

BURKINA FASO



UNIVERSITE DE OUAGADOUGOU
UFR - SCIENCES DE LA VIE ET DE LA TERRE

LABORATOIRE DE BIOLOGIE ET PHYSIOLOGIE ANIMALES

THESE

De Doctorat Unique
Présentée à l'Université de Ouagadougou

Par

Amadou TRAORE
Docteur Vétérinaire, MSc.

pour obtenir le grade de Docteur d'Université

**CARACTERISATION DES RESSOURCES GENETIQUES CAPRINES DU BURKINA
FASO A L'AIDE D'INDICES MORPHO-BIOMETRIQUES ET DE MARQUEURS
MOLECULAIRES**

Soutenue le 16 Février 2010 devant le jury composé de :

Président :

Laya SAWADOGO, Professeur titulaire à l'Université de Ouagadougou, Burkina Faso

Membres :

Hamidou H. TAMBOURA, Maître de recherches au CNRST, Ouagadougou, Burkina Faso

Félix GOYACHE, Chercheur, Área de genética y reproducción animal, SERIDA, Gijón, Espagne

Georges Anicet OUEDRAOGO, Professeur titulaire à l'UPB, Bobo-Dioulasso, Burkina Faso

Delphin O. KOUDANDE, Maître de recherches à l'INRAB, Cotonou, Bénin

DEDICACES

Je dédie ce travail :

A ma femme, Amsétou Traoré

A mes enfants Djamilatou et Razak

A mon père et à ma mère,

A ma belle-famille

A mes neveux et nièces, Yé Korotimi, Rachid, Chiryne, Tanya, Farid, Fayçal, Moussa, Leila, Lala Awa, Clara, Jessica, Fadya, Ahmed, Prisca, Zaola, Jason.

A tous mes frères et sœurs : Sita, Kadi, Aoua, Abi, Bra, Chata, Fati, Orokia, Djenè, Ami, Mai, Ardjata, Mariam, Arou, Cheick, Karim.

*In memoriam à mon frère, à
mon beau-père et à ma belle-sœur*

Mes affectueuses pensées vont constamment vers vous. Reposez en paix.

REMERCIEMENTS

Ces travaux, réalisés au Laboratoire de Biologie et Physiologie Animales de l'Université de Ouagadougou, à l'Unité d'Etudes et de Recherches en Biologie et Santé Animales (UER-BSA) du CREAM de Kamboinsé (INERA), au Laboratoire National d'Élevage de Ouagadougou en collaboration avec le Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA) del Principado de Asturias, Área de genética y reproducción animal, Gijón, Espagne, ont bénéficié de plusieurs sources de financement qu'il me plaît ici de remercier très sincèrement :

- Le Fonds de Solidarité Prioritaire (FSP) de l'Ambassade de France au Burkina Faso à travers le projet : Caractérisation des petits ruminants du Burkina Faso en vue de leur amélioration.
- L'Agence Internationale de l'Energie Atomique (AIEA) à travers le projet BKF/5/006 (Establishment of feeding table for feedstuffs that are locally available to stockholders in Burkina Faso) et la bourse de formation en Espagne (BKF 06 023).
- SERIDA à travers les projets MEC-INIA Num RZ2004-00007-C02 et MEC-INIA Num RZ07-00002.

Les Travaux ont été menés sous la direction scientifique du Professeur Laya Sawadogo. Je tiens à lui adresser mes sincères remerciements pour la confiance qu'il m'a accordée en m'accueillant dans son Laboratoire et à diriger les présents travaux.

Je voudrais remercier très sincèrement le Professeur Hamidou Hamadou Tamboura, Maître de Recherches au Département Productions Animales de l'INERA, Codirecteur scientifique de cette thèse, travail qu'il a suivi avec attention et avec une grande disponibilité. Le Professeur Tamboura a guidé mes premiers pas dans la recherche scientifique et m'a fait très rapidement confiance. J'espère que ce modeste travail sera à la hauteur de la confiance qu'il a toujours placée en moi. Ce fut un réel plaisir de côtoyer sa très grande modestie et son humanisme sans mesure.

Je remercie très sincèrement le Professeur Félix Goyache de SERIDA en Espagne pour sa franche collaboration. Il m'a fait très vite confiance en m'intégrant dans son

équipe de recherche dont je fais à présent partie. Je remercie également toute l'équipe de SERIDA pour les sacrifices consentis lors de mon séjour au laboratoire. Les analyses de laboratoire ont été faites avec le soutien inestimable des Drs Luis J. Rojo, et Isabel Álvarez. Merci au Dr Lucía Pérez Pardal, à Mr Iván Fernández, à Madame Carmen Rincón. Je remercie tout le personnel de SERIDA pour avoir facilité mon intégration au sein du laboratoire.

Je tiens à remercier le Directeur de l'INERA, le Professeur Gnissa Konaté pour ses conseils et ses encouragements ainsi que toute l'administration de la direction de l'INERA.

Je remercie le CREAM de Kamboinsin et tous les chercheurs du Département Productions Animales à savoir les Docteurs Gnanda B. Isidore, Tinrgmerson Ouédraogo, André Kiéma, Augustin Kanwé, Hamadé Kagoné, Aissata Wèrème, Chérubin Hien Ollo, Henri Kaboré, Rasmané Sanfo, les ingénieurs, Ferdinand Obilbiga, Adama Kaboré, Bansé Ouédraogo, les Techniciens, Moumouni Sanou, Emylienne Kyégho, Sidiki Idogo, Boukary Sinon, Alain Millogo, Madame Zerbo Korotimi. Je ne saurais oublier les manœuvres du Département, Benjamin Ouédraogo, Boukary Dicko, Boureima Dicko et Sakande Abdoulaye pour le grand soutien qu'ils m'ont apporté. Tous mes remerciements à Mme Koumboudry-Yaro Aissata, secrétaire du DPA.

Je remercie également toute l'équipe du service de Biochimie et Cytogénétique du Laboratoire National d'Élevage de Ouagadougou dirigée par Mme Gisèle Ouédraogo-Sanou pour leur participation à ce travail. Je citerai ici notamment Mme Talla-Zouré Bintou, Mme Victorine Ouédraogo, Mr Sinou Ibrahim.

Mes remerciements vont à l'endroit de tous les stagiaires ayant participé aux enquêtes morpho-biométriques : Kanazué Abdoulaye, Zaré Yacouba, Drabo Sia Aminata, Traoré Bakary, Sow Boureima, Rouamba David, Ouélogo Daouda, Ilboudo Ousséni.

Je tiens également à remercier le Dr Mamadou Sangaré du Centre International de Recherche-Développement sur l'Élevage en zone Subhumide (CIRDES) pour son soutien et ses encouragements durant ses travaux. Sa bonne collaboration lors de l'exécution du projet FSP a rendu possible l'exécution des activités morpho-biométriques.

Mes remerciements sincères à Mr Ky Georges Alfred, *in memoriam*. Il a parcouru tous les sites de prélèvements avec nous pour le relevé des coordonnées géographiques mais qui malheureusement ne verra pas l'issue de ce travail auquel il a activement participé. Qu'il repose en paix et que la terre qui l'a vu naître lui soit légère.

Je remercie également à titre posthume mon ami et frère, le Dr Nongasida Yaméogo de l'École Inter-Etats des Sciences et Médecines Vétérinaires de Dakar (EISMV) qui nous a quitté avant la fin de cette thèse. Son soutien a été inestimable dans l'élaboration de ce travail. Repose en paix Docteur.

A mes très chers ami(e)s et frères : le Dr Hiver Boussini de l'AU-IBAR au Kenya, Mr Kam David et son épouse, Dr Inoussa Zongo et son épouse, Mr Charles Parkouda et son épouse, Dr Gemaine L. Minoungou, Mr Mathieu Ouédraogo et son épouse, Dr Pitala Wéré, Charles Lamien et son épouse, Korowonni, Bakary Sangaré dit S'enfou, Koutou Mamadou, je voudrais vous remercier pour tout le soutien que vous avez pu m'apporter tout au long de l'élaboration de cette thèse.

Mes remerciements aux Enseignants-Chercheurs de l'Université de Ouagadougou (UFR-SVT) qui m'ont soutenu durant la réalisation des travaux notamment les Drs Balé Bayala et Moussa Zongo, le Pr B. Gustave Kabré, le Dr Jules André Ilboudo pour leurs conseils avisés et leurs appuis multiformes.

Je remercie également le Pr Jérôme Germain Sawadogo de l'École Inter-Etats des Sciences et Médecines Vétérinaires de Dakar pour ses encouragements.

LISTE DES TABLEAUX

Tableau I : Superficies des provinces, peuplement caprin, densité animale, nombre d'animaux enquêtés et ratio d'échantillonnage	41
Tableau II : Description de l'échantillonnage par zone agro-écologique.....	47
Tableau III : Mélange réactionnel 1 (M1)	53
Tableau IV : Mélange réactionnel 2 (M2)	53
Tableau V : Structure des troupeaux caprins échantillonnés.....	60
Tableau VI : Mesures corporelles chez les caprins Mossi en fonction de la classe d'âge et du sexe.	61
Tableau VII : Fréquences (%) des différentes couleurs de la robe et de la structure du poil.....	63
Tableau VIII : Fréquences (%) de présence de barbiches, de cornes et du port de l'oreille en fonction du sexe des animaux.....	64
Tableau IX : Valeurs moyennes, erreur standard et coefficient de variation (CV) des 7 paramètres mesurés et des 2 indices par zone agro-écologique.....	65
Tableau X : Fréquence des traits phénotypiques au niveau de la population totale et par zone agro-écologique.	66
Tableau XI : Distance biométrique de Mahalanobis par zone agro-écologique.....	68
Tableau XII : Pourcentage de classification des races caprines du Burkina Faso dans leur zone agro-écologique d'origine.....	70
Tableau XIII : Polymorphisme des marqueurs microsatellites étudiés.....	74
Tableau XIV : Paramètres de variabilité génétique des populations.....	77
Tableau XV : Matrice des coefficients de coancestralité moléculaires et des Fst.	78
Tableau XVI : Taux d'assignation des individus de chaque race aux différents clusters	81
Tableau XVII : AMOVA et paramètres statistiques Φ	86

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Les 3 phases de la PCR.....	20
Figure 2 : Enregistrement de l'électrophorégramme de séquençage sur un séquenceur automatique montrant un individu de race Djallonké normal et un autre mutant (Traoré <i>et al.</i> , 2008).....	23
Figure 3 : Répartition des sites d'enquêtes par zone agro-écologique du Burkina Faso	42
Figure 4 : Chèvre du Sahel Burkinabé.....	43
Figure 5 : Chèvre Mossi du Burkina	44
Figure 6 : Chèvre Djallonké.....	45
Figure 7 : Représentation schématique des mensurations utilisées pour le calcul de l'IGs sur le schéma squelettique de la chèvre.....	48
Figure 8 : Plan d'échantillonnage spatial pour les analyses moléculaires	50
Figure 9 : Poids aux principaux âges-type des animaux.	62
Figure 10 : Représentation bidimensionnelle des traits quantitatifs à travers l'analyse canonique.....	68
Figure 11 : Représentation bidimensionnelle des variables canoniques individuelles par zone agro-écologique du Burkina Faso.....	69
Figure 12 : Représentation bidimensionnelle des individus échantillonnés dans chaque zone agro-écologique du Burkina Faso à travers l'analyse des correspondances multiples.	71
Figure 13 : Image du séquençage représentant quelques marqueurs microsatellites. 73	
Figure 14 A et B ; A : Représentation bidimensionnelle des races avec la matrices des distances alléliques ; B : Représentation bidimensionnelle circulaire des races construite selon les 2 dimensions de la matrice des fréquences alléliques.	79
Figure 15 : A : Valeurs des $\ln \Pr(G K)$ avec le programme STRUCTURE pour K variant de 2 à 10. B : Pourcentage d'assignation des individus à la zone agro-écologique dans les 5 clusters identifiés.	82
Figure 16 : Image du séquençage des échantillons.....	84
Figure 17 : Représentation bidimensionnelle des races étudiées	85

SIGLES ET ABBREVIATIONS

ADN	: Acide Désoxyribonucléique
ADNmt	: ADN mitochondrial
AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
AIEA	: Agence Internationale de l'Énergie Atomique
al.	: Allié
AOF	: Afrique Occidentale Française
av. JC	: Avant Jésus Christ
bp	: paire de base
°C	: Degré celcius
CIRAD	: Centre International de Recherche Agronomique pour le Développement.
CIRDES	: Centre International de Recherche-Développement sur l'Élevage en zone Subhumide.
Cm	: Centimètre
CNRST	: Centre National de la Recherche Scientifique et Technologique
CREAF	: Centre de Recherches Environnementales Agricoles et de Formation
DAD-IS	: Domestic Animal Diversity Information System
DAGRIS	: Domestic Animal Genetic Resource Information System
dNTPs	: Déoxynucleoside triphosphate
ddNTPs	: Didéoxy nucleoside triphosphate
DPA	: Département Productions Animales
EISMV	: Ecole Inter-Etats des Sciences et Médecines Vétérinaires de Dakar
ENEC II	: Enquête Nationale sur les Effectifs du Cheptel/phase II
FAO	: Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture
FCFA	: Franc de la Communauté Francophone de l'Afrique
FSP	: Fonds de Solidarité Prioritaire
g	: gramme
GPS	: Global Positionning System
HC	: Hauteur à la Croupe
HG	: Hauteur au Garrot
INERA	: Institut de l'Environnement et de Recherches Agricoles
IAt	: Indice Auriculaire Thorax
IGs	: Indice de Gracilité Sous-Sternal
IPa	: Indice de Primarité Allèle au locus Agouti
IPs	: Indice de Primarité Loci à effet visible en Ségrégation
J	: jour
kb	: kilobase
kg	: Kilogramme
km²	: Kilomètre carré
LC	: Longueur du Corps

LDC	: Longueur de la Diagonale du Corps
LNE	: Laboratoire National d'Élevage de Ouagadougou
LO	: Longueur de l'Oreille
m	: mètre
mg	: milligramme
min	: minute
N-J	: Méthode de Neighbour-Joining
PBS	: Phosphate Buffered Saline
PCR	: Polymerase Chain Reaction
PIB	: Produit Intérieur Brut
PIC	: Contenu Informatif du Polymorphisme
PROCORDEL	: Programme Concerté de Recherche-Développement sur l'Élevage en Afrique de l'Ouest.
PT	: Périmètre Thoracique
QTL	: Quantitative Trait Loci
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
SERIDA	: Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario
SNPs	: Simple Nucleotide Polymorphism
SSLP	: Simple Sequence Length Polymorphism
SSR	: Simple Sequence Repeat
STR	: Simple Tandem Repeat
Taq	: <i>Thermus aquaticus</i>
UE	: Unité Evolutive
UER-BSA	: Unité d'Études et de Recherches en Biologie et Santé Animales.
UFR-SVT	: Unité de Formation et de Recherches en Sciences de la Vie et de la Terre
µg	: Microgramme
µl	: Microlitre
UPB	: Université Polytechnique de Bobo-Dioulasso
UPGMA	: Unweighted Pair Group Method Analysis
VNTR	: Variable Number Tandem Repeat

RESUME

La population caprine du Burkina Faso est estimée à plus de 10 000 000 de têtes avec un taux de croît annuel de 3%. Sur la base de critères morphologique et géographique, cette population a été scindée en 3 types génétiques majeurs : le type Sahélien dans la zone sahélienne, le type Mossi dans la zone soudano-sahélienne et le type Djallonké dans la zone soudanienne. Les études de caractérisation génétique menées jusque-là sur ces espèces sont peu documentées et se résument en des descriptions phanéroptique et morphologique utilisant des données corporelles brutes, ce qui ne permet pas une meilleure connaissance et une meilleure exploitation des races. Ce travail a été mené dans le but de i) décrire les races locales caprines du pays sur le plan morpho-biométrique, ii) de déterminer la structure génétique des populations locales, iii) d'évaluer la diversité et la singularité génétiques au sein et entre les types génétiques et iv) d'analyser les relations phylogénétiques et le flux de gènes entre les différents types génétiques.

Les enquêtes morpho-biométriques ont été menées sur 10 147 femelles adultes en utilisant 7 paramètres quantitatifs et 12 paramètres qualitatifs.

L'étude du polymorphisme de 27 marqueurs microsatellites pour la détermination de la variabilité et des relations phylogénétiques entre les 3 races a porté sur 133 individus appartenant aux 3 races et 66 individus appartenant à 2 races espagnoles utilisées comme groupe de référence. Quant à l'étude de la variabilité de la séquence de l'ADNmt, nous avons utilisé 51 individus appartenant aux 3 races du Burkina Faso, 10 individus du Cameroun, 30 appartenant à 2 sous-populations de la race Espagnole Bermeya, 5 individus de la race Guadarrama, 12 du Nigéria et 5 du Sénégal.

L'analyse morpho-biométrique des traits quantitatifs montre des valeurs moyennes corporelles plus élevées chez les races Sahéliennes. Au niveau qualitatif, les races sont principalement Noir-blancs (61,92%) avec un cornage de type "Spanish Ibex" (84,05%). La barbiche et les pampilles sont absentes dans 75,33% et 70,72% des cas respectivement. La distance biométrique de Mahalanobis montre des différences significatives entre les races Sahéliennes et Soudaniennes (7,50) tandis que les races Soudano-sahéliennes et Soudaniennes sont plus proches (1,15).

Avec l'analyse des loci microsatellites, 290 allèles chez les 205 animaux analysés ont été détectés avec une moyenne de 10,8 allèles par locus. Des taux d'hétérozygotie théorique de 0,512, 0,571 et 0,575 ont été obtenus pour les races Djallonké, Sahélien et Mossi, respectivement. Les 3 races caprines du Burkina Faso possèdent une grande identité génétique surtout dans la race Djallonké ($f_{ii} = 0,497 \pm 0,010$) et un taux de consanguinité élevé dans la race Mossi ($F_{is} = 0,107 \pm 0,028$). L'étude de la variation de la séquence de l'ADNmt a permis de classer les races locales du Burkina Faso au cluster A avec une grande variabilité haplotypique.

Cette étude a permis de fournir une base génétique à la classification classique des types génétiques du Burkina. Les informations rapportées dans ce travail serviront de base pour l'élaboration de stratégies durables de conservation et de sélection au sein des races locales caprines du Burkina Faso.

Mots-clés : Chèvre Djallonké, Chèvre Mossi, Chèvre du Sahel, traits morphologiques, Microsatellites, ADNmt, Diversité génétique, Burkina Faso.

ABSTRACT

The Burkina Faso goat population is formed by up to 10,000,000 heads with an annual growth rate of 3%. Based on morphological and geographical characteristics, Burkina Faso goat population is divided into 3 major types being Sahelian goat (Sahel area), Mossi goat (Sudan-Sahel area) and Djallonké goat (Sudan area). Information on goat resources of Burkina Faso is scarce and limited to the gathering of qualitative and body traits in local populations. This scenario does not allow an accurate identification of genetic types and breeds at the national level to be further characterised at both the production and the genetic levels. The purpose of this study was to give an accurate morphological description of Burkina Faso local goat, to assess the genetic relationships among Burkina Faso goat populations using microsatellite marker polymorphism, focused mainly on the ascertainment of the Burkinabé goat population structure and degree of admixture.

At morphological level, a total of 10,147 female goats from Burkina Faso have been scored for 7 body measures and 12 qualitative traits.

Assessment of Genetic variability and relationship using 27 microsatellites polymorphism have been carried out on a total of 133 reproductive individuals belonging to the 3 Burkinabé goat populations and 72 individuals belonging to the endangered Spanish Bermeya goat used as out-group. Analysis of mtDNA diversity has been carried out using a total of 51 samples obtained from the 3 Burkina Faso goat breeds. Additional samples have been obtained as follows: 10 from Dwarf goat obtained from two different Spanish zoofarms; 30 samples from the Spanish Bermeya goat; and 5 from the Spanish Guadarrama breed. Analyses also included the West African goat samples: 12 from Nigeria and 3 from Senegal.

Morphological characterization showed that overall, the Sahelian goat had the highest values for the all the analysed body measures. The Burkina Faso goat is mainly spotted (61.92 %) with horns type "Spanish Ibex" (84.05 %), frequent absence of beard (75.33 %) and wattles (70.92 %). The largest Mahalanobis distance was found between the Sahelian and Sudan areas (7.50) whilst the Sudan and the Sudan-Sahel populations were poorly differentiated (1.15).

The set of microsatellite loci was useful in information and 290 alleles have been detected with an average value of 10.8 alleles per locus. Expected heterozygosity values of 0.512, 0.571 and 0.575 were obtained from Djallonké, Sahelian and Mossi breed respectively.

The 3 Burkina Faso breeds had higher genetic identity values being the highest f_{ii} value that of the Djallonké breeds (0.497 ± 0.010). The Mossi breed had the highest heterozygote deficiency ($FIS=0.107 \pm 0.028$). mtDNA analysis allows Burkina Faso breeds to be classified in cluster A with higher haplotypic variation.

The information reported here will be the basis for the establishment of further conservation and selection strategies in Burkina Faso goat.

Keywords: Djallonké goat, Mossi goat, Sahelian goat, Morphological traits, Microsatellites, mtDNA, Genetic diversity, Burkina Faso.

SOMMAIRE

<i>DEDICACES</i>	<i>I</i>
<i>REMERCIEMENTS</i>	<i>II</i>
<i>LISTE DES TABLEAUX</i>	<i>V</i>
<i>LISTE DES FIGURES</i>	<i>VI</i>
<i>SIGLES ET ABBREVIATIONS</i>	<i>VII</i>
<i>RESUME</i>	<i>IX</i>
<i>ABSTRACT</i>	<i>X</i>
<i>PROBLEMATIQUE ET QUESTIONS DE RECHERCHES</i>	<i>1</i>
<i>OBJECTIFS</i>	<i>5</i>
<i>CHAPITRE I : REVUE BIBLIOGRAPHIQUE</i>	<i>7</i>
1.1. Données générales sur l'élevage au Burkina Faso.....	7
1.1.1. Importance économique de l'élevage.....	7
1.1.2. Importance sociale de l'élevage.....	7
1.1.3. Contraintes.....	7
1.2. Histoire évolutive des races caprines en Afrique et dans le monde.....	8
1.2.1. Historique des travaux effectués sur l'espèce caprine en Afrique.....	8
1.2.2. Origine de la chèvre domestique en Afrique.....	9
1.2.3. Classifications des ressources génétiques caprines.....	10
1.3. Méthodes de caractérisation génétique des races animales.....	10
1.3.1.1. Enquêtes.....	11
1.3.1.2. Marqueurs biochimiques : les allozymes.....	12
1.3.1.3. Marqueurs moléculaires.....	13
1.3.1.3.1. Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP).....	14
1.3.1.3.2. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD).....	14
1.3.1.3.3. Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP).....	15
1.3.1.3.4. Séquençage de l'ADN mitochondrial (mtDNA).....	15
1.3.1.3.5. Minisatellites.....	16
1.3.1.3.6. Microsatellites.....	17
1.3.1.3.7. Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs).....	18
1.4. Moyens d'étude de l'ADN.....	18
1.4.1. La Réaction de Polymérisation en Chaîne (PCR).....	19
1.4.2. L'électrophorèse.....	21
1.4.3. Le séquençage.....	22
1.5. Structure et variabilité génétiques des populations animales.....	23
1.5.1 Fréquences alléliques.....	23
1.5.2 Variabilité et structure des populations.....	24
1.5.2.1 Indices de variabilité.....	24
1.5.2.1.1. Le nombre moyen d'allèle par locus ajusté à la taille de l'échantillon.....	24
1.5.2.1.3. Hétérozygotie.....	25

1.5.2.1.5. Equilibre de Hardy-Weinberg	26
1.5.2.1.6.. Structure des populations (F-Statistiques).....	28
1.6. Variabilité inter-races	30
1.6.1 Distances génétiques.....	30
1.6.1.1 Distance de Cavalli-Sforza	31
1.6.1.2 Distance Standard de Nei (DS ; Nei, 1972)	32
1.6.1.3. Distance minimale de Nei (D _m ; Nei, 1973).....	33
1.6.1.4. Distance "A" de Nei (D _A ; Nei <i>et al.</i> , 1983).....	33
1.6.1.5. Distance Reynold (D _R ; Reynolds <i>et al.</i> , 1983).....	34
1.6.1.6. Distance allélique (D _{AS} ; Bowcock <i>et al.</i> , 1994).....	34
1.6.1.7. Coancestralité généalogique et moléculaire	35
1.6.2 Construction des phénogrammes	36
1.6.3 Fiabilité des arbres.....	38
CHAPITRE II : MATERIEL ET METHODES	40
2.1. Cadre de l'étude	40
2.2. Description des sites d'enquête.....	40
2.2.1. Sites des enquêtes morpho-biométriques	40
2.2.2. Sites d'échantillonnage d'étude des marqueurs moléculaires.....	45
2.3. Echantillonnage et méthodologies.....	45
2.3.1. Caractérisation morphologique des caprins de race locale mossi.	45
2.3.2. Analyse multivariée des caractères morphologiques des races locales caprines du Burkina Faso.....	46
2.3.3. Etude du polymorphisme des marqueurs moléculaires	49
2.3.3.1. Prélèvements biologiques et extraction d'ADN	51
2.3.3.2. Etude du polymorphisme des marqueurs microsatellites	51
2.3.3.2.1. Principe et choix des marqueurs microsatellites	51
2.3.3.2.2. Amplification PCR et géotypage	52
2.3.4. Détection et analyse des produits PCR.....	54
2.4. Séquençage de l'ADN mitochondrial.....	55
2.5. Traitement statistique des résultats	57
2.5.1. Morpho-biométrie	57
2.5.2. Analyses moléculaires	58
2.5.2.1. Microsatellites	58
2.5.2.2. ADN mitochondrial	59
CHAPITRE III : RESULTATS	60
3.1. Enquêtes morpho-biométriques.....	60
3.1.1. Caractérisation morphologique des races locales caprines du Burkina Faso....	60
3.1.1.1. Structure des troupeaux échantillonnés.....	60
3.1.1.2. Mesures corporelles	60
3.1.1.3. Couleur de la robe et structure du poil.....	62
3.1.1.4. Fréquences de présence des appendices en fonction du sexe des animaux. ...	63
3.1.2. Analyse multivariée des traits morphologiques et phanéroptiques des races locales caprines du Burkina Faso.....	65

3.1.2.1. Traits quantitatifs	65
3.1.2.2. Traits qualitatifs	66
3.1.2.3. Analyse multivariée des traits quantitatifs.....	67
3.2. Marqueurs moléculaires.....	71
3.2.1. Caractérisation des races locales caprines du Burkina Faso par le polymorphisme des marqueurs microsatellites.....	73
3.2.1.1. Polymorphisme des microsatellites étudiés	73
3.2.1.2. Equilibre de Hardy-Weinberg.....	76
3.2.1.3. Paramètres de variabilité génétique	76
CHAPITRE IV : DISCUSSIONS	87
4.1. Caractérisation morphologique.....	87
4.2. Analyse multivariée des caractères morphologiques	88
4.3. Polymorphisme des marqueurs microsatellites.....	90
4.4. Polymorphisme de l'ADN mitochondrial	92
CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES.....	94
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	96

PROBLEMATIQUE ET QUESTIONS DE RECHERCHES

La population caprine du Burkina Faso est estimée à 10 035 687 têtes représentant environ 69,5% des ruminants domestiques exploités dans le pays avec un taux de croît annuel de 3% (ENEC II, 2004). Cette espèce est exploitée de manière extensive avec des tailles de troupeaux très variables. Cependant l'élevage des petits ruminants revêt un caractère important dans les domaines tant économique que social ; au regard du cycle court de reproduction, les revenus tirés de la vente permettent de subvenir aux besoins de base tels que la santé, l'éducation et même dans les rites coutumiers traditionnels (Tamboura et Berté, 1994).

Malgré cette importance numérique, socio-économique et culturelle, les connaissances actuelles sur les ressources génétiques caprines du Burkina Faso sont très insuffisantes au regard du nombre de références y afférentes. Les aspects liés à la caractérisation génétique sont peu documentés et concernent surtout les traits phanéroptiques et morphologiques, utilisant des données corporelles brutes telles que la Hauteur au Garrot (HG), le Périmètre Thoracique (PT) et la Longueur du Corps (LC) (Sanfo *et al.*, 2000, Traoré *et al.*, 2006) et sur un échantillon restreint.

De telles insuffisances se répercutent sur la définition même du type génétique utilisé et la définition d'une population de base pour la sélection, ce qui entraîne une méconnaissance du potentiel de ces populations du point de vue de la production et du point de vue génétique (Bouchel, 1995).

Même si les connaissances actuelles ne permettent pas au Burkina Faso de définir clairement les races, de façon consensuelle, la population caprine du pays est composée de 3 types génétiques pouvant être considérés comme race (Simon, 1999) : la chèvre Djallonké, la chèvre naine Mossi et la Chèvre du Sahel. Ces trois races occupent respectivement l'une des trois zones agro-écologiques du Burkina Faso : la zone Soudanienne, la zone Soudano-Sahélienne et la zone Sahélienne. Les effectifs de caprins de ces trois zones agro-écologiques sont respectivement 2 113 040, 4 598 519 et 3 324 128 de têtes (ENEC II, 2004).

Les informations sur les ressources génétiques locales caprines du Burkina Faso sont rares et disparates. Les principales bases de données développées aux niveaux régional et mondial telles que DAGRIS (<http://dagrils.ilri.cgiar.org> ; DAGRIS, 2007) et DAD-IS (FAO ; <http://dad.fao.org/>) pour la surveillance de la diversité génétique dans le monde contiennent des informations très restreintes à leur propos. La race étant définie comme l'unité opérationnelle pour l'estimation de la diversité des ressources génétiques animales dans le monde (Simon, 1999 ; Duchev, 2006 ; Duchev et Groeneveld, 2006), la caractérisation des ressources locales (morphologique et moléculaire) a une grande importance pour les pays en voie de développement.

La connaissance des critères morpho-biométriques des ressources génétiques animales constitue la première étape de la caractérisation des espèces locales (Delgado *et al.*, 2001). Sur la base des études préliminaires menées dans le bassin méditerranéen (Lauvergne *et al.*, 1992), les critères morphologiques utilisés dans la classification des chèvres locales africaines (Sanfo *et al.*, 2000, Dossa *et al.*, 2007) sont généralement : la Hauteur au Garrot (HG), la Profondeur du Thorax (PT) et la Longueur des Oreilles (LO). Bourzat *et al.* (1993) ont proposé l'utilisation de deux indices possédant un fort pouvoir discriminant entre sous-populations : l'indice de gracilité sous-sternale (IGs) qui correspond au rapport de la différence entre la HG et la PT sur la PT et l'indice auriculaire thorax (IA_t) qui est égal au rapport de la LO et de la PT. L'utilisation de ces indices a permis de distinguer des sous-populations homogènes au sein des populations caprines au Nord Cameroun et au Sud-Ouest du Tchad (Bourzat *et al.*, 1993 ; Zeuh *et al.*, 1997). Cependant, ce type de classification est biaisé et les méthodes d'analyses multifactorielles des caractères morpho-biométriques apparaissent comme une alternative plus pertinente pour discriminer les sous-populations car toutes les variables sont étudiées simultanément (Capote *et al.*, 1998 ; Dossa *et al.*, 2007 ; Herrera *et al.*, 1996 ; Jordana *et al.*, 1993 ; Lanari *et al.*, 2003 ; Zaitoun *et al.*, 2005).

