



UNIVERSITE
JEAN LOROUGNON GUEDE

UFR ENVIRONNEMENT

REPUBLIQUE DE COTE D'IVOIRE
Union-Discipline-Travail

.....
Ministère de l'Enseignement Supérieur et
de la Recherche Scientifique

ANNEE : 2019-2020

N° D'ORDRE : 029/2020

CANDIDAT :

Nom : YEBOUE

Prénoms : Kouadio Félix

THESE

**Pour l'obtention du grade de Docteur de
L'Université Jean Lorougnon GUEDE**

Mention : Ecologie, Biodiversité et Evolution

Spécialité : Génétique et Parasitologie moléculaire

**IDENTIFICATION MOLECULAIRE DES ESPECES SAUVAGES
BRACONNEES ET DES ESPECES PATHOGENES ZONOTIQUES
ASSOCIEES DANS LES REGIONS DU HAUT-SASSANDRA ET DE LA
MARAHOU EN COTE D'IVOIRE**

**Soutenue publiquement
le 17/12/2020**

JURY

Président	M. KOUADIO Justin	Yatty	Professeur Titulaire	Université Jean Lorougnon GUEDE
Directeur	M. KOFFI N'Goran Mathurin		Maître de Conférences	Université Jean Lorougnon GUEDE
Rapporteur	M. DJAMAN Joseph	Allico	Professeur Titulaire	Université Félix Houphouët BOIGNY
Examineur	M. DABONNE Soumaïla		Professeur Titulaire	Université Nangui ABROGOUA
Examineur	M. ALIKO N'Guessan Gustave		Maître de Conférences	Université Jean Lorougnon GUEDE

DEDICACE

A notre père, Feu YEBOUE Djaha, à qui nous devons tout, mais qui malheureusement nous a quitté brusquement et n'a pu nous voir aller au bout de nos efforts. Papa, repose en paix !

A notre très chère mère KOFFI Akissi Chantal, à qui nous disons merci pour tous les efforts et les sacrifices que vous n'avez jamais cessé de consentir pour notre instruction et notre bien être.

A nos deux merveilleux enfants ; YEBOUE Aya Eunice Constance Prunelle et YEBOUE Kouassi Bohrane Kenneth-Joseph, pour qui nous l'espérons, ce travail leur servira d'exemple.

A notre fiancée KONATE Maimouna pour son amour !

REMERCIEMENTS

Cette Thèse est l'aboutissement d'un long parcours jonché de difficultés, d'incertitudes, de découragement mais aussi de passion, de reprise de confiance en soi et de challenge. Son dénouement n'aurait pu être possible sans le concours, le soutien et les encouragements de personnes et de structures auxquelles nous tenons à exprimer notre profonde gratitude.

Au Professeur TIDOU Abiba Sanogo épouse KONE, Présidente de l'Université Jean Lorougnon Guédé (UJLoG) Côte d'Ivoire, pour son amour de la recherche et son dévouement au travail bien fait.

Au Professeur KONE Tidiani, Vice-président chargé de la pédagogie, de la recherche, de la vie universitaire et de l'innovation technologique de l'UJLoG pour les efforts consentis dans la formation et la recherche à l'UJLoG.

Au Professeur AKAFFOU Doffou Sélastique, Vice-président chargé de la planification, de la programmation et des relations extérieures de l'UJLoG, pour ses encouragements, ses conseils et son soutien dans la formation des doctorants de l'UJLoG.

Au Professeur KOUASSI Lazare, Directeur de l'UFR Environnement de l'UJLoG, pour avoir accepté notre inscription en thèse au sein de l'UFR qu'il dirige, mais aussi pour son implication et sa permanente sollicitude dans notre formation.

Au Professeur KOFFI Béné Jean-Claude, Directeur du laboratoire de Biologie Ecologie Tropicale (BioEcoTrop) de l'UFR Environnement de l'UJLoG, pour son soutien, sa disponibilité et ses précieux conseils qui nous ont orientés vers la thématique de ce travail. Nous vous sommes infiniment reconnaissants.

Au Docteur KOFFI N'Goran Mathurin, Maître de Conférences, Directeur de cette Thèse qui au moment des incertitudes, nous a tendu la main et nous a intégré au sein de l'Unité de Recherche de Génétique et Epidémiologie Moléculaire (URGEM) de l'UJLoG dont il est le responsable. Nous avons pu alors bénéficier de ses conseils ainsi que du soutien financier, matériel et logistique de ce laboratoire. Nous tenons à lui dire grand merci pour sa générosité inestimable en faveur de son prochain.

Nous tenons à exprimer notre gratitude, au Président du jury, M. KOUADIO Yatty Justin, Professeur Titulaire en Physiologie végétale à l' Université Jean Lorougnon GUEDE, aux membres du jury : M. DJAMAN Allico Joseph, Professeur Titulaire en Biochimie et Parasitologie à l' Université Félix Houphouët BOIGNY, M. DABONNE Soumaila, Professeur Titulaire en Biochimie, Biotechnologie et Sciences des aliments à l' Université Nangui ABROGOUA et M. ALIKO N'Guessan Gustave, Maître de Conférences en Hydrobiologie à l' Université Jean Lorougnon GUEDE, pour avoir accepté de juger ce travail.

Nous voudrions aussi dire un grand merci à tous les chercheurs du laboratoire URGEM en occurrence les Docteurs KONATE Sylla, AHOUTY Bernadin, N'DJETCHI Kassi Martial, SIMARO Siriki, au technicien de l'URGEM KONAN Thomas de l'UJLoG, aux Doctorants ABE Allepo Innocent, TRAORE Barkissa, SOKOURY Abila Edwige, KONE Minayegnirin, YAO Blé Gbacla Fora Dominique pour le cadre fraternel et l'entraide dont a bénéficié ce travail.

Aux Enseignants-Chercheurs de l'UJLoG, Dr OHOU Marie-Jeanne, Dr SANGNE Charles, Dr AYOLIE Constant, Dr DJAHA Koffi, Dr TRA Bi Crolaud, Dr KELY Marley Roger, pour l'assistance apportées durant notre parcours universitaire.

Aux doctorants de l'UJLoG : SERI Marechal, TIECOURA Yao Fernand Alban, KOUA Kadio Athé Noel, KOUADIO Akesse Blaise, pour leur collaboration durant tout notre parcours au sein de l' UJLoG.

A nos formidables parents, Dr KOFFI Djaha André, YOBOUE Yao Firmin, KONAN Marcellin, YEBOUE Akissi Estelle Solange, YEBOUE Kouamé Guillaume, YEBOUE Amenan Bernadette, YEBOUE Ahou Tatiana Sandrine, YEBOUE Amino Alice, YEBOUE Affoué Gislaine Blanche Cynthia, YEBOUE Kouassi Franck Saint-Clair, qui par leurs prières, leurs conseils et leurs soutiens financiers n'ont cessé de nous apporter aide et assistance dans les moments difficiles et heureux de notre vie.

Aux différentes autorités administratives et structures en charge de la gestion de la faune et des ressources cynégétiques des localités Visités dans le cadre de cette étude (Préfet, Sous-Préfet, Agents des Eaux et forêts, Agents de la SODEFOR) pour le soutien apporté afin de mener à bien cette étude sous leur autorité.

A tous les acteurs de la filière viande de brousse du District Sassandra-Marahoué impliqués dans notre étude, pour la collaboration et la confiance lors de nos différentes visites de collecte de données dans les restaurants.

A L'OIPR de Katiola avec à sa tête le Capitaine N'DRIN N'Drin Ehie épouse BREGA, pour tout le soutien moral.

A tous les membres de l'amicale Béthanie à Daloa pour le soutien moral et financier dont ils ont fait preuve durant tout ce travail.

A toutes les personnes qui de près ou de loin ont contribué l'aboutissement de cette thèse dont les noms n'ont pu être mentionnés, qu'ils trouvent ici l'expression de notre profonde gratitude.

TABLE DES MATIERES

LISTE DES SIGLES ET ABREVIATIONS.....	x
LISTE DES TABLEAUX	XII
LISTE DES FIGURES.....	XIII
LISTE DES ANNEXES	XV
INTRODUCTION.....	1
I : GENERALITES	5
1.1. Présentation de la zone d'étude	6
1.1.1. Situation géographique et administrative	6
1.1.2. Caractéristiques physiques du milieu	7
1.1.2.1. Climat	7
1.1.2.2. Hydrographie.....	8
1.1.2.3. Relief et sols	9
1.1.3. Population et activités économiques	9
1.1.3.1. Population.....	9
1.1.3.2. Activités économiques	10
1.1.3.2.1. Activités agricoles	10
1.1.3.2.2. Activités industrielles	10
1.1.3.2.3. Activités touristiques.....	11
1.1.4. Flore et végétation	11
1.1.5. Faune ivoirienne	12
1.1.5.1. Invertébrés	12
1.1.5.2. Vertébrés	13
1.2. Faune mammalienne du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire	15
1.2.1. Définitions et caractéristiques principales.....	15
1.2.1.1. Faune sauvage mammalienne.....	15
1.2.1.2. Viande de brousse	16
1.2.2. Importance de la faune	17
1.2.2.1. Importance écologique	17
1.2.2.2. Importance économique	17
1.2.2.3. Importance alimentaire.....	19

1.2.2.4. Importance socioculturelle et croyance liée aux gibiers	19
1.3. Zoonoses.....	20
1.3.1 Définition	20
1.3.2. Zoonoses émergentes	21
1.3.3. Zoonoses ré-émergentes	22
1.3.4. Écologie et épidémiologie des zoonoses spécifiques aux animaux sauvages.....	23
1.3.4.1. Écologie des zoonoses.....	23
1.3.4.2. Epidémiologie des zoonoses	28
1.4. Typage moléculaire	30
1.4.1. Principe général du typage moléculaire des espèces.....	30
1.4.2. Typage moléculaire spécifique de la viande de brousse	31
1.4.3. Typage moléculaire des pathogènes microbiens	32
1.4.4. Réaction de polymérisation en chaîne (PCR)	34
II : MATERIEL ET METHODES	36
2.1. Sites et points de collecte d'échantillons.....	37
2.2. Matériel	38
2.2.1. Matériel biologique	38
2.2.2. Matériel technique.....	38
2.2.2.1. Matériel d'échantillonnage.....	38
2.2.2.2. Matériel de laboratoire	38
2.2.2.2.1. Matériel d'analyse moléculaire	38
2.2.2.2.2. Matériel d'isolement et d'identification des espèces de bactéries	40
2.2.2.2.3. Matériel d'isolement et d'identification des parasites intestinaux	40
2.3. Méthodes	40
2.3.1. Sensibilisation des autorités administratives et acteurs de la filière viande de brousse	40
2.3.2. Stratégies d'identification des acteurs de la filière et d'échantillonnage des	
spécimens rencontrés dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire	41
2.3.2.1. Stratégies d'identification des acteurs de la filière viande de brousse	41
2.3.2.2. Stratégie d'échantillonnage de la faune sauvage braconnée	41
2.3.2.3. Collecte d'échantillons	42
2.3.2.4. Identification des échantillons.....	42
2.3.3. Isolement des parasites intestinaux de la viande de brousse	42
2.3.4. Isolement des bactéries sur le milieu CHROMAgar™ Orientation.....	43

