i>30- P. melanogaster</i>	0,2651850081	0,2359715072	0,1280944401	0,1181013969	0,1894400083	0,1953884801	0,1712458387	0,1596961776	0,1593719418	0,1506472491	0,2385423227	0,2426689799	0,1318215042	0,1419842088	0,1811144860	0,0841866162	0,1630657735	0,1929941662	0,1281788666	0,1445638315	0,1388281348	0,1236045266
<i>31- P. cucullatus</i>	0,2361393817	0,2132468996	0,0889527379	0,0889527379	0,1802419348	0,1928614929	0,1528603865	0,1638561865	0,1604753405	0,1326939512	0,2162315900	0,2051625316	0,1406914929	0,1440850287	0,1571960990	0,1471888736	0,1563300377	0,1949867354	0,1232053761	0,1367569573	0,1482832534	0,1408834488
<i>32- P. olivaceiceps</i>	0,2636397922	0,3018681148	0,1600018240	0,1496077586	0,2338653507	0,2035806641	0,2235072375	0,2276911103	0,1948227564	0,1112694699	0,2453471876	0,2670744985	0,1526844154	0,1487148293	0,1496077586	0,1738247788	0,2071091459	0,1451691171	0,1203911216	0,1315110724	0,181496734	0,1760730022
<i>33- P. olivaceiceps</i>	0,2691695068	0,2980851961	0,1582718661	0,1479988379	0,2274239203	0,2173017858	0,2214110500	0,1890231414	0,1069124417	0,2385182229	0,2597336263	0,1477049922	0,1438092438	0,1758579664	0,1446608374	0,1684249965	0,2010890052	0,1403184337	0,1159347668	0,1337357351	0,1760730022	0,1760730022
<i>34- P. insignis</i>	0,2608045712	0,2570626865	0,1448510534	0,1413310681	0,2284226109	0,1862442067	0,1997860645	0,1845276828	0,1923350266	0,1232865151	0,2177260193	0,2185611628	0,1480939838	0,1340828035	0,1733181998	0,1478043274	0,1721314303	0,1902333446	0,1140360053	0,0903747377	0,1273494133	0,1455274400
<i>35- P. cucullatus</i>	0,2364995033	0,2135673020	0,0922584196	0,0922584196	0,1877172632	0,2041881897	0,1635213945	0,1746568850	0,1637537371	0,1362151297	0,2203797994	0,2054682973	0,1374898852	0,1476854748	0,1609186459	0,1439865764	0,1670237445	0,1989914042	0,1200406797	0,1403130730	0,1519201947	0,1444760639
<i>36- E. ardens</i>	0,2740078135	0,2472030653	0,1816404149	0,1707794911	0,1716158925	0,0989215957	0,1651873626	0,1506907400	0,1665568638	0,1869086477	0,2396566774	0,2525645716	0,2182472853	0,1861184421	0,1803644618	0,1818946532	0,0980472733	0,2036332487	0,1797242714	0,2047261800	0,2034422697	0,1899758822

Annexe 3 : évaluation des distances génétiques entre les taxons obtenues avec le marqueur mitochondrial ATPase 6, et estimées avec le logiciel MEGA X v10.2.4