Au-delà de l'analyse multifactorielle des traits morphologiques, la caractérisation des ressources génétiques animales a été réalisée à partir de marqueurs polymorphes de nature biochimique comme les protéines sériques, les lactoprotéines ou les groupes sanguins érythrocytaires (Manwell et Baker, 1980 ; Singh *et al.*, 1981 ; Kidd *et al.*,

1982 ; Gonzalez *et al.*, 1987 ; Grosclaude *et al.*, 1990 ; Medjugorac *et al.*, 1994 ; Blott *et al.*, 1998). En raison du faible polymorphisme de ces marqueurs biochimiques (Rege, 1992), durant la dernière décennie, des innovations majeures ont été développées en génétique moléculaire pour caractériser les ressources génétiques animales (MacHugh *et al.* 1998, Luikart *et al.*, 1999; Laval *et al.*, 2000; Martínez *et al.*, 2006). Les marqueurs les plus répandus sont les microsatellites de l'ADN qui sont des motifs de quelques paires de bases (1 à 5 paires de bases) répétées un nombre de fois variable avec une localisation précise dans le génome (Vaiman *et al.*, 1994). Les marqueurs microsatellites présentent l'avantage d'être sélectivement neutres, car non codants. Cependant, certains de part leur localisation, peuvent être liés à des gènes ayant un intérêt sélectif. D'autres familles de marqueurs ont également été étudiées, et apportent des informations complémentaires comme les séquences de l'ADN mitochondrial (Loftus *et al.*, 1994, Luikart *et al.*, 2001).

Ces genres de marqueurs polymorphiques ont été largement utilisés dans les études de caractérisation des races animales en Europe et en Asie (Baker *et al.*, 2001 ; Li *et al.*, 2002, Kim *et al.*, 2002 ; Glowatzki-Mullis *et al.*, 2008). De tels travaux ont rarement été réalisés sur les races Africaines et à notre connaissance, les seules études menées à ce jour remontent aux travaux de Hanotte *et al.* (2002) en Afrique de l'Est. Ces études ont montré qu'une analyse basée sur le polymorphisme de l'ADN est nécessaire pour permettre de faire une caractérisation plus précise des races et une analyse de la diversité génétique et des relations génétiques entre les différentes races (Renaville, 2003). Malheureusement, aucune étude de ce genre n'a encore été menée en Afrique Sub-Saharienne à notre connaissance, ce qui en souligne la pertinence, voire la nécessité.

Dans la mise en œuvre de la présente étude, nos travaux viseront à répondre successivement aux questions de recherches suivantes :

- i) La classification couramment admise des types génétiques caprins du Burkina Faso en races peut-elle être objectivée par des bases scientifiques ? Dans l'affirmative, quelles sont les caractéristiques morpho-biométriques et moléculaires spécifiques pour chaque race ?

- ii) Quelles sont les relations phylogénétiques et quels sont l'importance et le sens du flux de gènes entre ces groupes génétiques de caprins du Burkina Faso ?

OBJECTIFS

L'objectif global visé à travers cette étude est d'approfondir les connaissances sur les ressources génétiques locales caprines du Burkina Faso en vue de leur définir des stratégies durables d'amélioration.

D'une manière spécifique et pour répondre à nos questions de recherches, nous visons les objectifs suivants :

- i) Décrire sur le plan morpho-biométrique les différentes populations caprines du Burkina Faso ;
- ii) Déterminer la structure génétique des populations locales caprines du Burkina Faso ;
- iii) Evaluer la diversité et la singularité génétiques au sein et entre les types génétiques ;
- iv) Analyser les relations phylogénétiques et le flux de gènes entre les différents types génétiques;
- v) Déterminer un gradient d'évolution des paramètres morpho-biométriques et moléculaires sur le degré de latitude Nord.

Afin d'apporter notre contribution à ces problématiques, nous abordons le sujet sous quatre (04) chapitres qui sont les suivants :

Le chapitre I est consacré à l'étude bibliographique et fait une synthèse de la littérature existante concernant l'histoire des populations caprines au niveau mondial et en Afrique. Ce chapitre fait ensuite une synthèse des méthodes de caractérisation génétique des races animales, notamment les méthodes morpho-biométriques, biochimiques et moléculaires. Une partie de ce chapitre est aussi consacrée à la description des critères d'analyse de la structure et de la variabilité génétiques.

Le chapitre II présente le matériel et les méthodes utilisés au cours de l'étude. Il y est traité des généralités sur la zone d'étude et des populations caprines présentes, de l'échantillonnage et des paramètres morpho-biométriques. Une description des méthodes d'études et d'analyses statistiques utilisées est faite dans cette partie du document.

Le chapitre III présente l'ensemble des résultats obtenus. La première partie fait le point des résultats de la caractérisation morphologique des populations caprines « Mossi » du Burkina Faso. Dans la deuxième partie, nous présentons les résultats de l'analyse multivariée sur les caractères morphologiques des races caprines sur tout le territoire national et la dernière partie est consacrée aux données de caractérisation des races à l'aide des marqueurs moléculaires.

Le chapitre IV est consacré à la discussion des résultats obtenus par rapport à ceux disponibles dans la littérature.

Enfin, une conclusion générale et des perspectives qu'ouvrent ces travaux sont abordées.

CHAPITRE I : REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

1.1. Données générales sur l'élevage au Burkina Faso

1.1.1. Importance économique de l'élevage

Sur le plan macroéconomique, l'essentiel des productions agricoles d'exportation du pays (hors coton) est constitué par le bétail sur pied et les cuirs et peaux pour environ 26 milliards FCFA et constitue de ce fait la deuxième source de recettes d'exportation du pays après le coton. La contribution de l'élevage au Produit Intérieur Brut (PIB) est passée de 10% en 1990 à environ 15% de nos jours (ENEC II, 2004).

Au plan microéconomique, en termes d'emploi, de revenu et d'investissement, l'élevage occupe une place de plus en plus importante. C'est la principale source de revenus pour les familles pastorales et les revenus tirés de cette activité permettent de subvenir rapidement aux besoins sociaux de santé et d'éducation de la famille (Tamboura et Berté, 1994).

1.1.2. Importance sociale de l'élevage

Les fonctions sociales de l'élevage sont extrêmement importantes au Burkina Faso. En effet, c'est en général un facteur de rapprochement entre communautés, exception faite des conflits fonciers entre agriculteurs et éleveurs. Les produits de cet élevage sont largement utilisés dans les rites coutumiers traditionnels (mariages, baptêmes, dots...)

1.1.3. Contraintes

L'élevage au Burkina Faso est confronté à d'énormes contraintes parmi lesquelles on peut citer : le climat, l'alimentation, la génétique et la santé.

Du point de vue climatique, l'élevage burkinabé est caractérisé par sa quasi-dépendance des ressources naturelles, notamment pour l'alimentation et l'abreuvement, qui sont fortement dépendantes des aléas climatiques.

Sur le plan alimentaire, les fourrages naturels constituent la base de l'alimentation des herbivores domestiques. Mais l'exiguïté et l'insécurité foncière, les disponibilités liées à la pluviométrie et aux saisons, la pression démographique et la faible valeur alimentaire de ces pâturages en saison sèche constituent les contraintes majeures.

Sur le plan sanitaire, la situation épidémiologique connaît une persistance des grandes épizooties déstabilisatrices au plan économique comme les trypanosomoses, les charbons symptomatique et bactérien, les pasteurelloses et les parasitoses animales (Kaboré *et al.*, 2006). Ces pathologies constituent une contrainte majeure à l'amélioration génétique et à l'intensification des productions animales.

Au plan génétique, le potentiel des races locales du Burkina Faso est insuffisamment connu car à ce jour, aucune étude de caractérisation n'est disponible si bien que ces races sont jugées de faibles productrices. Cette faible productivité est liée à l'absence de programme d'amélioration génétique avec des objectifs précis et des méthodes de suivi comme un système d'identification pour permettre une certaine traçabilité des races.

D'autres types de contraintes aussi importants liés à la faible productivité des petits ruminants au Burkina Faso et non souvent pris en compte sont les pertes en jeunes liées à l'abattage des femelles gravides (Traoré *et al.*, 2008).

1.2. Histoire évolutive des races caprines en Afrique et dans le monde

1.2.1. Historique des travaux effectués sur l'espèce caprine en Afrique

Les travaux réalisés par Bourzat *et al.* (1993) et Lauvergne *et al.* (1993) ont esquissé une synthèse partielle des études sur les ressources génétiques caprines qui n'ont pris en compte que les animaux de l'Afrique Sahélienne. Une synthèse plus complète des études disponibles a été faite par Bouchel (1995).

Les études sur les ressources génétiques caprines ont déjà été mentionnées dans des écrits très anciens par les Grecs (Hérodote, vers -435 ; Aristote, -347/-342), les hébreux (Vincent, 1964) et les Egyptiens (Jacq, 1994). Les nouvelles descriptions des ressources génétiques caprines ont commencé au XV^{ème} siècle avec l'arrivée des

explorateurs Portugais sur les côtes ouest Africaines, la plus ancienne étant celle de Dapper *et al.* (1906). Les premiers auteurs (Pegler, 1886 ; Crépin, 1906 ; Sanson, 1910) s'efforçaient de faire simplement des descriptions morpho-biométriques des chèvres du monde à travers des synthèses peu documentées.

La connaissance des ressources génétiques caprines Africaines a commencé au début du XX^{ème} après la conférence de Berlin qui permit aux Européens d'explorer le continent.

Les travaux ont été mieux documentés avec les études de Pierre (1906), de Curasson (1936), de Roth (1938) et de Doutressoulle (1947) sur l'Afrique Occidentale Française (AOF), de Geoffroy Saint-Hilaire (1919) sur l'Afrique du Nord, de Greef (1917), Leplace (1937) et de Pecaud (1928) sur l'Afrique Centrale. Les travaux sur les ressources caprines d'Afrique du sud ont été réalisés par Schapera (1930) pendant que celles de l'Afrique australe ont été menées par Marchi (1929), Roetti (1938) et Bettini (1938).

Après les indépendances dans les années 1960, les efforts de recherches sur les ressources génétiques caprines ont été poursuivis par les services nationaux en charge de l'élevage et par quelques organisations internationales telles que la FAO et l'ILRI. Les principaux travaux sont ceux de Mason et Maule (1960), Henrotte (1961), Robinet (1967), Devendra et Burns (1970), French (1971), Leclercq (1976), Dumas (1977), Trail *et al.* (1979), Bourzat (1985), Ngere (1985), Wilson (1991), Hossaini-Hilali et Benlamli (1995), Bouchel (1995), Sanfo *et al.* (2000).

1.2.2. Origine de la chèvre domestique en Afrique

Sur la base de l'analyse de documents archéozoologiques et picturaux et à l'issue de leur datation, pour Muzzoloni (1989, 1991, 1992, 1993, cité par Bouchel, 1995), la thèse d'une domestication en Afrique à partir des chèvres sauvages autochtones n'est pas à écarter. Toutefois, si d'après cet auteur, la présence de caprins sauvages a été attestée au paléolithique au Maghreb et si de nombreux restes de caprins ont été retrouvés par les archéozoologues en Afrique, les preuves de l'existence d'un processus de

domestication analogue à celui mis en évidence au Moyen-Orient n'est pas encore d'actualité. Le seul caprin sauvage qui existerait actuellement en Afrique est le genre *Ibex* localisé en Ethiopie (Bouchel, 1995).

Ainsi, la thèse couramment admise est celle diffusionniste à partir de l'unique foyer Moyen-Oriental (Mason, 1981, Gautier, 1990, Nozawa, 1991, Helmer, 1992).

1.2.3. Classifications des ressources génétiques caprines

Les auteurs ayant cherché à faire une classification des ressources génétiques caprines, se sont basés sur plusieurs critères :

Le premier critère morphologique a été proposé pour les ovins par Geoffroy Saint-Hilaire (1861, cité par Bouchel, 1995) et distingue les ovins de type longipes et les ovins de type brevipes.

Ensuite, il y a eu la classification de Baron (1893) qui a conçu un système général de description morphologique avec un trigramme signalétique qui rend compte du format (ellipométrique, eumétrique et hyperométrique), du profil (concaviligne, rectiligne ou convexitiligne) et des proportions (bréviligne, medioligne et longiligne).

Concernant les caprins Africains, les classifications suivent essentiellement le critère de la localisation géographique (Pierre, 1906). Les caractéristiques anatomiques (Hauteur au garrot, trigramme signalétique) ou phanéroptiques (couleur de la robe) complètent l'appellation géographique : grande chèvre du Sahel, chèvre naine Djallonké du sud, chèvre rousse de Maradi etc. L'appellation fait aussi référence au groupe ethnique des éleveurs : Chèvre Mossi, chèvre Peul etc.

Certains auteurs ont bâti un système de classification sur le critère de développement de l'oreille (Mason et Maule, 1960).

1.3. Méthodes de caractérisation génétique des races animales

La caractérisation des ressources génétiques animales peut revêtir plusieurs aspects et englobe toutes les activités associées à l'identification, à la description qualitative

et quantitative et à la documentation des populations raciales, et des habitats naturels et des systèmes de production. Au niveau national, cette activité comprend l'identification des ressources zoogénétiques du pays et l'enquête sur ces ressources. Les renseignements obtenus par le processus de caractérisation favorisent une prise de décision éclairée sur les priorités de la gestion des ressources qui visent à promouvoir leur mise en valeur tout en garantissant leur conservation pour les besoins futurs.

1.3.1. Outils de caractérisation

1.3.1.1. Enquêtes

Les enquêtes sont entreprises pour collecter de façon systématique les données nécessaires à identifier les populations raciales et décrire leurs caractéristiques visibles, leur distribution géographique, leur élevage en général et leurs environnements de production. Ces enquêtes sur les ressources génétiques prévoient plusieurs catégories de variables incluant les informations de base et les caractéristiques morphologiques typiques des races. Ces informations sont aujourd'hui mises en base de données, à l'échelle nationale, régionale ou mondiale et visent à couvrir l'ensemble des populations constituant les ressources génétiques de chaque espèce sur une aire géographique donnée.

La description morpho-biométrique est généralement basée sur l'étude des variants à effet visible tels que la couleur de la robe, la présence ou non de cornes ou de barbiches et des paramètres mesurables tels que la hauteur au garrot (HG), la profondeur du thorax (PT), la hauteur à la croupe (HC), la longueur de la diagonale du corps (LDC).

Sur la base de l'observation des variants de gènes à effet visible (phanéoptique) tels que la coloration de la robe, la répartition de l'eumélanine et de la phaeomélanine, le cornage, le port d'oreilles, Lauvergne (1992) a proposé un regroupement des ressources génétiques selon une classification évolutive, qui distingue quatre (04) catégories de populations à savoir des populations sauvages, des populations primaires (ou traditionnelles), des races standardisées et des lignées sélectionnées.

Ces catégories correspondent à des statuts et à des degrés successifs dans le processus de domestication. Cet auteur a été le 1^{er} à introduire les notions d'indices (indices de primarité) qui traduisent le statut post-domesticatoire des populations. Ainsi, il distingue :

- l'indice de primarité "loci à effet visible en ségrégation": IPs.
- l'indice de primarité allèles au locus agouti: IPa.

L'on peut retenir globalement qu'en dehors de quelques informations succinctes sur les caractères zootechniques des différentes races, ces types d'inventaires renseignent peu sur leurs ressemblances ou dissemblances et donc sur leur diversité.

1.3.1.2. Marqueurs biochimiques : les allozymes

Une allozyme est une enzyme synthétisée par différents allèles d'un même gène.

La première mise en évidence de variations biochimiques a été réalisée au début du 20^{ème} siècle sur les groupes sanguins ABO humains. Néanmoins, il faudra attendre les années soixante pour voir les premières études visant à appréhender les processus évolutifs en utilisant des techniques biochimiques (Lewontin et Hubby, 1966).

Grâce à la technique de l'électrophorèse sur gel, il a été possible de mettre en évidence des variants protéiques et dès lors, ces études sont devenues un outil de choix pour l'investigation de la variation biochimique et fournirent le premier moyen non biaisé d'estimation de la variabilité du génome. Au travers de l'étude de 13 allozymes (dont 11 loci des groupes sanguins), Grosclaude *et al.* (1990) ont tenté de préciser les relations génétiques existant entre 18 races bovines françaises. Cette étude a conduit les auteurs à distinguer quatre (04) sous-ensembles de races cohérentes avec les données historiques et géographiques. De même, Randi *et al.* (1991) ont utilisé la même technique pour établir les relations évolutives entre différentes espèces des genres *Capra*, *Ovis* et *Rupicapra* (Artiodactyle, Bovidae).

Les premières études de ce genre au Burkina Faso remontent aux travaux de Queval et Petit (1982) avec le polymorphisme de l'hémoglobine des races bovines trypanosensibles, trypanotolérantes et de leurs produits de croisement.

Comme les marqueurs morphologiques, les limitations majeures des allozymes sont le faible nombre de locus susceptibles d'être révélés et le fait qu'il y ait une certaine spécificité d'organe : tous les enzymes ne sont pas présents ou actifs dans tous les organes (Rege, 1992 ; Meghen *et al.*, 1994).

1.3.1.3. Marqueurs moléculaires

Les marqueurs moléculaires sont constitués de séquences d'ADN caractéristiques d'un individu ou groupe d'individus. Contrairement aux marqueurs traditionnels (morphologiques et biochimiques), ils ne sont pas influencés par l'environnement et sont observables à n'importe quel stade de développement de l'individu et sur n'importe quel organe (Rege, 1992). Ils sont très utiles pour l'identification individuelle ou raciale, l'établissement de relations phylogénétiques et la sélection assistée par marqueurs. Ils permettent l'élaboration de cartes génétiques où chaque chromosome est représenté sous forme d'un ensemble de marqueurs moléculaires dont l'ordre et l'espacement sont déterminés en comparant les individus de la descendance d'un croisement. Certains caractères sont gouvernés par l'action d'un seul gène et sont dits de type «qualitatifs» (présence ou absence). Les caractères de ce type sont transmis de façon simple lors d'un croisement puisqu'il suffit que le gène responsable soit transmis à une descendance pour que celle-ci ait le caractère désiré. Même si la séquence d'un gène responsable d'un phénotype intéressant n'est pas connue, ce gène peut être localisé sur une carte génétique et entouré de marqueurs moléculaires.

A l'opposé, d'autres caractères correspondent à la combinaison de l'action de plusieurs gènes et sont dits «quantitatifs»: le rendement carcasse ou la hauteur au garrot des individus par exemple peuvent ainsi prendre toutes les valeurs entre deux extrêmes. Les régions chromosomiques impliquées dans ces caractères quantitatifs (QTL: Quantitative Trait Loci) peuvent être localisées sur une carte génétique à l'aide

de méthodes statistiques et repérées par des marqueurs moléculaires (Beh *et al.*, 2002).

1.3.1.3.1. Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP)

Cette technique a été décrite pour la première fois en 1980 avec la découverte d'enzymes de restriction bactérienne. La technique est basée sur la coupure spécifique de séquences nucléiques par ces enzymes (Botstein *et al.*, 1980).

Cette méthode est basée sur la digestion de l'ADN par les endonucléases spécifiques, la séparation par taille des fragments d'ADN sur gel d'électrophorèse, puis le transfert sur membrane de nylon (Southern blot) et enfin la visualisation des séquences spécifiques d'ADN en utilisant des sondes marquées par de la radioactivité ou par des molécules fluorescentes.

La méthode RFLP présente l'avantage de générer des marqueurs codominants (marqueurs permettant de faire la discrimination entre individus homozygote et hétérozygote). Cette technique est stable et reproductible mais la méthodologie est longue, coûteuse et nécessite de grandes quantités d'ADN.

1.3.1.3.2. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)

Un autre type de marqueur moléculaire récemment développé repose sur la mise en évidence du polymorphisme généré par l'amplification aléatoire de fragments d'ADN grâce à des amorces de séquences aléatoires (10 bases environ) : RAPD (Williams *et al.*, 1990). Cette méthode couramment utilisée en cartographie génétique des végétaux et en génétique des populations, génère des marqueurs dominants (pas de différenciation des homozygotes et des hétérozygotes pour un site donné), contrairement aux marqueurs RFLP. Rao *et al.* (1996) passent par l'approche des RAPD pour différencier génétiquement les espèces domestiques. A l'échelle intra-spécifique, Rincon *et al.* (2000) utilisent les RAPD pour étudier la variabilité génétique de races bovines Créoles. Cette technique a été utilisée avec succès par Bahy (2003) pour étudier les relations phylogénétiques au sein de 4 races ovines

d’Egypte. Néanmoins, des problèmes de reproductibilité et de transmission de ce type de marqueurs ont limité son application (Black, 1993 ; Karp *et al.*, 1996).

1.3.1.3.3. Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP)

Les AFLP sont des marqueurs bialléliques dominants, mis au point en 1995 (Vos *et al.*, 1995). La méthode est proche de la technique RAPD, basée sur une amplification sélective des fragments d’ADN génomique selon 3 phases : une digestion-ligation, une amplification pré-sélective et une amplification sélective.

La méthode AFLP ne requiert aucune connaissance préalable du génome étudié, synthèse d’amorces ou caractérisation de sondes. Elle permet ainsi une mise au point rapide et présente une bonne reproductibilité (Vos *et al.*, 1995 ; Ajmone-Marsan *et al.*, 1997).

L’inconvénient de cette technique est qu’elle montre un mode dominant d’hérédité, ce qui réduit son pouvoir dans les analyses de génétique des populations sur la diversité intraraciale et la consanguinité (FAO, 2008).

Cependant, Ajmone-Marsan *et al.* (1997) montrent qu’au travers de l’utilisation du couple enzymatique EcoRI=MseI, les AFLP peuvent générer des marqueurs codominants et un très fort polymorphisme au sein des races bovines et suggèrent leurs utilisations dans les études de diversité génétique et de parenté des races domestiques.

1.3.1.3.4. Séquençage de l’ADN mitochondrial (mtDNA)

L’ADN mitochondrial (ADNmt) est un ADN circulaire, transmis exclusivement par voie maternelle, contenu dans les mitochondries et présent uniquement dans le plasma cellulaire de l’ovule. Il est absent des spermatozoïdes, à la différence de l’ADN nucléaire qui provient de la fusion des 2 gamètes. L’étude du polymorphisme de la séquence de l’ADNmt permet de fournir des informations complémentaires sur l’origine parentale des populations étudiées.

En raison de son mode de transmission maternelle et de son fort taux de mutation, le polymorphisme de l'ADNmt permet de reconstruire les relations évolutives intra et interraciales. Les marqueurs de l'ADNmt peuvent également fournir un moyen rapide de détecter l'hybridation entre les espèces et les sous-espèces d'animaux d'élevage.

Les polymorphismes dans la séquence de la région hypervariable de la boucle D ou de la région de contrôle de l'ADNmt ont largement contribué à l'identification des ascendants sauvages des espèces domestiques, à l'établissement des modèles géographiques de la diversité génétique et à la compréhension de la domestication des animaux d'élevage (Bruford *et al.*, 2003).

1.3.1.3.5. Minisatellites

Dans les années 1980, Jeffreys *et al.* (1985), ont mis en évidence un nouveau type de marqueur moléculaire polymorphe connu sous le nom de minisatellite hautement variable. Les minisatellites sont constitués de répétitions en chaîne (bis en tandem) d'un motif formé de 15 à 70 nucléotides. Ces séquences, en nombre variable de répétitions, ont été appelées minisatellites par analogie à l'ADN satellite vrai qui se situe au niveau de l'hétérochromatine. L'évolution du nombre de copies du motif constituant le minisatellite est relativement rapide et s'explique par des crossing-over inégaux durant la méiose. Ces éléments sont très largement représentés et distribués dans le génome des mammifères avec une fréquence moyenne d'apparition d'un minisatellite tous les 100 kb. La technique permettant d'étudier ces éléments a été nommée empreinte génétique et a été largement utilisée dans des problèmes de génétique des populations. Ainsi, Trommelen *et al.* (1993) proposent les minisatellites comme outil d'identification des paternités chez les bovins. Néanmoins, des difficultés relatives aux quantités d'ADN requises, à la visualisation et à l'identification des marqueurs ont rapidement limité l'utilisation de cette technique.

1.3.1.3.6. Microsatellites

A la fin des années 80, la description des marqueurs microsatellites a révolutionné le domaine de la génétique moléculaire et sont à présent les marqueurs les plus utilisés dans les études de diversité génétique des animaux d'élevage (Sunnucks, 2001). Ces marqueurs, connus aussi sous plusieurs autres appellations telles que Simple Sequences Repeats (SSR), Simple Tandem Repeats (STR), Short Tandem Repeats (STR), Variable Number Tandem Repeats (VNTR) ou Simple Sequence Length Polymorphisms (SSLP), sont des séquences constituées de répétition en tandem de mono-, di-, tri- ou tétranucléotides répétées 10 à 20 fois en moyenne dans le génome. Ils sont constitués de courtes séquences répétées, généralement des CA, dont le nombre varie d'un individu à l'autre. Le taux de mutation élevé et la nature codominante favorisent l'estimation de la diversité intra et interraciale, et le mélange génétique entre les races, même très proches (Takezaki et Nei, 1996).

Le taux de polymorphisme de ces marqueurs est très élevé et repose sur la variation du nombre d'unités de répétition constituant le microsatellite. Les séquences flanquant ces éléments répétés permettent de définir les amorces qui seront utilisées pour la réaction de polymérisation en chaîne (PCR).

Si les microsatellites constituent de bons marqueurs moléculaires, leur caractérisation initiale est toutefois assez lourde car leur production doit passer d'abord par le clonage et le séquençage de ces éléments répétés (FAO, 2008).

Ci-dessous des exemples de microsatellites :

AAAAAAAAAAAA = (A)₁₁ = mononucléotide (11 bp)

GTGTGTGTGTGT = (GT)₆ = dinucléotide (12 bp)

CTGCTGCTGCTG = (CTG)₄ = trinucleotide (12 bp)

ACTCACTCACTCACTC = (ACTC)₄ = tétranucléotide (16 bp)

Microsatellite Homozygote

...CGTAGCCTTGCATCCTTCTCTCTCTCTCTCTATCGGTACTACGTGG (46 bp)

...CGTAGCCTTGCATCCTTCTCTCTCTCTCTCTATCGGTACTACGTGG (46 bp)

Extrémité 5

Microsatellite

Extrémité 3

Microsatellite Hétérozygote

..CGTAGCCTTGCATCCTTCTCTCTCTCTCTCT ATCGGTACTACGTGG... (46 bp)

..CGTAGCCTTGCATCCTTCTCTCTCTCTCTCTCTATCGGTACTACGTGG... (50 bp)

Extrémité 5

microsatellite

Extrémité 3

1.3.1.3.7. Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)

Les marqueurs SNPs, ou Polymorphisme d'un seul nucléotide, sont des variations de nucléotides qui ne changent pas la longueur globale de la séquence d'ADN dans la région. Ces variations se produisent partout dans le génome en moyenne tous les 1kb au niveau des régions codantes et non codantes et sont très abondantes chez l'homme (Sachinandam *et al.*, 2001). Plusieurs millions de marqueurs SNPs ont été identifiés à ce jour (Wong *et al.*, 2004). Pour qu'une variation soit considérée comme SNP, son occurrence dans la population doit être au moins égale à 1%. La plupart des marqueurs SNPs (environ 2/3) est caractérisée par le remplacement d'une cytosine (C) avec de la thymine (T).

En génétique des populations, il a été proposé l'usage des SNPs dans des études d'adaptabilité. Ces marqueurs peuvent être détectés par RFLP, par séquençage et par PCR.

Cette technique présente l'avantage d'être hautement reproductible et très informative. Cependant, son coût élevé et la connaissance préalable de la séquence étudiée limitent son application.

1.4. Moyens d'étude de l'ADN

Les multiples applications scientifique et technologique impliquant l'étude de l'ADN font appel à différentes techniques. Les plus communément utilisées sont : la réaction de polymérisation en chaîne (PCR), l'électrophorèse sur gel d'agarose ou de polyacrylamide et le séquençage.

1.4.1. La Réaction de Polymérisation en Chaîne (PCR)

La Réaction de Polymérisation en Chaîne, plus connue sous l'abréviation anglaise de PCR (Polymerase Chain Reaction) fut inventée par Mullis en 1983 et brevetée en 1985. C'est un procédé permettant une amplification spécifique d'un fragment d'ADN. Son principe repose sur l'amplification de l'ADN grâce à une enzyme polymérase thermo-résistante recombinante : la Taq polymérase. Il s'agit d'une répllication *in vitro* de séquences spécifiques d'ADN. Cette méthode permet de générer à des dizaines de milliards d'exemplaires, un fragment d'ADN particulier (la séquence d'intérêt) à partir d'un extrait d'ADN (ADN matriciel). En effet, si la séquence d'intérêt est présente dans l'extrait d'ADN, il est possible de la répliquer sélectivement (on parle d'amplification) en très grande quantité. La puissance de la PCR repose sur le fait que la quantité d'ADN matriciel n'est pas, en théorie, un facteur limitant et il est possible d'amplifier des séquences nucléotidiques à partir de quantités infinitésimales d'ADN.

Pour initier le processus de répllication de l'ADN, deux oligonucléotides complémentaires des extrémités du fragment d'ADN à amplifier (amorces), ainsi que des nucléotides (dNTPs) sont utilisés. L'amplification d'une portion d'ADN peut alors être obtenue en utilisant une répétition de cycles de température comprenant 3 phases : une dénaturation de l'ADN double brin (94°C), une hybridation spécifique des amorces (selon la composition des amorces) entre 40 et 70°C et une synthèse de l'ADN (72°C) (Figure 1).

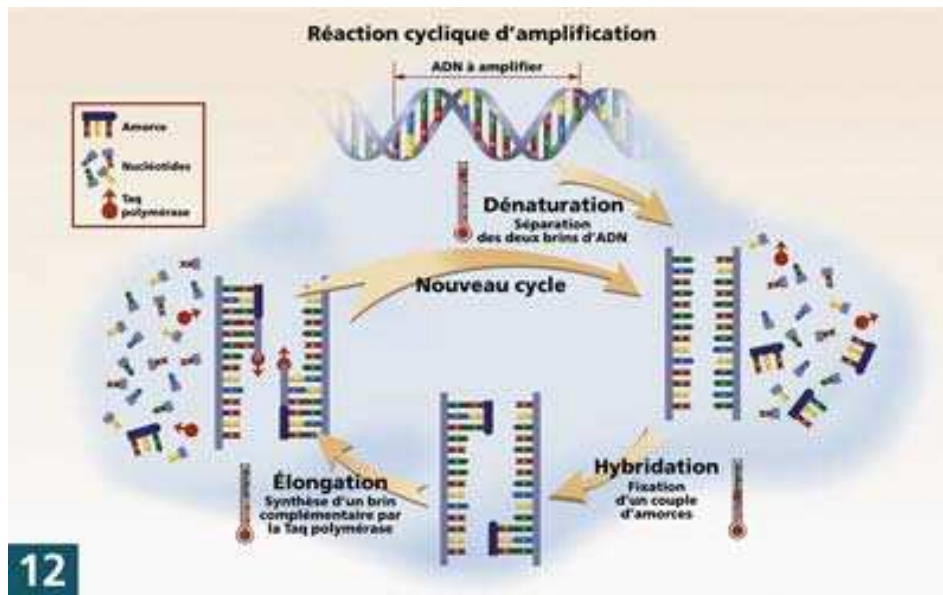


Figure 1 : Les 3 phases de la PCR

Ce procédé est exponentiel et permet d'obtenir des millions de copies d'un fragment d'ADN en quelques dizaines de cycles d'amplification. La complémentarité des amorces avec les extrémités du fragment cible assure la spécificité de l'amplification au seul fragment désiré.