2.3.5. Identification des bactéries isolées	43
2.3.5.1. Identification morphologique : test de Coloration de Gram	43
2.3.5.2. Identification biochimique	44
2.3.5.2.1. Recherche de cytochrome oxydase	44
2.3.5.2.2. Production de la catalase	44
2.3.5.2.3. Mise en évidence de la fermentation du lactose et du glucose.....	45
2.3.5.2.4. Production de l'uréase, de l'indole et de tryptophane désaminase	45
2.3.5.2.5. Mise en évidence de la mobilité et de la fermentation du mannitol.....	45
2.3.5.2.6. Utilisation du citrate comme source de carbone	46
2.3.5.2.7. Production de la lysine désaminase et de la lyse décarboxylase.....	46
2.3.6. Typage moléculaire des spécimens de viande de brousse et des pathogènes	47
2.3.6.1. Extraction d'ADN génomique des spécimens de viande de brousse	47
2.3.6.2. Extraction de l'ADN bactérien à partir des selles d'animaux.....	48
2.3.6.3. Evaluation de la qualité et de la quantité de l'ADN extrait	49
2.3.6.4. Réaction d'amplification par polymérisation en Chaîne (PCR) des gènes recherchés.....	49
2.3.6.4.1. Principe de la PCR	49
2.3.6.4.2. Préparation du milieu réactionnel	49
2.3.6.4.3. Conditions d'amplification des gènes	50
2.3.6.4.4. Préparation du gel d'agarose.....	51
2.3.6.4.5. Electrophorèse des gènes amplifiés.....	51
2.3.6.4.6. Séquençage des gènes amplifiés	52
2.3.7. Analyse des données	52
2.3.7.1. Identification des espèces de la faune sauvage braconnée	52
2.3.7.1.1. Identification morphologique des espèces	52
2.3.7.1.2. Identification moléculaire des espèces braconnées	53
2.3.7.1.2.1. Détermination des taux de succès d'amplification PCR.....	53
2.3.7.1.2.2. Comparaison des taux de succès d'amplification	53
2.3.7.1.2.3. Nettoyage des séquences d'ADN obtenues.....	54
2.3.7.1.2.4. Assignation des séquences d'ADN	54
2.3.7.1.2.5. Détermination des relations phylogénétiques entre les espèces identifiées	55
2.3.7.2. Quantification de la perte de la biodiversité.....	56

2.3.7.2.1. Evaluation de la diversité spécifique faunistique mammalienne	56
2.3.7.2.1.1. Estimation de la richesse spécifique attendue	56
2.3.7.2.1.2. Richesse spécifique de la faune sauvage braconnée	56
2.3.7.2.1.3. Abondance absolue et abondance relative	57
2.3.7.2.1.4. Détermination des indices de diversité spécifique	57
2.3.7.2.1.4.1. Indice de diversité de Shannon-Weaver (H')	57
2.3.7.2.1.4.2. Indice d'équitabilité.....	58
2.3.7.2.1.4.3. Indice de Simpson et indice de diversité de Simpson	58
2.3.7.2.2. Détermination de l'impact du braconnage sur la structure démographique de la faune braconnée.....	59
2.3.7.2.2.1. Modèle de régression généralisé	59
2.3.7.2.2.2. Test t de Student des échantillons indépendants	60
2.3.7.2.2.3. Test d'égalité des proportions	60
2.3.7.2.2.4. Test binomial.....	60
2.3.7.2.2.5. Analyse du statut de conservation	60
2.3.7.2.2.5.1. Au niveau international	60
2.3.7.2.2.5.2. Au niveau national	62
2.3.7.2.2.5.3. Au niveau local.....	62
2.3.7.3. Analyse du risque sanitaire	62
2.3.7.3.1. Identification moléculaire des espèces bactériennes présentes dans les selles d'Animaux sauvages	62
2.3.7.3.2. Détermination de l'occurrence (F) des agents microbiens et parasitaires.....	63
2.3.7.3.3. Détermination des relations phylogénétiques entre espèces bactériennes	63
III : RESULTATS ET DISCUSSION	64
3.1. Résultats	65
3.1.1. Composition taxonomique de la faune cynégétique mammalienne vendue sur les marchés dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire	65
3.1.1.1. Espèces identifiées à partir des caractères morphologiques.....	65
3.1.1.2. Espèces identifiées à partir d'outils moléculaires	67
3.1.1.2.1. Typage des espèces mammaliennes sauvages.....	67
3.1.1.2.2. Taux de succès d'amplification.....	70
3.1.1.2.3. Assignment des séquences des gènes amplifiés aux espèces de mammifères.	74

3.1.1.2.4. Structure taxonomique des espèces mammaliennes braconnées.....	78
3.1.2. Biodiversité mammalienne en perte.....	81
3.1.2.1. Richesse spécifique attendue.....	81
3.1.2.2. Richesse spécifique de la faune cynégétique mammalienne vendue sur les marchés.....	82
3.1.2.3. Diversité spécifique de la faune cynégétique mammalienne rencontrée sur les marchés.....	85
3.1.2.4. Impact du braconnage sur la structure démographique de la faune braconnée.....	85
3.1.2.5. Statut de conservation de la faune cynégétique mammalienne.....	88
3.1.3. Risques sanitaires associés à la consommation de la mammalienne étudiée.....	91
3.1.3.1. Risques aux infections parasitaires.....	91
3.1.3.2. Risques aux infections bactériennes.....	93
3.2. Discussion.....	98
CONCLUSION, PERSPECTIVES ET RECOMMANDATIONS.....	106
CONCLUSION.....	107
PERSPECTIVES.....	109
RECOMMANDATIONS.....	110
REFERENCES.....	111
ANNEXES.	
PUBLICATION.	
RESUME	

LISTE DES SIGLES ET ABREVIATIONS

E : Equitabilité

H' : Indice de Shannon

ADNmt : Acide désoxyribonucléique mitochondrial

ARNr: Acide ribonucléique ribosomal

BLAST : Basic Local alignment Tool (Outil de recherche de base d'alignement des séquences)

CITES: Convention on International Trade in Endangered Species

COI: Cytochrome c oxydase I

Cyt b: Cytochrome b

DNTP: désoxyribonucléotides tri-phosphates

EDTA: Acide Ethylène Diamine Trétracétique

EN: Endangered (En danger)

FAO: Food and Agriculture Organisation (Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture)

FINS: Séquençage informatif de nucléotides

GENBANK: Genetic Sequence Database (base de données des séquences d'ADN)

GPS: Global Positioning System (Système de Positionnement Terrestre)

ITS: Internal Transcribed Spacer (Espaceur interne transcrit)

KESC: *Klebsiella, Enterobacter, Serratia, Citrobacter.*

LC: Least Concern (Préoccupation mineure)

MIE: Maladies Infectieuses Emergentes

MINAGRI: Ministère de l'Agriculture

MINEF: Ministère des Eaux et Forêts

MPEER: Ministère du Pétrole de l'Energie et des Energies Renouvelables.

NCBI: National Center for Biotechnology Information

NT: Near Threatened (Quasi menacé)

OIE: Office International des Epizooties

OMS: Organisation Mondiale de la Santé

Pb : Paire de bases

PCR : Polymerase Chain Reaction (Réaction de Polymérisation en Chaîne)

PIB : Produit Intérieur Brut

PNUD : Programme des Nations Unies pour le développement

RFLP : Restriction Fragment Length Polymorphisme (Polymorphismes de longueur des fragments de restriction)

RGPH : Recensement Général de la Population et de l'Habitat

SNP : Single Nucleotide Polymorphism (Polymorphismes d'un seul nucléotide)

SODEFOR : Société de Développement des Forêts

SSR : Séquence Simple Répétée

UE : Union Européenne

UICN : Union Internationale pour la Conservation de la Nature

UJLoG : Université Jean Lorougnon Guédé

URGEM : Unité de Recherches en Génétique et Epidémiologie Moléculaire

VIH : Virus de l'Immunodéficience Humaine

LISTE DES TABLEAUX

Tableau I : Répartition de la population du District du HautSassandra-Marahoué	10
Tableau II : Amorces de typage moléculaire des échantillons biologiques collectés	39
Tableau III : Conditions d'amplification des gènes COI, Cyt b, 12 S, 16 S et ARNr 16 S	50
Tableau IV : Taux de réussite de l'amplification des marqueurs moléculaires	71
Tableau V: Attribution taxonomique des échantillons de viande de brousse sur la base de l'ADN en utilisant Megablast via GENBANK	76
Tableau VI: Composition de la faune sauvage mammalienne rencontrée dans les sept localités visitées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.	83
Tableau VII : Indices de diversité de la faune mammalienne braconnée de brousse dans les localités visitées.	85
Tableau VIII : Effet des facteurs sexe, âge et outils de chasse sur l'abondance des spécimens braconnés.	86
Tableau IX : Impact de la mortalité due au braconnage selon le sexe et l'âge dans les sept localités visitées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.....	87
Tableau X : Prévalence des méthodes utilisées pour chasser la faune pour la viande de brousse dans les sept localités visitées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.	87
Tableau XI : Statut de conservation de la faune mammalienne étudiées, au niveau local, national et international.....	90
Tableau XII : Assignation des séquences codantes du gène ARNr 16 S obtenues après alignement sur des séquences de référence de la Genbank, chez la faune mammalienne du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.....	96

LISTE DES FIGURES

Figure 1: Localisation de la zone d'étude	6
Figure 2: Diagramme ombrothermique de la Région du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire de 1983 à 2013.....	8
Figure 3: Différentes étapes de la PCR	35
Figure 4: Points de vente de la viande de brousse dans les sept localités visitées du Centre-Ouest de la Côte-d'Ivoire.....	37
Figure 5: Espèces de mammifères sauvages rencontrées dans les localités visitées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire	68
Figure 6: Gel d'électrophorèse montrant les produits d'amplification de la PCR, observés avec les marqueurs moléculaires 12 S, 16 S, Cyt b et COI	69
Figure 7: Taux de réussite de la PCR au niveau des espèces par groupes taxonomiques selon les gènes Cyt b et COI	72
Figure 8: Taux de réussite de la PCR au niveau des espèces par groupes taxonomiques selon les gènes 12 S et 16 S	73
Figure 9: Alignement de la séquence nucléotidique du gène cytochrome b du spécimen étiqueté VP2PH1C (en noir) sur celle de la référence <i>Tragelaphus scriptus</i> de numéro d'accèsion MH792172 (en rouge). En bleu : séquence consensus de l'alignement	77
Figure 10: Arbre phylogénique généré selon le modèle Neighbor-Joining sur les séquences du gène mitochondrial Cyt b, montrant la diversité génétique et les relations génétiques entre les espèces de mammifères identifiées dans le Centre-Ouest de la Côte- d'Ivoire	79