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1- <i>A. albifrons</i>																				
2- <i>F. sechellarum</i>	0,1822404714																			
3- <i>F. madagascariensis</i>	0,1808534767	0,0534875996																		
4- <i>Q. cardinalis</i>	0,1760837784	0,1520366517	0,1650548943																	
5- <i>Q. quelea</i>	0,1900876402	0,1280426347	0,1362633432	0,1282771379																
6- <i>D. dinemelli</i>	0,1829549589	0,1856706107	0,1645273912	0,1953490118	0,1903279804															
7- <i>S. frontalis</i>	0,1892173710	0,1995457879	0,1803600361	0,2195913395	0,2092720744	0,2023724868														
8- <i>P. cucullatus</i>	0,1574730932	0,1564737898	0,1449859783	0,1757054848	0,1480697898	0,1415677590	0,1890428802													
9- <i>P. bicolor</i>	0,1932286107	0,1809186101	0,1660946194	0,1831096062	0,1723399744	0,1767319150	0,1999866044	0,1059301009												
10- <i>Q. erythrops</i>	0,1642618389	0,1476757124	0,1282308507	0,1392947270	0,1218347717	0,1865523467	0,1941409238	0,1304665695	0,1643766920											
11- <i>P. nigerrimus</i>	0,1813120398	0,1728062281	0,1499661292	0,1748352377	0,1605932622	0,1631922451	0,2030332258	0,0811442396	0,1108024422	0,1551573012										
12- <i>P. insignis</i>	0,1885491701	0,1736837306	0,1573491002	0,1906328996	0,1747168846	0,1839885730	0,2010427656	0,1104936480	0,0787401884	0,1597176841	0,1295832204									
13- <i>M. malimbicus</i>	0,1828100250	0,1704232306	0,1775683277	0,1969760633	0,1553181100	0,1809534389	0,2100081992	0,1047377114	0,1093219279	0,1649204224	0,1232744557	0,1240484309								
14- <i>P. melanocephalus</i>	0,1699959669	0,1676104203	0,1759637557	0,1711696752	0,1647919353	0,1846091982	0,2195703666	0,1049156146	0,1251261422	0,1580645695	0,1045093540	0,1393507867	0,1188367574							
15- <i>P. taeniopterus</i>	0,1723928083	0,1721484945	0,1805364012	0,1757054848	0,1692387672	0,1782417970	0,2222022536	0,0992139545	0,1252033946	0,1624668390	0,1064913707	0,1354504209	0,1130619251	0,0086055853						
16- <i>L. olivaceus</i>	0,2022665088	0,1833169766	0,1717440206	0,2062317092	0,1951205247	0,1926407177	0,2147869246	0,1987801541	0,1948470487	0,1836129445	0,2019279225	0,1762838274	0,2068410134	0,2136029489	0,2129609387					
17- <i>L. curvirostra</i>	0,1973165445	0,1772443822	0,1719865428	0,2045832201	0,1834452936	0,1742753660	0,2044148367	0,1664164343	0,1881402017	0,1799616218	0,1812731460	0,1796078866	0,1935101490	0,1836546488	0,1810809468	0,1085235650				
18- <i>P. bannermani</i>	0,1634316202	0,1633212903	0,1507957928	0,1804125131	0,1528798407	0,1373145565	0,1885360086	0,0697393642	0,1148778303	0,1397193163	0,0879521847	0,1268952049	0,1208686403	0,0990250436	0,0971712348	0,1944289587	0,1636184573			
19- <i>P. nigerrimus</i>	0,1860864978	0,1753287562	0,1520921172	0,1773643768	0,1630412871	0,1616405399	0,2031713802	0,0828865784	0,1109318366	0,1591980972	0,0121586144	0,1297385499	0,1270416729	0,1123475765	0,1143494143	0,1929099746	0,1751789775	0,0885043253		
20- <i>P. nigerrimus</i>	0,1860864978	0,1753287562	0,1520921172	0,1773643768	0,1630412871	0,1616405399	0,2031713802	0,0828865784	0,1109318366	0,1591980972	0,0121586144	0,1297385499	0,1270416729	0,1123475765	0,1143494143	0,1929099746	0,1751789775	0,0885043253	0,0000000000	
21- <i>P. cucullatus</i>	0,1966042946	0,1728837031	0,1733769782	0,1957423811	0,155596729	0,1709187860	0,2017186896	0,0632887690	0,1264294735	0,1577450947	0,1044534892	0,1324982196	0,1250807259	0,1033703033	0,1015032874	0,2260010374	0,1854678491	0,0979710920	0,1027574173	0,1027574173
22- <i>P. melanogaster</i>	0,1677241389	0,1576105928	0,1588109342	0,1959431330	0,1672392662	0,1669416771	0,2077910470	0,1129510582	0,1369289533	0,1613392400	0,1318481061	0,1286580688	0,1393128571	0,1136594615	0,1156877554	0,1865421325	0,1750605574	0,1214830124	0,1275873611	0,1275873611
23- <i>P. melanogaster</i>	0,1722751219	0,1576105928	0,1590112615	0,1959431330	0,1672392662	0,1671545058	0,2080733372	0,1130836996	0,1408121947	0,1615416520	0,1320049992	0,1325110895	0,1394822441	0,1136594615	0,1156877554	0,1907729529	0,1752817464	0,1233798955	0,1294941894	0,1294941894