La détection et l'analyse des produits peuvent être très rapidement réalisées par électrophorèse sur gel d'agarose (ou d'acrylamide). L'ADN est révélé par une coloration au bromure d'éthidium. Ainsi, les produits sont-ils visibles instantanément par transillumination aux ultraviolets (280 - 320 nm). Des produits de très petite taille sont souvent visibles très près du front de migration sous forme de bandes plus ou moins diffuses. Ils correspondent à des dimères d'amorces et parfois aux amorces elles-mêmes. Selon les conditions réactionnelles, il arrive que des fragments non spécifiques d'ADN soient amplifiés en quantité plus ou moins abondante, formant des bandes nettes ou des « traînées » (smear).

Sur des systèmes automatisés, on utilise aujourd'hui un analyseur de fragment. Cet appareillage se fonde sur le principe de l'électrophorèse capillaire. La détection des fragments est réalisée par une diode laser. Cela n'est possible que si la PCR est réalisée avec des amorces couplées à des fluorochromes.

1.4.2. L'électrophorèse

L'électrophorèse est une technique séparative utilisée le plus souvent dans un but analytique mais également parfois pour purifier des molécules solubles.

Le principe consiste à soumettre un mélange de molécules à un champ électrique, ce qui entraîne la migration des molécules chargées. En fonction de différents paramètres (charge, masse, forme, nature du support, conditions physico-chimiques) la vitesse de migration va être variable, ce qui permet la séparation des différentes molécules.

La migration des molécules doit au minimum être guidée. L'électrophorèse utilise un support et les plus courants sont le papier, l'acétate de cellulose, les gels d'agarose et les gels de polyacrylamide. Idéalement, le support d'une électrophorèse devrait être parfaitement inerte sur le plan chimique, contrairement à ce qui se passe pour certains types de chromatographie. Seul un effet mécanique ralentissant la progression des molécules est recherché, ce qui permet d'améliorer la séparation.

L'électrophorèse sur les supports met à profit les interactions différentielles qui existent entre certaines classes de molécules et le support pour leur séparation (exemple de la séparation des protéines sériques) mais cela ne permet pas une très bonne résolution.

Le choix du support est dicté par la nature des molécules à séparer. Ainsi, les gels forment un maillage tridimensionnel. Les molécules doivent donc progresser dans les pores, espaces libres situés entre les mailles du filet. On conçoit aisément que, plus les molécules seront encombrantes, plus leur progression sera lente. Il arrive même qu'à un moment donné, leur encombrement ne leur permet plus de progresser du tout. Au delà de cette limite, il n'y aura donc aucune séparation. A l'inverse, des molécules très petites comparées aux pores ne seront pratiquement pas freinées, et par suite mal séparées. En fonction de la taille des pores, on peut donc efficacement séparer des molécules situées dans une fourchette donnée de masses moléculaires. On peut bien sûr adapter la réticulation du gel à l'échantillon à traiter en choisissant la concentration du produit. Cela suppose d'avoir une idée sur la nature des molécules que l'on souhaite séparer. Dans le cas contraire, on peut faire plusieurs

gels différents, voire faire un gel présentant un gradient de concentration (en polyacrylamide). La visualisation du gel se fait après coloration au bromure d'éthidium.

1.4.3. Le séquençage

Le séquençage de l'ADN consiste à déterminer l'ordre d'enchaînement des nucléotides d'un fragment d'ADN donné. Cette technique a vu le jour dans les années 1970 (Maxam et Gilbert, 1977 ; Sanger *et al.*, 1977).

La réaction est basée sur une extension au cours de laquelle une certaine proportion de didéoxynucléotides (ddNTP ou nucléotides stop") stoppant l'élongation du fragment est utilisée, en plus des dNTP. Les cycles d'amplifications sont similaires à ceux employés pour une amplification classique, mais seule une amorce est utilisée pour chaque réaction. La synthèse d'ADN débute à l'extrémité 3' de l'amorce et, à chaque cycle d'amplification un certain pourcentage de fragments est stoppé par l'incorporation d'un ddNTP lors de l'élongation. Il en résulte une amplification unidirectionnelle, dont la cinétique n'est pas sigmoïde mais linéaire. Selon que le marquage des ddNTP est radioactif ou fluorescent, l'extension des séquences se fait dans une ou quatre réactions. Le séquençage est très largement utilisé, notamment pour des études phylogénétiques au travers du séquençage de l'ADN mitochondrial (ADNmt). Dans le cas des espèces domestiques, Loftus *et al.* (1994) et Luikart *et al.* (2001) ont mis en évidence plusieurs centres de domestication des races bovines et caprines, au travers du séquençage de portions de l'ADNmt.

L'image de l'enregistrement du gel apparaît sous la forme ci-dessous.

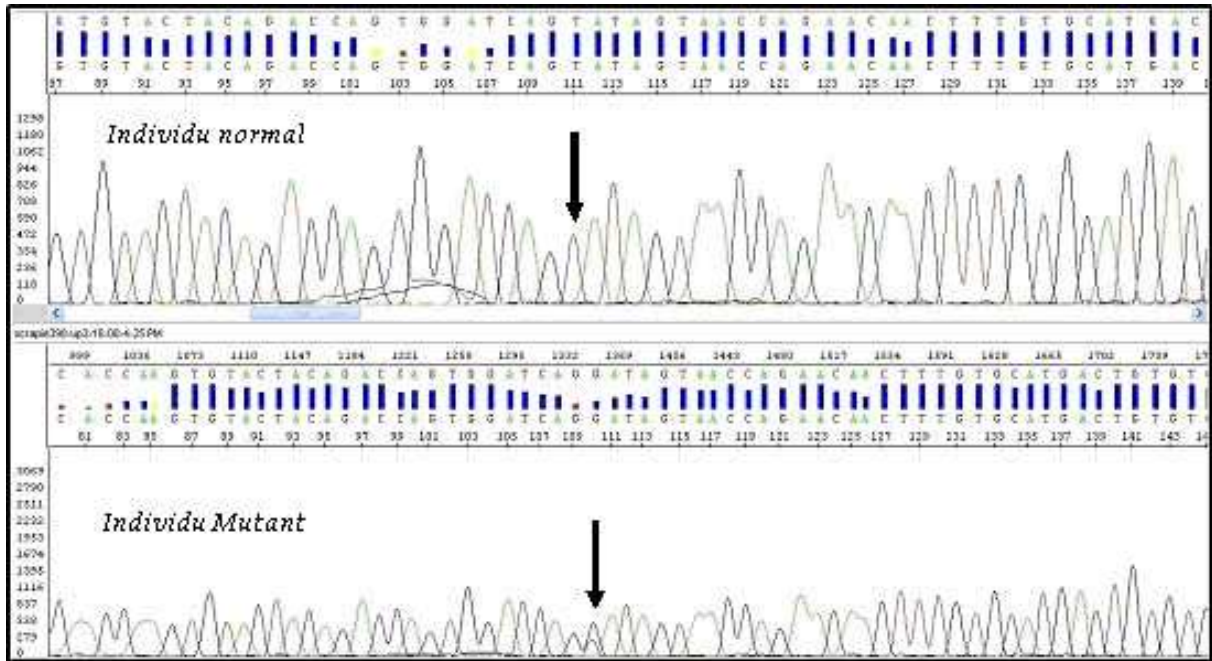


Figure 2 : Enregistrement de l'électrophorégramme de séquençage sur un séquenceur automatique montrant un individu de race Djallonké normal et un autre mutant (Traoré *et al.*, 2008).

1.5. Structure et variabilité génétiques des populations animales

L'analyse des données de polymorphisme moléculaire nécessite une approche statistique particulière. La variabilité génétique entre les races animales s'exprime généralement à partir d'un ensemble de fréquences alléliques, sous la forme d'indices de fixation et de diversité génique, ainsi que des distances génétiques entre races (Ollivier *et al.*, 2000). Ces dernières peuvent être converties en phylogénie, classification ou mesure globale de diversité. La richesse allélique est une information complémentaire intéressante à prendre en compte.

1.5.1 Fréquences alléliques

L'analyse de la variabilité génétique d'une population est fondée essentiellement sur la valeur de la fréquence allélique, qui est la proportion de tous les allèles donnés d'un même type à un certain locus dans cette population (Hartl, 1988). Les fréquences alléliques sont calculées par comptage direct du nombre d'animaux

homozygotes et hétérozygotes pour l'allèle considéré. Ainsi, la fréquence d'un allèle dans un échantillon est égale à 2 fois le nombre de génotype homozygote (chaque homozygote portant 2 copies de l'allèle) pour cet allèle plus une fois le nombre de génotypes hétérozygotes portant cet allèle (chaque hétérozygote porte une copie de l'allèle) divisé par 2 fois le nombre total d'individus dans l'échantillon (car chaque individu porte 2 allèles à ce locus). La fréquence P_{ikx} de l'allèle i au locus k dans la population x est :

$$P_{ikx} = \frac{P(nii) + ni}{2N}, \text{ où}$$

nii est le nombre d'animaux homozygotes pour l'allèle i au locus k ;

ni est le nombre d'animaux hétérozygotes pour l'allèle i au locus k ;

N est le nombre total d'animaux typés au locus k avec

$$\sum_{i=1}^{lk} P_{ikx} = 1 \quad \text{où } lk \text{ est le nombre d'allèle au locus } k.$$

La suite de l'analyse de la variabilité génétique consistera à évaluer le taux d'hétérozygotie, l'équilibre de Hardy-Weinberg et la structure des populations à travers l'analyse des paramètres F-Statistiques.

1.5.2 Variabilité et structure des populations

1.5.2.1 Indices de variabilité

La comparaison directe des fréquences alléliques étant difficile à réaliser, il existe des paramètres susceptibles de donner les informations utiles recherchées : le nombre moyen d'allèle par locus, le pourcentage de loci polymorphes et le taux moyen d'hétérozygotie (Solignac *et al.*, 1995).

1.5.2.1.1. Le nombre moyen d'allèle par locus ajusté à la taille de l'échantillon

La richesse allélique varie en fonction de la taille de l'échantillon. Un locus est considéré polymorphique dans une population si on peut détecter plus d'un allèle,

en général, c'est lorsque l'allèle second en fréquence a une fréquence supérieure à 5%, ou si l'allèle le plus fréquent a une fréquence inférieure à 95% dans la population étudiée. La richesse allélique est définie comme étant le nombre moyen d'allèles par locus. Une valeur moyenne élevée d'allèles par locus est essentielle pour évaluer le potentiel évolutif à long terme d'une population puisque la limite de la réponse à la sélection dépend du nombre initial d'allèles en supposant l'influence des mutations négligeables (Hurlbert, 1971; Petit *et al.*, 1998). Ce paramètre dépend en grande partie de la taille de l'échantillon et il est souvent ajusté au moyen de la méthode de raréfaction proposée par Hurlbert (1971) avec la formule suivante :

$$A[g] = \sum_i \left[1 - \prod_{k=0}^{g-1} \frac{N - N_i - k}{N - k} \right]$$

où g est la taille de l'échantillon, N le nombre d'allèles observés à un locus donné ($N > g$) et N_i le nombre d'apparition du $i^{\text{ème}}$ allèle dans les N allèles observés de l'échantillon.

Noter que la valeur maximale de N dans une sous-population est le double de la taille de l'échantillon et la valeur maximale de g est le double du nombre d'individu de la sous-population moins la taille de l'échantillon.

1.5.2.1.3. Hétérozygotie

Le taux d'hétérozygotie observé est pour chaque locus, la fréquence des génotypes hétérozygotes observés dans l'échantillon. Un taux d'hétérozygotie théorique peut aussi être calculé à partir des fréquences alléliques déterminées pour chaque locus à l'aide de la formule suivante :

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

où P_i est la fréquence du $i^{\text{ème}}$ allèle à ce locus.

Cette valeur d'hétérozygotie calculée est théorique et correspond au taux d'hétérozygotie de la population en la supposant en équilibre de Hardy-Weinberg.

1.5.2.1.4. Contenu Informatif du Polymorphisme ou Polymorphism Information Content (PIC).

Cet indice est similaire au taux d'hétérozygotie attendu et varie entre 0 et 1. Le PIC permet d'évaluer la capacité discriminante d'un marqueur dans une population à partir des fréquences alléliques (Botstein *et al.*, 1980). Il se calcule pour un marqueur codominant par la formule suivante :

$$\text{PIC} = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - \sum_{i=1}^n \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2$$

Dans cette formule, les p_i correspondent aux différentes fréquences alléliques. Le dernier terme retranche d'abord à l'unité la probabilité de rencontrer un individu homozygote qui, nécessairement n'est pas informatif. La deuxième somme correspond à la probabilité de l'ensemble des événements pour lesquels la phase ne peut être déduite de la garniture allélique, c'est-à-dire par exemple, si les deux parents et leurs descendants sont de génotype $A_i A_j$. Dans ce cas, la probabilité du génotype des parents est $(2p_i p_j)^2$. Dans ces conditions, la probabilité que leur descendant soit $A_i A_j$ est de $1/2$, d'où le terme de la deuxième somme $(2p_i p_j)^2$. Une déviation du PIC montre que la valeur maximale est atteinte quand toutes les fréquences sont égales à $1/n$, n étant le nombre d'allèles.

Pour les marqueurs liés au chromosome X, l'hétérozygotie et le PIC sont identiques. Pour les marqueurs autosomaux, l'hétérozygotie surestime parfois le contenu informationnel surtout dans les systèmes à deux allèles (ce qui est rarement le cas pour les microsatellites). Ainsi pour deux allèles de fréquences égales, l'hétérozygotie est de 0,5 alors que le PIC vaut 0,375. Pour les microsatellites, on obtient souvent des valeurs de PIC plus élevées, témoignant du caractère polymorphe de ce type de marqueur.

1.5.2.1.5. Equilibre de Hardy-Weinberg

En 1908, un mathématicien anglais, G.H. Hardy et un médecin allemand, W. Weinberg, ont formulé une loi connue sous le nom de la loi de Hardy-Weinberg.

Selon cette loi, les fréquences alléliques restent stables de génération en génération dans une population diploïde idéale et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale. Une telle population est dite en "équilibre de Hardy-Weinberg". De plus, les fréquences génotypiques ne dépendent que des fréquences alléliques.

Selon le modèle de Hardy-Weinberg, les fréquences des différents génotypes se calculent de la façon suivante : considérons un locus à 2 allèles (A et a) possédant respectivement des fréquences p et q où $p + q = 1$. Pour qu'un individu soit homozygote AA, il faut qu'il ait reçu un allèle A de ses 2 parents. Si les gamètes s'unissent au hasard, cet événement se réalise avec la probabilité : $P(AA) = p \cdot p = p^2$

Le même raisonnement s'applique pour le génotype aa et $p(m) = q \cdot q = q^2$

Enfin, pour le génotype hétérozygote Aa, deux cas sont possibles. L'individu peut avoir reçu l'allèle A de son père et l'allèle a de sa mère ou l'inverse. La probabilité d'obtenir un hétérozygote Aa est donc : $P(Aa) = pq + qp = 2pq$

Ainsi, dans une population idéale, les proportions de Hardy-Weinberg sont données par :

AA	Aa	aa
P^2	$2pq$	q^2

Cette situation est généralisable à un locus avec plusieurs allèles A1, A2, ... , Ak. Les fréquences des homozygotes AiAi sont égales à :

$f(A_i A_i) = p_i^2$ et celles des hétérozygotes AiAj sont égales à : $f(A_i A_j) = 2 p_i p_j$

La notion d'équilibre de Hardy-Weinberg présente des conséquences théoriques importantes. Ainsi, il est possible de prédire, dans une population en équilibre de Hardy-Weinberg, les fréquences des différents génotypes à partir des seules fréquences alléliques.

Pour vérifier qu'une population est en équilibre de Hardy-Weinberg à un locus donné, on teste, la plupart du temps à l'aide de la loi du χ^2 la disparité des effectifs de génotypes observés aux effectifs de génotypes théoriques.

Ainsi, la conséquence de l'action des facteurs évolutifs est de faire varier le taux d'hétérozygotes de la population par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg. Il devient alors intéressant de pouvoir quantifier ces écarts entre le taux d'hétérozygotes observés et le taux à l'équilibre. De plus, deux populations d'une même espèce peuvent être soumises à des facteurs évolutifs différents et voir leur constitution génétique se différencier l'une de l'autre, ce qui aura également un effet sur le taux d'hétérozygotie et sur l'équilibre de Hardy-Weinberg. Tous ces écarts par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg peuvent être quantifiés à l'aide de la statistique hiérarchique des paramètres F.

1.5.2.1.6.. Structure des populations (F-Statistiques)

Une population subdivisée comprend 3 niveaux de complexité : les individus (I), les sous-populations (S) et la population totale (T) (Laliberté, 1998). Dans le cas du Burkina Faso, les 3 races (Djallonké, Mossi, Sahel) représentent les sous-populations et l'ensemble des races représente la population totale. L'hétérozygotie de chacun de ces trois niveaux est définie par les paramètres H_I , H_S et H_T (Wright, 1978).

H_I est l'hétérozygotie moyenne des individus sur l'ensemble des sous-populations. C'est aussi l'hétérozygotie moyenne observée pour l'ensemble des gènes (ou locus) d'un individu ; c'est également la probabilité d'hétérozygotie en un locus pris au hasard; si H_I représente l'hétérozygotie observée dans la $i^{\text{ème}}$ sous-population, on aura pour k sous-populations :

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

H_S est l'hétérozygotie attendue par individu dans une sous-population, en la supposant à l'équilibre de Hardy-Weinberg où x_i est la fréquence du $i^{\text{ème}}$ allèle. Soit pour la $S^{\text{ième}}$ population :

$$H_S = 1 - \sum_i x_i^2 \cdot S$$

On notera \bar{H}_S la moyenne des H_S sur les k sous-populations :

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

H_T représente l'hétérozygotie attendue si toutes les sous-populations étaient regroupées en une seule unité panmictique. Si on note \bar{x}_i la fréquence moyenne de l'allèle A_i sur l'ensemble des k sous-populations, on a :

$$\bar{H}_T = 1 - \sum_i^k \bar{x}_i^2$$

A partir de ces hétérozygoties, trois indices dits paramètres F-Statistiques de Wright ont été définis et mesurent l'écart de l'hétérozygotie par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg à différents niveaux : F_{IS} , F_{ST} , F_{IT}

Le premier indice F_{IS} est défini par la relation :

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

Cet indice représente également le taux de consanguinité et mesure la réduction éventuelle d'hétérozygotie des individus à l'intérieur de leur sous-population.

Dans les populations naturelles où les sous-populations ne sont pas obligatoirement à l'équilibre de Hardy-Weinberg, l'analyse des échantillons pourra indiquer un déficit en hétérozygote (F_{IS} positif) dû à la consanguinité ou à l'homogamie, voire à la sélection. En revanche, si les sous-populations sont à l'équilibre de Hardy-Weinberg, on aura bien $F_{IS} = 0$

Si F_{IS} est négatif, les sous-populations présentent un excès d'hétérozygotes lié à un flux migratoire important provoquant un effet d'hétérogamie.

Entre les sous-populations et la population totale, l'effet de la subdivision est représenté par l'indice F_{ST} .

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

F_{ST} est l'indice de fixation qui correspond à la réduction d'hétérozygotie dans les sous-populations liée aux différences de fréquences alléliques moyennes.

F_{ST} est nul si toutes les sous-populations ont la même fréquence allélique et sont à l'équilibre. Sinon, l'effet Wahlund implique que H_T soit plus grand que H_S et donc F_{ST} sera positif. L'effet Wahlund (1928) est une réduction d'hétérozygotie de la population totale qui s'observe lorsqu'il existe une divergence des fréquences alléliques entre les sous-populations. Elles sont généralement induites par l'effet de la dérive génétique qui agit sur elles. F_{ST} reflète en fait l'action conjuguée de la dérive, qui diversifie les populations, et de la migration, qui tend à les homogénéiser. F_{ST} est ainsi un indicateur de la cohésion de l'ensemble des sous-populations considérées.

Enfin, le dernier indice, F_{IT} , mesure la réduction globale d'hétérozygotie entre l'individu et la population globale théorique :

$$Fit = (Ht - Hi) / Ht$$

Ces trois indices sont liés par la relation : $(1 - Fit) = (1 - Fis)(1 - Fst)$

Si toutes les sous-populations sont à l'équilibre de Hardy-Weinberg on a $Fis = 0$, et donc $Fst = Fit$. Si toutes les populations sont à l'équilibre de Hardy-Weinberg et ont les mêmes fréquences alléliques, Fis et Fst sont nuls et Fit aussi.

1.6. Variabilité inter-races

1.6.1 Distances génétiques

Les distances génétiques sont calculées dans le but de quantifier les différences entre des groupes homogènes d'individus, qui sont des races. Chaque groupe est défini par un certain nombre de critères (les fréquences alléliques par exemple) à partir desquels, la proximité ou l'éloignement entre ces groupes est estimé. La notion de "distance" revient donc à réduire les données en une seule valeur qui caractérise la distance qui sépare les différents groupes.

La méthode classique de calcul d'une distance génétique est de la représenter dans un espace à trois dimensions. Dans ce cas, chaque point aura trois (03) coordonnées qui le positionnent dans l'espace. Il est alors possible de calculer la distance euclidienne entre deux points en utilisant le théorème de Pythagore. Partant de ce

principe, une race peut être représentée comme un "objet mathématique" défini dans un espace à n dimensions dont les coordonnées sont les fréquences alléliques. Il s'agit alors d'extrapoler les principes de géométrie pour calculer un nombre qui prend le "sens" d'une distance. La notion de distance génétique comporte donc une part d'arbitraire et demeure quelque peu abstraite (Laliberté, 1998). De nombreux auteurs se sont intéressés aux propriétés que doit respecter une fonction d pour être considérée comme une fonction de distance. Gregorius (1984), par exemple, en énumère huit en tout. La plupart de ces propriétés s'appliquent intuitivement à la distance classique telle que conçue dans un espace tridimensionnel.

1.6.1.1 Distance de Cavalli-Sforza

Le principe à la base du calcul de la distance de Cavalli-Sforza est le suivant : soit 2 populations X et Y caractérisées par les vecteurs x et y avec :

$$\sum_{i=1}^i P_{ix} = 1 \quad \text{et} \quad \sum_{i=1}^i P_{iy} = 1$$

Ces vecteurs correspondent dans un espace à i dimensions à des points se déplaçant sur la portion d'hyperplan (si $i = 3$). Si $i = 2$, c'est-à-dire si on considère 2 allèles (A et B), par exemple, il s'agit d'un segment de droite AB situé dans le premier quadrant.

On peut songer à mesurer l'écart entre deux vecteurs (xy) par l'angle θ qu'ils forment. Mais un même écart entre x et y sur la droite AB correspond à un angle θ d'autant plus petit que x et y sont proches de A ou de B . En fait, pour que cette distance reste inchangée, il faut que l'angle θ reste le même. Ceci est vrai si les vecteurs (xy) sont de mêmes longueurs. Pour cela, il faut que ces points se déplacent sur une portion d'hypersphère. En effectuant un changement de variable qui remplace les éléments de x et y par leurs racines carrées, de nouveaux vecteurs sont obtenus. Ils correspondent à des points se déplaçant dans un espace à l dimensions sur la portion d'hypersphère de rayon 1. Si $l = 2$, il s'agit de la portion AB du cercle de rayon 1 situé dans le premier quadrant.

Partant de ce concept, la distance entre X et Y (appelée d_{corde}) est calculée à l'aide des principes de la trigonométrie. La méthode de calcul est évidemment extrapolée dans le cas d'un espace à l dimensions ou l représente le nombre de fréquences alléliques caractérisant les races étudiées.

Enfin, Cavalli-Sforza et Bodmer (1971) ont cherché à corréliser cette distance à un paramètre de génétique des populations : la variance de Wahlund. Cette variance (f_{θ}) représente une mesure de l'hétérogénéité entre des populations évoluant indépendamment. Ils obtiennent alors la distance F_{θ} , qui est la distance de Cavalli Sforza (1967) :

$$F_{\theta} = \frac{4 \sum_{k=1}^l 1 - \sum_{i=1}^{ik} \sqrt{P_{ix}P_{iy}}}{\sum_{k=1}^l (1)}$$

1.6.1.2 Distance Standard de Nei (DS ; Nei, 1972)

L'utilisation des mesures de distances et de diversité génétique de Nei se justifie par leur signification biologique (Nei, 1972, 1978; Nei et Roychoudhury, 1974). En effet, ces distances sont basées sur la probabilité d'identité des gènes et donc étroitement associées à la définition du coefficient de parenté. La probabilité de tirer dans deux populations X et Y, le même allèle est :

$$I = \sum_{i=1}^{lk} P_{ix}P_{iy}$$

Il s'agit de l'indice de similarité de Sneath (Sneath et Sokal, 1973). Nei (1972) propose de normaliser cet indice pour qu'il soit compris entre 0 et 1.

$$I = \frac{j_{xy}}{\sqrt{j_x j_y}} \text{ avec } j_{xy} = \sum_{i=1}^{lk} P_{ix}P_{iy}, \quad j_x = \sum_{i=1}^{lk} P_{ix}^2 \text{ et } j_y = \sum_{i=1}^{lk} P_{iy}^2$$

j_x est la probabilité de tirer dans la population X deux allèles identiques, j_y est la probabilité de tirer dans la population Y deux allèles identiques et j_{xy} la probabilité

d'identité d'un allèle tiré dans X et d'un allèle tiré dans Y. Ainsi, $I = 0$ quand les populations n'ont pas d'allèles en commun et $I = 1$ quand les populations sont identiques. Nei (1972) exprime ensuite la distance standard D par :

$$D = -\ln(I)$$

Ainsi, si $I=0$, alors $D = \text{infini}$ et si $I = 1$, alors $D = 0$. De plus, D correspond au nombre moyen de substitutions alléliques survenues à ce locus depuis la séparation des deux populations.

1.6.1.3. Distance minimale de Nei (D_m ; Nei, 1973)

La distance minimale de Nei (D_m ; 1973) se calcule par la formule suivante :

$$D_m = (1 - J_{XY}) - \frac{(1 - J_X) + (1 - J_Y)}{2} = \frac{J_X J_Y}{2} - J_{XY}$$

Le modèle sur lequel est basé la D_m est très simple. Pour connaître le nombre minimal d'allèle différents que peuvent présenter deux populations, X et Y, il ne suffit pas de calculer la distance $1 - J_{XY}$ mais il est nécessaire de soustraire à cette valeur les différences alléliques intrapopulations caractérisées par la moyenne de ses hétérozygoties $(1 - J_X)$ et $(1 - J_Y)$. La D_m de Nei n'est pas proportionnelle au temps évolutif et deux populations avec deux ensembles d'allèles complètement différents peuvent avoir une valeur de D_m largement en dessous de 1.

1.6.1.4. Distance "A" de Nei (D_A ; Nei *et al.*, 1983)

Cette distance a été proposée par Nei *et al.* (1983) dans le but de corriger les distances génétiques comme celle proposée par Cavalli-Sforza et Edwards (1967) du fait qu'elles ne sont pas linéairement corrélées au temps.

Elle a été définie comme :

$$D_A = \sum_{k=1}^r \frac{\left(1 - \sum_{i=1}^{mk} \sqrt{x_{ij} y_{ij}}\right)}{r}$$

où mk représente le nombre d'allèle sur le $k^{ième}$ locus et r le nombre de loci observés.

1.6.1.5. Distance Reynold (D_R ; Reynolds *et al.*, 1983)

Les méthodes d'estimation classique de différenciation génétique entre les populations sont considérées dans les travaux appropriés dans le cas de races en voies de disparition pour lesquelles, les généalogies peuvent être relativement proches et dans lesquelles la dérive génétique et non la mutation paraît tenir dans un label très élevé du processus de différenciation. Dans ce sens, le modèle de Reynolds qui assume les conditions réelles d'absence de mutation est fortement en relation avec la méthode F_{ST} . La distance proposée par ces auteurs se calcule par $D_R = -\ln(1 - F_{ST})$, où

$$F_{ST} \cong \frac{\frac{J_X J_Y}{2} - J_{XY}}{1 - J_{XY}}$$

F_{ST} est en relation linéaire avec la D_m de Nei (1973) au numérateur.

Eding et Laval (1999) rapportent que la D_R est la distance qui caractérise le mieux le processus évolutif récent.

1.6.1.6. Distance allélique (D_{AS} ; Bowcock *et al.*, 1994)

Cette distance, formulée initialement par Bowcock *et al.* (1994), est d'une grande simplicité théorique et se base sur une population où les individus sont identiques du fait qu'ils ont en commun un grand nombre d'allèles. Selon Chakraborty et Jin (1993), et considérant que la proportion des allèles partagés par 2 individus est

$$P_{SA} = \frac{\sum_r S}{2r} \text{ où } S \text{ est la somme des allèles partagés par les individus aux locus } r \text{ de}$$

l'échantillon, la distance allélique se calcule comme :

$$D_{AS} = 1 - \frac{2\bar{P}_{SAkm}}{\bar{P}_{SAk} + \bar{P}_{SAm}}$$

\bar{P}_{SAk} et \bar{P}_{SAm} étant respectivement les proportions moyennes des allèles partagés entre les individus appartenant à chacune des populations k et m, et \bar{P}_{SAkm} la proportion moyenne des allèles communs entre les individus des populations k et m.

1.6.1.7. Coancestralité généalogique et moléculaire

Durant les premières années du XXI^e siècle, de nombreux travaux publiés indiquèrent les méthodes de calcul du coefficient de coancestralité entre des individus à partir de l'information moléculaire (Eding et Meuwissen 2001; Caballero et Toro, 2002). Ces études ont permis une grande avancée dans la caractérisation des populations animales et ont permis de calculer des paramètres équivalents et utiles pour la connaissance de la variabilité génétique au moyen de deux sources d'information différentes : généalogique et moléculaire. La coancestralité moléculaire a été définie par Caballero et Toro (2002) en appliquant la définition de la parenté de Malécot (1948) aux marqueurs moléculaires mais en la rapportant à une identité par état au lieu d'une identité par descendance. Ainsi, la coancestralité moléculaire entre deux individus i et j est la probabilité que deux allèles d'un même locus, pris au hasard chez deux différents individus, soient identiques. La coancestralité moléculaire, pour un locus l, entre deux individus i et j ($f_{ij,l}$) est calculée comme $f_{ij,l} = \frac{1}{4}[I_{11} + I_{12} + I_{21} + I_{22}]$ (Caballero et Toro, 2000, 2002; Eding et Meuwissen, 2001), où I_{xy} est égale à 1 quand l'allèle x au locus l chez l'individu i et l'allèle y sur le même locus chez l'individu j sont identiques, et zéro dans les autres cas. Ce paramètre peut prendre uniquement 4 valeurs que sont 0, $\frac{1}{4}$, $\frac{1}{2}$ et 1.