Figure 11: : Arbre phylogénique généré selon le modèle Neighbor-Joining sur les séquences du gène mitochondrial COI, montrant la diversité génétique et les relations génétiques entre les espèces de mammifères identifiées dans le Centre-Ouest de la Côte- d'Ivoire	80
Figure 12: Courbes d'accumulation des espèces de mammifères sauvages rencontrées sur les marchés de viande de brousse dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire à partir des méthodes de Jacknife 1 et Jacknife 2	81
Figure 13: Abondance relative des espèces de viande de brousse rencontrées dans l'ensemble des localités visitées au Centre-Ouest de la Côte- d'Ivoire.....	84
Figure 14: Abondance absolue des espèces de viande de brousse en fonction des localités visitées au Centre-Ouest de la Côte- d'Ivoire	84
Figure 15: Proportion des femelles gestantes et non gestantes par braconnage dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.....	88
Figure 16: Œufs des parasites isolés des selles de <i>Thryonomis swinderianus</i> (Agouti) collectés dans le centre-ouest de la Côte d'Ivoire	92
Figure 17: Colonie de bactéries Gram négatif à coloration bleu métallique caractérisant le groupe KESC.....	94
Figure 18: Gel d'électrophorèse montrant les produits d'amplification de la PCR, Observés avec le marqueur ARN 16 S	95
Figure 19: Dendrogramme montrant la relation phylogénétique entre les espèces bactériennes identifiées à partir des séquences du gène ARNr	97

LISTE DES ANNEXES

Annexe 1 : Autorités administratives rencontrées dans les localités visitées.

Annexe 2 : Sites et points d'échantillonnage de la viande de brousse dans les sept localités visitées du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

Annexe 3 : Fiche de Préenquête relative à la filière viande de brousse dans les localités visitées

Annexe 4 : Fiche d'échantillonnage de la faune sauvage mammalienne dans la filière viande de brousse

Annexe 5 : Code d'échantillonnage des spécimens de mammifère collectés

Annexe 6 : Protocole d'extraction de l'ADN de sang total et/ ou de tissu à partir du kit commercial Quiagen

INTRODUCTION

La faune sauvage consommée, encore appelée viande de brousse ou viande de gibier, est constituée d'animaux sauvages comprenant les mammifères, les reptiles, les amphibiens et les oiseaux, chassés à des fins alimentaires (Williamson & Bakker, 2017). La consommation de la viande de brousse, en plus d'être une source importante de protéines pour des ménages ruraux, a des implications sur la sécurité alimentaire et la génération de revenus pour des millions de personnes dans les régions tropicales (Nasi *et al.*, 2008). Dans de nombreux pays africains, la viande de brousse est de plus en plus préférée à la viande domestique par les populations urbaines (Codjia & Assogbadjo, 2004 ; Williamson & Bakker, 2017).

Toutefois, la croissance démographique actuelle, l'accès accru des chasseurs aux forêts et aux aires protégées en raison de l'expansion des routes, la commercialisation de la viande de brousse dans les grandes villes, la préférence gustative et la chasse illégale ont entraîné un impact négatif sur la faune sauvage dans le monde entier, avec de graves implications sur la conservation de la biodiversité (Chaves *et al.*, 2019 ; Gonçalves *et al.*, 2019).

Dans la plupart des régions où la chasse a été étudiée, les vertébrés représentent la quasi-totalité de la viande d'animaux sauvages commercialisée et consommée. Dans ce groupe de vertébrés, les mammifères sont les plus braconnés (Pimm *et al.*, 2014). Dans les années 1990, on estimait à plus de 5 millions de tonnes de viandes de mammifères sauvages consommées chaque année dans le monde, dont 4,9 millions de tonnes dans les zones d'Afrique tropicale (Fa & Peres, 2001). Des estimations plus récentes montrent que près de 6 millions de tonnes de viande de mammifères sauvages sont consommées chaque année dans les régions néotropicales et d'Afrique tropicale (Nasi *et al.*, 2011), avec environ 301 espèces de mammifères terrestres actuellement menacées d'extinction (Ripple *et al.*, 2016).

Quelques années après son accession à l'indépendance, la Côte d'Ivoire a adopté entre 1968 et 1974, une série de lois visant à créer des parcs nationaux, des réserves naturelles et des forêts classées, à des fins de conservation de la biodiversité (Monza, 1996). Malgré cette volonté de conservation et l'interdiction de la chasse depuis 1974 (arrêté 003/SEPEN/CAB du 20 février 1974), le braconnage s'intensifie dans les aires protégées ainsi que dans les zones rurales (Caspary *et al.*, 2001). Ainsi, depuis plusieurs décennies, la biodiversité est soumise à diverses pressions telles que l'agriculture extensive sur brûlis, les plantations agro-industrielles, l'exploitation incontrôlée des produits forestiers et la chasse non autorisée (Gone Bi *et al.*, 2013). Actuellement, de nombreux ménages, tant dans les zones rurales qu'urbaines,

dépendent des ressources de la faune sauvage pour leur subsistance et comme source de revenus, ce qui a de graves répercussions sur la biodiversité (Fa & Brown, 2009 ; Gonedele *et al.*, 2017).

Outre le préjudice réel lié à l'exploitation anarchique et abusive de la faune sauvage, des problèmes de santé publique sont également cités par plusieurs auteurs soulignant des risques sanitaires liés à la consommation de la viande de brousse (Lindboe *et al.*, 2012 ; Bodeau-Livinec *et al.*, 2016). Selon l'Organisation mondiale de la santé, plus de 50 % des nouvelles maladies infectieuses chez l'homme sont causées par des agents pathogènes provenant d'animaux ou de produits d'origine animale, dont 70 % proviennent de la faune sauvage (OIE, 2012). Ces maladies connues sous le nom de zoonoses peuvent se répandre de diverses manières entre les hôtes animaux et les humains. Ce sont entre autres des vecteurs partagés, tels que les moustiques pour le paludisme et les arboviroses, des contacts indirects par exposition à des matières fécales de rongeurs dans un environnement péri-domestique, mais surtout par des contacts directs avec un animal par manipulation, consommation, morsures, égratignures, fluides corporels, tissus et excréments (Wolfe *et al.*, 2005).

La Côte d'Ivoire n'est pas en marge des nations à risque en ce qui concerne la diffusion des zoonoses (Liégeois *et al.*, 2009). Cependant, si quelques études portent sur la menace de la biodiversité occasionnée par le braconnage (Gonédélé *et al.*, 2017), peu d'études ont porté sur les risques sanitaires depuis l'épisode de la fièvre Ebola en Afrique de l'Ouest.

La possibilité d'identifier les produits de la faune, qu'il s'agisse de l'animal entier ou à partir de la viande, de la peau ou tout autre organe, ainsi que les pathogènes liés à ces produits de la faune à partir d'outils de génétique moléculaire en référence à des bases de données génomiques mondiales (Ross *et al.*, 2003 ; Ratnasingham & Hebert, 2007) est une innovation majeure. Cette innovation intervient dans la quantification du danger que subit la faune sauvage en général et celle concernant la faune mammalienne en particulier, mais également les risques infectieux au niveau local, national, voire mondial.

En raison des pressions réelles du braconnage sur la biodiversité mammalienne et des risques potentiels d'infection liés à la consommation de la viande de brousse dans les régions du Haut-Sassandra et de la Marahoué, l'objectif général de cette étude est de contribuer à une meilleure gestion de la faune sauvage mammalienne à l'aide de l'identification moléculaire

des espèces sauvages braconnées et des espèces pathogènes zoonotiques associées à ces espèces.

Spécifiquement il s'agit de :

- ✓ identifier les espèces de la faune cynégétique mammalienne, présentes sur les marchés de viande de brousse et dans les restaurants par typage moléculaire,
- ✓ quantifier la perte de biodiversité liée au braconnage,
- ✓ estimer les risques sanitaires liés à la consommation de viande de brousse.

Outre l'introduction et la conclusion, la présentation du manuscrit de thèse est divisée en trois Chapitres. Le premier porte sur les généralités liées à la zone d'étude, la viande de brousse, les risques sanitaires et le typage moléculaire ; le deuxième présente le matériel et les méthodes d'étude, et enfin le troisième présente les résultats et la discussion.

I : GENERALITES

1.1. Présentation de la zone d'étude

1.1.1. Situation géographique et administrative

Le District Sassandra-Marahoué pris pour zone d'étude, couvre la région du Haut-Sassandra composée de cinq (5) villes (Daloa, Issia, Vavoua, Gonaté et Zoukougbeu) et de la région de la Marahoué (Bonon et Sinfra). Situé dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire avec une population d'environ 1 781 604 habitants, le district Sassandra-Marahoué est limité au nord par le District du Woroba, au sud par le District du Gôh-Djiboua et le Bas-Sassandra, à l'est par les Districts des Lacs et de la vallée du Bandama, à l'ouest par le District des Montagnes (Figure 1). Le chef-lieu, Daloa, est situé à 141 km de Yamoussoukro, la capitale politique et à 383 km d'Abidjan, la capitale économique (MPEER, 2019).