24- <i>P. bannermani</i>	0,1659265014	0,1658139634	0,1529292999	0,1829738866	0,1552987535	0,1393912855	0,1908770690	0,0714907486	0,1168029981	0,1417857156	0,0897625067	0,1288845959	0,1228260522	0,1011325636	0,0992733233	0,1966851013	0,1657512356	0,0014651788	0,0902633334	0,0902633334
25- <i>P. alienus</i>	0,1654507315	0,1649955451	0,1543197760	0,1778765146	0,1566229034	0,1533655898	0,2003717511	0,1060271837	0,1334766270	0,1448129207	0,1164650638	0,1256506873	0,1525618772	0,1298357171	0,1279293232	0,1862105661	0,1770308158	0,0981272679	0,1163113656	0,1163113656
26- <i>P. olivaceiceps</i>	0,2428529016	0,2383317241	0,2168956500	0,2454780266	0,2214287187	0,2382554127	0,2688839697	0,1403429193	0,1472664472	0,2231709766	0,1627956710	0,1134418195	0,1533288923	0,1583343671	0,1539432584	0,2335658724	0,2389958108	0,1663972894	0,1627956710	0,1627956710
27- <i>P. olivaceiceps</i>	0,2152670325	0,2126249057	0,1857408220	0,2182503075	0,1947178065	0,2042103144	0,2309634158	0,1164187615	0,1160742145	0,1842935163	0,1402088807	0,0868839205	0,1306648528	0,1441998314	0,1401585146	0,2032751571	0,2091833869	0,1373812580	0,1365434254	0,1365434254
28- <i>E. orix</i>	0,1733960991	0,1513100384	0,1385806747	0,1318365110	0,1434558924	0,1792503405	0,1827575867	0,1409871806	0,1494379221	0,1436395384	0,1468704088	0,1545404058	0,1593658845	0,1557671363	0,1601523329	0,1978286251	0,1729112539	0,1476757124	0,1533798560	0,1533798560
29- <i>E. ardens</i>	0,1934038019	0,1838979918	0,1665723466	0,1706675886	0,1520329017	0,2094714814	0,1944946103	0,1474674858	0,1677313820	0,1530718023	0,1707725492	0,1855895976	0,1688913138	0,1753743557	0,1798720327	0,2148893404	0,1920347533	0,1632757559	0,1751210946	0,1751210946
30- <i>E. franciscanus</i>	0,1928421460	0,1706675886	0,1553513157	0,1697276216	0,1498788860	0,1722148352	0,1968891446	0,1584028208	0,1611610248	0,1565641804	0,1531633847	0,1878855354	0,1622348343	0,1624840543	0,1669138471	0,2269372700	0,1854019889	0,1500652272	0,1618071161	0,1618071161
31- <i>E. hordeaceus</i>	0,1889837520	0,1534800905	0,1405186618	0,1509985823	0,1500804119	0,1908655756	0,1741261618	0,1432332629	0,1536809893	0,1480168637	0,1615685996	0,1702206978	0,1572728458	0,1624754464	0,1669050729	0,2004922010	0,1935497092	0,1518130504	0,1640033385	0,1640033385
32- <i>E. ardens</i>	0,1818616412	0,1640119698	0,1405285786	0,1421824027	0,1476285803	0,1733190470	0,1843932454	0,1338924134	0,1553188269	0,1384003410	0,1445518060	0,1720847170	0,1608992330	0,1580730067	0,1624754464	0,1867888946	0,1616831494	0,1441519380	0,1503324018	0,1503324018
33- <i>P. ocellularis</i>	0,190889915	0,1733025888	0,1732929949	0,2031342631	0,1593840602	0,1713033297	0,1949659923	0,1256263790	0,1153415873	0,1641766560	0,1234625625	0,1328198069	0,1396520648	0,1256119523	0,1256898459	0,1833767317	0,1970580445	0,1164444773	0,1210829586	0,1210829586
34- <i>P. ocellularis</i>	0,1983890330	0,1739205056	0,1601789937	0,2131133089	0,1686712623	0,1718384259	0,1975967673	0,1260642065	0,1210359257	0,1628248074	0,1237435539	0,1368678863	0,1437381451	0,1341675519	0,1362543415	0,1878273391	0,2036618137	0,1168345327	0,1213493510	0,1213493510
35- <i>P. bertrandi</i>	0,1907467124	0,1688990687	0,1558776157	0,2077176590	0,1637206905	0,1674435770	0,1928586620	0,1203376421	0,1135448814	0,1585338354	0,1216577521	0,1309634260	0,1415237215	0,1296598274	0,1317281245	0,1813922646	0,1990826451	0,1113625434	0,1193391078	0,1193391078
36- <i>P. philippinus</i>	0,1759433938	0,1385730461	0,1332039165	0,1556567068	0,1464752256	0,1638239492	0,1924872176	0,1465283599	0,1682959999	0,1620349147	0,1573769572	0,1738693951	0,1700878584	0,1752476276	0,1776151554	0,1802931668	0,1731193216	0,1418866020	0,1558186635	0,1558186635
37- <i>P. manyar</i>	0,1943904252	0,1455133321	0,1448337984	0,1516146849	0,1618242133	0,1792203543	0,2103248797	0,1489889977	0,1709206235	0,1659399814	0,1691307070	0,1649868455	0,1784734477	0,1711418143	0,1756193245	0,1787800713	0,1778100537	0,1550577258	0,1615304030	0,1615304030