La coancestralité moléculaire entre 2 individus i et j (f_{ij}) peut être calculée simplement

par la moyenne des L loci analysés, $f_{ij} = \frac{\sum_{l=1}^L f_{ij,l}}{L}$. La matrice des distances de parenté entre individus (D_k) se calcule comme $D_k = [(s_i + s_j)/2] - f_{ij}$ (Caballero et Toro, 2002), avec s_i l'autocoancestralité moléculaire pour l'individu i, comme étant :

$s_i = \frac{(1 + F_i)}{2}$ où F_i est l'homozygotie pour l'individu i , et f_{ij} la coancestralité moléculaire entre les individus i et j .

La coancestralité moléculaire f_{ij} possède des propriétés théoriques intéressantes, spécialement quand la valeur de ce paramètre entre populations redevient rapidement constante malgré la séparation même de la population, provoquant, dans les conditions idéales, la constance de la diversité génétique entre populations (Eding et Meuwissen, 2001), et sa coïncidence avec l'homozygotie attendue dans la population source (Nei, 1972).

De fait, la coancestralité moléculaire peut être calculée à partir des fréquences alléliques comme $f_{ij} = \sum_{ij} x_{ij} y_{ij}$ (Eding et Meuwissen, 2001; Caballero et Toro, 2002), où x_{ij} et y_{ij} sont les fréquences du $i^{\text{ème}}$ allèle du $j^{\text{ème}}$ locus chez un individu pour des populations x et y .

Les paramètres F-Statistiques de Wright (1969), F_{IT} , F_{ST} , et F_{IS} peuvent être calculés en fonction de la coancestralité moléculaire (Caballero et Toro, 2002; Eding et Meuwissen, 2001) comme :

$F_{IT} = \frac{\tilde{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}}$, $F_{ST} = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$, and $F_{IS} = \frac{\tilde{F} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$, où \tilde{f} et \tilde{F} , sont respectivement, la valeur moyenne de la coancestralité et l'endogamie moléculaires dans la population totale.

Les distances minimale et standard de Nei (1987) entre les populations k et m peuvent être estimées, respectivement, comme $D_m = [(f_{kk} + f_{mm}) / 2] - f_{km}$ et $D_s = -\ln [(f_{kk} \cdot f_{mm})^{1/2}]$, où f_{kk} et f_{mm} sont, respectivement, la coancestralité moléculaire moyenne entre les individus à l'intérieur des populations k et m , et f_{km} , la coancestralité moléculaire moyenne entre les individus des populations k et m .

1.6.2 Construction des phénogrammes

Les phénogrammes sont des diagrammes qui traduisent le degré de similitude entre les races ou les sous-populations. Ils reflètent une ressemblance globale quelque soit son origine. En effet, le degré de similitude n'est pas nécessairement le reflet du

degré de parenté. La ressemblance entre les groupes peut être due aussi bien au partage de caractères hérités d'un ancêtre commun proche qu'au partage de caractères hérités d'un ancêtre plus lointain (homologie). L'identité de caractères peut être aussi due à l'apparition indépendante de caractères similaires dits homoplasie.

Le phénogramme peut être aussi considéré comme représentant correctement la phylogénie du groupe seulement si les taux d'évolution sont constants dans les diverses lignées et au cours du temps. Quoi qu'il en soit, on considère que plus la ressemblance entre deux unités évolutives, par exemple la race, est importante, plus la parenté entre elles, a des chances d'être proche.

Il existe différentes méthodes phénétiques qui se distinguent par leurs hypothèses évolutives et leurs algorithmes : les méthodes du Plus Proche Voisin ou Neighbour-Joining (NJ) de Saitou et Nei, (1987) et du Unweighted Pair Group Method Analysis (UPGMA).

Ces méthodes sont dites agglomératives parce qu'elles regroupent les populations en partant des plus ressemblantes pour aller jusqu'aux moins ressemblantes. Ainsi, dans une première étape, les populations les plus ressemblantes sont recherchées et regroupées. Une nouvelle matrice de distances est alors calculée. Le mode de calcul de cette nouvelle matrice varie d'une méthode à l'autre.

La méthode UPGMA est utilisée pour reconstruire des arbres phylogénétiques si les séquences ne sont pas trop divergentes. Chaque nouvelle distance est obtenue en calculant une moyenne pondérée par le nombre de populations considérées. Le processus est poursuivi jusqu'à ce que toutes les populations soient regroupées en une seule population hypothétique. L'inconvénient majeur de cette méthode est la sensibilité à des taux de mutation différents sur les différentes branches.

La méthode du NJ est très semblable à la méthode UPGMA. Elle tente de corriger la méthode UPGMA afin d'autoriser un taux de mutation différent sur les branches. De la même façon, dans une première étape, les deux unités évolutives (UE) les plus proches sont recherchées et regroupées. Considérons qu'il s'agit de X et Y. Une nouvelle matrice de distance est ensuite calculée après avoir retiré X et Y pour les

remplacer par l'unité évolutive hypothétique a (UEHa). Les distances de cette UEHa aux autres UE sont celles préconisées par Fitch et Margoliash (1967) :

$$dak = \frac{1}{2}(d_{XK} + d_{YK} - d_{XY})$$

Le processus est poursuivi ainsi jusqu'à ce que toutes les UE soient agglomérées.

Les méthodes NJ et UPGMA sont basées sur les mesures de distances entre séquences prises 2 à 2, c'est-à-dire le nombre de substitutions de nucléotides ou d'acides aminés entre ces deux séquences.

Il existe aussi d'autres méthodes basées sur les caractères qui s'intéressent au nombre de mutations (substitutions/insertions/délétions) qui affectent chacun des sites de la séquence : il s'agit de la Parcimonie qui consiste à minimiser le nombre de "pas" (mutations / substitutions) nécessaire pour passer d'une séquence à une autre dans une topologie de l'arbre et du Maximum de vraisemblance qui évalue, en terme de probabilité, l'ordre des branchements et la longueur des branches d'un arbre sous un modèle évolutif donné.

1.6.3 Fiabilité des arbres

Le test du Bootstrap est utilisé pour évaluer la confiance que l'on peut accorder à un arbre (Felsenstein, 1995; Wu, 1986). Cette méthode suppose que les caractères ont évolué indépendamment les uns des autres et suivent une même loi de distribution. Il s'effectue par ré-échantillonnage des caractères avec remise. Un tirage au hasard avec remise de k caractères parmi les K constituant les données est effectué. Un arbre est construit après chaque ré-échantillonnage, ce processus étant réitéré 500 fois, par exemple. Un arbre de consensus synthétise les 500 arbres ainsi obtenus, permettant de visualiser leurs concordances. Dans la représentation donnée, chaque nœud (regroupement) est accompagné de son pourcentage d'apparition. En principe, un nœud est considéré comme significatif s'il apparaît dans 95% des arbres. Cependant, dans la littérature concernant l'étude de races et non d'espèces (Machugh *et al.*, 1994;

Bowcock *et al.*, 1994), le seuil de stabilité du nœud est en général fixé à 75%, les valeurs inférieures à 50% étant à considérer avec prudence.

CHAPITRE II : MATERIEL ET METHODES

2.1. Cadre de l'étude

Le contexte institutionnel ayant servi de cadre pour la réalisation de ces travaux était composé des structures suivantes :

- Le Laboratoire de Biologie et Physiologie Animales de l'UFR-SVT (Université de Ouagadougou).
- Le Laboratoire de l'Unité d'Etude et de Recherches en Biologie et Santé Animales du Département Productions Animales de l'INERA (CNRST).
- Le Laboratoire National d'Elevage (LNE) de Ouagadougou du Ministère des Ressources Animales.

Ces trois laboratoires ont servi aux travaux de base, notamment la réception et la conservation des échantillons ainsi que la purification des cellules blanches du sang total.

- Le Laboratoire de Génétique Moléculaire du Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA) del Principado de Asturias, Área de genética y reproducción animal, Gijón, Espagne. Les travaux d'extraction d'ADN, de génotypage, de séquençage de l'ADNmt et d'analyse des données ont été effectués au sein de ce laboratoire.

2.2. Description des sites d'enquête

2.2.1. Sites des enquêtes morpho-biométriques

Les enquêtes morpho-biométriques ont été menées en 2 séquences :

La première enquête de caractérisation morphologique a été menée uniquement dans la zone Soudano-Sahélienne sur les caprins de type mossi. Elle a été conduite au niveau des élevages périurbains et au niveau de certains marchés à bétail de la ville de Ouagadougou.

La deuxième enquête a couvert 13 provinces du Burkina Faso, soit environ 30% du territoire national. Les superficies des différentes provinces sont indiquées dans le tableau I où figurent également certains paramètres du plan d'échantillonnage.

Tableau I : Superficies des provinces, peuplement caprin, densité animale, nombre d'animaux enquêtés et ratio d'échantillonnage

Provinces	Superficies (Km ²)	Effectifs d'animaux	Densité animale	Nombre de sites	Nombre d'animaux enquêtés	Ratio d'échantillonnage
Bazéga	3963	204 646	51,63	8	482	1/425
Boulgou	6692	237 205	35,45	9	543	1/437
Boulkiemdé	4269	472 929	110,78	18	1083	1/437
Gnagna	8648	501 088	57,94	19	1145	1/438
Kossi	7324	178 445	24,36	7	420	1/425
Mouhoun	6668	248 770	37,31	9	543	1/458
Oudalan	9797	302 332	30,86	11	668	1/453
Sanmatenga	9281	393 883	42,44	15	905	1/434
Seno	6863	762 194	111,05	29	1756	1/434
Sissili	7136	338 982	47,50	13	791	1/429
Tapoa	14594	300 661	20,60	11	663	1/453
Yatenga	6990	367 596	52,59	14	856	1/429
Kourwéogo	1588	132 138	83,21	5	292	1/453
13	80 713	4 440 869	55,02	168	10 147	1/438

Ces sites appartiennent à 3 zones agro-écologiques différentes (Figure 3) du Burkina Faso :

i) La zone sahéenne qui s'étend au Nord du pays entre les latitudes 13°5'N à 15°3'N. Elle est caractérisée par une pluviométrie faible (moins de 600 mm), des températures élevées allant de 15°C à 47°C. Les formations végétales naturelles sont constituées par des savanes et des steppes d'arbustes épineux, des brousses tigrées, des forêts galeries et des formations de bas-fonds quelquefois denses (Guinko, 1984). Cette zone comprend les provinces de l'Oudalan, du Séno, du Sanmatenga, de la Gnagna et du Yatenga. Cependant, certains départements des provinces du Sanmatenga et de la Gnagna appartiennent à la zone Soudano-Sahéenne.

ii) La zone Soudano-Sahélienne est située au centre du pays entre 11°3' et 13°5' de latitude Nord avec un climat de type Nord-Soudanien (Guinko, 1984). Elle est caractérisée par une courte saison pluvieuse de juin à octobre avec une pluviométrie moyenne de 750 mm. Les températures moyennes annuelles varient de 20°C à 42°C. La végétation est constituée de savanes arborées à arbustives avec des strates herbacées dominées par des graminées (*Pennisetum*, *Cenchrus*, *Aristida*, *Brachiaria*, etc.) et des ligneux (*Combretum micranthum*, *Lanea microcarpa*, *Parkia biglobosa*, *Vitallaria paradoxa*, etc.). Cette zone comprend les provinces de la Tapoa, du Boulkiemdé, de la Kossi et du Kourwéogo. Les provinces du Boulgou, du Bazéga, de la Sissili et du Mouhoun sont à la limite de la zone Soudano-Sahélienne avec certains départements appartenant à la zone Soudanienne.

iii) La zone Soudanienne s'étend au Sud entre les latitudes 9°3' et 11°3' N. Cette zone est caractérisée par des pluies relativement abondantes, supérieures à 900 mm et des températures moyennes relativement basses qui varient de 17°C à 35°C. La végétation de la zone est constituée de savane arborée avec des strates herbacées.

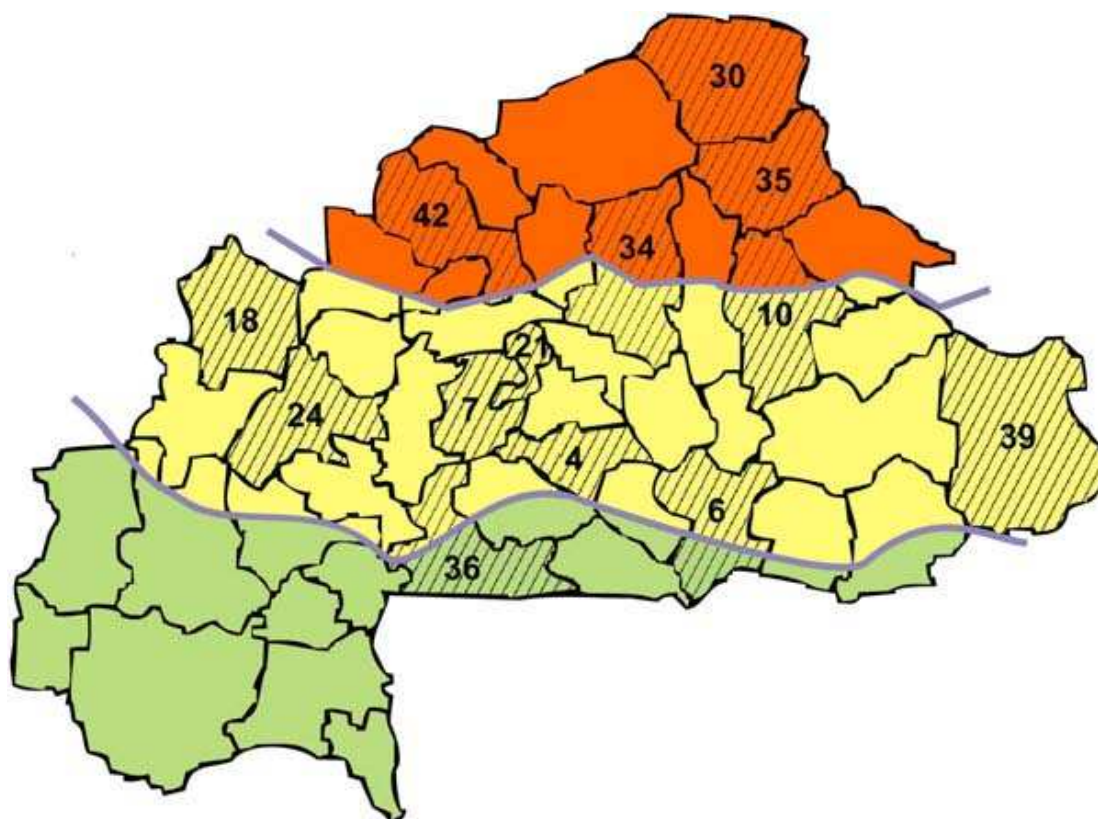


Figure 3 : Répartition des sites d'enquêtes par zone agro-écologique du Burkina Faso.

Les coordonnées géographiques de l'ensemble des sites ont été prises à l'aide d'un GPS type Garmin 50 afin de mettre en évidence un éventuel gradient d'évolution des paramètres et indices biométriques considérés avec la latitude Nord.

La population caprine du Burkina Faso, objet de notre étude est composée de 3 types génétiques majeures, basés sur les critères morpho-biométriques et géographiques, pouvant être considérés comme race (Simon, 1999) : la chèvre Djallonké, la chèvre naine Mossi et la Chèvre du Sahel. Ces trois populations occupent respectivement les trois zones agro-écologiques décrites ci-dessus : la zone Soudanienne, la zone Soudano-Sahélienne et la zone Sahélienne :

La chèvre du Sahel du Burkina Faso : L'aire de répartition de cette population caprine est constituée par toute la zone sahéenne d'Afrique de l'Ouest, du Soudan à la Mauritanie. Les animaux sont de type rectiligne, longiligne, hypermétrique dont la taille au garrot atteint 0,80 m à 0,85 m chez le bouc et 0,70 m à 0,75 m chez la chèvre (Figure 4), le poids varie de 25 à 35 kg. La robe est très souvent conjuguée noire, blanche, rouge ; les cornes sont longues et épaisses chez le mâle, fine chez la femelle. Les barbiches et les pendeloques sont fréquentes. Le ventre est levretté avec une queue courte et bien relevée. La production laitière est de 100 à 320 kg en 120 jours ; cette chèvre donne souvent deux petits par portée. La viande est de bonne qualité (Sanfo *et al.*, 2000).



photo Tamboura *et al.*, 2008

Figure 4 : Chèvre du Sahel Burkinabé

La chèvre Mossi : Elle est localisée dans la zone Soudano-Sahélienne du Burkina Faso et est considérée comme une hybride entre la chèvre du Sahel et la chèvre Djallonké (Tamboura *et al.*, 1998). L'animal est de petite taille (60 cm) ; son poids varie de 25 à 28 kg. Sa robe est uniformément acajou brillant à poils courts avec des extrémités légèrement plus foncées (Figure 5). La tête est fine et les cornes moyennement développées. Les oreilles sont longues, tombantes et souvent horizontales. C'est un bon animal de boucherie. Sa peau est très appréciée en tannerie. Sa production laitière est intermédiaire entre celle des chèvres du Sahel et des Chèvres Djallonké.



photo Tamboura *et al.*, 2008

Figure 5 : Chèvre Mossi du Burkina

La chèvre Djallonké : Elle se rencontre au Sud dans la zone soudanienne, dans toute la zone guinéenne et dans la zone forestière de la Côte d'Ivoire, du Liberia, du Ghana, du Togo, du Bénin et du Nigéria. Elle est de petite taille (0,40 à 0,50 m). La taille est d' autant plus petite que l'on descend vers le Sud. Le poids varie de 15 à 20 kg. Ce sont des animaux rectilignes, brévilignes, ellipométrique, trapus, bien en chair, la robe est brune à extrémités noires (Figure 6). Très rustiques, ces chèvres vivent parfaitement dans les zones où le bœuf ne peut être élevé en raison de la présence des glossines. Elles donnent une viande excellente mais elles sont moins bonnes laitières que les chèvres du Sahel. En élevage traditionnel, la femelle Djallonké produit 0,250 l de lait par jour. Cette production peut atteindre une moyenne de 320 g de lait par jour en 126 jours de lactation (Sangaré, 2005).



photo Tamboura *et al*, 2008

Figure 6 : Chèvre Djallonké

2.2.2. Sites d'échantillonnage d'étude des marqueurs moléculaires

Pour l'étude du polymorphisme des marqueurs moléculaires, les sites ont été retenus de sorte à couvrir les 3 zones agro-écologiques du Burkina Faso à raison d'une province par zone : la province du Poni (Zone Soudanienne), la province du Kadiogo (Zone Soudano-Sahélienne) et la province du Séno (Zone Sahélienne). Les sites retenus et le plan d'échantillonnage sont consignés dans la figure 2. Les 3 zones retenues sont censées abriter les 3 races faisant l'objet de notre étude : la race Djallonké dans la province du Poni, la race Mossi dans la province du Kadiogo et la race Sahélienne dans la province du Séno.

2.3. Echantillonnage et méthodologies

2.3.1. Caractérisation morphologique des caprins de race locale mossi.

L'échantillonnage a été mené au sein de 6 élevages périurbains et de 2 marchés à bétail de la ville de Ouagadougou. L'étude a concerné des caprins de race locale "Mossi" dont l'âge est compris entre 10 jours et 9 ans. Au total, 112 animaux ont fait l'objet de mensurations.

La méthodologie a consisté d'abord à faire un recensement des éleveurs puis à administrer un questionnaire à ces derniers. Cet entretien consistait à leur expliquer le but du travail et comment l'équipe allait procéder. Le travail proprement dit s'est effectué en trois phases : la première phase a concerné la notation des renseignements sur l'âge (mois) des animaux selon l'avis du berger et l'examen de la dentition, la deuxième phase a consisté à noter les caractères visibles tels que la structure du poil (a: Court et dur; b: Court et lisse; c: Long et dur; et d: Long et lisse), le port de l'oreille (a : dressé long; b : dressé court; c : tombant long; et d : tombant court), la présence ou non de barbiche ou de corne et la couleur de la robe (1 : blanc; 2 : noir; 3 : noir et blanc; 4 : brun; et 5 : blanc brun) et dans la dernière phase, il s'est agi des mesures de : la hauteur au garrot (HG) (cm), du périmètre thoracique (PT) (cm), de la longueur de la diagonale du corps (LDC) (cm), la hauteur à la croupe (HC) (cm) et le poids vif (PV) (kg) à l'aide d'un mètre ruban. Ces mesures ont été faites selon le procédé décrit par Katongole *et al.* en 1994.

2.3.2. Analyse multivariée des caractères morphologiques des races locales caprines du Burkina Faso

L'échantillonnage a été mené de Mai 2006 à Avril 2007, dans un total de 168 villages au niveau de 13 provinces du Burkina Faso, couvrant les 3 zones agro-écologiques du pays. Dans chaque village, 2 à 5 troupeaux ont été échantillonnés, ceci afin de limiter au maximum l'apparentement entre les animaux. Les animaux concernés par la présente étude étaient tous des femelles adultes ayant entre 6 et 8 dents adultes (2,5 à 4 ans) comme l'avait suggéré l'étude de Bouchel (1995) où une tendance à la standardisation des paramètres biométriques s'observe à cet âge. L'utilisation des femelles de préférence aux mâles se justifie aussi par le fait qu'elles sont numériquement plus importantes et qu'elles passent un temps plus long dans les troupeaux alors que les mâles sont exploités à un âge relativement jeune.

Les élevages ont été choisis en fonction de la densité du peuplement caprin et le nombre d'animaux par site tient compte des effectifs officiels fournis par l'ENEC II

(2004). L'étude a concerné 10147 caprins repartis dans 168 sites d'élevage dans les 13 provinces considérées.

La description de l'échantillonnage par zone agro-écologique est rapportée dans le tableau II ci-dessous.

Tableau II : Description de l'échantillonnage par zone agro-écologique

Provinces	Nombre		Zones agro-écologiques		
	de Villages	d'Individus échantillonnés	Sahélienne	Soudano-Sahélienne	Soudanienne
Bazéga	8	482		482	
Boulgou	9	543			543
Boulkiemdé	18	1083		1083	
Gnagna	19	1145	660	485	
Kossi	7	420		420	
Mouhoun	9	543		543	
Oudalan	11	668	668		
Sanmatenga	15	905	482	423	
Seno	29	1756	1756		
Sissili	13	791			791
Tapoa	11	663		663	
Yatenga	14	856	856		
Kourwéogo	5	292		292	
Total	168	10147	4422	4391	1334

La méthodologie de recueil des données s'est inspirée du bordereau proposé par Zeuh *et al.* (1997) dans leur étude sur la cartographie des ressources génétiques caprines du Tchad du Sud-Ouest.

Dans notre travail, 7 paramètres quantitatifs ont été mesurés et 12 paramètres qualitatifs évalués par 4 techniciens différents.

Les paramètres quantitatifs mesurés sont : la Longueur des Cornes (CPB, de la pointe à la base), la séparation des cornes (CBB, distance entre les deux bases), la distance entre les pointes des cornes (CPP, de la pointe à la pointe), la Longueur des Oreilles (LO), la Profondeur du Thorax (TD), la Longueur du Corps (BL, distance entre la pointe de l'épaule et la tubérosité ischiale) et la Hauteur au Garrot (HW). Ces mesures ont été faites à l'aide d'une canne-toise zootechnique et d'un mètre ruban, selon la représentation schématique des mensurations utilisées pour le calcul de

l'indice de gracilité sous-sternal (IGs) sur le schéma squelettique de la chèvre donné par Châtelain (1987) (figure 7).

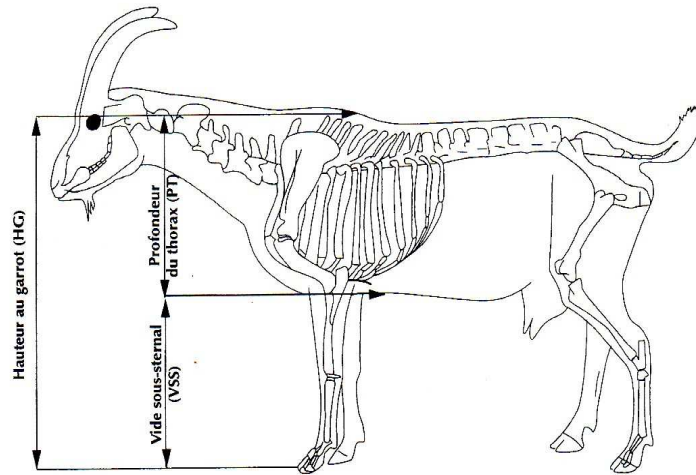


Figure 7 : Représentation schématique des mensurations utilisées pour le calcul de l'IGs sur le schéma squelettique de la chèvre.

A partir de ces mensurations, 2 indices possédant un fort pouvoir discriminant et éprouvé pour distinguer les sous-populations ont été calculés :

i) L'indice de gracilité sous-sternal (IGs) qui est égal au rapport du vide sous-sternal (VSS) et de la profondeur du thorax ; le VSS étant la différence entre la HG et la PT.

$$IGs = [HG-PT]/PT$$

ii) L'indice auriculaire thorax (IA_t) qui est égal au rapport de la LO et de la profondeur du thorax.

$$IA_t = LO / PT$$

Les paramètres qualitatifs évalués sont :

- le Patron Coloré (CP) avec 5 niveaux : Noir, Noir-Roux, Roux, Noir-blanc, Sauvage. Ce paramètre décrit la répartition par zone des différents pigments des poils dans la robe ; le type sauvage correspond à la présence de 2 bandes d'eumélanine de chaque côté du chanfrein, comme une tête de blaireau.
- le type d'Eumélanine (MT, avec 3 niveaux (Noir, Brun, Illisible)) : dans le patron pigmentaire, si le noir est bien noir sur l'animal, le type d'Eumélanine est noir; si le noir du dessin est remplacé par du brun foncé sur l'animal, le

type d'eumélanine est brun. Le type d'eumélanine illisible ne correspond ni au noir, ni au brun.

- le Rouan (R, avec 2 niveaux : présence/absence) : Le rouan correspond à un mélange de poils blancs et pigmentés (apparence rose saumon ou orange) dans la couleur de base de l'animal.
- la Ceinture (B, avec 4 niveaux : absence, ventre blanc, moitié du corps blanc, illisible) : la panachure est l'absence totale de pigment dans le poil correspondant à des zones totalement blanches. S'il n'y a pas de tâche blanche dans la robe, la ceinture est absente; si les tâches sont limitées au ventre, on note « ventre blanc » ; L'illisible correspond à une mauvaise répartition des zones blanches.
- le Frosting (F, avec 2 niveaux : présence/absence) : il correspond à de très petites zones de poils blancs bien individualisés, ressemblant à un saupoudrage de sucre ou de givre.
- la Barbiche (B) avec 2 niveaux : présence/absence.
- les Pampilles (W) avec 2 niveaux : présence/absence.
- le Poils Long (LH) avec 2 niveaux : présence/absence.
- le Type de Cornage (HT) avec 5 niveaux : absence, Bezoar, Markhor, Spanish ibex et East caucasian.
- la Position de l'oreille (EP) avec 4 niveaux : vertical, horizontal, tombant, pédonculé.
- la bouclure de l'oreille (EC) avec 2 niveaux : présence/absence.
- l'état du développement du pis (UD) avec 3 niveaux : grand, moyen et petit.

2.3.3. Etude du polymorphisme des marqueurs moléculaires

Tenant compte des difficultés logistiques et d'accès des sites, nous avons retenu de travailler sur trois (03) provinces suffisamment représentatives des principales zones agro-écologiques et climatiques du pays (figure 8). Deux (02) à cinq (05) villages ont

été retenus dans chaque province et 2 à 5 troupeaux ont été retenus par village, en fonction de la densité du cheptel (ENEC II, 2004). L'échantillonnage a ainsi porté sur 133 animaux (66 mâles et 67 femelles).

Les prélèvements ont été limités à trois (03) animaux par troupeau afin d'éviter l'apparentement entre les animaux échantillonnés, ce qui permet de maximiser la variabilité génétique. Avant de réaliser les prélèvements, les producteurs ont été d'abord questionnés sur la filiation des animaux au sein d'un même troupeau.

Par ailleurs, 72 échantillons (34 mâles et 38 femelles) appartenant à 2 sous-populations (Est et Ouest) de la race Espagnole Bermeya ont été prélevées afin de servir comme groupe de référence. En effet, ces 2 sous-populations sont très différenciées depuis le 20^{ème} siècle, ce qui permet leur utilisation comme groupe de référence et surtout dans l'évaluation du flux de gène entre les races du Burkina.

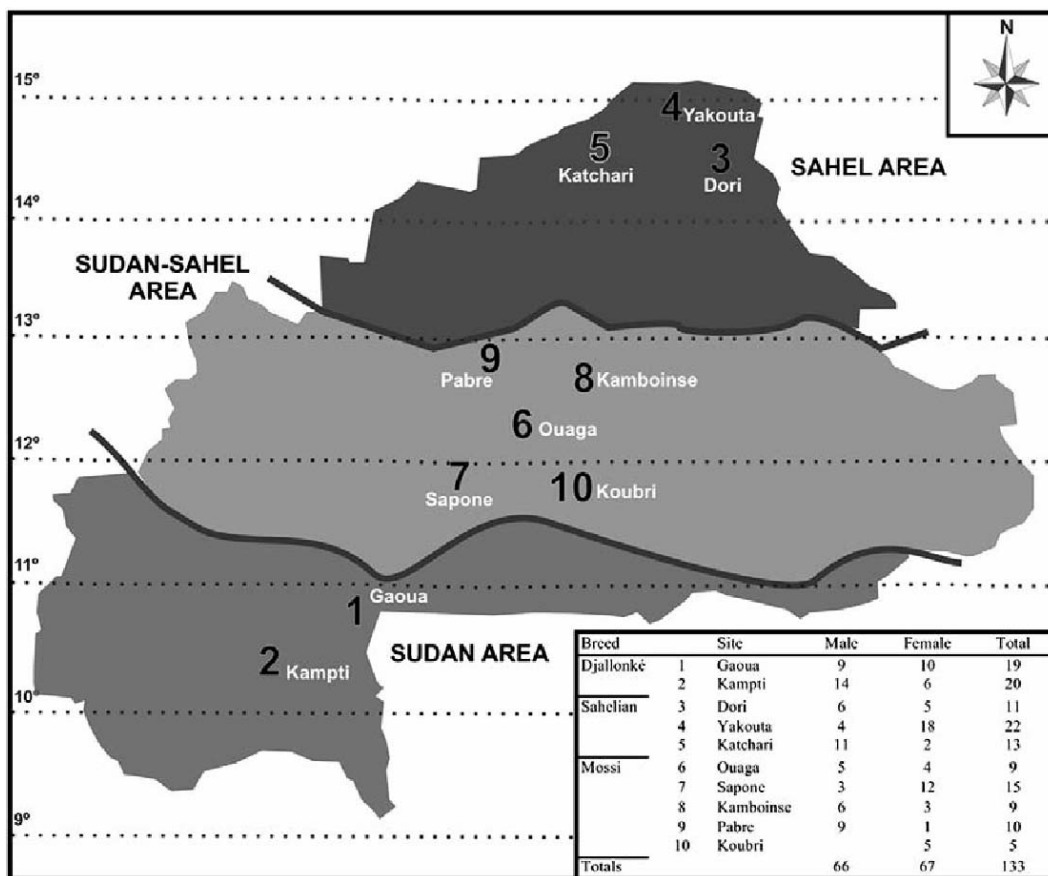


Figure 8 : Plan d'échantillonnage spatial pour les analyses moléculaires

2.3.3.1. Prélèvements biologiques et extraction d'ADN

Les prélèvements biologiques effectués sont représentés par le sang total obtenu par ponction à la veine jugulaire dans des tubes EDTA, conservés à 4°C jusqu'à l'extraction d'ADN.