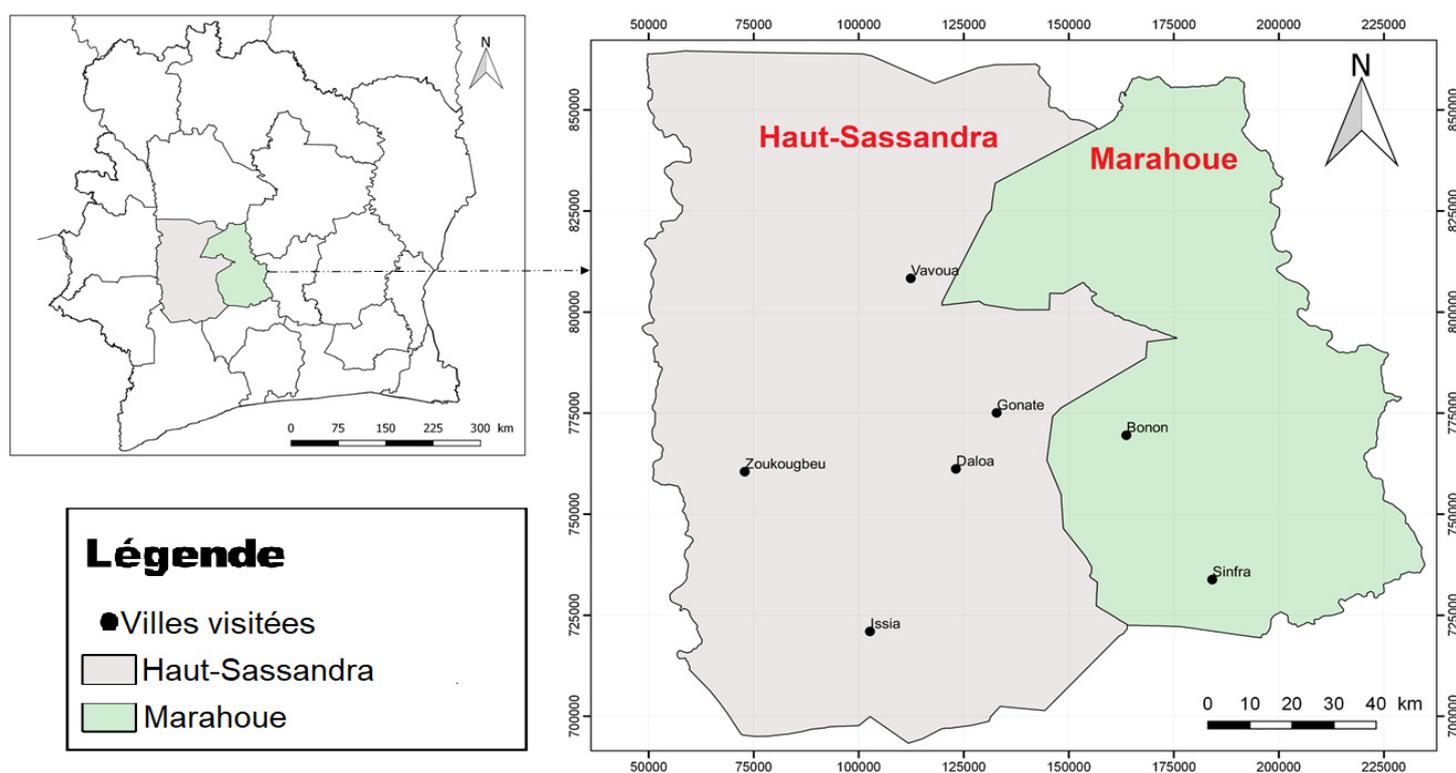


Figure 1: Localisation de la zone d'étude

1.1.2. Caractéristiques physiques du milieu

1.1.2.1. Climat

La partie Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire est marquée par un climat tropical humide et caractérisée par deux saisons de durées inégales quelque peu perturbées par le changement climatique actuel (Koné *et al.*, 2019). Il s'agit, classiquement, d'une saison des pluies qui s'échelonne de Mars à Octobre et une saison sèche qui débute en Novembre et prend fin en Février (Figure 2). Les précipitations moyennes annuelles sont comprises entre 1200 et 1600 mm par an (Koffié-Bikpo & Kra, 2013; Norbert *et al.*, 2015). C'est une zone humide par excellence, une hygrométrie importante et une température moyenne annuelle de 26° C (Koffié-Bikpo & Kra, 2013).

Ce climat est celui du secteur mésophile guinéen, c'est-à-dire un climat de transition entre le climat subéquatorial à deux saisons des pluies et le climat tropical à une seule saison des pluies. L'évolution de la pluviométrie moyenne annuelle y est un bon reflet du changement climatique qui s'opère depuis plusieurs années en Afrique de l'Ouest puisque, en une trentaine d'années, elle a chuté de 1 300 à 1 100 mm. La saison sèche dure quatre à cinq mois ; les précipitations sont plus importantes en Mai /Juin puis en Septembre /Octobre. Aucune petite saison sèche n' existe vraiment entre ces deux périodes.

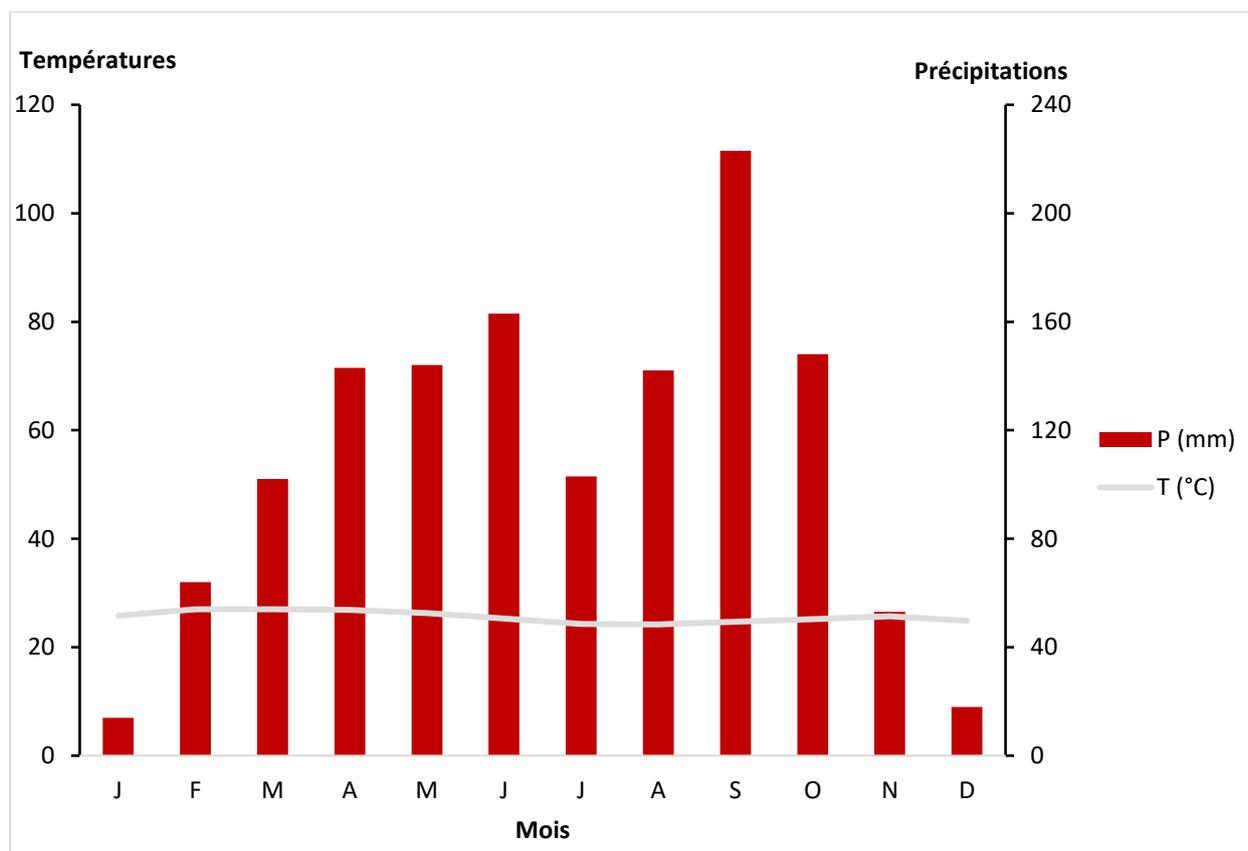


Figure 2: Diagramme ombrothermique de la Région du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire de 1983 à 2013

(Source de données : www.fr.climate-data.org)

1.1.2.2. Hydrographie

Au plan hydrographique, la zone est principalement sous l'influence du fleuve Sassandra et de ses affluents (le Lobo et le Davo). La rivière Marahoué, encore appelée Bandama rouge, borde la partie Nord-Est du Parc National de la Marahoué où elle serpente en larges méandres et du lac du barrage de Buyo. En outre, de nombreux cours d'eaux à écoulement saisonnier tels que le Dé, le Bahoré, le Boty et la Goré arrosent la région, donnant lieu à de nombreux bas-fonds cultivables. Ces conditions naturelles favorables ont eu pour conséquence une forte implantation humaine et une grande exploitation de la biodiversité aussi bien végétale que faunique (Laugénie, 2007 ; Koffié-Bikpo & Kra, 2013).

1.1.2.3. Relief et sols

Le relief du district Sassandra-Marahoué est monotone et le paysage est constitué de pénéplaines qui sont de vastes surfaces faiblement ondulées. Il semble que les formes actuelles sont le résultat du stade ultime de la dégradation d'anciens glacis (Onétié *et al.*, 2016). Ces pénéplaines sont constituées d'interfluves dont les modelés élémentaires varient entre deux grands pôles ; les interfluves à sommet convexe. De cette surface émergent de temps en temps des reliefs résiduels constitués d'inselbergs isolés (Giscard *et al.*, 2016). En somme, le relief est constitué en grande partie de plateaux comportant de nombreuses vallées. Les sols du Centre-Ouest du pays sont issus de l'altération du vieux socle précambrien. La faiblesse de l'érosion du sol justifie la présence continue du couvert végétal et rend le sol très profond en général avec le dépôt actif de l'humus organique.

Il s'agit des sols ferrallitiques d'origine granitique moyennement et faiblement dé-saturés. A côté des sols ferrallitiques, les classes de sols les plus représentées sont les sols peu évolués (d'apport alluvial, et/ou colluvial) et les sols hydromorphes. Les sols de composition ferrallitique présentent de bonnes aptitudes agricoles et se prêtent à tous les types de cultures (Koffié-Bikpo & Kra, 2013).

1.1.3. Population et activités économiques

1.1.3.1. Population

Le district Sassandra-Marahoué dispose d'une forte population en majorité rurale. Elle est composée de populations autochtones (Bété, Gnamboua et Gouro), d'allochtones (Baoulé et Malinké) et de populations allogènes principalement des Burkinabés et Maliens (MPEER, 2019). La population masculine (959 532 soit 53,86%) est sensiblement proportionnelle à celle à celle des femmes (822 072 soit 46,14%). Le tableau I présente la composition populationnelle des régions prospectées.

Tableau I : Répartition de la population du District du HautSassandra-Marahoué (RGPH, 2014)

Région	Hommes	% Hommes	Femmes	% Femmes	Population totale
Haut-Sassandra	773 928	43,44%	657 032	36,88%	1 430 960
Marahoué	185 604	10,42 %	165 040	9,26%	350 644
Population totale	959 532	53,86%	822 072	46,14%	1 781 604

1.1.3.2. Activités économiques

1.1.3.2.1. Activités agricoles

Les conditions naturelles favorables pour un bon développement agricole font du district du Haut-Sassandra-Marahoué une zone propice aussi bien pour les cultures de rentes que pour les cultures vivrières (MPEER, 2019). De ce fait, elle est appelée à jouer un grand rôle dans l'approvisionnement et la sécurité alimentaire du pays. La région du Haut-Sassandra occupe des rangs honorables pour plusieurs productions vivrières. Elle occupe le deuxième rang national pour la production du maïs et de la banane plantain (Ducroquet *et al.*, 2017). Ces nombreuses potentialités ne semblent profiter en grande partie qu'aux cultures d'exportation et en particulier le binôme café-cacao. Ainsi, la région du Haut-Sassandra est la deuxième zone de production du cacao et la première du pays pour le café (MINAGRI, 2010). La région se présente comme le deuxième front pionnier de production de ces cultures (Adou, 2012).