Annexe 4 : évaluation des distances génétiques entre les taxons avec la combinaison des marqueurs mitochondriaux utilisés, estimées avec le logiciel MEGA X v10.2.4

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1- <i>F. madagascariensis</i>																				
2- <i>F. sechellarum</i>	0,059823																			
3- <i>Q. cardinalis</i>	0,165800	0,162003																		
4- <i>D. dinemelli</i>	0,182249	0,205054	0,196813																	
5- <i>Q. quelea</i>	0,139664	0,144646	0,121842	0,220905																
6- <i>M. malimbicus</i>	0,169065	0,164472	0,190329	0,213239	0,177314															
7- <i>S. frontalis</i>	0,171615	0,188991	0,208196	0,230470	0,204019	0,209685														
8- <i>E. ardens</i>	0,148926	0,169787	0,154983	0,221932	0,167317	0,176366	0,203761													
9- <i>P. melanogaster</i>	0,176481	0,178421	0,201005	0,217044	0,187709	0,154213	0,211611	0,184590												
10- <i>P. alienus</i>	0,162975	0,174217	0,185511	0,204528	0,179554	0,152133	0,196850	0,171688	0,086883											
11- <i>E. ardens</i>	0,147764	0,165987	0,155996	0,229088	0,173327	0,182655	0,202237	0,002098	0,183692	0,175329										
12- <i>P. cucullatus</i>	0,170157	0,163866	0,181365	0,206629	0,173108	0,130033	0,198023	0,175017	0,135507	0,131183	0,176512									
13- <i>P. insignis</i>	0,162394	0,181643	0,197661	0,219758	0,186050	0,130853	0,207598	0,188383	0,148056	0,144448	0,190490	0,143070								
14- <i>P. olivaceiceps</i>	0,187045	0,206850	0,214877	0,223757	0,188193	0,139661	0,217656	0,196296	0,174003	0,160523	0,189728	0,164231	0,089011							
15- <i>P. bannermani</i>	0,158488	0,170900	0,165171	0,179690	0,163524	0,122960	0,182429	0,179040	0,138405	0,125544	0,176525	0,107196	0,147198	0,162612						
16- <i>P. bannermani</i>	0,158118	0,170900	0,166531	0,189408	0,167105	0,127062	0,186423	0,178013	0,139221	0,119061	0,180078	0,102242	0,144353	0,157205	0,000604					
17- <i>E. franciscanus</i>	0,152187	0,164230	0,160758	0,221344	0,170888	0,178359	0,193870	0,084579	0,187405	0,174727	0,085105	0,178093	0,198540	0,197160	0,175127	0,182570				
18- <i>A. albifrons</i>	0,199069	0,190999	0,196942	0,227120	0,212631	0,229571	0,222678	0,217161	0,217741	0,213532	0,224896	0,222032	0,231052	0,239313	0,204095	0,212874	0,221395			
19- <i>L. curvirostra</i>	0,200888	0,215158	0,226804	0,231497	0,240292	0,244497	0,233781	0,225340	0,231255	0,223900	0,231232	0,229008	0,239181	0,252656	0,214465	0,223074	0,242961	0,239206		
20- <i>L. olivaceus</i>	0,210903	0,221096	0,217657	0,234924	0,227710	0,230224	0,230066	0,229614	0,232978	0,221825	0,233283	0,240327	0,236756	0,236788	0,217807	0,222986	0,242743	0,233520	0,115231	

Annexe 5 : estimation de l'effort de l'échantillonnage dans les différents sites investigués au niveau du Plateau de l'Adamaoua