Les échantillons de sang récoltés au Burkina Faso ont été purifiés dans une solution de Phosphate Buffered Saline (PBS) et les cellules blanches ont été séchées sur du papier buvard. L'extraction d'ADN a été effectuée en utilisant un kit Invisorb selon le protocole du fabricant.

Quant aux échantillons prélevés en Espagne, l'extraction d'ADN a été effectuée selon le protocole classique phénol/chloroforme de Sambrook *et al.* (1989) : dans 600 µl de sang, on ajoute 800 µl de tampon T₁₀E₁₀ (10 mM Tris-HCl 1M, pH 7,5, 100 mM EDTA 0,1 M, pH 8, H₂O jusqu'à 1l) contenant 60 µg de protéinase K (20 mg/ml). Après centrifugation et lavage du culot, le mélange est mis en incubation à 37°C au bain-marie pendant 24 heures. Nous avons ensuite fait une double extraction de l'ADN dans un volume de phénol-chloroforme (25 : 24) et de chloroforme-alcool-isoamylique (24 : 1). Cet ADN est ensuite précipité en ajoutant 2 volumes d'éthanol frais en présence d'une forte concentration de sel (10% 3 M acétate de sodium). La méduse est ensuite lavée à l'éthanol 70%, séchée et dissoute dans 500 µl de tampon T₁₀E₁ (10 mM Tris-HCl, 10 mM EDTA) et stockée à 4°C jusqu'à l'amplification génique.

2.3.3.2. Etude du polymorphisme des marqueurs microsatellites

2.3.3.2.1. Principe et choix des marqueurs microsatellites

La variabilité génétique des individus se mesure à l'aide du nombre de répétitions du motif des microsatellites qui diffère d'un allèle à l'autre. Ainsi, pour repérer les allèles d'un microsatellite, il s'agit d'amplifier par PCR une région du génome qui le contient. La taille des amplicons est déterminée par électrophorèse capillaire. L'approche fluorescente, nécessitant un séquenceur automatique d'analyse d'ADN a permis de mettre en évidence le polymorphisme des microsatellites. L'appareillage

utilisé est un automate d'analyse d'ADN de type ABI 310 (Applied Biosystems) composé d'un module d'électrophorèse et d'un logiciel "GeneScan". Il permet le dépôt de 96 échantillons différents par gel et la mise en évidence simultanée du polymorphisme de plusieurs microsatellites par animal et par gel.

Au niveau de l'automate, pendant la migration, les fluorophores au nombre de 4 (rouge, bleu, vert et jaune), sont excités par un rayon laser qui balaie la partie inférieure du gel. Ils émettent alors une lumière de longueur d'onde spécifique. Celle-ci passe à travers une roue à filtre avant d'être reprise par un tube photomultiplicateur qui la convertit en signal électrique. Les données brutes sont ensuite transmises à un ordinateur. Un logiciel, le GeneScan, reconstruit l'image du gel.

Le choix des marqueurs microsatellites a été fait en fonction de leurs caractéristiques génétiques : polymorphisme, localisation, étude préalable dans d'autres populations notamment espagnoles (Alvarez *et al.*, 2004) et de leurs caractéristiques techniques (aptitude à l'amplification, lecture aisée des résultats, utilisation dans un multiplex d'analyse). De plus, la plupart de ces microsatellites choisis fait partie du panel de marqueurs recommandés par l'Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture (F.A.O.) pour l'analyse de la diversité des races animales.

Ainsi, 27 marqueurs microsatellites ont été utilisés dans 2 multiplex d'analyses (tableaux 3 et 4) avec respectivement 13 et 14 marqueurs. Les conditions de PCR des couples d'amorces utilisés pour ce travail ont été définies par Alvarez *et al.* (2004).

2.3.3.2.2. Amplification PCR et génotypage

L'amplification génique (PCR) a été faite avec un thermocycler de marque Perkin Elmer, modèle Cetus 9600. Le génotypage et le séquençage ont été faits en utilisant un séquenceur automatique modèle ABI 310 (Applied Biosystems). La PCR a été réalisée avec un kit QIAGEN® Multiplex PCR kit (catalogue numéro 206145) 2X qui contient tous les nécessaires de la PCR (TaqDNA polymérase, tampon PCR, dNTP Mix et MgCl₂). 2 mix PCR, M1 et M2 (avec les amorces à 20X) ont été réalisés conformément aux tableaux III et IV ci-dessous :

Tableau III : Mélange réactionnel 1 (M1)

58°C	M1		20X (100µl)
Marqueur	Taille	Concentration finale dans la PCR	Volume du stock pour avoir les amorces à 20x
	96-114	0,30µM	3,0µl
BM6526	150-196	0,13µM	1,3µl
ILSTS11	260-284	0,30µM	3,0µl
			85,40µl (T ₁₀ E ₁)
McM53	71-105	0,15µM	1,5µl
RBP3	123-153	0,30µM	3,0µl
CSSM66	170-270	0,20µM	2,0µl
			87,00µl (T ₁₀ E ₁)
BMS356	108-112	0,15µM	1,5µl
BMS2626	165-171	0,15µM	1,5µl
BM757	176-186	0,15µM	1,5µl
			91,00µl (T ₁₀ E ₁)
BM2504	131-153	0,15µM	1,5µl
LSCV29	190-250	0,15µM	1,5µl
			94,00µl (T ₁₀ E ₁)

Tableau IV : Mélange réactionnel 2 (M2)

52°C	M2		20X (100µl)
Marqueur	Taille	Concentration finale dans la PCR	Volume du stock, pour avoir les amorces à 20x
BM8125	108-122	0,18µM	1,8µl
CSSM31	125-169	0,25µM	2,5µl
ILSTS05	174-196	0,30µM	3,0µl
CSR2111	318-360	0,45µM	4,5µl
			76,40µl
OarHH64	114-130	0,12µM	1,2µl
BMS2461	144-174	0,15µM	1,5µl
BMS2843	215-237	0,35µM	3,5µl
			87,60µl
INRA026	85-123	0,20µM	2,0µl
McM527	130-185	0,15µM	1,5µl
INRA023	198-223	0,30µM	3,0µl
			87,00µl
BMS975	81-97	0,30µM	3,0µl
TGLA53	112-138	0,18µM	1,8µl
CSSM015	190-225	0,15µM	1,5µl
SPS115	231-249	0,18µM	1,8µl
			83,80µl

Le volume réactionnel de la PCR était de 10 μ l : 5 μ l qiagen 2X + 0,5 μ l amorce bleu (FAM) + 0,5 μ l amorce noire (NED) + 0,5 μ l amorce rouge (PET) + 0,5 μ l amorce vert (VIC) + 1 μ l d'eau + 2 μ l d'ADN.

Le protocole d'amplification est résumé ci-dessous :

94 °C -- 5 minutes : dénaturation initiale de l'ADN

94 °C - 30 secondes : dénaturation de l'ADN

58 °C (M1)/52 °C (M2) - 30 secondes : hybridation des amorces

72 °C - 45 secondes : Elongation

} 30 cycles

72 °C- 45 minutes : Elongation finale

A la fin de la PCR, chaque multiplexe est dilué au 1/50 (2 μ l PCR + 98 μ l H₂O).

2.3.4. Détection et analyse des produits PCR

Les produits de l'amplification PCR sont constitués d'un ou de plusieurs fragments d'ADN (la ou les séquences d'intérêt). La vérification de la réussite de l'amplification génique a été réalisée par électrophorèse sur gel d'agarose. L'ADN est révélé par une coloration au bromure d'éthidium. Ainsi, les produits sont-ils visibles instantanément par transillumination aux ultraviolets (280 - 320 nm). Cela permet de voir sur le gel avec un marqueur de poids moléculaire que les tailles des bandes sont celles qui sont attendues.

Pour le génotypage, le tampon de charge était composé de 9,8 μ l de formamide (Hi-Di formamide, Applied Biosystems) et 0,2 μ l de marqueur LIZ (marker, Applied Biosystems) et finalement 10 μ l du tampon de charge et 1 μ l PCR ont été chargé au séquenceur.

L'analyse des produits a été faite à l'aide d'un système automatisé qui est en fait un analyseur de fragment qui utilise le principe de l'électrophorèse capillaire.

La détection des fragments pour le génotypage a été réalisée par une diode laser car les amorces utilisées ont été couplées à des fluorochromes.

2.4. Séquençage de l'ADN mitochondrial

Un échantillon de 51 individus a été obtenu sur les 3 principales races du Burkina Faso : Chèvre du Sahel (20), Chèvre Mossi (17) et Chèvre Djallonké (14). Les prélèvements ont été effectués conformément aux travaux de Luikart *et al.* (2001) qui suggèrent d'échantillonner uniquement dans les villages en excluant les centres de recherches, les villes et les régions côtières à cause des possibilités de métissage avec des races exotiques.

Des échantillons supplémentaires provenant d'autres races d'autres pays ont été aussi utilisés : 10 prélèvements d'une race caprine Camerounaise issus d'un zoo en Espagne ; 30 échantillons de la race caprine Bermeya espagnole (Alvarez *et al.*, 2008) et 5 échantillons de la race espagnole Guadarama.

Nous avons aussi inclus dans nos analyses, 15 séquences (12 du Nigéria et 3 du Sénégal) disponibles au niveau de la banque de Gène en ligne (Genbank).

Au total, 111 échantillons ont été séquencés dont 76 provenant de races Africaines.

Le fragment d'ADN à séquencer est dans un premier temps amplifié (selon les protocoles classiques de PCR) avec les amorces décrites par Nadéri *et al.* (2007) :

CAP-F CGTGTATGCAAGTACATTAC

CAP-R CTGATTAGTCATTAGTCCATC

La PCR a été faite dans un volume réactionnel de 20 μ l contenant du tampon PCR 10x, Cl_2Mg 20 mM, dNTPs 2 mM, Cap-F 5 μ M, Cap-R 5 μ M, H_2O et Taq (Biotools). Le protocole d'amplification utilisé était le suivant :

95°C pendant 7 min

95°C pendant 30 sec	} 40 cycles
58°C pendant 30 sec	
72°C pendant 30 sec	

72°C pendant 10 min

Le produit PCR est ensuite purifié (afin d'éliminer les amorces en excès et les sels) en utilisant les kits de purification ExoSap-IT®. Le protocole de purification des produits PCR a été réalisé comme suit : 5 μ l du produit PCR sont mélangés à 2 μ l d'EXOSAP.

La purification est faite en utilisant un thermocycler selon le programme suivant dénommé EXOSAP:

37°C pendant 15 min

80°C pendant 15 min.

Le produit purifié est ensuite resuspendu dans de la formamide afin d'éviter sa dénaturation lors du séquençage.

Cinq microlitres du produit PCR purifiés sont déposés sur gel d'agarose et grossièrement quantifiés en comparant leur intensité à celle d'un marqueur de taille. La réaction de séquence est alors réalisée à partir du kit de séquençage ABI Prism Dye Terminator Cycle Sequencing v3.1 (PE Applied Biosystems).

La quantité de produit PCR à ajouter à la réaction de séquence est calculée en tenant compte de la concentration d'ADN présent et de la taille du fragment à amplifier. Par

exemple, environ 35ng d'ADN sont utilisés pour séquencer un fragment de 700 paires de bases. La réaction de séquence est réalisée dans un volume de 20 μ l contenant 4 μ l de mélange réactionnel et 0,5 μ M d'amorce selon ces conditions : 1 min de dénaturation à 96°C puis 25 cycles de 96°C pour 10s, température d'hybridation pendant 15s, et 50°C pendant 4 minutes.

2.5. Traitement statistique des résultats

2.5.1. Morpho-biométrie

Les données collectées ont été saisies sur Excel 5.0 et analysées à l'aide du logiciel SAS/SAT (1999). Les données statistiques de base sur les mesures corporelles quantitatives et qualitatives ont été obtenues en utilisant le module PROC UNIVARIATE et PROC FREQ. L'influence de la zone agro-écologique sur les 7 paramètres mesurés a été testée à l'aide de la procédure PROC MIXED avec un modèle incluant "l'Effet environnemental" (3 niveaux : zones Sahéliennes, Soudano-Sahélienne et Soudanienne) et "Village", comme variable aléatoire, combiné avec la zone agro-écologique pour le test de non-indépendance pour chaque village.

La moyenne des moindres carrés \pm écart-type a été obtenue pour chaque trait morphologique et pour chaque zone agro-écologique. Le test multiple de DUNCAN a été fait pour chaque trait morphologique, affecté de la zone environnementale en utilisant la procédure PROC GLM. Ensuite, la procédure CANDISC a été utilisée pour déterminer les fonctions canoniques, les combinaisons linéaires des variables qualitatives intra-secteurs ainsi que la distance biométrique de Mahalanobis entre les types génétiques.

Le test d'assignation d'un individu à sa zone agro-écologique d'origine, défini comme étant le pourcentage d'individus classés dans une zone environnementale donnée sachant qu'ils appartiennent réellement à cette zone, a été fait en utilisant la procédure DISCRIM de SAS/STAT. L'association entre les paramètres qualitatifs a été faite à travers une analyse des correspondances multiples à l'aide de la procédure PROC CORRESP.

La régression linéaire des différents paramètres aussi bien quantitatifs que qualitatifs sur le degré de Latitude Nord a été faite en utilisant la procédure PROC REG.

Les différents graphiques ont été tracés à l'aide du classeur Microsoft Excel TM.

2.5.2. Analyses moléculaires

2.5.2.1. Microsatellites

Les paramètres suivants ont été calculés en utilisant le programme MolKin version 3.0 (Gutiérrez *et al.*, 2005) : nombre moyen d'allèles observé, taux d'hétérozygotie observé (H_o), taux d'hétérozygotie attendu (H_e), le PIC, les valeurs F-Statistiques de Wright, le nombre moyen d'allèle par locus (A) et le nombre moyen d'allèle par locus corrigé par la méthode de raréfaction de Hurlbert (1971), (A_g). Dans le cas présent, g a pris la valeur de 50, ce qui correspond à 2 fois le nombre minimum d'individus par race avec un génotype connu pour tous les marqueurs. Le programme Molkin a également permis d'estimer le nombre moyen d'allèles communs (D_{AS}) entre les différentes races, la coancestralité moléculaire (f_{ij}), le coefficient de parenté (D_K) et la matrice des F_{ST} de Wright.

Le détail des procédures de calcul est développé dans la partie bibliographique de ce document et dans le manuel d'utilisateur du logiciel Molkin qui est disponible en ligne (http://www.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web.htm).

L'analyse multidimensionnelle a été faite sur la matrice des distances génétiques en utilisant la procédure MDS de SAS/STATTM (1999).

Le graphique de dispersion selon la méthode de Achmann *et al.* (2004) a été construit avec la matrice du nombre moyen d'allèles communs (D_{AS}) en utilisant le modèle IML de SAS.

L'équilibre génétique de Hardy-Weinberg au niveau « marqueur » et au niveau « population » a été vérifié à l'aide du logiciel GENEPOP v.1.2 (Raymond et Rousset, 1995).

Le programme FSTAT 2.9.3 (Goudet, 1995) a été utilisé dans le calcul des paramètres F-Statistiques de Wright au niveau « marqueur ». Les seuils de significativité statistiques pour ces paramètres ont été définis après un test de bootstrap avec 1000 répétitions à $p < 0,05$.

La structure génétique des populations a été déterminée à l'aide du programme STRUCTURE (Pritchard *et al.*, 2000). Ce programme permet, par la méthode de Markov, d'estimer le logarithme de la probabilité qu'un génotype donné X appartienne à une population donnée K : $\ln \Pr (X | K)$, ce qui permet de s'assurer que les individus d'un groupe donné proviennent d'une même population. Différentes analyses ont été utilisées en faisant varier K de 2 à 10 (avec 100.000 répétitions) afin de déterminer une bonne structuration des populations ou races.

2.5.2.2. ADN mitochondrial

Les analyses statistiques et l'alignement des séquences issues du séquenceur ont été effectués en utilisant le logiciel MEGA 4.0.2 (Tamura *et al.*, 2007). Les analyses phylogénétiques incluant la diversité nucléotidique intra et inter-populations, la construction de l'arbre du « plus proche voisin » ou Neighbour-joining ont été effectuées sous le modèle du paramètre Kimura-2 avec la correction gamma ($\alpha = 0,28$). Le calcul des distances génétiques entre les populations a été effectué selon le même modèle. La structure géographique des populations a été déterminée par le test d'analyse de variance moléculaire (AMOVA) avec le programme ARLEQUIN 3.11 (Excoffier *et al.* 2005). Le test de bootstrap a été effectué pour vérifier la significativité des valeurs utilisant 1000 répétitions.

CHAPITRE III : RESULTATS

Les résultats de l'ensemble de ces travaux ont fait l'objet de quatre (04) publications scientifiques listées en annexes.

3.1. Enquêtes morpho-biométriques

3.1.1. Caractérisation morphologique des races locales caprines du Burkina Faso

Cette étude a concerné des caprins de race locale "Mossi" dont l'âge est compris entre 10 jours et 9 ans. Au total, 112 animaux ont fait l'objet de mensurations.

3.1.1.1. Structure des troupeaux échantillonnés

Le tableau V montre la structure des troupeaux caprins "Mossi" étudiés. L'échantillon était composé de 77 femelles (68,74%) et 35 mâles (23,76%).

Tableau V : Structure des troupeaux caprins échantillonnés.

Age (mois)	Mâles (%)	Femelles (%)
0-12	82,85	37,66
13-24	5,71	15,58
25-36	8,57	25,97
> 36	2,85	20,77

3.1.1.2. Mesures corporelles

Les résultats des mesures corporelles effectuées chez les caprins en fonction de la classe d'âge et du sexe sont résumés dans le tableau VI.

Résultats

Tableau VI : Mesures corporelles chez les caprins Mossi en fonction de la classe d'âge et du sexe.

Paramètres mesurés	Classe d'âge (mois) par sexe							
	0-12		13-24		25-36		> 36	
	M	F	M	F	M	F	M	F
PV (kg)	8,42 ^a ±3,95	11,1 ^b ±4,59	23,5 ^a ±0,7	17,16 ^b ±3,35	20,16 ^a ±4,53	20,35 ^a ±4,42	-	23,85 ±4,66
PT (cm)	43,94 ^a ±7,67	48,53 ^b ±9,16	62,02 ^a ±3,98	60,12 ^b ±6,36	62,71 ^a ±5,4	61,98 ^a ±5,5	-	63,23 ±6,45
LDC (cm)	32,71 ^a ±5,69	34,96 ^b ±6,08	44,04 ^a ±3,98	40,87 ^b ±2,23	41,04 ^a ±1,39	43,04 ^a ±3,17	-	47,15 ±6,83
HG (cm)	38 ^a ±6,13	39,46 ^a ±6,6	52,1 ^a ±5,1	48,45 ^b ±3,11	48,36 ^a ±4,11	48,59 ^a ±3,79	-	49,73 ±3,89
HC (cm)	40,14 ^a ±6,04	42,51 ^a ±7,22	53,03 ^a ±5,01	51,21 ^a ±4,55	50,08 ^a ±4,09	51,64 ^a ±3,6	-	52,16 ±3,95

Les moyennes ayant des lettres différentes sur la même ligne pour les mêmes classes d'âge sont statistiquement différentes à $P < 0,05$.

Moyenne ± Ecart type

Il ressort du tableau VI que les différents paramètres mesurés varient avec l'âge des animaux. Ces paramètres augmentent avec l'âge jusqu'à 12 mois d'âge. A partir de 25 - 36 mois, cette variation s'estompe et les différents paramètres sont sensiblement constants. Le constat est différent concernant le sexe où les mâles ont en général des mesures supérieures au niveau de toutes les classes d'âges chez les caprins.

La figure 9 donne un aperçu du poids des caprins aux différents âge-types.

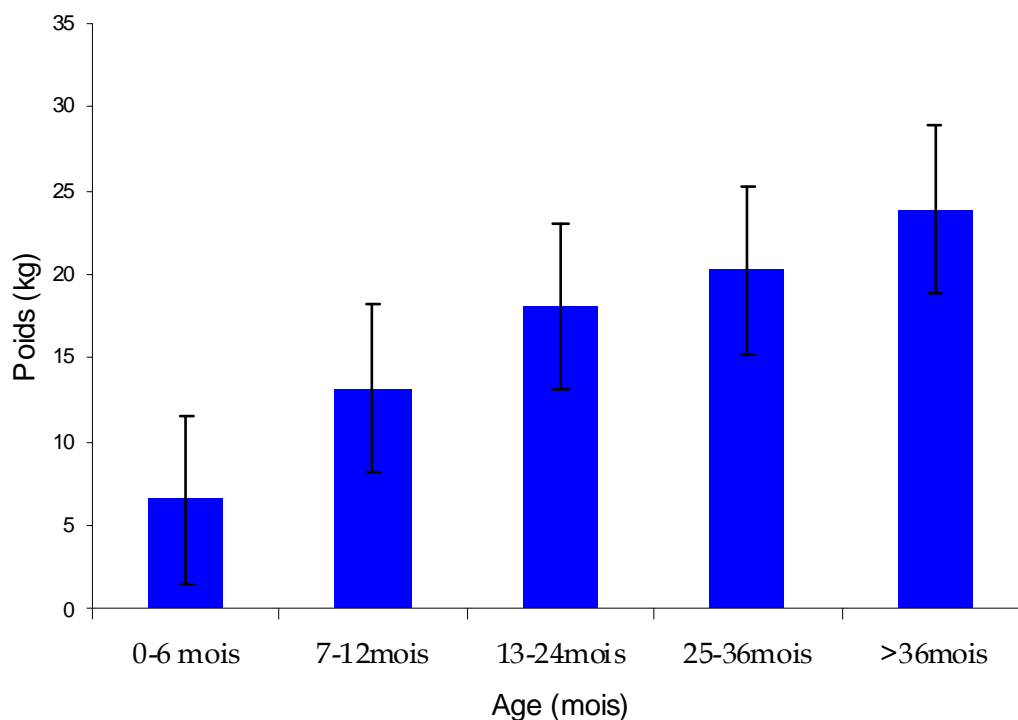


Figure 9 : Poids aux principaux âges-type des animaux.

L'équation de régression linéaire multiple suivante a été trouvée entre le poids vif, le PT et la HG :

$$Y \text{ (Kg)} = 1,33PT \text{ (cm)} - 0,93HG \text{ (cm)} - 0,23 \text{ (} r=0,88 \text{ et } p< 0,05\text{)}.$$

La HG et le PT expliquent mieux le poids vif avec des coefficients de corrélation significatifs (0,8) au seuil de 5%.

3.1.1.3. Couleur de la robe et structure du poil

Le tableau VII résume la fréquence (%) des différentes couleurs de la robe et de la structure du poil notées sur l'ensemble des animaux.

La couleur de robe dominante chez les animaux échantillonnés est le blanc-brun avec 39,28% suivie du brun (28,57 %) et du noir blanc (27,67%).

Quant à la structure du poil, le pelage est ras et lisse chez la plupart des caprins (85,71%). La structure "ras et dur" est présente chez 11,6% des animaux de cette espèce.

Tableau VII : Fréquences (%) des différentes couleurs de la robe et de la structure du poil.

Caractéristiques	Fréquences (%)
Couleur de la robe (%)	
Noir	4,46
Noir et blanc	27,67
Brun	28,57
Blanc brun	39,28
Blanc	0
Structure du poil (%)	
Court et dur	11,6
Court et lisse	85,71
Long et dur	1,78
Long et lisse	0,89

3.1.1.4. Fréquences de présence des appendices en fonction du sexe des animaux.

Le tableau VIII donne les fréquences d'observation de la barbiche, des cornes et de celles du port de l'oreille en fonction de la classe d'âge chez les animaux.

Tableau VIII : Fréquences (%) de présence de barbiches, de cornes et du port de l'oreille en fonction du sexe des animaux.

Caractéristiques	Fréquences (%)	
	Mâles	Femelles
Barbiche	25,71	11,68
Cornes	94,28	100
Oreilles dressées court	82,85	90,90
Oreilles dressées long	14,28	3,89
Oreilles tombantes court	2,85	2,59
Oreilles tombantes long	0	2,59

La barbiche est présente dans les deux sexes (25,71% chez les mâles contre 11,68% chez les femelles). Les cornes sont présentes chez les deux sexes avec cependant des fréquences variables. La présence des cornes chez les mâles est observée dans 97,48% des cas. Cette fréquence est de 100% chez les femelles.

Le port "dressé court" de l'oreille est très marqué sur les animaux (82,85% chez les mâles et 90,90% chez les femelles).

Cette première partie de nos résultats a été publiée dans la revue « AGRI : A. Traoré, H.H. Tamboura, A. Kaboré, N. Yaméogo, B. Balé, I. Zaré, 2006. Caractérisation morphologique des petits ruminants de race locale « Mossi » au Burkina Faso. AGRI, 39 : 39 – 50».

La nécessité de couvrir les 3 zones agro-écologiques du pays en considérant les 3 races majeures avec des analyses multivariées, beaucoup plus précises a abouti à la deuxième partie de ce travail : "A. Traoré, H.H. Tamboura, A. Kaboré, L.J. Royo, I. Fernández, Isabelle Álvarez, M. Sangaré, D. Bouchel, JP.Poivey, D. François, L. Sawadogo and F. Goyache, 2008. Multivariate analyses on morphological traits of goat in Burkina Faso. *Arch. Tierz. Dummerstorf*, 51 (6) : 588-600.

3.1.2. Analyse multivariée des traits morphologiques et phanéroptiques des races locales caprines du Burkina Faso.

3.1.2.1. Traits quantitatifs

Les valeurs moyennes des mesures corporelles quantitatives sont reportées dans le tableau IX. Les chèvres du Sahel ont les valeurs les plus élevées : 16,40 cm pour la LO ; 25,22 cm pour la PT ; 56,66 pour la LC et 61,10 pour la HG. La différence entre les types génétiques Soudaniens (Djallonké) et Soudano-Sahélien (Mossi) est faible; cependant, la tendance indique des valeurs plus élevées pour les types Mossi, excepté pour la profondeur du thorax (PT) et la longueur du corps (LC). L'IGs et l'IAt sont plus élevés en zone Soudano-Sahélienne qu'en zone Soudanienne : 1,20 - 1,07 et 0,50-0,43 respectivement.

Tableau IX : Valeurs moyennes, erreur standard et coefficient de variation (CV) des 7 paramètres mesurés et des 2 indices par zone agro-écologique.

Paramètre ¹	Zone			Totaux	
	Sahélienne	Soudanienne	Soudano-Sahélienne	Moyenne±ET	CV
	Moyenne±ET	Moyenne±ET	Moyenne±ET		
HL	14,18 ^a ± 0,05	7,46 ^b ± 0,09	9,02 ^c ± 0,05	11,14 ± 0,5	44,86
HS	6,75 ^a ± 0,02	5,47 ^b ± 0,03	6,28 ^c ± 0,02	6,38 ± 0,01	22,04
TS	15,29 ^a ± 0,06	7,99 ^b ± 0,11	10,35 ^c ± 0,06	12,28 ± 0,06	41,95
LO	16,40 ^a ± 0,03	10,13 ^b ± 0,06	11,51 ^c ± 0,03	13,48 ± 0,04	29,11
PT	25,22 ^a ± 0,03	23,67 ^b ± 0,05	23,07 ^c ± 0,03	24,06 ± 0,02	10,44
LC	56,66 ^a ± 0,67	51,86 ^b ± 1,22	51,18 ^b ± 0,67	53,68 ± 0,45	84,07
HG	61,10 ^a ± 0,06	48,80 ^b ± 0,11	50,36 ^c ± 0,62	54,86 ± 0,09	15,78
IGs	1,43 ^a ± 0,002	1,07 ^b ± 0,004	1,2 ^c ± 0,002	1,28 ± 0,002	19,41
IAt	0,65 ^a ± 0,001	0,43 ^b ± 0,002	0,50 ^c ± 0,001	0,56 ± 0,001	25,72

¹En cm exception faite pour l'IGs et l'IAt. Les moyennes ayant des lettres différentes sur la même ligne sont significativement différentes à p < 0.05

3.1.2.2. Traits qualitatifs

L'incidence (en pourcentage) de chacun des 12 traits qualitatifs dans l'ensemble de la population a été calculée pour chaque zone agro-écologique (Tableau X).

Les races caprines dans les trois zones sont principalement Noir-blancs (61,92%) avec un cornage de type "Spanish Ibex" (84,05%). La barbiche et les pampilles sont absentes dans 75,33% et 70,72% des cas respectivement, avec une quasi-absence du "Poils longs" (98,74%). Les mamelles sont faiblement développées (73,72%). La moitié de la population caprine du Burkina Faso possède les caractères "rouan" et "frosting".

Le port "tombant" et "pédonculé" des oreilles prédomine chez les races Sahéliennes pour respectivement 95,60% et 73,62% des cas. Par contre, le port dominant de l'oreille est horizontal (73,14%) au niveau des races Soudano-Sahéliennes (Mossi) et vertical au niveau des races Soudaniennes (Djallonké).

Tableau X : Fréquence des traits phénotypiques au niveau de la population totale et par zone agro-écologique.