1.1.3.2.2. Activités industrielles

Les activités industrielles dans cette partie de la Côte d'Ivoire sont rarissimes. Le district dispose de quelques unités Industrielles telles que la Brasserie de Bouaflé, les 2 mines d'Or d'Angovia et Kpangban kouamékro (sous-préfecture de Bouaflé), des usines de

transformations de bois à Daloa et l'usine de Production de Canne à Sucre de Zuénoula (MPEER, 2019).

1.1.3.2.3. Activités touristiques

Le District du Haut-Sassandra-Marahoué dispose d'un profil culturel et naturel, source de développement des deux régions qui le composent (Bouadi & Tié Bi, 2019). Ce profil prend en compte la roche éléphant de Brizéboua, village situé à 11 km de Daloa sur l'axe Vavoua-Daloa. C'est dans ce village qu'a eu lieu cet événement étrange qui a marqué toute la Région et est devenue au fil du temps un site touristique. En effet, la légende raconte qu'un chasseur aurait abattu un éléphant qui se serait par la suite transformé en roche, d'où le nom « roche éléphant ». Nous avons également les singes sacrés de Gbétitapéa dans la Région de Daloa. En effet, Gbétitapéa est un petit village bordé d'une forêt primaire où vivent des singes sacrés, d'où le nom de « singes sacrés de Gbétitapéa » (Béné *et al.*, 2019). Dans les départements d'Issia et Vavoua, nous avons les Petits danseurs du village de Gaponoroghué (Issia) et le Musée Rafael de Alladjekro. Dans la Marahoué, nous avons le Parc National de la Marahoué qui couvre une superficie de 101 000 ha. Il est caractérisé par deux types de végétation car à cheval entre la savane du nord et la forêt de l'ouest. Nous avons aussi un important parc à but floral et faunique, le Mont Tsui, le masque Zaouli et Flali, musée des amulettes (Vavoua).

1.1.4. Flore et végétation

Le district du Haut-Sassandra-Marahoué se caractérise par une flore très variée et présente deux types de végétations bien distinctes. On distingue la zone forestière qui occupe la majeure partie de la région et se caractérise par une forêt semi-décidue à *Celtis* spp et *Triplochiton scleroxylon* (Samba) de la zone des savanes ou savane pré-forestière au nord de Vavoua (Kouamé *et al.*, 1998). La composition de ces savanes diffère en fonction de la nature du sol.

Ainsi, on trouve des savanes rôniers sur les sols hydromorphes, des savanes herbeuses post culturales ou des savanes alluviales sur les bordures du fleuve Sassandra et des savanes arbustives. Mais, l'occupation humaine qui est très forte dans cette région, a très

profondément modifié la végétation naturelle. La forêt dense semi-décidue a fait place à des zones de cultures et de jachères .

Cette région héberge la Forêt Classée du Haut-Sassandra qui appartient essentiellement à la zone de forêt dense humide semi-décidue et qui a une flore généralement assez riche, selon Guillaumet & Adjanooun (1971). Aké-Assi (2001) ayant recensé, pour tout le territoire ivoirien, 3 864 espèces végétales appartenant à 1 218 genres et 192 familles, on s'aperçoit, à l'analyse que la contribution de la forêt classée du Haut-Sassandra, à la flore générale ivoirienne, est de 25,44 % au niveau du nombre d'espèces, 43,51 % au niveau des genres et 57,81 % au niveau des familles. Cette richesse est liée à la multitude de biotopes naturels à l'intérieur de cette forêt classée.

La végétation de cette forêt classée se compose de différentes formations végétales afférentes au relief, aux types de sols, à l'hydrographie et aux activités humaines. En effet, les dômes granitiques et les cuirasses latéritiques de la forêt classée sont couverts par des formations savaniques. Les schistes moyennement dé-saturés occupant la partie Nord-ouest de cette forêt classée (Kouamé *et al.*, 1998 ; Kouakou *et al.*, 2015) sont recouverts par des savanes guinéennes. La berge du fleuve Sassandra et les lits de ses affluents, irriguant la forêt classée, ont une végétation particulière, constituée d'espèces ripicoles. La plus grande partie de la végétation de cette forêt classée est constituée par la forêt dense humide semi-décidue telle que définie par les spécialistes à Yangambi (Trochain, 1957 ; Kouamé *et al.*, 1998).

1.1.5. Faune ivoirienne

Les différents écosystèmes terrestres de la Côte d'Ivoire abritent une multitude d'espèces de faune. La faune terrestre est caractérisée par une richesse et une diversité biologique importante. Elle compte 11 embranchements d'animaux répartis en 74 ordres, 203 familles, 731 genres et 6 994 espèces (MINEF, 1999 ; 2014 ; Dufour *et al.*, 2015).

1.1.5.1. Invertébrés

Les invertébrés comprennent de façon générale les nématodes, les annélides, les oligochètes, les mollusques, les arthropodes, les arachnides, les myriapodes, les crustacés et les insectes.

Le groupe d'animaux terrestres qui compte le plus grand nombre d'espèces est celui des insectes avec environ 5,5 millions d'espèces (Stork, 2018). Ce groupe représente 79 % des espèces dénombrées en Côte d'Ivoire contre seulement 0,01 % pour les mollusques terrestres (581 espèces) qui occupent la dernière place. Ce rang occupé par les mollusques terrestres ne signifie pas que ce groupe n'est pas riche en espèces ; il reflète plutôt le peu d'études qui leur est consacrée (MINEF, 1999 ; 2014 ; Dufour *et al.*, 2015). Au niveau aquatique on dénombre 1318 espèces d'invertébrés dont 434 annélides polychètes, 1 brachiopode, 581 mollusques et 302 crustacés (Kouassi *et al.*, 1995 ; Lévêque, 1999 ; Dufour *et al.*, 2015 ; MINEF, 2014).

1.1.5.2. Vertébrés

Selon des études récentes, on dénombre 499 espèces de vertébrés aquatiques avec 496 espèces de poissons et trois espèces de mammifères. De ces poissons, 153 espèces et sous-espèces regroupées en 71 genres, 28 familles et 11 ordres sont actuellement connues dans les eaux douces de Côte d'Ivoire (Hughes, 1992 ; Koffi *et al.*, 1993 ; Le Loeuff *et al.*, 1993 ; Kouassi *et al.*, 1995 ; Lévêque, 1999 ; Dufour *et al.*, 2015 ; MINEF, 2014). Les familles les mieux représentées dans les peuplements sont celle des Cyprinidae avec 24 espèces dont 18 du genre *Barbus*, et celle des Cichlidae avec 19 espèces parmi lesquelles sept appartiennent au genre *Tilapia*. La famille des Mormyridae et celle des Alestidae sont également bien diversifiées avec respectivement 14 et 12 espèces. Ces quatre familles représentent plus de 46 % de la richesse spécifique actuellement connue en Côte d'Ivoire (Dufour *et al.*, 2015).

En se rapportant aux mammifères aquatiques, ils sont représentés par l'ordre des siréniens avec une famille (Trichechidae) et une espèce, *Trichechus senegalensis* (lamantin), l'ordre des Cétacés représentant les baleines et l'ordre des Carnivora avec la loutre (MINEF, 1999).

Les embranchements de vertébrés terrestres sont les amphibiens, les reptiles, les oiseaux et les mammifères (MINEF, 2014). En Côte d'Ivoire, deux ordres d'Amphibiens ont été recensés (Dufour *et al.*, 2015) : les Anura et les Gymnophiona regroupant 15 familles et 89 espèces. L'ordre des Gymnophiona est représenté par une seule famille (Caecilidae) et une seule espèce (*Geotrypetes seraphini*). Celui des Anura compte 14 familles et 88 espèces avec une dominance de la famille des Hyperoliidae (32 espèces). La région du Haut-Sassandra et

particulièrement la ville de Daloa et ses banlieues abritent 30 espèces d'amphibiens réparties en 10 familles et 13 genres. Les familles les plus représentatives de cette région sont les Hyperoliidae et les Ptychadenidea qui renferment respectivement 9 et 6 espèces (Kouamé *et al.*, 2015).

Concernant les reptiles, en 1999, le rapport sur la diversité biologique en Côte d'Ivoire faisait état de 134 espèces de reptiles recensées dans le pays ne représentant que 2,25 % des 5 954 espèces recensées dans le monde. Ces 134 espèces se répartissent à travers 70 genres, 21 familles et cinq ordres. Le plus grand nombre d'espèces (99), de genres (47) et de familles (10) est représenté dans le groupe des serpents. Ce groupe est suivi par celui des lézards (22 espèces), les tortues (10 espèces) et le groupe des crocodiles avec le taxon le moins riche (3 espèces) (Chippaux, 2006 ; Chirio & Lebreton, 2007).

Par ailleurs, le pays abrite 739 espèces d'oiseaux sur les 785 de la Haute Guinée (soit 94 %). Ce nombre peut varier en fonction des saisons avec les mouvements des migrateurs. Ces espèces sont réparties en 21 ordres, 86 familles et 336 genres. Les familles qui regroupent le plus d'espèces sont celles des Sylviidae avec 52 espèces, des Accipitridae avec 43 espèces et celle des Estrildidae avec 31 espèces. Ces taxa comptent des résidents (521 espèces), des migrateurs intra-africain (50 espèces), des migrateurs paléarctiques (99 espèces) et des occasionnels (41 espèces) ; les autres pouvant avoir un statut biogéographique ou migratoire mixte (Thiollay, 1985 ; Margulis & Schwartz, 1988).

Les mammifères terrestres sont divisés en deux groupes selon le poids à l'âge adulte : les petits mammifères dont le poids est moins de 1 kilogramme et les grands mammifères dont le poids est supérieur à 1 kilogramme. Le groupe des petits mammifères comprend environ 58 espèces connues appartenant à trois ordres (Rodentia, Soricomorpha et Afrosoricida) et cinq familles. L'ordre le plus important est celui des Rodentia avec 40 espèces appartenant à trois familles : Gliridae avec quatre espèces, Nesomyidae avec deux espèces et les Muridae avec 34 espèces (Dufour *et al.*, 2015). En se basant sur leur poids, beaucoup de chauves-souris appartiennent aux petits mammifères. Au niveau des grands mammifères, il y a 162 espèces dont 17 espèces de primates, 19 espèces d'antilopes et 126 autres espèces. Ces espèces sont réparties en sept ordres (Kingdon & Lagen, 1997 ; Laugenie, 2007). Il s'agit de l'ordre des carnivores avec une famille (Canidae) et cinq espèces, l'ordre des tubulidentés avec un seul

représentant (l'oryctérope), l'ordre des artiodactyles avec trois familles (Bovidae, Hippopotamidae et Suidae) et 20 espèces, l'ordre des proboscidiens avec une seule famille (*Elephantidae*) et une seule espèce et deux sous-espèces, l'éléphant de savane (*Loxodonta africana africana*) et l'éléphant de forêt (*Loxodonta africana cyclotis*), l'ordre des lagomorphes initialement classé parmi les rongeurs, comprend une famille (Leporidae) et une espèce (*Lepus saxatilis*), l'ordre des rongeurs avec entre autres le sous-ordre des Anomaluomorpha qui comprend la famille des Anomaluridae à laquelle appartiennent les écureuils volants, le sous-ordre des Hystricomorpha avec les familles des Thryonomyidae (aulacode), des Hystricidae (porc-épics).