Samp size	Prairie	Std.err	Savane	Std.err	Forêt	Std.err
1	1	0	1	0	1	0
2	1,74713	0,434659	1,93546	0,245719	1,97418	0,158603
3	2,31429	0,601101	2,81469	0,409408	2,92341	0,269203
4	2,75322	0,692073	3,64474	0,555858	3,84853	0,372991
5	3,1005	0,742643	4,43155	0,688105	4,75035	0,471655
6	3,38192	0,771603	5,18015	0,807598	5,62965	0,565685
7	3,61564	0,789112	5,89482	0,915541	6,48719	0,655315
8	3,81453	0,800354	6,57917	1,01307	7,32369	0,740696
9	3,98769	0,807751	7,23629	1,10126	8,13985	0,821952
10	4,14163	0,812293	7,86881	1,18111	8,93634	0,89919
11	4,28104	0,814283	8,47898	1,25354	9,7138	0,972512
12	4,40932	0,813735	9,06874	1,31939	10,4729	1,04202
13	4,52896	0,810567	9,63976	1,37938	11,2141	1,10781
14	4,64176	0,80468	10,1935	1,43417	11,9381	1,16998
15	4,74909	0,795996	10,7312	1,48431	12,6455	1,22862
16	4,8519	0,784458	11,254	1,5303	13,3367	1,28384
17	4,95091	0,770018	11,7628	1,57256	14,0123	1,33572
18	5,04664	0,752628	12,2585	1,61144	14,6727	1,38436
19	5,13942	0,732216	12,742	1,64724	15,3184	1,42986
20	5,22952	0,708675	13,2139	1,68024	15,95	1,4723
21	5,3171	0,681834	13,6748	1,71064	16,5677	1,51178
22	5,40225	0,651436	14,1252	1,73864	17,172	1,54837
23	5,48505	0,6171	14,5659	1,76441	17,7634	1,58218
24	5,56552	0,578254	14,9971	1,78808	18,3422	1,61327
25	5,64368	0,534028	15,4194	1,80977	18,9087	1,64174
26	5,71954	0,483042	15,8331	1,82959	19,4634	1,66765
27	5,7931	0,422929	16,2387	1,84762	20,0065	1,69108
28	5,86437	0,349047	16,6365	1,86396	20,5384	1,71211
29	5,93333	0,249444	17,0268	1,87867	21,0594	1,73081
30	6	0	17,41	1,89182	21,5697	1,74723
31	0	0	17,7863	1,90345	22,0697	1,76144
32	0	0	18,1561	1,91364	22,5597	1,77351
33	0	0	18,5195	1,92241	23,0399	1,78348
34	0	0	18,8769	1,92982	23,5105	1,7914
35	0	0	19,2284	1,93589	23,9717	1,79733
36	0	0	19,5743	1,94068	24,4239	1,80131
37	0	0	19,9148	1,9442	24,8673	1,80337
38	0	0	20,2501	1,94649	25,3019	1,80356
39	0	0	20,5803	1,94757	25,7281	1,80191
40	0	0	20,9057	1,94746	26,1461	1,79843
41	0	0	21,2264	1,94619	26,5559	1,79316
42	0	0	21,5425	1,94378	26,9579	1,78611
43	0	0	21,8543	1,94023	27,3521	1,7773
44	0	0	22,1619	1,93557	27,7388	1,76673
45	0	0	22,4653	1,9298	28,118	1,7544
46	0	0	22,7647	1,92293	28,49	1,74032
47	0	0	23,0603	1,91497	28,8549	1,72447
48	0	0	23,3521	1,90592	29,2128	1,70683
49	0	0	23,6403	1,89578	29,5638	1,68739
50	0	0	23,925	1,88455	29,9081	1,66611
51	0	0	24,2062	1,87222	30,2459	1,64295
52	0	0	24,4841	1,85879	30,5772	1,61787
53	0	0	24,7587	1,84424	30,9021	1,59079
54	0	0	25,0302	1,82856	31,2208	1,56164
55	0	0	25,2985	1,81173	31,5333	1,53034
56	0	0	25,5639	1,79373	31,8399	1,49677
57	0	0	25,8263	1,77454	32,1405	1,4608
58	0	0	26,0858	1,75413	32,4353	1,42227
59	0	0	26,3425	1,73246	32,7243	1,381
60	0	0	26,5965	1,70948	33,0077	1,33675
61	0	0	26,8478	1,68517	33,2856	1,28923
62	0	0	27,0965	1,65946	33,5581	1,23809
63	0	0	27,3426	1,63229	33,8251	1,18287
64	0	0	27,5863	1,60359	34,0869	1,12298
65	0	0	27,8274	1,57329	34,3434	1,05766
66	0	0	28,0662	1,54129	34,5949	0,985814
67	0	0	28,3025	1,50749	34,8413	0,90592
68	0	0	28,5366	1,47176	35,0827	0,815613
69	0	0	28,7684	1,43397	35,3192	0,710938
70	0	0	28,998	1,39395	35,5509	0,584217
71	0	0	29,2254	1,35149	35,7778	0,41574
72	0	0	29,4506	1,30636	36	0
73	0	0	29,6738	1,25827	0	0
74	0	0	29,8948	1,20687	0	0
75	0	0	30,1139	1,1517	0	0
76	0	0	30,331	1,0922	0	0
77	0	0	30,5461	1,02759	0	0
78	0	0	30,7593	0,956848	0	0
79	0	0	30,9706	0,878475	0	0
80	0	0	31,18	0,790193	0	0
81	0	0	31,3877	0,688186	0	0
82	0	0	31,5935	0,56505	0	0
83	0	0	31,7976	0,401775	0	0
84	0	0	32	0	0	0