Paramètres	Classe	Population totale	Zone agro-écologique		
			Sahélienne	Soudanienne	Soudano-Sahélienne
Patron coloré	Noir	969 (9,55)	290 (29,93)	172 (17,75)	507 (52,32)
	Noir/rouge	271 (2,67)	38 (14,02)	92 (33,95)	141 (52,03)
	Rouge	1514 (14,92)	471 (31,11)	233 (15,39)	810 (53,5)
	Noir/blanc	6283 (61,92)	3543 (56,39)	212 (3,37)	2528 (40,24)
	Sauvage	111 (10,94)	80 (7,21)	625 (56,31)	405 (36,49)
Eumélanine	Noir	5454 (53,75)	2059 (37,75)	1063 (19,49)	2332 (42,76)
	Brun	2284 (22,51)	910 (39,84)	124 (5,43)	1250 (54,73)
	Illisible	2409 (23,74)	1453 (60,32)	147 (6,1)	809 (33,58)
Rouan	Absence	5007 (49,34)	2883 (57,58)	600 (11,98)	1524 (30,44)
	Présence	5140 (50,66)	1540 (29,94)	730 (14,28)	2870 (55,78)
Ceinture	Absence	3094 (30,49)	1054 (34,07)	796 (25,73)	1244 (40,21)
	Limitée	2936 (28,93)	644 (21,93)	452 (15,4)	1840 (62,67)
	Présence	275 (2,71)	125 (45,45)	59 (21,45)	91 (33,09)
Frosting	Illisible	3842 (37,86)	2599 (67,65)	27 (0,7)	1216 (31,65)
	Absence	5184 (51,09)	3033 (58,51)	408 (7,84)	1743 (33,62)
	Présence	4963 (48,91)	1389 (27,99)	926 (18,66)	2648 (53,35)
Barbiche	Absence	7644 (75,33)	2909 (38,06)	1163 (15,21)	3572 (46,73)
	Présence	2503 (24,67)	1513 (60,45)	171 (6,83)	819 (32,72)
Pampilles	Absence	7196 (70,92)	2190 (30,43)	1287 (17,88)	3719 (51,68)
	Présence	2951 (29,08)	2232 (75,64)	47 (1,59)	672 (22,77)

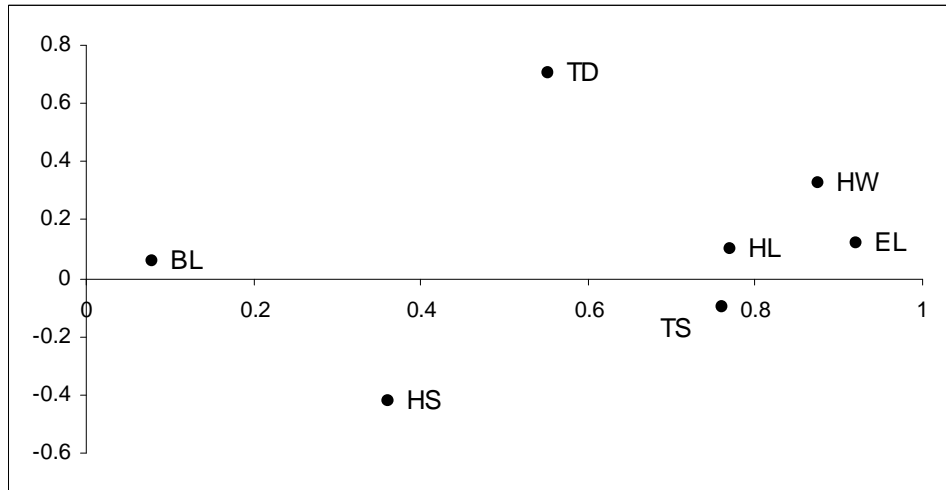
Résultats

Poils Long	Absence	10019 (98,74)	4380 (43,72)	1317 (13,15)	4322 (43,14)
	Presence	128 (1,26)	42 (32,81)	17 (13,28)	69 (53,91)
Corne Type	Absence	73 (0,72)	15 (20,55)	2 (2,74)	56 (76,71)
	Bezoar	496 (4,89)	420 (84,68)	18 (3,63)	58 (11,69)
	Markhor	1022 (10,07)	45 (4,4)	506 (49,51)	471 (46,09)
	Spanish ibex	8529 (84,05)	3917 (45,93)	808 (9,47)	3804 (44,6)
	East caucasian	27 (0,27)	25 (92,59)	0 (0)	2 (7,41)
	Vertical	613 (6,04)	8 (1,31)	600 (97,88)	5 (0,82)
Port Oreille	Horizontal	4054 (39,95)	404 (9,97)	685 (16,9)	2965 (73,14)
	Pédonculé	3754 (37)	2360 (62,87)	44 (1,17)	1350 (35,96)
	Tombant	1726 (17,01)	1650 (95,6)	5 (0,29)	71 (4,11)
Oreille pédonculée	Absence	8297 (81,77)	3060 (36,88)	1326 (15,98)	3911 (47,14)
	Presence	1850 (18,23)	1362 (73,62)	8 (0,43)	480 (25,95)
Mamelle	Grande	1594 (15,71)	773 (48,49)	555 (34,82)	266 (16,69)
	Moyenne	1073 (10,57)	457 (42,59)	119 (11,09)	497 (46,32)
	Petite	7480 (73,72)	3190 (42,67)	660 (8,82)	3630 (48,5)

3.1.2.3. Analyse multivariée des traits quantitatifs

L'analyse canonique a permis d'identifier deux variables canoniques (CAN1 et CAN2) statistiquement significatives pour $p < 0,0001$. Les 2 variables (CAN1 et CAN2) contribuent respectivement pour 94 % et 5,5 % de la variation totale.

La figure 10 montre une représentation bidimensionnelle illustrant les relations entre les différentes mesures corporelles : sur l'axe des abscisses, la longueur du corps (BL) est séparée des autres traits morphologiques : Hauteur au Garrot (HW), Longueur des Oreilles (EL), Longueur des cornes (HL) et Séparation des trayons (TS) pendant que sur l'axe des ordonnées, on note une séparation nette entre les cornes (HS) et la profondeur du thorax (TD).



HL: Longueur des cornes; HS: Séparation des cornes; TS: Séparation des trayons; EL: Longueur des oreilles; TD: Profondeur du Thorax; BL: Longueur du corps; HW: Hauteur au Garrot; SI : Indice de Gracilité Sous-sternal ($SI = [HW - TD] / TD$); AI : Indice Auriculaire Thorax ($AI = EL / TD$)

Figure 10 : Représentation bidimensionnelle des traits quantitatifs à travers l'analyse canonique.

La distance biométrique de Mahalanobis, calculée par zone agro-écologique est donnée dans le tableau XI. Les races Sahéliennes diffèrent significativement des races Soudaniennes (7,50) tandis que les races Soudano-Sahéliennes et Soudaniennes sont plus proches (1,15) avec cependant des différences très hautement significatives ($p < 0,0001$).

Tableau XI : Distance biométrique de Mahalanobis par zone agro-écologique.

Zones	Sahélienne	Soudanienne
Soudano-Sahélienne	4,16	1,15
Soudanienne	7,50	

La représentation bidimensionnelle des variables canoniques (CAN 1 et CAN 2) pour chaque individu est donnée par zone agro-écologique sur la figure 11. Les races Soudaniennes (Djallonké) sont les plus homogènes et se regroupent sur la partie

gauche de l'axe des abscisses ; les races Sahéliennes (Chèvres du Sahel) sont principalement rencontrées au niveau de la partie positive de l'axe des abscisses tandis que les races Soudano-Sahéliennes (Mossi) ont une distribution intermédiaire mais beaucoup plus en rapport avec celles des races Soudaniennes.

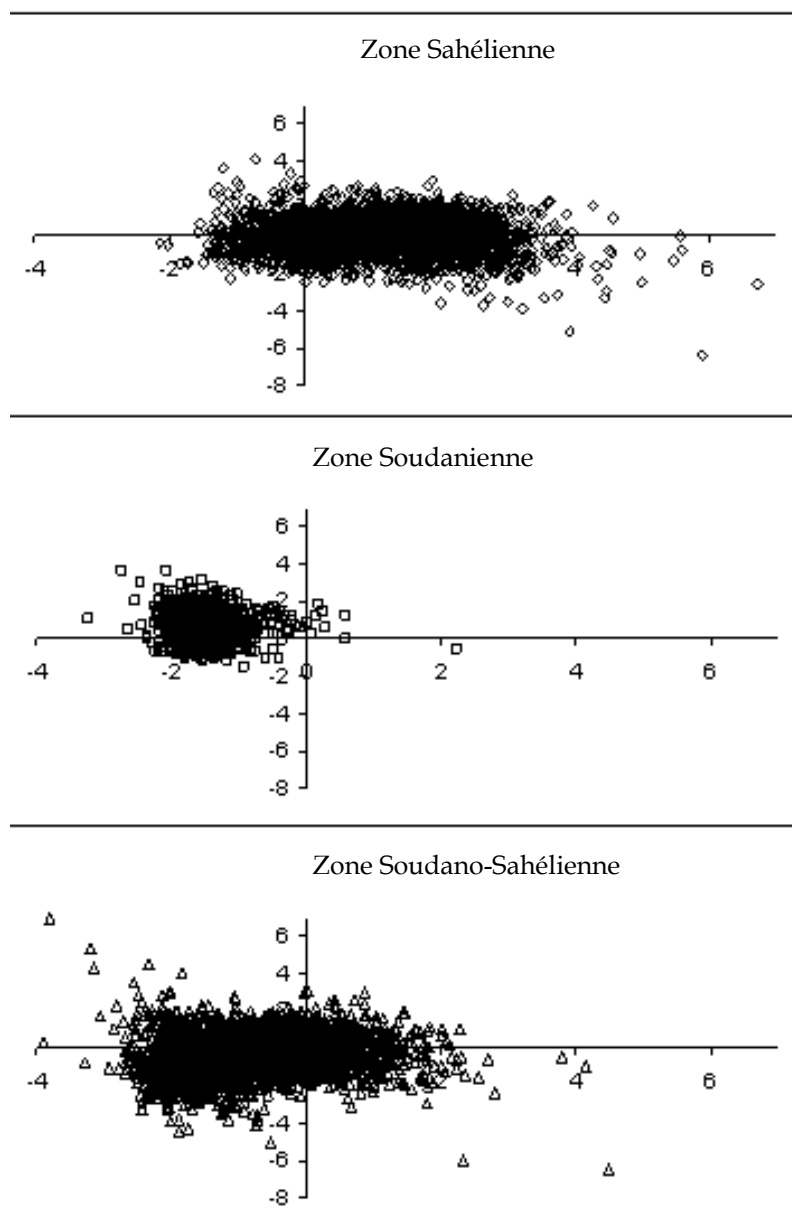


Figure 11 : Représentation bidimensionnelle des variables canoniques individuelles par zone agro-écologique du Burkina Faso.

L'analyse discriminante effectuée a permis de fournir des informations complémentaires. La plupart des races Sahéliennes et Soudano-Sahéliennes est classée dans leur zone agro-écologique d'origine (79,29% et 82,69% respectivement)

tandis que 93,40% des races Djallonké sont classées dans la zone Soudano-Sahélienne (Tableau XII).

Tableau XII : Pourcentage de classification des races caprines du Burkina Faso dans leur zone agro-écologique d'origine.

Sites	Sahélien	Soudano-Sahélien	Soudanien
Sahélien	79,29	19,83	0,88
Soudano-Sahélien	15,48	82,69	1,82
Soudanien	0,60	93,40	6,00
Total	41,33	56,70	1,96

L'analyse des correspondances multiples sur les 12 traits qualitatifs montre que 6 caractères (Patron coloré, Type d'eumélanine, Ceinture, Type de cornage, Position de l'oreille et le Développement de la mamelle) expliquent 75% de l'inertie totale observée. Par conséquent, l'analyse a été faite à nouveau en ne considérant que ces 6 traits. La figure 12 montre l'association entre les différents traits. Les première et deuxième dimensions identifiées, expliquent respectivement 41,74% et 29,35% de la variation totale. Les races Sahéliennes se regroupent autour des caractères "Port tombant de l'oreille" et "Eumélanine brune", les races Soudano-Soudaniennes se reconnaissent par les caractères "Port vertical de l'oreille" et "Patron de type sauvage", "absence de pampille" et corne de type "Spanish ibex" tandis que les races Soudaniennes portent les caractères "Port horizontal de l'oreille", "Patron Noir et Noir/rouge".

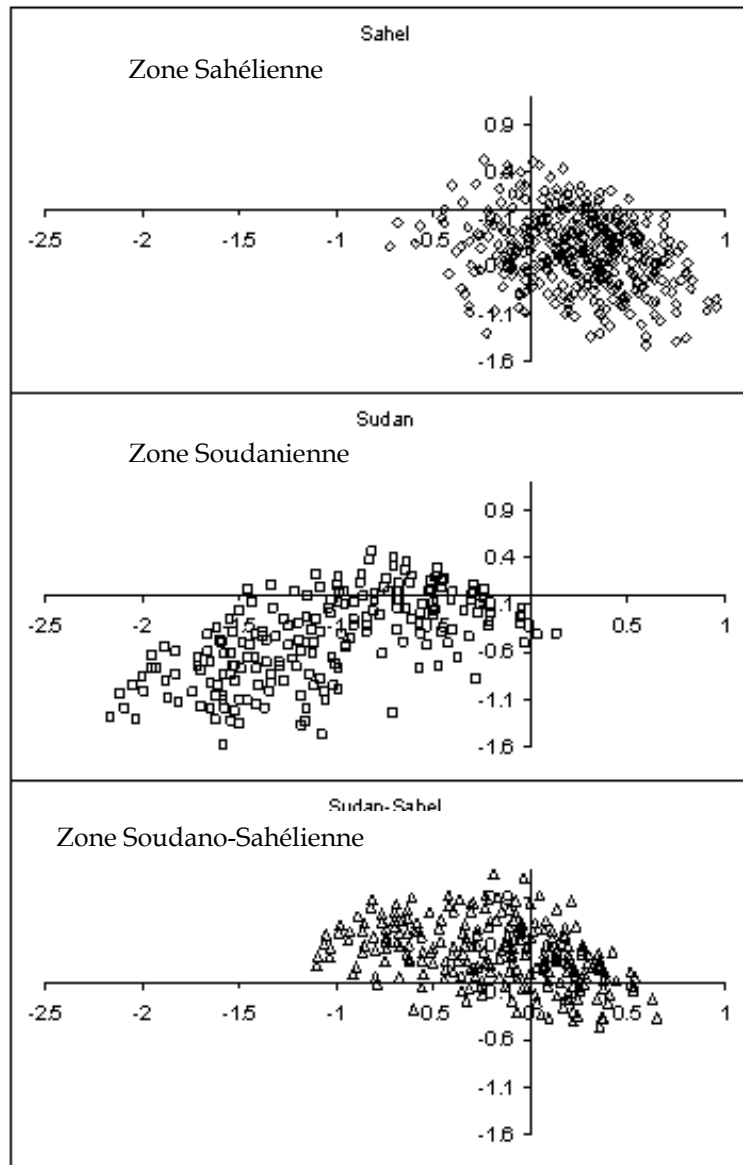


Figure 12 : Représentation bidimensionnelle des individus échantillonnés dans chaque zone agro-écologique du Burkina Faso à travers l’analyse des correspondances multiples.

3.2. Marqueurs moléculaires

La caractérisation des ressources génétiques caprines du Burkina Faso, réalisée ci-dessus à l’aide d’indices morpho-biométrique et phanéroptique fait ressortir une variation morphologique significative liée à l’existence de deux races bien distinctes (races Sahélienne et Djallonké). Les races Soudano-Sahéliennes occupent une position intermédiaire entre les deux races identifiées. Du fait du faible polymorphisme des

marqueurs utilisés (morphologiques), la deuxième partie de ce travail porte sur l'utilisation de marqueurs moléculaires, plus discriminants et uniformément repartis dans le génome. Les résultats présentés dans cette section sont basés sur 2 articles scientifiques :

A. Traoré, L.J. Royo, H.H. Tamboura, A. Kaboré, I. Fernández, Isabelle Álvarez, M. Sangaré, A. Toguyéni, G. Ouédraogo-Sanou, J.P. Gutiérrez, L. Sawadogo and F.Goyache, 2008. Genetic characterisation of Burkina Faso goat using microsatellites polymorphism. *Livestock science*, **123**: 322-328.

L.J. Royo, **A. Traoré**, H.H. Tamboura, A. Kaboré, I. Fernández, Isabelle Álvarez, M. Sangaré, A. Toguyéni, G. Ouédraogo-Sanou, J.P. Gutiérrez, L. Sawadogo and F.Goyache, 2008. Analysis of mitochondrial DNA diversity in Burkina Faso populations confirms the maternal genetic homogeneity of West African goat. *Animal Genetics*, **40** : 344-347.

3.2.1. Caractérisation des races locales caprines du Burkina Faso par le polymorphisme des marqueurs microsatellites.

3.2.1.1. Polymorphisme des microsatellites étudiés

Le polymorphisme des marqueurs étudiés et les valeurs des paramètres F-Statistiques de Wright sont reportés sur la figure 13 et dans le tableau XIII.

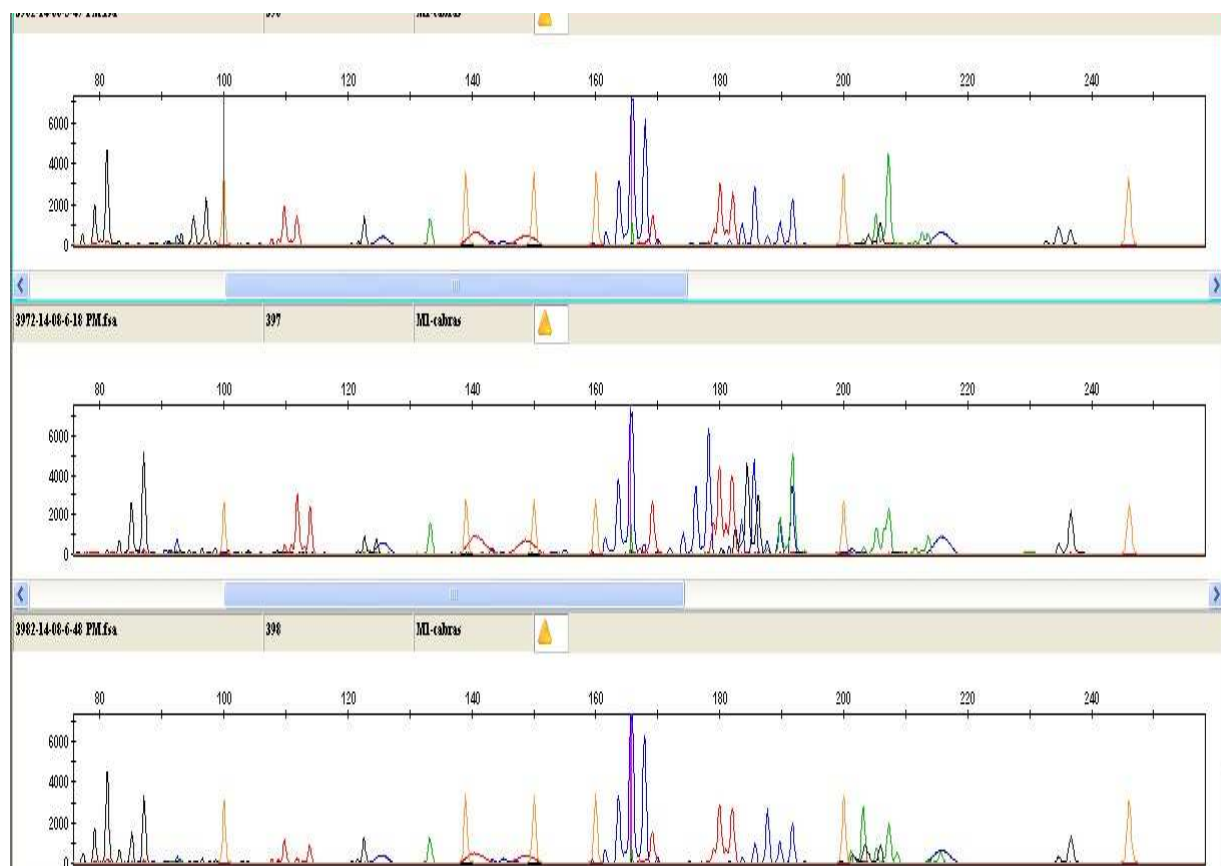


Figure 13 : Image du séquençage représentant quelques marqueurs microsatellites.

Les 27 loci microsatellites utilisés pour caractériser les races locales caprines du Burkina Faso se sont révélés être tous polymorphiques pour les trois races du Burkina Faso et les 2 races Espagnoles utilisées comme groupe de référence. Un total de 290 allèles a été détecté dans les 205 individus étudiés. Le nombre d'allèle identifié par locus varie de 3 (BM757) à 33 (CSSM66).

Tableau XIII : Polymorphisme des marqueurs microsatellites étudiés

Marqueur	n	Chr	H _o	H _e	PIC	F _{IT}	F _{ST}	F _{IS}
BM2504	4	9	0.024	0.022	0.024	-0,008 (0,004)	-0,007 (0,005)	-0,001 (0)
BM6526	19	27	0.825	0.864	0.807	0,091 (0,063)	0,044 (0,024)	0,049 (0,047)
BM757	3	14	0.490	0.500	0.372	0,203 (0,191)	0,148 (0,112)	0,043 (0,189)
BMS2626	4		0.117	0.142	0.114	0,055 (0,088)	-0,001 (0,005)	0,056 (0,090)
BMS356	8		0.678	0.506	0.641	0,253 (0,090)	0,222 (0,093)	0,042 (0,048)
CSSM15	10		0.840	0.801	0.819	0,276 (0,019)	0,109 (0,037)	0,190 (0,050)
CSSM43	9	27	0.705	0.643	0.668	0,147 (0,022)	0,055 (0,019)	0,098 (0,036)
CSSM66	33	14	0.934	0.909	0.930	0,242 (0,059)	0,047 (0,019)	0,206 (0,077)
FCB128	7		0.265	0.148	0.256	0,122 (0,032)	0,078 (0,040)	0,049 (0,042)
ILSTS11	9	14	0.611	0.463	0.580	0,169 (0,052)	0,139 (0,047)	0,037 (0,052)
LSCV29	11	18	0.747	0.703	0.715	0,126 (0,043)	0,052 (0,027)	0,079 (0,062)
McM53	17		0.822	0.831	0.801	0,089 (0,015)	0,036 (0,012)	0,055 (0,022)
McMA26	10	28	0.692	0.663	0.634	0,067 (0,098)	0,070 (0,031)	-0,005 (0,082)
RBP3	5	17	0.278	0.147	0.246	0,270 (0,166)	0,127 (0,064)	0,157 (0,128)
BM8125	7		0.759	0.744	0.728	0,002 (0,036)	0,050 (0,037)	-0,050 (0,036)
BMS2461	9		0.385	0.321	0.365	0,029 (0,025)	0,048 (0,021)	-0,020 (0,010)

Résultats

BMS2843	11		0.738	0.668	0.704	0,042 (0,033)	0,082 (0,020)	-0,043 (0,031)
BMS975	10		0.515	0.563	0.492	0,639 (0,053)	0,009 (0,015)	0,635 (0,049)
CSR2111	17		0.864	0.780	0.851	0,128 (0,058)	0,108 (0,038)	0,022 (0,046)
CSSM31	19	24	0.850	0.840	0.833	0,193 (0,045)	0,061 (0,021)	0,142 (0,053)
ILSTS005	8	10	0.419	0.368	0.387	0,080 (0,085)	0,065 (0,026)	0,019 (0,106)
INRA23	12		0.810	0.785	0.787	0,128 (0,063)	0,082 (0,032)	0,049 (0,043)
INRA26	14	22	0.853	0.772	0.838	0,154 (0,101)	0,116 (0,041)	0,040 (0,070)
McM527	8	7	0.727	0.723	0.679	0,152 (0,050)	0,018 (0,006)	0,136 (0,051)
OarHH64	8	4	0.765	0.771	0.727	0,119 (0,051)	0,104 (0,044)	0,017 (0,026)
SPS115	5		0.406	0.289	0.342	0,324 (0,219)	0,219 (0,177)	0,120 (0,073)
TGLA53	13	16	0.452	0.451	0.435	0,063 (0,048)	0,010 (0,009)	0,054 (0,051)

Chr : chromosome

Vingt (20) des 27 loci microsatellites étudiés ont présenté au moins 8 allèles par locus.

Le taux d'hétérozygotie attendu (He) dans les populations étudiées varie de 0,022 (BM2504) à 0,909 (CSSM66) avec seulement 6 allèles ayant un He excédant le taux d'hétérozygotie observé (Ho) correspondant.

Quinze (15) et 16 marqueurs avaient respectivement des valeurs d'hétérozygotie attendues (He) et de Contenu en Information du Polymorphisme (PIC) supérieures à 0,5.

Les races Burkinabé ont présenté des valeurs de He plus faibles que celles des races Espagnoles. La plus faible valeur s'observe dans la race Djallonké (0,512).

3.2.1.2. Equilibre de Hardy-Weinberg

L'équilibre de Hardy-Weinberg a été vérifié à différents niveaux : par locus dans chaque race, par locus pour les différentes races et par race au niveau de tous les loci pris globalement. L'hypothèse nulle (H_0) est que la population est en équilibre de Hardy-Weinberg tandis que l'hypothèse alternative (H_1) est que la population est en déséquilibre. Le risque d'erreur qui a été retenu est de 1 %. Donc pour tout $P > 0.01$, on accepte H_0 et on considère que les différences entre les proportions observées et attendues sont dues au hasard.

Cinq (5) marqueurs (CSSM15, CSSM66, CSSM31, INRA23 et McM527) ont montré un déséquilibre significatif par rapport à la loi de Hardy-Weinberg. Cependant, ce déséquilibre n'était pas visible entre toutes les races et pourrait être dû à des erreurs d'échantillonnage (Erreur de type I). Cela a été vérifié en faisant l'analyse à nouveau avec et sans les 5 marqueurs incriminés et a aboutit aux mêmes résultats. Ces résultats étaient aussi en accord avec les travaux de Álvarez *et al.* (2004) utilisant le programme STRUCTURE.

3.2.1.3. Paramètres de variabilité génétique

Les paramètres décrivant la variabilité génétique des populations caprines étudiées sont reportés dans le tableau XIV. Les races Africaines (Burkina Faso) présentent les plus fortes identités génétiques (f_{ii}) par rapport aux races espagnoles. La valeur la plus élevée s'observe dans la race Djallonké ($f_{ii} = 0,497 \pm 0,010$). Par contre, cette race possède le plus faible nombre moyen d'allèle (A_{50}) par locus (5,1). La race Mossi présente un grand déficit en hétérozygote ($F_{IS} = 0,107 \pm 0,028$) et un nombre moyen d'allèle par locus élevé ($A_{50} = 6,9$).

Tableau XIV : Paramètres de variabilité génétique des populations

Races	N	H _e	f _{ii}	F _{IS}	A	A ₍₅₀₎
E_Bermeya ^a	37	0,590	0,416	0,031	6	5,7
W_Bermeya ^b	35	0,588	0,417	0,031	6,1	5,8
Djallonké	48	0,512	0,497	0,076	5,4	5,1
Mossi	39	0,575	0,453	0,107	8,2	6,9
Sahélien	46	0,571	0,437	0,030	7,3	6,4
Totaux	205	0,614	0,389	0,054	10,7	6,7

La coancestralité moléculaire entre les races (f_{ij}), la matrice des F_{ST} ainsi que la matrice des allèles communs (DAS) sont aussi reportées dans le tableau XV.

La coancestralité moléculaire entre les races (f_{ii}) du Burkina Faso varie de $0,418 \pm 0,006$ (Mossi-Sahélien) à $0,450 \pm 0,007$ (Djallonké-Mossi). Ces valeurs sont supérieures à celles trouvées entre les 2 races Espagnoles ($0,372 \pm 0,006$). Elle est de $0,352 \pm 0,006$ entre les races Burkinabé et les races Espagnoles.

La structure de la population dans son ensemble en sous-population est révélée par le taux de fixité (F_{ST}). Généralement, on considère une forte structuration si $F_{ST} > 0,1$.

La valeur de F_{ST} pour l'ensemble des populations étudiées dans ce travail est de $0,090 \pm 0,003$. En considérant uniquement les trois races caprines du Burkina Faso, ce taux est de $0,035 \pm 0,003$.

Tableau XV : Matrice des coefficients de coancestralité moléculaire et des F_{ST} .

	E_Bermeya	W_Bermeya	Djallonké	Mossi	Sahélien
E_Bermeya ^a		0,037	0,09	0,07	0,066
W_Bermeya ^b	0,372		0,088	0,072	0,068
Djallonké	0,350	0,352		0,023	0,038
Mossi	0,349	0,348	0,450		0,024
Sahélien	0,345	0,344	0,426	0,418	

La matrice des F_{ST} pour les races du Burkina Faso varie de $0,023 \pm 0,004$ (Djallonké-Mossi) à $0,038 \pm 0,004$ (Djallonké-Sahélien).

La matrice des distances alléliques (D_{AS}) a été décrite dans un graphique de dispersion bidimensionnelle (Figure 14 A).

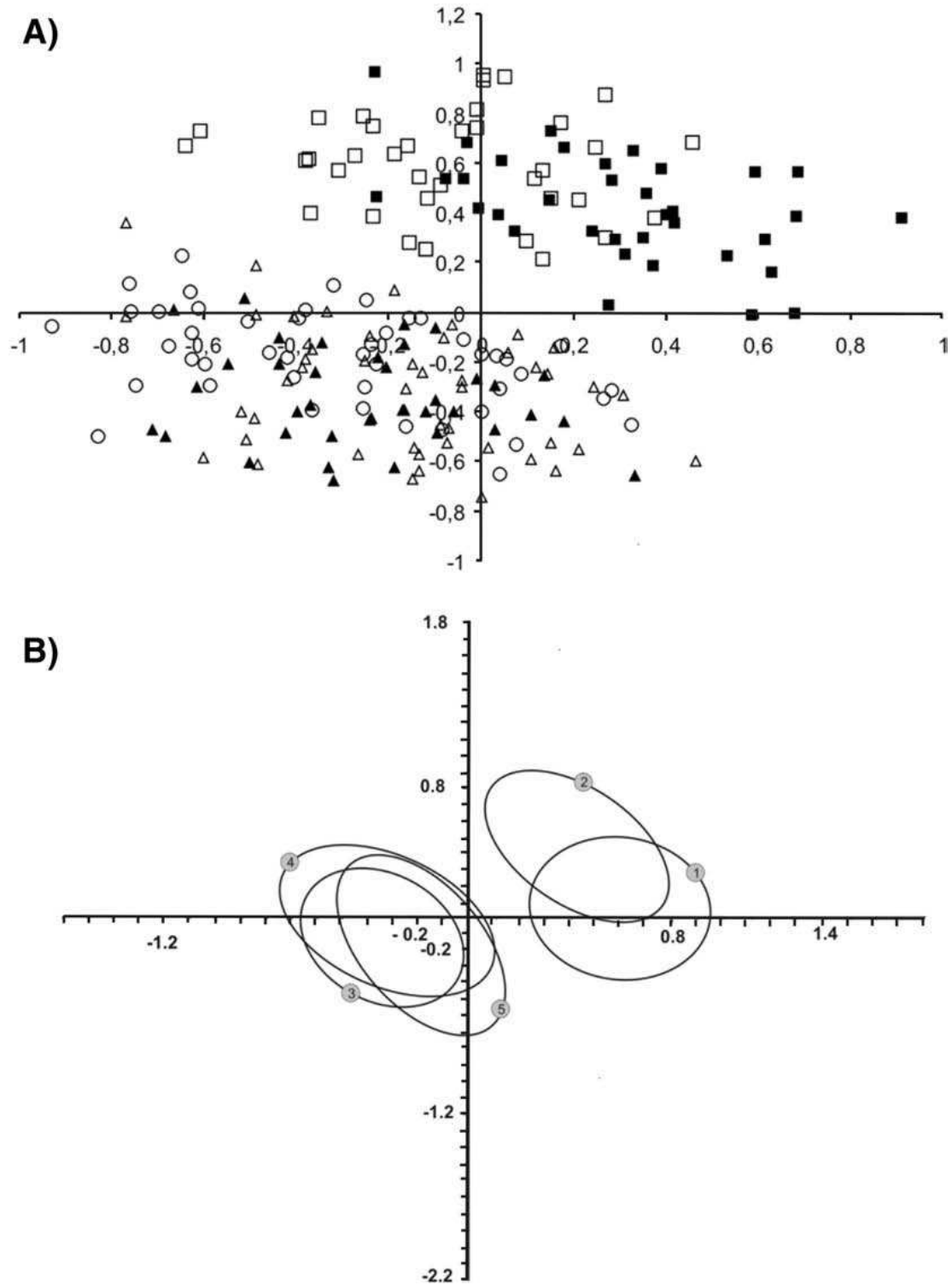


Figure 14 A et B ; A : Représentation bidimensionnelle des races avec la matrice des distances alléliques ; B : Représentation bidimensionnelle circulaire des races construite selon les 2 dimensions de la matrice des fréquences alléliques.