1.2. Faune mammalienne du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire

1.2.1. Définitions et caractéristiques principales

1.2.1.1. Faune sauvage mammalienne

La faune non domestique communément appelée faune sauvage représente l'ensemble des espèces animales qui n'ont pas subi de modification par sélection de la part de l'homme (Kemp, 2005). Par ailleurs les mammifères sont une classe d'animaux vertébrés qui spécifiquement portent des mamelles (Kemp, 2005). Ainsi, la faune sauvage mammalienne regroupe toutes les espèces mammifères de la faune sauvage. Ce statut est indépendant du fait que les animaux soient nés en captivité ou pas, ou qu'ils soient libres ou enfermés.

Le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire est une zone de contact aux milieux variés et imbriqués. La diversité faunique est grande dans cette partie du pays, un représentant typique de la faune forestière, l'Hylochère *Hylochoerus meinertzhageni* y côtoyant, par exemple, une antilope de la savane soudanaise comme le Bubale *Alcelaphus buselaphus major* ou même, de façon tout à fait exceptionnelle, l'Hippotrague *Hyppotragus equinus*.

Le Buffle *Syncerus caffer nanus*, le Bubale et le le Guib harnaché *Tragelaphus scriptus scriptus* sont les plus fréquemment observés. Des groupes de cobes de Buffon *Kobus kob kob*, d'une dizaine d'individus, se limitent aux savanes du Nord-Est, notamment entre la portion septentrionale de la piste du Marigot des éléphants et la rivière Marahoué. Si les céphalophes à flancs roux *Cephalophus rufilatus* et de Maxwell *C. monticola maxwelli* sont toujours bien

représenté, les autres céphalophes (noir *C. niger*, à dos jaune *C. sylvicultor*, à bande dorsale noire *C. dorsalis*) sont plus rarement rencontrés. Le bongo *Tragelaphus euryceros* est encore présent, ainsi que la panthère *Panthera pardus*, signalée sur l'ensemble du parc (Barthélémy *et al.*, 1988). Quelques cobes *Defassa Kobus ellipsiprymnus defassa* (une trentaine d'animaux au total) fréquente encore le parc mais un seul troupeau se maintient au pied du Mont Bongo, vers la mare aux crocodiles. L'Hippopotame *Hippopotamus amphibius* s'observe assez facilement dans la rivière Marahoué, aux environs de l'aire de pique-nique. En revanche, rendu prudent en raison du braconnage, l'Eléphant *Loxodonta africana cyclotis* se cantonne aux formations forestières et se contente le plus souvent de laisser les marques de sa présence. Le Babouin doguéra *Paio anubis*, le mieux représenté des primates, se rencontre surtout près du Mont Bongo et, au regard du nombre de nids observés, une population viable de Chimpanzés *Pan troglodytes* survit. Les populations de tous les autres singes sont décimées par le braconnage et ils sont tous rare de nos jours à l'exception des singes de la forêt sacrée de Gbétitapia. Doivent encore être citées, les trois espèces de pangolins, le Potamochère *Potamochoerus porcus*, le Daman d'arbre *Dendrohyrax dorsalis*, diverses mangoustes (quatre espèces) et les genettes (trois espèces).

1.2.1.2. Viande de brousse

La viande de brousse est le nom donné à la viande d'animaux sauvages destinée à la consommation humaine (Milner-Gulland & Bennett, 2003). Il comprend un large éventail d'animaux tels que les invertébrés, les amphibiens, les poissons, les reptiles, les oiseaux et les mammifères (Ape, 2006). Cependant, la viande de mammifères est la plus prisée en Afrique (Fa & Brown, 2009 ; Gonédélé *et al.*, 2017). Les taxons les plus concernés à la consommation humaine sont représentés par les grands ongulés, les primates et les rongeurs. En Afrique centrale, la majeure partie des espèces de mammifères sauvages font l'objet de chasse (Nasi *et al.*, 2008). D'autres études menées au Nigeria et au Cameroun ont montré que sur plus d'un million de carcasses commercialisées sur 100 sites, 99 % sont des mammifères sauvages, dont environ 40 % d'ongulés, 30 % de rongeurs et près de 15 % de primates (Fa *et al.*, 2006). Il est vrai que la chasse et le commerce d'espèces animales sauvages ne sont pas des phénomènes nouveaux, mais, il faut reconnaître que ces dernières années, cela a connu une transition

importante en raison de la forte croissance démographique, de la modernisation des techniques de chasse et de l'accessibilité accrue des zones forestières isolées (Brugière & Magassouba, 2009 ; Fa & Brown, 2009 ; Covey & McGraw, 2014 ; Gonédélé *et al.*, 2017). Par ailleurs, ce commerce a perdu peu à peu son ancrage local. De nos jours, plusieurs carcasses de gibier sont transportées et mise en vente partout dans le monde (Wood *et al.*, 2014). Ces produits qui autrefois servaient avant tout à l'auto-alimentation familiale et communautaire sont devenus des biens de consommation de plus en plus prisés sur le marché mondial (Gonédélé *et al.*, 2017).

1.2.2. Importance de la faune

1.2.2.1. Importance écologique

La faune et la flore sont étroitement liées. Les espèces animales dépendent de la conservation des espèces végétales dont elles se nourrissent, alors que la régénération des écosystèmes, leur modélisation et la structure des habitats dépendent de certains animaux tels que les herbivores. La réduction des tissus végétaux due à la consommation des herbivores stimule les plantes afin d'augmenter leur capacité photosynthétique, une redistribution hormonale et une accélération de la croissance des feuilles avec une division plus rapide des cellules foliaires permettant une meilleure utilisation de la lumière (Connaughton, 1979). Le transport des graines par les animaux joue un rôle important dans la propagation des plantes (Haltenorth & Diller, 1985), de même que la pollinisation des plantes par les herbivores et les oiseaux (Du Toit, 1990, Cronk & Ojeda, 2008 ; Gomez *et al.*, 2016). Ainsi, le maintien de l'équilibre écologique entre la faune et la flore permettrait une meilleure conservation des forêts et de la diversité biologique en Côte d'Ivoire.

1.2.2.2. Importance économique

Le secteur de la faune sauvage occupe une place prépondérante dans l'économie de certains pays d'Afrique subsaharienne qui ont su l'organiser. Ainsi, le tourisme de vision était au 1^{er} rang en part du PIB au Zimbabwe dans les années 80 et 90 (Chardonnet, 1995), 3^{ème} rang des

sources de devises au Rwanda (Veddera, 1989), quatrième source de devises au Malawi en 1983 (Ankomah & Crompton, 1990) et troisième rang en 1984 au Botswana (Mordi, 1989).

Sans aucun doute, le secteur est porteur, créateur de ressources financières et d'emplois, bénéficiant ainsi à l'ensemble de l'économie nationale des pays qui ont su définir une politique de conservation et d'utilisation rationnelle de la faune.

En Côte d'Ivoire, concernant la faune, seul le secteur de l'aquaculture joue un rôle important dans l'économie nationale avec 3,1 % du PIB agricole et 0,74 % du PIB total en 2001. Le défi économique de la faune sauvage que doit relever la Côte d'Ivoire est de rendre ce secteur lucratif sur toute sa chaîne de valeur et surtout de veiller à ce qu'elle permette une croissance inclusive (Dufour *et al.*, 2015).

Ainsi, l'explosion démographique constatée ces deux dernières décennies a stimulé le commerce des ressources de la faune. Bien qu'informelle et parfois clandestine, la filière viande de brousse tient une place non négligeable dans l'économie de certains pays (Baker, 2008). Aussi, pour répondre à une demande de plus en plus grandissante, les produits fauniques sont acheminés dans les villes. Le gibier est vendu par des chasseurs aux revendeurs qui les revendent à un coût élevé à des grossistes ou à des vendeurs sur les marchés de vivre. Parfois, les chasseurs traitent directement avec les vendeurs qui en retour, leur fournissent des armes à feu et des munitions. Le prix de vente des produits de la faune peut varier énormément en fonction de la provenance, la destination et même au sein de la même catégorie de ressource. Les produits destinés aux marchés internationaux se vendent à un prix beaucoup plus élevé que les produits de consommation locale. Les revenus tirés de la chasse sont communément plus élevés que le salaire local moyen (Bennett & Robinson, 2000 ; Gonédélé *et al.*, 2017). Les estimations de la valeur nationale du commerce de la viande de brousse en Côte d'Ivoire par an, est de 77 milliards de FCA (Gonédélé *et al.*, 2017). Ce commerce génère ainsi un revenu substantiel pour les professionnels de la filière et contribue à l'économie des ménages et par extension, à l'économie nationale (Binot & Cornélis, 2004).

1.2.2.3. Importance alimentaire

Dans les régions tropicales du monde entier, la viande des animaux sauvages a toujours été considérée comme une importante source de protéines. Elle offre un apport calorique considérable aux communautés rurales et reste une source essentielle de protéines animales, de micronutriments et de graisse (Siren & Machoa, 2008 ; Golden *et al.*, 2011 ; Alves *et al.*, 2016).

Dans de nombreux pays de l'Afrique de l'Ouest et du Centre, la consommation totale de protéines animales est estimée à 90 % et est généralement tirée des ressources sauvages (Fa *et al.*, 2003). En Afrique centrale, la viande de brousse constitue 30 à 80 % de l'apport en protéines (Wilkie & Carpenter, 1999 ; Williamson & Bakker, 2017). D'un point de vue globale, l'importance de la viande de brousse dans la sécurité protéique et alimentaire est généralement élevée dans les communautés rurales isolées et plus faible dans les zones urbaines (Starkey, 2004 ; Brashares *et al.*, 2011). Par ailleurs, la consommation de la viande de brousse par certaines communautés augmente de façon saisonnière. En effet, lorsque celles-ci perçoivent un revenu modeste pendant la saison sèche et lorsque le poisson n'est pas disponible, ces communautés rurales se réfèrent à la chasse et à la consommation de la viande de brousse (De Merode *et al.*, 2004).