Annexe 6 : coordonnées géographiques des habitats de *Lagonosticta sanguinodorsalis* au Nigeria et au Cameroun

Habitats	Coordonnées géographiques	Altitudes	Auteurs
Plateau Jos : colline deToboru	(09°53'N, 08°59'E)	1 280 m	Payne (1998)
Plateau Jos : réserve d'Amurum	(09°87'N, 08°98'E)	entre 1 280 et 1 320 m	Brandt et Cresswell (2008)
Monts Mandara	(11°02'N, 13°44'E)	entre 1 200 et 1 494 m	Abalaka <i>et al.</i> (2011)
Plateau de l'Adamaoua	(07°38'N, 13°33'E)	1 171 m	Cette étude

Annexe 7 : espèces d'oiseaux nouvellement recensées dans la zone de transition forêt/savane du Plateau de l'Adamaoua



Lagonosticta sanguinodorsalis Payne, 1998



Ploceus intermedius Rüppell, 1845



Cyanomitra obscura (Jardine, 1843)



Ficedula hypoleuca Pallas, 1764



Melaenornis pallidus (von Müller, 1851)



Batis orientalis (Heuglin, 1871)



Laniarius aethiopicus Gmelin, 1789



Smithornis capensis (Smith, 1839)

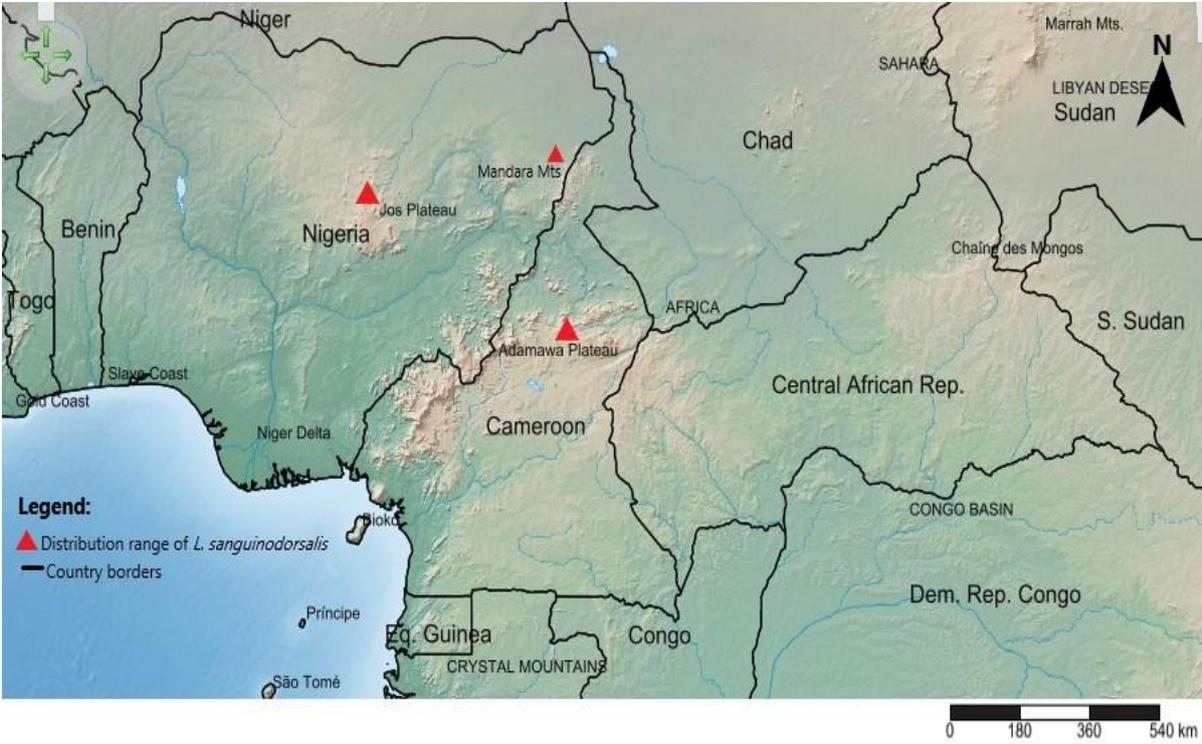


Dendropicos goertae Müller, 1776



Streptopelia capicola Sundevall, 1857

Annexe 8 : aire de distribution de *Lagonosticta sanguinodorsalis*, une espèce endémique capturée dans le Plateau de l'Adamaoua au sein de la réserve forestière du Bassin du Congo



Annexe 9 : taxons potentiellement nouveaux échantillonnés dans le Plateau de l'Adamaoua au Cameroun



Ploceus sp.