Les races caprines du Burkina Faso se distinguent des races Espagnoles et se regroupent sur la partie négative de l'axe des abscisses (X-axis) et de l'axe des ordonnées (Y-axis). Cependant, aucune séparation nette n'a été observée entre les trois races caprines du Burkina Faso.

La figure 14 B montre les relations génétiques entre les différentes races. Il ressort une grande similarité génétique entre les races du Burkina Faso, supérieure à celle observée entre les races Espagnoles.

La structure génétique des populations et le flux de gènes entre les différentes populations ont été définis à l'aide du programme STRUCTURE.

Afin de mettre en évidence l'existence de groupes génétiquement distincts à l'intérieur des populations, Pritchard *et al.* (2000) ont développé un algorithme basé sur des méthodes bayésiennes de regroupement. En supposant qu'il existe un nombre K de sous-populations (clusters) au sein de l'échantillon étudié, chaque individu est affecté à un ou plusieurs clusters (si l'on suppose l'existence de croisements) avec un certain pourcentage. A partir des logarithmes de probabilités conditionnelles (Evanno *et al.*, 2005), il est possible d'évaluer la valeur de K la plus vraisemblable et donc le nombre de sous-populations le plus probable.

Dans notre travail, la valeur de K la plus vraisemblable a été estimée en faisant varier ce paramètre de 2 à 10 (Figure 15 A).

La valeur la plus vraisemblable du paramètre K dans notre cas est 6 car la valeur moyenne du logarithme de probabilité conditionnelle $\ln \Pr(G | K)$ est maximisée avec une variance moyenne faible.

Le tableau XVI donne le pourcentage d'assignation des individus aux 6 clusters les plus vraisemblables.

Tableau XVI : Taux d'assignation des individus de chaque race aux différents clusters

Race	Clusters						N
	1	2	3	4	5	6	
E_Bermeya ^a	0,011	0,021	0,018	0,915	0,012	0,024	37
W_Bermeya ^b	0,009	0,019	0,019	0,927	0,017	0,009	35
Djallonké	0,893	0,012	0,023	0,008	0,038	0,027	48
Mossi	0,198	0,140	0,184	0,011	0,151	0,316	39
Sahélien	0,058	0,129	0,556	0,010	0,219	0,027	46

Le cluster 1 regroupe principalement la race Djallonké (89,3%) tandis que le cluster 4 est composé des races Espagnoles Bermeya (91,5% pour E_Bermeya et 92,7% pour W_Bermeya). 31,6% des individus Mossi se retrouvent dans le cluster 6 avec cependant une grande proportion avec les autres races Burkinabé, principalement avec les races Sahéliennes (clusters 2, 3 et 5) mais aussi avec les Djallonké (19,8% dans le cluster 1).

Le regroupement a été fait à nouveau en considérant uniquement les trois races du Burkina Faso et le nombre de sous-population (K) le plus vraisemblable a été de 5.

Le degré d'introggression de gènes (q^*) a été estimé dans les différentes zones agro-écologiques du Burkina Faso (Figure 15 B).

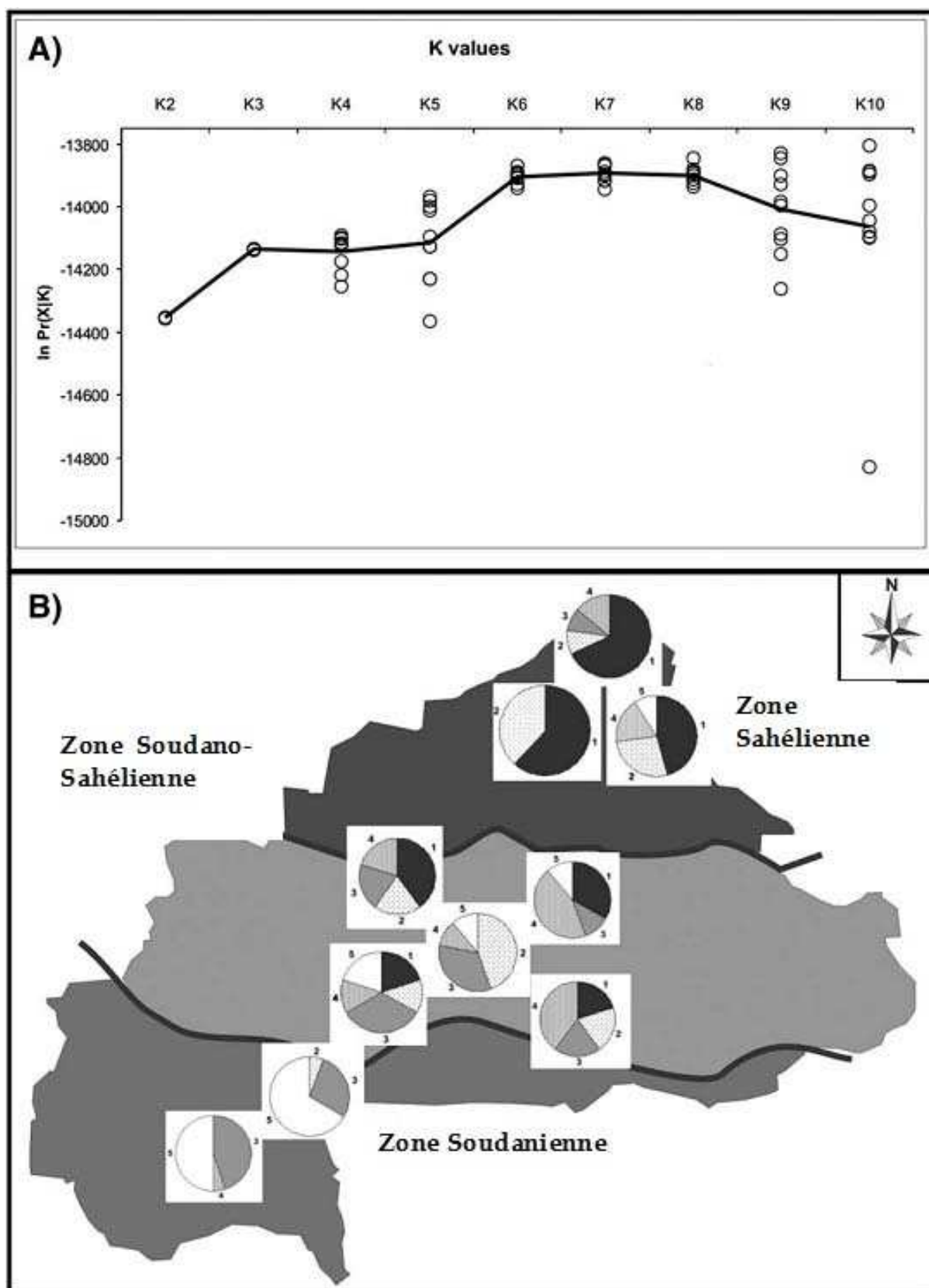


Figure 15 : A : Valeurs des $\ln \text{Pr}(G|K)$ avec le programme STRUCTURE pour K variant de 2 à 10. B : Pourcentage d'assignation des individus à la zone agro-écologique dans les 5 clusters identifiés.

La figure 15 B montre l'existence de 2 races distinctes (Djallonké et Sahélien). Le cluster 5, représenté principalement par les zones Soudano-sahélienne et Sahéliennes pourrait être dû à une introgression importante de gènes entre les individus Mossi et Sahélien.

3.2.2. Analyse de la diversité de l'ADN mitochondrial des races locales caprines du Burkina Faso

Le séquençage de la région hypervariable (D-loop) de l'ADNmt sur les 111 individus a donné 83 haplotypes différents avec 102 sites variables. Les séquences de chacun des haplotypes ont été déposées dans la banque de gène (Genbank) sous le numéro d'accès EU910276-EU910343.

Les images issues du séquençage de l'ADNmt sont présentées dans la figure 16.

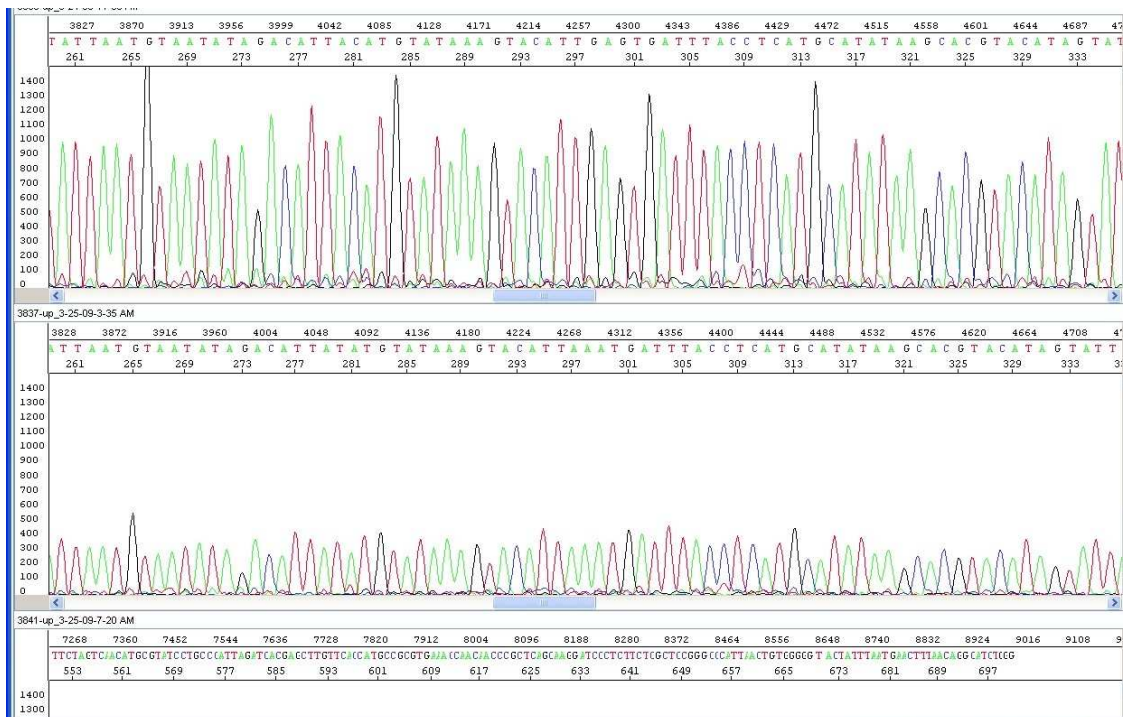


Figure 16 : Image du séquençage des échantillons

La diversité des haplotypes et des nucléotides était respectivement de 74,8% et 2,2%. La diversité des haplotypes a varié de 30% (race Dwarf) à 100% (races du Nigéria et du Sénégal). Quant à la diversité nucléotidique, elle a varié de 1% (Djallonké et Dwarf) à 3,3% (race Espagnole W_Bermeya).

Soixante cinq (65) haplotypes sur les 83 identifiés étaient uniques et seulement 3 étaient communes entre les différentes races : l'haplotype H21 se partage entre les Djallonké et les Mossi et l'haplotype H22 entre Djallonké et Sahéliens. Les 2 sous-populations Espagnoles se partagent l'haplotype H54.

Les 83 haplotypes identifiés ont été analysés conjointement avec les 22 antérieurement proposés par Naderi *et al.* (2007), utilisés ici comme critère de référence d'assignation des haplotypes à l'un des 6 haplogroupes décrits dans la littérature.

La représentation bidimensionnelle, résumant les distances entre populations à l'aide du paramètre de Kimura-2 est donnée sur la figure 17.

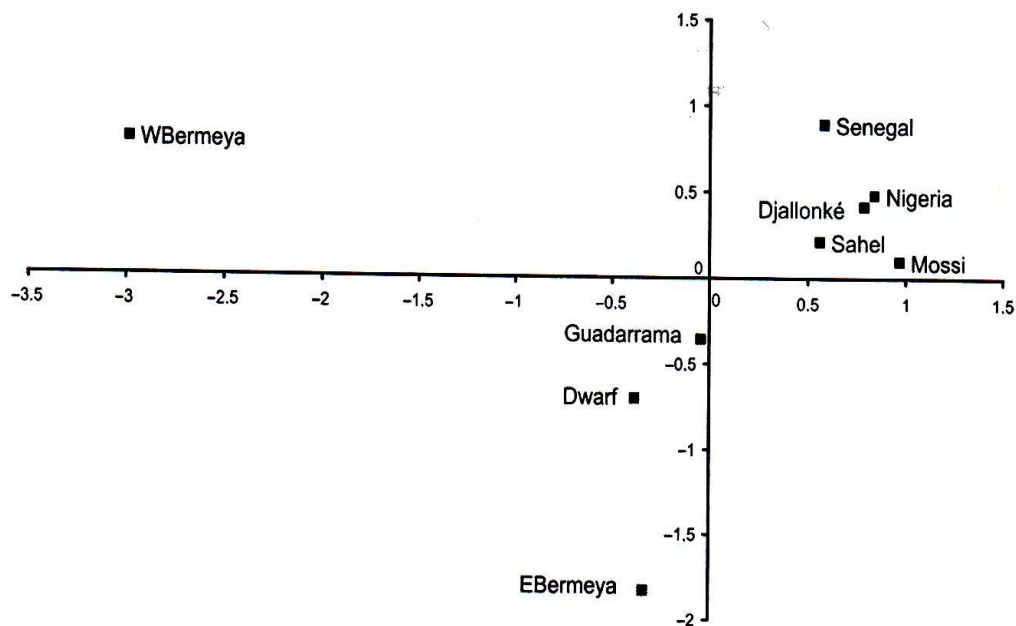


Figure 17 : Représentation bidimensionnelle des races étudiées

Les races Africaines (Burkina Faso, Sénégal, Nigéria), exceptée la race Dwarf, se regroupent sur la partie positive de l'axe des abscisses (X-axis). Les races Espagnoles (E_Bermeya et Guadarrama) et la Dwarf se regroupent au niveau de la partie négative de l'axe des ordonnées (Y-axis). W_Bermeya se distingue de façon significative des autres races sur la partie négative de X-axis dû certainement à la présence en son sein de 2 séquences appartenant au cluster C.

Les résultats de l'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) sont reportés dans le tableau XVII.

Tableau XVII : AMOVA et paramètres statistiques Φ

Groupes	Variance				Statistique Φ		
	Intra- groupe	Intra- population à l'intérieur des groupes	Intra- population	Variance totale	Φ_{ST}	Φ_{SC}	Φ_{CT}
Espagne vs Afrique	12,36 (1)	12,97 (7)	74,66 (102)	6,608	0,253	0,148	0,124
Burkina vs non Burkina	1,28 (1)	22,34 (4)	76,38 (70)	4,556	0,236	0,226	0,013
Sans groupe	-	23,18 (5)	76,82 (70)	4,530	0,232	-	-

Le temps de divergence entre les groupes, matérialisé par le coefficient Φ_{CT} , n'était pas significatif au regard de la répartition en 2 niveaux hiérarchiques incluant ou non les races Espagnoles.

Les valeurs de Φ_{ST} issues des 3 AMOVA réalisées ont abouti à des résultats similaires selon que les données proviennent d'un ou de 2 continents.

CHAPITRE IV : DISCUSSIONS

4.1. Caractérisation morphologique

La première observation importante qui ressort de l'étude morphologique des caprins de type Mossi du Burkina Faso est relative à la structure du troupeau. On note une supériorité numérique des caprins femelles par rapport aux caprins mâles. Cela peut être lié à la quasi-absence de l'activité d'embouche caprine dans la zone d'étude : or, l'embouche concerne quasi exclusivement les mâles. Il s'ensuit que leur proportion dans le troupeau reste très élevée. Les mâles sont donc prioritairement orientés vers cette spéculation, ce qui diminue leur nombre au sein du troupeau. Il y a aussi le fait que les mâles soient utilisés à d'autres fins à un âge précoce et que les femelles passent un temps plus long dans les troupeaux comme constaté par Tama *et al.*, (1994) sur les caprins du Nord-Cameroun. Ces données corroborent celles de Tamboura et Berté (1994) dans la zone Soudano-Sahélienne.

Les résultats obtenus quant au poids vif (PV) et aux paramètres morphologiques sont comparables à ceux trouvés par Katongole *et al.* (1994). Les mâles sont généralement plus lourds et leurs paramètres morphologiques supérieurs, comparés aux femelles au-delà de 12 mois d'âge.

L'âge affecte les différents paramètres étudiés. Ce constat rejoint celui fait par Katongole *et al.* (1994) sur les caprins Tswana et par Sanfo (2000) sur la chèvre du Sahel Burkinabé. En considérant la classe d'âge de 25 - 36 mois comme l'âge adulte et en se basant sur le poids vif (PV) et la hauteur au garrot (HG), on peut classer les caprins de race locale "Mossi" dans le type génétique de petit format avec un poids vif moyen de $20,2 \pm 4,5$ kg. Les hauteurs moyennes au garrot sont de $48,4 \pm 4,1$ cm. La grande variabilité du poids vif à l'âge adulte (14 à 30 kg) indique qu'on pourrait améliorer le poids de ces races par une sélection rigoureuse de sujets adaptés (Tama *et al.*, 1994).

Cette étude a par ailleurs révélé une gamme assez variée de couleur de la robe chez les caprins.

La grande variation de la couleur de la robe et de la structure du poil indique que cette race n'a pas encore été purifiée par sélection.

Quant à la structure du poil, elle est "court et lisse" et cela est proche du résultat obtenu par Tama *et al.* (1994) sur les caprins du Nord-Cameroun. Comme le signale Katongole *et al.* (1994), la tendance relativement dominante de la robe blanche, seule ou en association avec d'autres couleurs, pourrait constituer un caractère d'adaptation des animaux aux importantes fluctuations de l'intensité de la lumière et surtout aux importants écarts de températures observés dans le plateau central du Burkina Faso. Les cornes sont présentes dans les deux sexes chez les caprins avec une fréquence très proche de 100%. Ce résultat est différent de celui de Tama *et al.* (1994), ce qui serait certainement lié à la faible taille de notre échantillon. Le port de l'oreille dressé court est dominant. Cette observation est différente des résultats obtenus par Katongole *et al.* (1994) au Botswana où les caprins présentent de longues oreilles. Quant à la faible présence de barbiche, ce constat est conforme au résultat obtenu par Tama *et al.* (1994).

4.2. Analyse multivariée des caractères morphologiques

De nos jours, il y a un regain d'intérêt dans la caractérisation des ressources génétiques Africaines (Ndumu *et al.*, 2008). Dans la présente étude, un vaste échantillonnage, a été réalisé sur environ 30% du territoire national, pour caractériser les ressources génétiques caprines. Les valeurs moyennes obtenues ici pour les mesures corporelles sont comparables à celles trouvées dans la littérature. L'article de Dossa *et al.* (2007) sur les caractères morphologiques des caprins de la zone Nord-Soudanienne du Bénin rapporte des valeurs de HG, PD, EL et BL respectives de 56,57, 26,23, 13,28 et 79,23 cm. Les valeurs des populations de la zone Sud-Soudanienne sont de 47,44, 25,84, 10,68 et 71,59 cm respectivement pour les mêmes paramètres. Ces populations coïncident géographiquement avec les races Sahéliennes et Soudano-Sahéliennes du Burkina Faso. La grande différence observée dans la BL entre les races du Burkina Faso et du Bénin pourrait s'expliquer partiellement par le biais dû à l'utilisation d'enquêteurs différents. De plus, les

mesures corporelles relevées par Dossa *et al.* (2007) suggèrent que les races caprines de la zone Nord-Soudanienne du Bénin seraient proches des races Soudano-sahéliennes (Mossi) du Burkina Faso (IGs = 1,16 et IAt = 0,51 contre 1,20 et 0,50) tandis que les populations de la zone Soudano-guinéenne sont similaires à celles de la zone soudanienne (Djallonké) du Burkina Faso (0,72 et 0,39 contre 1,07 et 0,43). La BL des races Djallonké du Burkina Faso semble plus élevée que celle des autres races Africaines similaires à cette race (Dwarf). Les valeurs moyennes rapportées par Dossa *et al.* (2007) dans la zone côtière du Bénin, pour HW, TD, EL et BL étaient respectivement de 41,82, 24,69, 9,45 et 69,68 cm.

Les études morpho-biométriques rapportées chez la chèvre du Sahel sont assez rares : Mohamed et Amin (1996) ont rapporté des HW chez les races Sahéliennes du Nigéria de $60 \pm 5,2$ cm ; la HW moyenne de la chèvre rousse de Sokoto, considérée comme croisée entre la chèvre du Sahel et la chèvre Djallonké étaient de $58,2 \pm 1,7$ cm (Ngeré *et al.*, 1984, cité par Dossa *et al.*, 2007); Bourzat *et al.* (1993) et Zeuh *et al.* (1997) ont rapporté des valeurs moyennes de HW au Tchad variant de $63 \pm 0,6$ cm à $70 \pm 0,4$ cm. Globalement, ces valeurs sont comparables à celles trouvées pour la chèvre du Sahel du Burkina Faso dans nos investigations.

Quant aux traits qualitatifs, il faut noter une prédominance de la présence de la barbiche et des pampilles au Burkina Faso (24,67% et 29,51% respectivement) sur les autres races de la sous région (8,1% et 4,4% respectivement ; Dossa *et al.* (2007)). Ces deux traits sont plus fréquents dans la race Sahélienne par rapport aux autres races, notamment la Djallonké (DAGRIS, 2007). Dans la présente étude, la fréquence des barbiches et des pampilles chez les races Sahéliennes étaient respectivement de 75,64% et de 60,45%.

Enfin sur le plan morphologique, les races Soudano-Sahéliennes (Mossi) occupent une position intermédiaire entre les races Soudaniennes (Djallonké) et les races Sahéliennes (Chèvre du Sahel). Cependant, les différences entre Mossi et Djallonké se situent plus au niveau des traits qualitatifs (port de l'oreille et présence de barbiche et de pampilles) que dans la taille corporelle : la distance biométrique de Mahalanobis entre ces deux races est assez faible bien qu'elle soit significative (1,15).

L'analyse discriminante sur les traits morphologiques classe la plupart des Djallonké comme races Soudano-Sahéliennes (Mossi). Dans tous les cas, l'analyse canonique et l'analyse des correspondances multiples montrent que les races Mossi ont des caractéristiques communes avec les deux principales races étudiées (Djallonké et Sahéliens).

La BL des races Soudano-Sahéliennes est significativement plus élevée que celle des Djallonké, probablement lié à une introgression progressive de gènes Sahéliens mais aussi parce qu'il a été relevé que la taille des caprins Ouest et Centre Africains augmente au fur et à mesure qu'on s'éloigne de la côte atlantique (Dossa *et al.*, 2007; Zeuh *et al.*, 1997). Les zones Sahéliennes du Burkina Faso et même de toute la zone Ouest Africaine sont occupées par des Peulh nomades, ce qui favorise largement les échanges de gènes entre les races Sahéliennes dans les autres régions notamment en allant vers le sud. Cette situation a été aggravée depuis les grandes sécheresses des années 1980 avec un net flux de gènes augmentant la taille des races Soudano-Sahéliennes.

4.3. Polymorphisme des marqueurs microsatellites

Les résultats présentés dans cette partie de notre travail constituent la première caractérisation génétique des ressources génétiques caprines du Burkina Faso à l'aide de marqueurs microsatellites. Bien que ce genre d'études soit relativement fréquentes en Europe et en Asie (Barker *et al.*, 2001 ; Glowatzki-Mullis *et al.*, 2008, Li *et al.*, 2002), à notre connaissance, la présente étude est la première du genre sur les races caprines d'Afrique Sub-Saharienne.

Du fait que la définition de race dans nos pays soit basée uniquement sur des critères ethnique et géographique comme notés chez les bovins (Hanotte *et al.*, 2002 ; Dadi *et al.*, 2008), il est difficile d'évaluer la variabilité et les relations phylogénétiques entre les races locales Africaines. L'utilisation d'un groupe de référence s'avère donc indispensable. L'utilisation dans notre travail de 2 sous-populations de la race Espagnole Bermeya a permis d'évaluer les relations phylogénétiques entre les 3 races locales caprines du Burkina Faso. Il faut noter que ces 2 sous-populations Espagnoles

ont été isolées il y a de cela 40 ans sous une forte menace d'extinction (Figuerola *et al.*, 2003 ; Álvarez *et al.*, 2008). En conséquence, l'identité génétique entre ces 2 sous-populations, évaluée par la coancestralité moléculaire semble due à leur appartenance à la même population ancestrale (Álvarez *et al.*, 2005), ce qui a permis de montrer un flux de gènes important entre les races locales caprines du Burkina Faso dans la présente étude. 0,372 étant la coancestralité moléculaire minimale entre les 2 sous-populations Espagnoles, l'augmentation de cette valeur entre les races du Burkina Faso, définie comme étant le degré du flux de gènes entre les 3 races, a varié de 0,073 (Mossi-Sahélien) à 0,124 (Djallonké-Mossi). Ce fort degré de flux de gènes entre les 3 races du Burkina Faso explique la faible différenciation et la faible structuration génétique entre ces races.

Les groupes ou clusters définis par le programme STRUCTURE correspondraient théoriquement aux populations ancestrales des races analysées. Bien que la définition des races au Burkina Faso ait une certaine base génétique, les Djallonké, Sahéliens et Mossi ont contribué le plus aux clusters 1, 3 et 6, respectivement. Les Mossi et les Sahéliens ont contribué significativement à trois des clusters (2, 3 et 5) donnant ainsi une idée de la direction du flux de gènes entre les 3 races. Comme noté par Pritchard *et al.* (2000), les groupes définis ne correspondent pas nécessairement aux populations ancestrales réelles et peuvent être déterminés simplement par l'échantillonnage, étant donné la difficulté d'évaluer les fréquences alléliques des populations d'origine surtout quand les races échantillonnées ne sont pas bien différenciées avec un certain degré de flux de gènes. Ce scénario correspond probablement au cas du Burkina Faso. En absence de flux de gènes exotique attendu dans les échantillons étudiés (absence d'importation de races de petits ruminants exotiques), la structure génétique observée ici pourrait être la conséquence d'introgession de gènes Sahéliens dans les races Soudano-Sahéliennes (Mossi).

Les études morpho-biométriques effectuées dans ce travail ont montré une faible différenciation entre les Djallonké et les Mossi, ces derniers occupant une position intermédiaire entre les 2 races bien identifiées (Djallonké et Sahéliens). Cette étude suggère que la race Mossi soit le prototype de la chèvre naine d'Afrique de l'Ouest avec des caractéristiques particulières dues à son environnement particulier et à

l'effet du flux de gènes continu des races Sahéliennes. Ce flux de gènes serait lié à l'action des populations nomades Peulh qui se déplacent vers le sud à la recherche de pâturage (Dossa *et al.*, 2007). Aussi, l'augmentation de la durée de la saison sèche en Afrique occidentale depuis les années 1980 aurait favorisé la migration de la chèvre Sahélienne dans les zones Soudano-Sahéliennes et Soudaniennes du Burkina Faso. Cette suggestion coïncide avec les informations fournies par l'analyse avec le programme STRUCTURE. Les races Mossi et Sahéliennes se regroupent formant divers cluster dans un scénario de faible différenciation génétique. Les Djallonké ont tendance à former leur groupe avec cependant quelques individus Mossi. L'introgession de gènes Sahéliens dans les zones Soudano-Sahéliennes peut être limitée comme le reflète l'analyse avec le programme STRUCTURE. Les races Sahéliennes sont trypanosensibles, limitant ainsi leur possibilité d'utilisation comme reproducteur dans les zones Soudaniennes, occupées essentiellement par la chèvre Djallonké.

4.4. Polymorphisme de l'ADN mitochondrial

Les résultats rapportés dans cette section sont en accord avec ceux de Luikart *et al.* (2001) et de Nadéri *et al.* (2007) sur les espèces animales : une prédominance de l'haplogroupe A dans toutes les races dans le monde avec une forte variabilité haplotypique liée à l'aire géographique ou aux races échantillonnées. Les seules populations avec une diversité haplotypique inférieure à 64% sont les chèvres naines du Camérout échantillonnées au Zoo en Espagne qui auraient probablement souffert d'une forte menace d'extinction. Le seul haplotype appartenant à l'haplogroupe C a été trouvé uniquement dans la race Bermeya Espagnole. Azor *et al.* (2005) ont identifié des séquences d'ADNmt appartenant à l'haplogroupe C dans 2 races Espagnoles du Sud-ouest de la péninsule ibérique (Negra Serrana et Malagueña). Ces races ne partagent pas d'ancêtres communs avec la race Bermeya et il n'y a pas de flux de gène entre elles. L'haplogroupe est donc bien présente dans cette péninsule et sa présence est aussi signalée dans le Nord-ouest.

Aucune structure géographique n'a été notée dans ce travail bien que l'échantillonnage ait concerné 2 continents différents (Europe et Afrique). Aussi, aucune différenciation n'a été notée à l'intérieur des races d'Afrique de l'Ouest. L'étude de Naderi *et al.* (2007) rapporte que plus de 77% des variations relevées au niveau de l'ADNmt se trouvent à l'intérieur des races, avec seulement 11% entre races ayant les mêmes origines géographiques et 12% au niveau race et entre aire géographique.

Les résultats du séquençage de l'ADNmt diffèrent de ceux de la morphologie qui avaient révélé des différences phénotypiques entre les races locales du Burkina Faso. D'après Epstein (1971), les races Sahéliennes et Djallonké, en raison de leurs différences morphologiques, posséderaient des origines asiatiques différentes : la Djallonké aurait migré en Afrique sub-saharienne il y a environ 5500 ans avant Jésus Christ alors que l'ancêtre de la chèvre Sahélienne est arrivé en Afrique il y a environ 3500 ans avant Jésus Christ. Etant donné que les races du Sénégal, du Nigéria et du Zoo en Espagne appartiennent à la race naine d'Afrique de l'Ouest, nous pouvons conclure que l'ADNmt ne permet pas de discriminer entre ces races et la chèvre du Sahel. Cette situation pourrait être liée à notre avis au flux de gène entre les différentes races que nous avons signalé dans l'étude morpho-biométrique par l'action des éleveurs nomades. Cette introgression de gènes n'est cependant pas détectable avec l'analyse de l'ADNmt. De ce fait, l'histoire évolutive des races locales caprines du Burkina Faso pourrait être mise en évidence par l'étude du polymorphisme du chromosome Y (Pidancier *et al.*, 2006).

CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES

Cette étude a permis de caractériser les ressources génétiques caprines du Burkina Faso sur les plans morpho-biométrique et moléculaire (microsatellites et ADN mitochondrial).

Au niveau morphologique, les résultats obtenus montrent une variation morphologique significative sur tout le territoire national due principalement à l'existence de 2 races caprines bien distinctes que sont les Djallonké (race soudanienne) et les chèvres du Sahel (race sahélienne). L'hétérogénéité morphologique trouvée dépend principalement des conditions environnementales de vie des différentes populations même si pour les Djallonké et les Sahéliennes, elle est due à des origines génétiques différentes. Il ressort de ces travaux un flux continu de gènes Sahéliens dans les races Djallonké, probablement à l'origine des races Soudano-Sahéliennes (Mossi). Cela permet d'évaluer la direction du flux de gènes au Burkina Faso du Nord au Sud.

Sur le plan moléculaire, les marqueurs utilisés dans l'étude du polymorphisme des microsatellites sont très riches en information au regard de la valeur du PIC. Les races locales caprines du Burkina Faso possèdent une grande identité génétique surtout au niveau de la race Djallonké tandis que dans la race Mossi, le taux de consanguinité est très élevé. La différenciation génétique entre les trois races est faible et nette entre les Djallonké et les Sahéliens, confirmant les résultats de l'étude morpho-biométrique avec 2 races bien distinctes (Djallonké et Sahélien) et une race occupant une position intermédiaire (Mossi).