1.2.2.4. Importance socioculturelle et croyance liée aux gibiers

Dans la plupart des pays d'Afrique, le rapport entre l'homme et l'animal est historiquement très fort et les sociétés utilisent traditionnellement les animaux dans l'alimentation, la médecine, la religion, l'éducation, l'artisanat ou l'art (Czudek, 2001). Par exemple, grâce aux études menées sur les plus proches parents de l'homme, le chimpanzé et le gorille, beaucoup de preuves suggèrent que de nombreux événements majeurs dans l'évolution humaine se sont produits sur le continent africain. À plusieurs égards, les primates d'Afrique, et les écosystèmes dont ils sont une partie essentielle, peuvent être considérés comme un musée vivant de l'histoire humaine, où les processus d'adaptation et de spéciation peuvent être étudiés dans l'environnement dans lequel notre espèce a évolué.

Plus largement, la faune sauvage intervient aussi dans la médecine traditionnelle. En effet, certains animaux sont réputés pour avoir des vertus médicinales. Ainsi, les piquants et la queue du porc-épic géant (*Hystrix cristata*) interviennent dans le traitement des maux d'oreille, les poils de l'aulacode (*Thryonomys swinderianus*) réduits en cendre sont utilisés comme remède contre les piqûres d'insectes et d'épines d'arbres, la peau de l'écureuil fouisseur (*Xerus erythropus*) réduite en cendre et mélangée avec du beurre de karité sert de remède contre les maux d'yeux, la chair du lièvre (*Lepus saxatilis*) intervient dans la fabrication de certains remèdes contre le paludisme.

Signalons également que certaines espèces animales ont un caractère sacré pour divers peuples, caractéristique liée à des légendes et à des mythes locaux. De plus, grâce à la faune, la nature propose également des opportunités de loisirs comme le tourisme de vision.

La conservation et la gestion durable de la faune sauvage sont très clairement nécessaires au maintien de l'identité sociale et culturelle du peuple ivoirien (Dufour *et al.*, 2015).

1.3. Zoonoses

1.3.1 Définition

Depuis 1959, pour l'Organisation mondiale de la santé (OMS), et depuis 1992 pour l'Union européenne (UE), les zoonoses sont définies comme des maladies ou des infections dont l'agent pathogène peut être une bactérie, un virus, un parasite, un champignon ou un prion et qui se transmettent naturellement des animaux (domestique ou sauvage) à l'Homme, et vice-versa (Savey & Dufour, 2004 ; Lloyd-Smith *et al.*, 2009). L'inter-transmissibilité des zoonoses existe et s'exerce indifféremment : l'Homme transmet l'agent de zoonose à l'animal, lequel pouvant à son tour retransmettre cet agent à l'Homme. Toutefois, dans les faits, la transmission est plus fréquente dans le sens « animal vers Homme » (zoo-anthroponose) que dans le sens « Homme vers animal » (anthropo-zoonose). Ainsi, pour diverses raisons, l'Homme infecté à partir d'un animal peut ne pas retransmettre l'agent de zoonose à un/des hôte(s) humains ou animaux sensibles (ex : trichinellose, West-Nile). Une analyse de recherche a estimé qu'environ 60 % de tous les agents de maladies infectieuses affectant les humains sont d'origine zoonotique (Taylor *et al.*, 2001) et la plupart des espèces

réservoirs zoonotiques sont des mammifères rongeurs (Mills & Childs, 1998). L'Homme constitue alors un cul-de-sac épidémiologique : on parle de zoonose bornée.

À l'opposé, certaines zoonoses sont d'origine humaine : ce serait le cas par exemple de la tuberculose bovine dont l'ancêtre de l'agent *Mycobacterium bovis* aurait été transmis aux bovidés par l'Homme à l'occasion de la domestication (Haddad *et al.*, 2014).

1.3.2. Zoonoses émergentes

Les maladies infectieuses émergentes (MIE) sont des maladies humaines qui sont soit nouvellement découvertes, soit dont l'incidence ou la portée géographique augmente. Cette appellation s'oppose à certaines maladies, comme la rougeole, la maladie du sommeil et la peste bubonique qui sont apparues à la préhistoire ou dans l'Antiquité (Hays, 2005 ; Steverding, 2008). Les MIE, selon l'OIE et l'OMS, peuvent se répartir en quatre catégories :

Catégorie 1 : Une maladie nouvelle causée par un agent pathogène inconnu auparavant. C'est le cas de l'encéphalopathie spongiforme bovine (ESB) inconnue avant 1986 (Dedet *et al.*, 2013) ;

Catégorie 2 : Une maladie causée par un agent pathogène qui a muté, induisant des modifications de virulence ou une adaptation à de nouveaux hôtes. C'est le cas du virus de l'influenza aviaire H5N1. Les propriétés génétiques du virus H5N1, hautement pathogène, évoluent continuellement. Le risque d'introduction de ce virus et d'épizootie est toujours présent. De la même façon, le virus pandémique influenza A/H1N1 (2009) est un « nouveau » virus car il présente des gènes de virus de la grippe porcine, aviaire et humaine, réassortis sous une combinaison jamais observée auparavant. Notons aussi le cas de bactéries zoonotiques, comme *Campylobacter*, qui peuvent acquérir des gènes de résistance aux antibiotiques et rendre ainsi le traitement difficile chez l'Homme contaminé par voie alimentaire (Chardon & Brugère, 2014).

Catégorie 3 : Une maladie qui existe déjà dans un pays ou une région exotique et qui se répand dans une nouvelle région où elle n'était pas présente auparavant. C'est le cas de la fièvre catarrhale ovine (FCO). Le sérotype 8 de ce virus s'est répandu en 2006 en Europe du Nord, alors que cette région était auparavant indemne.

Catégorie 4 : Une maladie qui existe à l'état endémique dans une région donnée, mais présente à bas bruit dans une population donnée, et ce depuis des années. À l'occasion d'un événement particulier, favorisant sa dissémination et son expression, son incidence peut alors fortement augmenter et être à l'origine de son émergence "stricto sensu". C'est le cas de la fièvre Q due à *Coxiella burnetii* en 2007 aux Pays-Bas ou en 2009 en Belgique.

Une maladie émergente n'est pas systématiquement une zoonose. Cependant, au sein des maladies émergentes, les zoonoses occupent une place particulière et leur importance tend à augmenter mécaniquement. La fréquence des maladies émergentes s'accroît depuis 1940 avec un pic dans les années 90, conséquence d'une meilleure détection d'une part et d'une intensification des échanges d'autre part. Entre 1940 et 2004, près de 330 nouvelles maladies infectieuses ont été découvertes, dont 60 % sont des zoonoses provenant à 70 % de la faune sauvage (Keller, 2012).

1.3.3. Zoonoses ré-émergentes

Une maladie ré-émergente, quant à elle, se définit comme une maladie qui a déjà été émergente et qui le redevient dans une même région et une même population (Toma & Thiry, 2003). Cela signifie que la maladie a connu un pic d'émergence dans cette population ou cette région à un moment donné. Les mesures de maîtrise alors mises en place ont *de facto* engendré une forte diminution de son incidence voire son éradication et la perte de son « statut » de maladie émergente. Toutefois, dans des circonstances particulières, son incidence peut être amenée à augmenter significativement à nouveau. Plus de 75 % des MIE chez l'homme sont d'origine zoonotique, ce qui signifie que l'agent pathogène provient des animaux et est transmis à l'homme (Taylor *et al.*, 2001 ; Jones *et al.*, 2008 ; Karesh & Noble 2009). Bien que de nombreux agents pathogènes zoonotiques se répandent chez les animaux domestiques, y compris le bétail, la majorité (71,8 %) des MIE zoonotiques proviennent d'espèces sauvages (Jones *et al.*, 2008). Dans de nombreux pays en développement, les animaux domestiques vivent à proximité des animaux sauvages. Cela facilite le mouvement des agents pathogènes entre eux et vers les humains. Il n'est pas surprenant que les pandémies les plus dévastatrices en l'histoire de l'humanité, la peste noire, l'influenza espagnole et le

VIH/sida, ont tous été causés par des zoonoses provenant de la faune sauvage (Morens *et al.*, 2008).

1.3.4. Écologie et épidémiologie des zoonoses spécifiques aux animaux sauvages

1.3.4.1. Écologie des zoonoses

Les maladies infectieuses et parasitaires sont classiquement spécifiques à des aires géographiques et donc spécifiques aux hôtes rencontrés dans ces aires. Ainsi, de même qu'il y a des pathologies à l'origine spécifique aux hommes, aux animaux domestiques, de même certaines maladies étaient spécifiques aux animaux sauvages. Mieux, certaines maladies étaient spécifiques à certaines espèces sauvages. Par la dynamique des peuplements et par la recherche de vivres, il y a expansion de certains pathogènes qui à l'origine étaient confinés à des espèces particulières d'hôtes, vers d'autres hôtes. Au niveau des tropiques, la chaleur aidant, le contact entre animaux sur les lieux de pâturage et de points d'eau, font parfois des épidémies dans le rang d'espèces originellement indemnes et met à mal la biodiversité.

Pour comprendre les maladies infectieuses au-delà de l'échelle des cas cliniques individuels, il faut évaluer les perspectives écologiques et évolutives. Une épidémie est fondamentalement une interaction entre les populations de deux espèces, l'agent pathogène et l'hôte et présente donc des similitudes formelles avec les prédateurs-proies et d'autres systèmes de ressources des consommateurs que les écologistes étudient depuis des décennies. Les cycles pluriannuels de maladies immunisantes telles que la rougeole ont été compris par analogie directe avec les cycles prédateurs-proies, et sont entraînés par des périodes alternées de croissance de la population de prédateurs lorsque les proies sont abondantes et de déclin lorsque les proies sont épuisées (Murdoch *et al.*, 2003). De même, les interactions entre souches pathogènes peuvent être comprises grâce à l'évaluation des principes de la compétition écologique. Une étude récente (Cobey & Lipsitch, 2012) a expliqué la diversité frappante des sérotypes pneumococciques, et l'effet épidémiologique du vaccin conjugué polyvalent, par l'interprétation des composants de la réponse immunitaire acquise en termes de mécanismes écologiques de stabilisation et d'égalisation de la forme physique. Ces parallèles sont intrinsèques et imprègnent tous les aspects des maladies infectieuses - même le concept

épidémiologique central de R_0 est emprunté à l'écologie des populations (Fischer, 1930). Les similitudes s'appliquent à la fois aux macro-parasites (helminthes et ectoparasites arthropodes) et aux micro-parasites (virus, bactéries et protozoaires).