Cinnyris sp.



Anthus sp.



Agapornis sp.

Annexe 10 : synapomorphies morphologiques justifiant les relations de parenté entre *P. bannermani* et *P. cucullatus*, puis entre *P. bertrandi* et *P. ocularis* et enfin entre *P. bicolor* et *A. rubriceps*



Ploceus cucullatus Muller, 1776



Ploceus bannermani Chapin, 1932



Ploceus ocularis Smith, 1828



Ploceus bertrandi Shelley, 1893



Ploceus bicolor Vieillot, 1819



Anaplectes rubriceps Sundevall, 1850

Annexe 11 : synapomorphies morphologiques pouvant justifier les relations de parenté entre *E. orix* et *E. franciscanus*, *E. franciscanus* et *E. ardens*, entre les espèces du genre *Quelea* et entre *F. madagascariensis* et *F. sechellarum*



Euplectes franciscanus Isert, 1789



Euplectes orix Linnaeus, 1758



Euplectes ardens Boddaert, 1783



Quelea quelea Linnaeus, 1758



Quelea erythroptera Hartlaub, 1848



Quelea cardinalis Hartlaub, 1880



Foudia madagascariensis Linnaeus, 1766



Foudia sechellarum Newton, 1867

Annexe 12 : synapomorphies morphologiques pouvant justifier les liens de parenté entre *B. albirostris* et *D. dinemelli* puis entre *S. frontalis* et *S. squamifrons*



Dinemellia dinemelli Ruppell, 1845



Bubalornis albirostris Vieillot, 1817



Sporopipes frontalis Daudin, 1800



Sporopipes squamifrons Smith, 1836

RÉPUBLIQUE DU CAMEROUN
Paix – Travail – Patrie

UNIVERSITÉ DE YAOUNDÉ I
www.uy1.uninet.cm

Faculté des Sciences

Département de Biologie et
Physiologie Animales

BP : 812 Yaoundé



REPUBLIC OF CAMEROON
Peace – Work – Fatherland

UNIVERSITY OF YAOUNDE I
www.uy1.uninet.cm

Faculty of Science

Department of Animal Biology and
Physiology

P.O.BOX: 812 Yaounde

ATTESTATION DE RECHERCHE

Le Chef de Département de Biologie et Physiologie Animales soussigné, atteste que selon la décision N° 018 - 0021 /UYI/VREPDTIC/DAAC/DEPE/SPD/CRFDSVSE du 04 Janvier 2018, Monsieur MAHAMAT SALI matricule 11Q0345, a été sélectionné au cycle de Doctorat/PhD., Option Zoologie (Spécialité Ornithologie) pour le compte de l'année académique 2017-2018. L'intéressé a entrepris des recherches sur le thème « Etude phylogénétique et biogéographique de l'avifaune forestière d'une partie du plateau de l'Adamaoua ».

Ce travail est dirigé par Dr NGUEMBOCK, Chargé de Cours à l'Université de Yaoundé I et Supervisé par Pr TAMESSE Joseph Lebel, Université de Yaoundé I.

En foi de quoi, la présente attestation lui est délivrée pour servir et valoir ce que de droit.

Encadreur

Dr NGUEMBOCK

Superviseur

Joseph Lebel Tamesse
Professeur



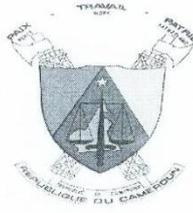
REPUBLIQUE DU CAMEROUN
Paix-Travail-Patrie

REGION DE L'ADAMAOUA

SERVICES DU GOUVERNEUR

SECRETARIAT GENERAL

DIVISION DES AFFAIRES ECONOMIQUES,
SOCIALES ET CULTURELLES



REPUBLIC OF CAMEROON
Peace-Work-Fatherland

ADAMAWA REGION

GOVERNOR'S OFFICE

GENERAL SECRETARIAT

DIVISION OF ECONOMIC AND
SOCIOCULTURAL AFFAIRS

Ngaoundéré, le 18 OCT 2018
N° 793 /L/H/SDG/SG/DAESC

Le Gouverneur

A
MESSIEURS LES PREFETS DES
DEPARTEMENTS DE L'ADAMAOUA

Objet : *Appui institutionnel à l'étudiant chercheur
MAHAMAT SALI de l'Université de Yaoundé I.*

Dans le cadre des travaux de recherche menés en vue d'identifier les espèces d'oiseaux de la Région et ayant pour thème : « Etude phylogénétique et biogéographique de l'avifaune forestière d'une partie du plateau de l'Adamaoua »,

J'ai l'honneur de vous demander de vouloir bien apporter tout l'accompagnement institutionnel sollicité, au Doctorant MAHAMAT SALI, Etudiant à la faculté des Sciences de l'Université de Yaoundé I.