Par contre, l'étude de la variation de la séquence de l'ADNmt n'a pas permis de détecter de différence entre les 3 races locales caprines du Burkina Faso à cause du flux de gènes continue entre elles. Elle a permis cependant en comparaison avec les séquences de la banque de gènes en ligne (Genbank) de classer les races locales du Burkina Faso au cluster A avec une grande variabilité haplotypique.

Cette étude permet de dire que bien que la classification des ressources génétiques caprines du Burkina Faso soit basée sur des critères ethniques et géographiques, elle repose également sur des bases génétiques.

Les informations rapportées dans ce travail serviront de base pour l'élaboration de stratégies durables de conservation et de sélection au sein des races locales caprines du Burkina Faso.

Les résultats de cette étude permettent aussi de soulever d'autres questions de recherches dont les investigations sont actuellement en cours :

- i) l'étude du polymorphisme du chromosome -Y qui pourra apporter des informations complémentaires à celles rapportées par l'ADNmt sur l'histoire évolutive des différentes races car les deux marqueurs pourraient avoir des résultats discordants.
- ii) Aussi bien au niveau morpho-biométrique qu'au niveau des marqueurs moléculaires, un flux de gènes important a été noté entre les différentes races mais le degré n'a pu être évalué à cause du faible nombre d'échantillon dans les études moléculaires. Une étude sur l'évaluation du degré d'introgession de gènes est aussi en cours.
- iii) Ces travaux ouvriront la voix à la recherche de gènes d'intérêt sélectif chez les petits ruminants du Burkina Faso, notamment les gènes liés à la production ou à la résistance aux principales maladies (parasitoses).

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. Articles scientifiques

Achmann R., Curik I., Dovc P., Kavar T., Bodo I., Habe F., Marti E., Sölkner J., Brem G., 2004. Microsatellite diversity, population subdivision and gene flow in the Lipizzan horse. *Anim. Genet.* 35, 285–292.

Ajmone-Marsan, P.; Negrini, R.; Crepaldi, P.; Milanesi, E.; Gorni, C.; Valentini, A.; Cigogna, M., 1997. Assessing genetic diversity in Italian goat populations using AFLP markers. *Anim. Genet.*, v.32, p.281-288.

Álvarez I., Royo LJ, Fernández I., Guitiérrez JP., Perez-Pardal L., Guerra V., Rincón C., Traoré A., Goyache F., 2008. Genetic differentiation of 2 geographic subpopulations of Bermeya goat. *ITEA*, 104 (2) : 1290-294.

Azor P.J., Monteagudo L.V., Luque M., Tejedor M.T., Rodero E., Sierra I., Herrera M., Rodero A. & Arruga M.V., 2005. Phylogenetic relationships among Spanish goats breeds. *Anim. Genet.* 36, 423–5.

Bahy A., 2003. Genetics similarity among four breeds of sheep in Egypt detected by Random Amplified Polymorphic DNA markers, *Afr. J. Biotech*, 2 (7) : 194-197.

Barker, J.S.F., Tan, S.G., Moore, S.S., Muekherjee, T.K., Matheson, J.-L., Selvaraj, O.S., 2001. Genetic variation within and relationships among populations of Asian goats (*Capra hircus*), *J. Anim. Breed. Genet.* 118, 213–233.

Beh K.J., Hulme D.J., Callaghan M.J., Leish Z., Lenane I., Windon R.G., Maddox J.F., 2002. A genome scan for quantitative trait loci affecting resistance to *Trichostrongylus colubriformis* in sheep. *Anim. Genet.* 33, 97-106.

Bettini T.M., 1938. Types of goat in Italian territories of Africa. *J. South Afr. Vet. Med. Ass.*, 9, 74.

Black WC., 1993. PCR with arbitrary primers: approach with care. *Insect Mol. Biol.* 2:1-6.

Blott S.C., Williams J.L., Haley C.S., 1998. Genetic relationships among European cattle breeds, *Anim. Genet.*, 29 : 273-282.

Botstein D., White R. L., Skolnick M. Davies R. W., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.*, 32, 314-331.

Bourzat D., Zafindrajaona P.S., Lauvergne J.J., Zeuh V., 1993. Comparaison morpho-biométrique de chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 46 (4) : 667-674.

Bowcock A.M., Linares J., Tomfohrde E., Minch J.R. Kidd and Cvallli-Sforza, 1994. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites, *Nature*, 368 : 455-457.

Bruford M,W,, Bradley D,G,, Luikart G,, 2003. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication, *Nature Reviews Genetics*, 4 : 900-910.

Caballero A. et Toro M.A., 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv Genet* 3 : 289-299.

Cavalli-Sforza L., Edwards W., 1967. Phylogenetic analysis: models and estimation procedures, *Evolution* 21 : 550-570.

Chakraborty R. et Jin L., 1993. Determination of relatedness between individuals by DNA fingerprinting. *Human biology*, 65 : 875-895.

Dadi H., Tibbo M., Takahashi Y., Nomura K., Hanada H., Amano T., 2008. Microsatellite analysis reveals high genetic diversity but low genetic structure in Ethiopian indigenous cattle populations. *Anim. Genet.* 39, 425-431.

Delgado J.V., Barba, C., Camacho M.E., Sereno F.T.P.S., Martínez A., Vega-Pla J.L., 2001. Caracterización de los animales domésticos en España. *AGRI*, 29 : 7-18.

Devendra C., et Burns M., 1970. Goat production in the tropics. II Breeds. C.A.B. Farnham royal, 9-27.

Dossa L.H.; Wollny C.; Gauly M., 2007. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. *Small Rum, Res.* 73, 150-159.

Duchev, Z.; Groeneveld E., 2006. Improving the monitoring of animal genetic resources on National and International level. *Arch. Anim. Breed.* 49, 532-544.

Eding H., Meuwissen T.H.E., 2001. Marker-based estimates of between and within population kinships for the conservation of genetic diversity. *J. Anim. Breed. Genet.* 118, 141-59.

Epstein H., 1971. The origin of the domestic animal of Africa. Vol. 2 New York, London, Munich, Africana, P. 195-209; 210-235; 237-295; 296-305; 307-309.

Felsenstem J., 1995. Confidence limits on phylogenies : an approach using the bootstrap, *Evolution* 39 : 783-791.

Figueroa, P., Fernández, I., Gómez, E., Royo, L.J., Álvarez, I., Goyache, F., 2003. Iniciativas de conservación la cabra de raza Bermeya de Asturias. *AGRI*, 33 : 57-71.

Fitch, W. M. et Margoliach E., 1967. Construction of phylogenetic trees. *Science.* 155 : 279-284.

Glowatzki-Mullis, M.-L., Muntwyler, J., Bäumle, E., Gaillard, C., 2008. Genetic diversity measures of Swiss goat breeds as decision-making support for conservation policy. *Small Rum. Res.* 74, 202-211.

Gonzalez P., Tunon M.J., Vallejo M., 1987. Genetic relationship between seven spanish breed of cattles. *Anim. Genet.*, 18 : 249-256.

Goudet J., 1995. FSTAT (vers.1.2) : a computer program to calculate F-statistics. *J. Hered.* 86, 485-486.

Greef de G., 1917. L'agriculture indigène dans la région du Haut-Ituri. *Bulletin Agricole du Congo Belge*, 7, 1-113.

Gregorius, H.-R., 1984. A unique genetic distance. *Biometrical Journal*, 26 : 13-18.

Grosclaude F., Aupetit R., Lefebvre J., Meriaux J.C., 1990. Essai d'analyse des relations génétiques entre les races bovines françaises à l'aide du polymorphisme biochimique. *Genet. Sel. Evol.*, **22** : 317-338.

Gutiérrez J.P., Goyache F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information, *J. Anim. Breed. Genet.*, **122**, 357-360.

Hanotte O., Bradley D.G., Ochieng J.W., Verjee Y., Hill E.W., Rege J.E., 2002. African pastoralism: genetic imprints of origins and migrations, *Science* **296** : 336-339.

Hartl D.L., 1988. Génétique des populations. Médecine-Science Flammarion, Paris : pp. 305.

Henrotte A., 1961. Etude du cheptel caprin dans le Bas-Congo. *Bull. Agric. Congo*, **52**, 1279-1293.

Herrera M., Rodero E., Gutierrez M.J., Pena F., Rodero J.M., 1996. Application of multifactorial discriminant analysis in the morphostructural differentiation of Andalusian caprine breeds. *Small Rumin. Res.* **22**, 39-47.

Hossaini-Hilali J. et Benlamli S., 1995. La chèvre noire Marocaine. Capacités d'adaptation aux conditions arides. *AGRI*, **15**, 51-56.

Hurlbert S.H., 1971. The nonconcept of species diversity: a critique and alternative parameters. *Ecology*, **52** : 577-586.

Iamartino D., Bruzzone A., Lanza A., Blasi M., Pilla F., 2005. Genetic diversity of Southern Italian goat populations assessed by microsatellite markers. *Small Rumin. Res.* **57**, 249-255.

Jeffreys A.L., Wilson B. & Thien S.L., 1985. Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature* **314**, 67-73.

Jordana J., Ribo O., Pelegrin M., 1993. Analysis of genetic relationships from morphological characters in Spanish goat breeds. *Small Rumin. Res.* **12**, 301-314.

Kaboré A., Tamboura H. H., Belem G. A.M., Traoré A., 2007. Traitements ethno-vétérinaires des parasitoses digestives des petits ruminants dans le plateau central du Burkina Faso. *Int. J. Biol. Chem. Sci.* 1 (3) : 297-304.

Karp, A., Seberg, O., and Buiatti, M. 1996. Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. *Ann. Bot.* 78 : 143-149.

Katongole J.B.D., B. Sebolai and Madinabe. 1994. Morphological Characterisation of the Tswana goat. In *Small Ruminant Research and Developpement in Africa. Proceeding of the third Biennial Conference of the african Small Ruminant Research Network.* UICC, Kampala, Uganda, 43-47.

Kim K.S., Yeo J.S., Choi C.B., 2002. Genetic diversity of North-east Asian cattles based on microsatellite data. *Anim. Genet.*, 33, 201-204.

Kumar, D., Dixit S.P., Sharma, R., Pandey A.K., Sirohi G., Patel A.K., Aggarwal R.A.K., Verma N.K., Gour D.S., Ahlawat S.P.S., 2005. Population structure, genetic variation and management of Marwari goats. *Small Rum. Res.*, 59, 41-48.

Kumar, S., Tamura K., Jakobsen I.B. and Nei M., 2001. MEGA2: Molecular Evolutionary Genetics Analysis software, *Bioinformatics*, 17 : 1244-1245.

Lanari, M.R.; Taddeo, H.; Domingo, E.; Pérez Centeno, M.; Gallo, L.: 2003. Phenotypic differentiation of exterior traits in local Criollo Goat Population in Patagonia (Argentina). *Arch. Tierz.* 46, 347-356.

Lauvergne J.J., 1992. Breed development and breed differentiation. *Proc. CEC workshop and training course, Hannover 1992*, 53-64.

Lauvergne J.J., Bourzat D., Souvenir P.Z., Zeuh V., Ngo-Tama A.C., 1993. Indices de primarité de chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 46 (4) : 651-665.

Lewontin R.C., Hubby J.L., 1966. A molecular approach to the study of genetic heterosigosity in natural populations. I. The number of alleles at different loci in *Drosophila pseudooscura*. *Genetics* 54, 546-595.

Loftus R.T., Machugh D.E., Ngere L.O., Balam D.S., Badi A.M., Bradley D.G., et Cunningham E. P., 1994. Mitochondnal genetic variation in European, African and Italian cattle populations. *Anirn. Genet.* 25 : 265-271.

Luikart G., Gielly L., Excoffier L., Vigne J.D., Bouvet J. & Taberlet P., 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 98, 5927-32.

Machugh, D.E., Shriver R., Loftus T., Cunningham P. et Bradley D. G., 1997. Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of Taurine and Zebu cade (*Bos tataricus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 146 : 1071-1086.

Manwell C., Baker C.M.A., 1980. Chemical classification of cattle. II. Phylogenetic tree and specific status of the zebus. *Anim. Blood group biochem. Genet.*, 11, 151-162.

Martínez, A.M., Acosta J., Vega-Pla J.L., Delgado J.V., 2006. Analysis of the genetic structure of the canary goat populations using microsatellites. *Livest. Sci.* 102, 140-145.

Mason I.L. 1981. Wild goat and their domestication. In : C. Gall. *Goat production*, Academic Press, London, 37-55.

Mason I.L. et Maule J.P., 1960. Goat. In : I.L. Masson and J.P. Maule. *The indigenous livestock of Eastern and southern Africa*. C.A.B. Technical communication number, Farnham royal, 112-142.

Maxam A.M. and Gilbert W., 1977. A new method for sequencing DNA. *Natl Acad Sci.*, 74(2): 560-564.

Medjugorac I., Kustermann W., Lazar P., Russ I., Pirchner F., 1994. Marker-derived phylogeny of European cattles support demic expansion of agriculture. *Anim. Genet.*, 25 (supplement 1) : 19-27.

Meghen C., McHugues D.E., Bradley D.G., 1994. Genetic characterization and West African cattle. Department of Genetics, Trinity College, Dublin 2, Ireland, 10 p.

Mullis, K., Facoma, F., Scharf, S., Snikl, R., Horn, G., Erlich, H., 1983. Specific amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harbor Symposium Quantitative Biology* 51 : 260.

Muzzolini A., 1989. Les débuts de la domestication des animaux en Afrique : faits et problèmes. *Ethnozootechnie*, 42, 7-22.

Muzzolini A., 1992. Les débuts de la domestication au Sahara et les gravures rupestres les plus anciennes (Ecole bubaline). *Préhistoire Ariégeoise*, 46, 211-233.

Muzzolini A., 1993. L'origine des chèvres et des moutons domestiques en Afrique. Reconsidération de la thèse diffusionniste traditionnelle. *Empuries*, 2, 160-171.

Naderi S., Rezaei H.R., Taberlet P., Zundel S., Rafat S.A., Naghash H.-R., El-Barody M.A.A., Ertugrul O. & Pompanon F. for the Econogene Consortium, 2007. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PLoS ONE* 2, e1012. Doi : 10.1371/journal.pone.0001012.

Ndumu, D.B.; Baumung, R.; Wurzinger, M.; Drucker, A.G.; Okeyo, A.M.; Semambo, D.; Sölkner, J., 2008. Performance and fitness traits versus phenotypic appearance in the African Ankole Longhorn cattle: A novel approach to identify selection criteria for indigenous breeds. *Livest. Sci.* 113, 234-242

Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *The American Naturalist*. 106 : 283-292.

Nei M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 70 : 3321-3323.

Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 89 : 583-590.

Nei, M., 1987. Genetic distance and molecular phylogeny. In "Population Genetics and Fishery Management" (N. Ryman & F. Utter, Eds), pp. 193-223, University of Washington Press, Seattle.

Nei, M. et Roychoudhury A.K., 1974. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*. 76 : 379-390.

Nei, M., Tajima F., Tateno Y., 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution*, 19, 153-170.

Ngere L.O., 1985. The small ruminants of West Africa. A review. In : *Animal genetic resources in Africa. Proc. 2nd OAU expert comm. Meet. Anim. Resources Africa. Bulawayo, Zimbabwe, OUA/STRC/IBAR, Nairobi, Kenya, 113-122.*

Nozawa K., 1991. Domestication and history of goat. In: *K. Majala: Genetic resources of pigs, sheep and goat. World Animal Science, B8. Elsevier, Amsterdam, 391-404.*

Ollivier L., Chevalet C., Foulley J.L., 2000. Utilisation des marqueurs pour la caractérisation des ressources génétiques, *INRA prod. Anim. Numéro hors serie, 247-252.*

Pecaud 1928. Chèvre et mouton du centre Africain. *Rév. Hist. Nat. Appl.*, 4, 101-112.

Petit R.J., Moussadik El. A. and Pons O., 1998. Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conservation biology*, 12 : 844-855.

Pidancier N., Jordan S., Luikart G. & Taberlet P., 2006. Evolutionary history of the genus *Capra* (Mammalia, Artiodactyla) : discordance between mitochondrial DNA and Y-chromosome phylogenies. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40, 739-49.

Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.

Queval R., Petit J.P., 1982. Le polymorphisme biochimique de l'hémoglobine de populations bovines trypanosensibles, trypanotolérantes et de leur croisement dans l'Ouest africain. *Rev. Elev. Med. Vet. Pays Trop.*, 35 (2) : 137-146.

Quiroz J., Martinez A.M., Zaragoza L., Perezgrovas R., Vega-Pla J.L., Delgado J.V., 2007. Genetic characterization of the autochthonous sheep populations from Chiapas, Mexico *Livest. Sci. in press, doi : 10.1016/j.livsci. 2007. 09. 022.*

Randi E., Fusco G., Lorenzini R., Toso S., Tosi G., 1991. Allozyme divergente and phylogenetic relationships among Capra, Ovis and Rupicapra (Artiodactyla, Bovidae). *Heredity* 67, 281-286.

Rao, K.B., Bhat, K.V., Totey S.M., 1996. Detection of species-specific genetic markers in farm animals through random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Genet. Anal.* 13 : 135-138.

Raymond M., Rousset F., 1995. GENEPOP (Version 1.2) : populations genetic software for exact test and ecumenicism. *J. Hered.* 86, 248-249.

Rege J.E.O., 1992. African animal genetic resources: their characterization, utilization and conservation. In : Rege J.E.O. and Lipner M.E (eds), *Proceedings of the Research Plan Workshop held at ILCA, Addis Ababa, Ethiopia, 19-21 February 1992, ILCA (International livestock centre for Africa), Addis Ababa, Ethiopia, 164p.*

Renaville R., Georges M., Smal C., Gengler N., Parmentier I., Portetelle D., 2003. Contribution de la biologie moléculaire au progrès de l'élevage. *Communication personnelle, 5 p.*

Reynolds J, Weir BS, and Cockerham C, 1983. Estimation of the coancestry coefficient : basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 105 : 767-779.

Rincon G., D'Angelo M., Gagliardi R., Kelly L., Llambi S. and Postiglioni A., 2000. Genomic polymorphism in Uruguyan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers," *Res Vet Sci* 69 : 171-174.

Robinet A.H., 1967. La chèvre rousse de Maradi. Son exploitation et sa place dans l'élevage et l'économie de la république du Niger. *Rév. Elev. Méd. Vét. Pays Trop.,* 20 (1) : 129-196.

Roetti C., 1938. Considerazioni zootecniche dell'Ethiopia. *Nuevo Ercol.,* 43 : 41-62.

Roth C., 1938. La petite chèvre rousse du Niger. *Bull. Serv. Zoot. Epizoot. AOF,* 1 (2) : 13-19.

Ruane J., 1999. A critical review of the value of genetic distance studies in breed conservation. *J. Anim. Breed. Genet.,* 116, 317-323.

Sachinandam R., and International SNP map working group. 2001. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. *Nature*, 409 : 928-933.

Saitou N. et Nei M., 1987. The neighbour-joining method : a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.*, 4 : 406-425.

Sanfo R., Nianogo A.J., Tamboura H.H., 2000. Profil morpho-biométrique, évolution pondérale et indices de productivité de la chèvre du Sahel au Burkina Faso. *Sci. et Tech.* vol 24, n°2, p 68 - 76.

Sanger F., Nicklen S, Coulson AR., 1977. "DNA sequencing with chain-terminating inhibitors" *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, 74, 5463 - 5467.

Simon, D.L., 1999. European approaches to conservation of farm animal genetic resources. *AGRI* 25, 79-99.

Singh H., Bat P.N., Singh R., 1981. Gene differentiation in Indian cattle. *Indian J. Anim. Sci.*, 51, 267-270.

Sunnucks P., 2001. Efficient genetic markers for population biology. *Tree*, 15 : 199-203.

Tabezaki N. and Nei M., 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 144 : 389-399.

Tama A.C.N., Bourzat D., Zafindrajaona P.S. & Lauvergne J.J., 1994. Caractérisation génétique des caprins du Nord-Cameroun. In *Small Ruminant Research and Development in Africa. Proceeding of the Biennial conference of the African Small Ruminant Research Network.* UICC, Kampala, Uganda, 55-62.

Tamboura H., Berté D., 1994. Système traditionnel d'élevage caprin sur le plateau central du Burkina Faso. In *Small Ruminant Research and Development in Africa, Proceeding of the Biennial conference of the African Small Ruminant Research Network,* UICC, Kampala, Uganda, p 93 - 97.

Tamura K. and Nei M., 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* 10 : 512-526.

Traoré A., Royo L.J., Álvarez I., Fernández I., Guitiérrez J.P., Rincón C., Perez-Pardal L., Goyache F., 2008. Adjacent mutations to ovine PrnP codons 136 and 171 affect performance of the diagnostic protocol based on RT-PCR coupled with fluorescence probes. *ITEA*, 104 (2) : 106-109.

Traoré A., Tamboura H.H., Kaboré A., Boussini H., Minoungou L. Germaine, Bayala B., Traoré M., Sanou S., 2008. Pertes reproductives par abattage de brebis et de chèvres gestantes à l'abattoir frigorifique de Ouagadougou, Burkina Faso. *Rév. Sci. et Tech.*, 30 (1) : 19-23.

Trommelen G.J, Den Daas J.H.G., Vijg J., Uitterlinden A.G., 1993. DNA profiling of cattle using micro- and minisatellites core probes., *Animal genetic*, 24 : 235-241.

Troy C.S., MacHugh D.E., Bailey J.F., Magee D.A., Loftus R.T., Cunningham P., Chamberlain A.T., Sykes B.C., Bradley D.G., 2001. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*, 410 : 1088-1090.

Vaiman, D., Mercier D., Mozami-Goudarzi K., Eggen A., Ciampolini R., Lepmgle A., Velmala R., Kaukinen J., Varvio S. L., Martin P. et Levesiel H., 1994. A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mamm Genome*. 5 : 288-297.

Vos P., Hogers R., Bleeker M. et al., 1995. AFLP : a new technique for DNA fingerprinting. *Nucl. Ac. Res.*, 23, 4407-4414.

Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski J.A, Tingey SV., 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18 : 6531-6535.

Wong G.K. and International Chicken Polymorphism Map Consortium. 2004. A genetic variation map for chicken with 2.8 million single nucleotide polymorphisms. *Nature*, 432 : 717-722.

Wu C.F.J., 1986. Jackknife, bootstrap and other resampling plan in regression analysis. *Annals Statistic*, 14 : 1261 - 1295.

Zaitoun I.S., Tabbaa M.J., Bdour S., 2005. Differentiation of native goat breeds of Jordan on the basis of morphostructural characteristics. *Small Rumin. Res.* 56, 173–182.

Zeuh V., Lauvergne J.J., Bourzat D., Minvielle F., 1997. Cartographie des ressources génétiques caprines du Tchad du Sud-Ouest, I, Hauteur au garrot (HG), profondeur de thorax (PT) et indice de gracilité sous-sternale (IGs). *Rev. Elev. Méd. Vét. Pays Trop.*, 50 (3) : 250-260.

2. Ouvrages et mémoires

Aristote, -347/-342. Histoire des animaux (10 livres). Edition bilingue grec/français en 3 tomes de P. Louis, les belles lettres, Paris, 1964.

Bouchel D., 1995. Contribution à l'étude des indices morfo-biométriques et de leur condition d'emploi pour la cartographie des ressources génétiques caprines. Mémoire de DIRS, Université François Rabelais de Tours, 40 p.

Bourzat D., 1985. La chèvre naine d'Afrique Occidentale. Monographie. Groupe de recherches sur les petits ruminants et les camélidés, document du groupe num SRC 4, CIPEA, Addis Abeba, 68 p.

Cavalli Sforza, L.L. et Bodmer W. F., 1971. Genetics, Evolution and Man. Freeman, San Francisco.

Châtelain E., 1987. Atlas d'anatomie de la chèvre, Paris, France, INRA.

Crépin J., 1906. La chèvre. Librairie spéciale agricole, Paris, 339 p.

Curasson G., 1936. Le mouton au Soudan français. Union ovine coloniale. Paris, 222p.

DAGRIS, 2007. Domestic Animal Genetic Resources Information System (DAGRIS), (eds. J.E.O. Rege, O. Hanotte, Y. Mamo, B. Asrat and T. Dessie). International Livestock Research Institute, Addis Ababa, Ethiopia, 2007, <http://dagris.ilri.cgiar.org>

Dapper O., Ten Rhyne W., de Grevenbrock G.D.C., 1906. Translate by Shapera and Farrington (1933). The early cape Hottentots. Cape Town.

Doutressoulle G., 1947. L'élevage en Afrique occidentale française. Paris, Larose, 298p.

Dumas R., 1977. Etude sur les petits ruminants du Tchad. IEMVT, Maisons Alfort, France, Ministère du développement agricole et pastoral du Tchad et BIRD, 355 p.

Eding, J. H., and G. Laval. 1999. Measuring genetic uniqueness in livestock. Pages 33-58 in *Genebanks and the Conservation of Farm Animal Genetic Resources*. J. K. Oldenbroek, ed., DLO Inst. Anim. Sci. and Health. Lelystad, The Netherlands.

ENEC II, 2004. Deuxième enquête nationale sur les effectifs du cheptel. tome II, 86 p.

FAO, 2008. L'état des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture dans le monde. Edité par Barbara Rischkowsky et Dafydd Pilling. Rome, ISSN 978-92-5-205762-8, 556p.

French M.H., 1971. Observations sur la chèvre. FAO, Rome, 227 p.

Gautier A., 1990. La domestication. Et l'homme créa ses animaux. Errance, Paris, 277 p.

Geoffroy Saint-Hilaire H., 1919. Espèce caprine. In : L'élevage en Afrique du Nord, Maroc-Tunisie-Algérie, Augustin Challamel, Paris, 287-294.

Guinko S. 1984. Végétation de la Haute-Volta. Thèse de doctorat es sciences. Université de Bordeaux III. Tome I, pp. 394.

Hérodote, vers -435. Histoire. Edition bilingue grec/français en 3 tomes de P.E. Legrand, les belles lettres, Paris, 1982.

Helmer D., 1992. La domestication des animaux par les homes préhistoriques. Masson, Paris, 184 p.

Jacq C., 1994. Le petit champollion illustré. Robert Lafon, Paris, 235 p.

Laliberté H.Y., 1998. Caractérisation de la variabilité et des distances génétiques des bovins de races Canadiennes, Suisse-brune et Holstein à l'aide du polymorphisme

des caséines et marqueurs microsatellites. Mémoire de MSc., faculté des sciences, Université de Sherbrook, Sherbrook, Quebec, Canada, 74p.

Leclercq P., 1976. Principales races d'animaux domestiques des zones tropicales. IEMVT, Maisons Alfort, 97 p.

Leplace E., 1937. Elevage des chèvres laitières au Congo. Bruxelles.

Malécot G., 1948. Les mathématiques de l'hérédité. Masson, Paris, 63 p.

Marchi E., 1929. Studi Sulla Pastorizia della colonia Eritrea. Firenze.

Marie A., Iannone J., David Taylor, Jingwen Chen, May-Sung Li, Fei Ye, and Michael P. Weiner, 2006. Microsphere-Based Single Nucleotide Polymorphism Genotyping, From : Methods in Molecular Biology. Vol. 226: PCR Protocols, Second Edition, Edited by: J.M.S., Bartlett and D. Stirling © Humana Press Inc., Totowa, NJ.

Muzzolini A., 1991. Dating the Earliest Central Saharan Rock art : Archaeological and Linguistic Data. In: Friedman R. and Adams B. eds : The followers of Horus. Studies dedicated to Michael Allen Hoffman. Egyptian studies Association Publications num 2, Oxfort, 356 p.

Ouadba, J.M., 1997. Elaboration d'une monographie nationale sur la diversité biologique : Collecte de données biologique, considération écologiques. Minist. Envir. et de l'Eau, Ouagadougou, pp45.

Peggler H.S.H., 1886 (réédité en 1930). The book of the goat. London.

Pierre C., 1906. L'élevage dans l'Afrique Occidentale Française. Challamel, Paris, 280 p. fig. et dépl.

Samson A., 1910. Traité de zootechnie. Librairie agricole de la maison rustique, Paris, 5 volumes.

Sangaré M., 2005. Synthèse des résultats acquis sur l'élevage des petits ruminants dans les systèmes de production animale d'Afrique de l'Ouest. Document de synthèse produit dans le cadre du programme concerté de recherche-développement sur l'élevage en Afrique de l'Ouest (PROCORDEL). CIRDES, 165 p.

SAS/STAT™, 1999. User's Guide, Release 8,2, SAS Institute Inc, Cary NC.

Schapera I., 1930. The Khoisan peoples of South Africa, London.

Sneath P.H.A et Sokal R.R., 1973. Numerical taxonomy. W.H. Freeman and company. San Francisco, 573p.

Solignac M., Periquet G., Anxolabéhère D. et Petit C., 1995. Génétique et évolution Tome 1, La variation, les gènes dans les populations, Collection Méthodes; Hermann, Editeurs des sciences et des arts, 293 pp.

Trail J.C.M., Hoste C., Vissocq Y.J., Lhoste P., Masson I.L., 1979. Trypanotolerant livestock in West and Central Africa. 1. General study, ILCA, Addis Ababa, 148 p.

Vincent A., 1964. Lexique biblique. 2^{ème} édition, Casterman, Tournai, 480 p.

Wahlund, 1928. Hereditas II, 65p.

Wilson R.T., 1991. Small ruminant production and the small ruminant genetic resource in Tropical Africa. Anim. Prod. Health Paper, num 88, FAO, Rome, 231 p.

Wright S., 1978. Evolution and the genetic of population, University of Chicago Press, Chicago, 295p.

PUBLICATIONS ISSUES DES TRAVAUX DE LA THESE

A. Traoré, H.H. Tamboura, A. Kaboré, N. Yaméogo, B. Balé, I. Zaré, 2006. Caractérisation morphologique des petits ruminants de race locale « Mossi » au Burkina Faso. *AGRI*, 39 : 39-50.

A. Traoré, H.H. Tamboura, A. Kaboré, L.J. Royo, I. Fernández, Isabelle Álvarez, M. Sangaré, D. Bouchel, J.P. Poivey, D. François, L. Sawadogo and F. Goyache, 2008. Multivariate analyses on morphological traits of goat in Burkina Faso. *Arch. Tierz. Dummerstorf*, 51 (6) : 588-600.

A. Traoré, L.J. Royo, H.H. Tamboura, A. Kaboré, I. Fernández, Isabelle Álvarez, M. Sangaré, A. Toguyéni, G. Ouédraogo-Sanou, J.P. Gutiérrez, L. Sawadogo and F. Goyache, 2009. Genetic characterisation of Burkina Faso goat using microsatellites polymorphism. *Livestock science*, 123 : 322-328.

L.J. Royo, A. Traoré, H.H. Tamboura, A. Kaboré, I. Fernández, Isabelle Álvarez, M. Sangaré, A. Toguyéni, G. Ouédraogo-Sanou, J.P. Gutiérrez, L. Sawadogo and F. Goyache, 2009. Analysis of mitochondrial DNA diversity in Burkina Faso populations confirms the maternal genetic homogeneity of West African goat. *Animal genetic*, 40 : 344-347.