Kiladi Fayieko Boukar



November 14, 2019

BUREAU EXECUTIF

Président

Pr. Elias NCHIWAN NUKENINE

Vice-présidents

Pr Thaddée BOUDJEKO

Pr Léopold LEHMANN

Pr Fidelis CHO NGWA

Dr Pascal CHUISSEU DJAMEN

Pr Dieudonné NDJONKA

Secrétaire général

Pr Pierre EFFA ONOMO

Secrétaires généraux adjoints

Dr Tofel HAMAN

Dr Cécile EWANE

Dr Boris GALANI

Trésorier

Pr. Maximilienne A. NYEGUE

Trésorier adjoint

Mme Fadimatou BEBBE

Commissaire aux comptes

Pr. Benoît B. KOUBALA

Pr Champlain DJIETO

Chargé des relations publiques

Pr Innocent AWASOM

Pr Covel ADLER

Dr Ignatius NDONG

Pr Emmanuel SOPBUE

Dr Christelle DOMNGANG NOCHE

Conseillers

Pr Elie FOKOU

Pr Gabriel AGBOR

Pr Léopold TATSADJIEU

Pr Florentine C. NDOYE FOE

Pr. Isaac NJINTANG

Past Présidents

Pr. Marc BOPELET

Pr. Jeanne NGOGANG

Pr. François Xavier ETOA

Pr. Félicité TCHOUANGUEP MBIAPO

Pr Denis OMOKOLO NDOUMOU

Pr Nicolas NIEMENACK

COMITE LOCAL D'ORGANISATION

Président

Pr. Roger DARMAN DJOULDE

Vice-présidents

Pr Pierre SAOTOING

Pr Armand ABDOU BOUBA

Pr Harquin FOYET KOSMA

Pr Philippe KOSMA

Secrétaire général

Pr. Benoît BARGUI KOUBALA

Secrétaires généraux adjoints

Dr MOUSSA DJAOU DA, Dr Daniel EBANG

MENYE

Dr Saliou MAWOUMA

Trésorier

Dr. Justine MAIWORE

Trésorier adjoint

Dr Sidonie FAMENI & Dr Félicité OBONO

Commissaire aux comptes

Pr. Augustin GOUDOUM

Chargé des relations publiques

Dr DJOMDI, Dr SOUARE KONSALA,

Dr KAMWA NGASSAM

Contact : Pr. Elias NCHIWAN NUKENINE: Université de Ngaoundéré / Fac Sci BP 454 Ngaoundéré – Cameroun Tél. (237)679598655 ; ennukenine@fulbrightmail.org ;
Pr Pierre EFFA ONOMO: Université de Yaoundé I / Fac Sci. BP 812 Yaoundé -Cameroun; Tél. : (237) 677 40 59 49; peffajr@yahoo.fr; Pr Benoît KOUBALA: Université de
Maroua / Fac Sci. BP 814 Maroua -Cameroun; Tél. : (237) 695 28 63 55; bkoubala@yahoo.fr
Site Web : www.cameroumbiosciences.org

To
MAHAMAT S
University of Yaounde I
Cameroon

Subject : Invitation to the 26th Annual Conference of the Cameroon Bioscience Society (CBS), November 28-30, 2019

MAHAMAT S.,

We are very pleased to invite you to participate in the 26th Conference of the Cameroon Bioscience Society on the theme “**Innovative Bioscience, Climate Change and Food Security**”. This important meeting will take place on November 28-30, 2019 on the friendly campus of the University of Maroua at Kongola-Djoulgouf-Kodek.

Your abstract entitled “**Bird diversity of the forest savannah transition zone (Adamawa plateau, Cameroon): Ecology and conservation**” has been accepted for **8-10 min oral presentation** at the scientific session **ENVIRONMENT and SUSTAINABLE DEVELOPMENT**.

During this conference, we will share and discuss on the progress made by researchers in Biosciences while facing challenges linked to climate change and food security, etc.

This meeting will bring together the largest and most comprehensive group of researchers in the field of Biosciences. We are strongly convinced that this conference will be a successful and rewarding academic and professional experience.

NB: CBS is a non-profit organization and as such, we will not be able to support you with travel assistance, lodging and registration fees.

On behalf of the CBS and the Local Organizing Committee, we look forward to welcoming you to the University of Maroua.

Best regards,

Prof. Benoît Bargui KOUBALA
SG du CLO
(Tél. 677 028 648 / 695 286 355)