Une différence est que les micro-parasites ont des temps de génération courts et peuvent être soumis à de fortes pressions de sélection de l'immunité de l'hôte, d'autres organismes présents dans le microbiome et des médicaments antimicrobiens, qui sont tous des composants potentiels clés de l'écosystème dans lequel vivent les microbes. En conséquence, l'évolution des pathogènes peut se produire dans des délais très courts (Grenfell *et al.*, 2004 ; Hawley *et al.*, 2010) des changements évolutifs importants peuvent survenir au cours d'une épidémie ou même au cours d'infections individuelles. Un exemple frappant est le développement de la résistance chez les bactéries en réponse à un traitement antimicrobien et, sur une échelle de temps légèrement plus longue, le changement antigénique des virus grippaux qui entraîne la nécessité de mettre à jour fréquemment la formulation du vaccin contre la grippe (Russell *et al.*, 2008). La dynamique de la transmission des maladies zoonotiques est profondément ancrée dans l'écologie et la biologie évolutive de leurs hôtes. Une zoonose comprend l'interaction entre au moins trois espèces : un agent pathogène et deux espèces hôtes dont les humains et une autre espèce animale agissant comme réservoir de l'infection. Pour les zoonoses à transmission vectorielle (Kilpatrick & Randolph, 2012), l'écologie est compliquée car l'écologie de nombreuses autres espèces hôtes vecteurs et réservoirs peut modifier la dynamique de transmission (Kilpatrick & Randolph, 2012). Les zoonoses transmises directement peuvent également avoir plusieurs hôtes réservoirs, jouant potentiellement différents rôles dans la dynamique des agents pathogènes, tels que l'amplification ou transmission aux êtres humains (Haydon *et al.*, 2002). Par exemple, le virus Nipah, paramyxovirus zoonotique, a des hôtes réservoirs de chauves-souris fruitières. Le virus s'est établi chez les populations de porcs domestique, amplifiant la transmission virale et entraînant une importante épidémie chez les êtres humains entre les années 1998–1999 (Pulliam *et al.*, 2012). Plus de 100 personnes sont mortes au cours de cette épidémie et plus d'un million de porcs ont été tués pour lutter contre la maladie.

Autre fait écologique important, les changements dans l'abondance des animaux hôtes

peuvent affecter de manière frappante l'incidence des maladies chez les humains (Daszak *et al.*, 2000 ; Ostfeld *et al.*, 2012). Une diminution de l'abondance d'un hôte animal préféré peut amener un arthropode vecteur à modifier ses habitudes alimentaires pour les êtres humains, entraînant une épidémie (Sachan & Singh, 2010). Par exemple, lorsque la peste bovine a été introduite pour la première fois en Afrique de l'Est, les populations de bovins et de gnous se sont rapidement épuisées et les glossines se sont mises à se nourrir du sang des humains, provoquant une importante épidémie de trypanosomiase ou maladie du sommeil (Ford, 1971). Les changements environnementaux (y compris les effets anthropiques) pourraient modifier l'abondance d'une faune sauvage, réservoir hôte, augmentant la transmission à l'intérieur du réservoir et le risque de transmission zoonotique. Les événements El Niño dans les années 1991 à 92 et 1997 à 98 ont conduit à des cas d'hantavirus humains dans le sud-ouest des États-Unis via une cascade écologique : l'augmentation des précipitations a provoqué la croissance de la végétation, permettant à la densité des rongeurs d'augmenter, ce qui a permis une augmentation des infections à hantavirus chez les rongeurs. Cette augmentation n'a pas entraîné de déclin de la population de rongeurs car, à l'instar de nombreux réservoirs fauniques d'agents zoonotiques, les hantavirus provoquent des infections légères ou subcliniques dans ce groupe. Cependant, l'augmentation de la prévalence chez les rongeurs a augmenté le risque d'infection chez les humains (Hjelle & Glass, 2000). Les principes écologiques s'appliquent également à l'échelle des individus. Les hôtes infectés contiennent une population d'agents pathogènes qui croît et évolue selon les mêmes principes qu'une population végétale ou animale vivant en liberté. Les processus de réplication virale, de clairance immunitaire et de tropisme tissulaire peuvent être compris par analogie aux processus écologiques de reproduction, de mortalité et de dispersion entre les habitats (Dobson, 2003 ; Metcalf *et al.*, 2011). L'écologie microbienne des pathogènes zoonotiques dans leurs hôtes réservoirs peut être un déterminant clé de risque pour la santé humaine. Par exemple, donner des régimes alimentaires différents aux bovins de boucherie avant l'abattage entraîne des conditions environnementales différentes dans l'intestin et un changement dans l'équilibre de la concurrence entre les espèces microbiennes, ce qui peut modifier l'abondance d'agents pathogènes humains tels que *Escherichia coli* O157: H7 (Callaway *et al.*, 2009). Le principe écologique de l'exclusion compétitive est à la base d'approches communes de lutte

contre les zoonoses pathogènes chez le bétail et la volaille (Schneitz, 2005 ; Callaway *et al.*, 2009). Des études méta-génomiques montrent que la communauté de bactéries commensales qui colonisent des hôtes sains joue un rôle important dans la défense contre ces commensaux (Relman, 2011) dont certains pourraient être pathogènes. Ce mécanisme sous-tend la sensibilité différentielle à l'infection à *Clostridium difficile* et pourrait également augmenter le risque d'infections zoonotiques comme rapporté pour la salmonella (Manges *et al.*, 2010 ; Crhanova *et al.*, 2011). Ce facteur souligne l'importance de l'étude de la communauté microbienne complète au sein des hôtes (microbiome), et non juste des agents pathogènes (Relman, 2011). En effet, l'écologie de la résistance des pathogènes zoonotiques aux antimicrobiens demeure une donnée extrêmement importante. Du point de vue écologique, la résistance aux antimicrobiens est un phénomène naturel ; les gènes conférant une résistance sont probablement nés d'une réponse évolutive aux médicaments antimicrobiens produits par des bactéries, des champignons et autres parasites vivant librement pour se protéger des infections ou de la compétition (D'Costa *et al.*, 2007 ; Allen *et al.*, 2010). Les premiers antibiotiques utilisés en médecine humaine étaient tous dérivés de sources bactériennes et fongiques naturelles. À son tour, l'utilisation de ces composés aurait entraîné une sélection pour la résistance chez les bactéries et le transfert horizontal via des transposons et des plasmides, a permis à ces gènes de se propager rapidement à travers les populations et les communautés microbiennes. La résistance émerge aujourd'hui sur les mêmes principes évolutifs. Les populations microbiennes soumises aux mêmes forces de compétition et de sélection s'adaptent, mais l'utilisation répandue actuelle d'agents antimicrobiens chez les humains dépasse de loin celle de n'importe quel moment depuis leur développement en tant que médicaments.

Des bactéries résistantes aux antimicrobiens sont présentes chez de nombreux mammifères et oiseaux sauvages dans de nombreuses zones géographiques (De Souza *et al.*, 1999 ; Gilliver *et al.*, 1999 ; Sjölund *et al.*, 2008). Bien que ces bactéries devraient exister partout où elles sont exposées à des antimicrobiens naturellement produits par des bactéries, des champignons ou des parasites, la résistance observée chez la faune peut également être une résultante soit de la transmission d'organismes résistants d'animaux domestiques ou de personnes, soit d'une

contamination anthropique de l'environnement par des antimicrobiens ou leurs métabolites. L'analyse des gènes conférant la résistance aux antimicrobiens des bactéries trouvées chez les primates non humains, les humains et le bétail montre que les bactéries résistantes des primates non humains vivant à proximité des personnes et du bétail sont génétiquement plus similaires que les bactéries trouvées chez les primates non humains des régions avec peu ou pas de chevauchement géographique avec les personnes et le bétail (Rwego *et al.*, 2008). Il est aussi démontré la présence naturelle d'organismes résistants aux antimicrobiens et des similitudes dans les modèles de résistance où la faune, le bétail et les humains sont en contact.

Des études sur la résistance aux antimicrobiens chez les *Escherichia coli* fécaux provenant de rongeurs dans des élevages de porcs et de volailles, suggèrent que les schémas de résistance et les gènes codant pour la résistance sont sensiblement les mêmes chez la faune et le bétail (Davies & Wales, 2019). Une autre étude a montré différents schémas de résistance de *E. coli* chez les campagnols de banque (*Myodes glareolus*), les souris des bois (*Apodemus sylvaticus*), et les bovins dans les fermes laitières (Williams *et al.*, 2011). De plus, la prévalence de la résistance à la vancomycine chez *E. coli* entre ces deux espèces de rongeurs change tout au long de l'année (Williams *et al.*, 2011 ; Mallon *et al.*, 2002). Cette découverte suggère que, quelles que soient les sources originales de bactéries et de gènes résistants, les différences dans l'écologie des espèces sauvages, entre autres leur régime alimentaire et leur physiologie, produisent une pression de sélection sur les microbes, plutôt qu'une exposition différentielle aux antimicrobiens ou présence de différentes souches résistantes dans l'environnement. La dynamique de la résistance aux antimicrobiens chez les animaux sauvages, à la fois naturelle et due à des influences anthropiques, n'est pas bien établie. Des études multicentriques à long terme pourraient fournir une meilleure compréhension de la variation naturelle, des changements avec le temps et du transfert interspécifique. En plus des études d'observation, des travaux expérimentaux sur la faune pourraient fournir des informations précieuses sur la compréhension des effets sur la population et la communauté de l'utilisation d'antimicrobiens et de la persistance des changements.

1.3.4.2. Epidémiologie des zoonoses

Les maladies zoonotiques peuvent se propager de diverses manières entre les animaux hôtes et les humains, notamment par le biais a) de vecteurs communs, tels que les moustiques pour les arboviroses, b) de vecteurs indirects comme l'exposition aux excréments de rongeurs dans un cadre péri-domestique ou contact direct avec un animal par la consommation, les morsures d'animaux, les éraflures, les fluides corporels et les excréments (Wolfe *et al.*, 2005). La plupart des agents pathogènes infectant les animaux ne parviennent pas à faire le saut chez l'homme, mais 33 % des agents pathogènes zoonotiques (environ 286 sur 868 espèces zoonotiques étudiées) qui ont débordé sont connues pour être transmissibles entre humains (Taylor *et al.*, 2001). Des données récentes mettent en évidence le lien entre les maladies infectieuses et la perte de la biodiversité. Les changements d'utilisation des terres et la fragmentation de l'habitat (Cleaveland *et al.*, 2007 ; Maganga *et al.*, 2014 ; Gottdenker *et al.*, 2014) y contribuent également. Bien que des recherches supplémentaires sur la relation entre la dégradation de l'habitat et les Maladies Infectieuses Emergentes (MIE) sont nécessaires, Gottdenker *et al.* (2014) à partir d'une revue de 305 études portant sur une grande variété de maladies ont constaté que les types de changements d'affectation des sols les plus courants liés à la transmission de zoonoses sont la déforestation, la fragmentation de l'habitat, le développement agricole, l'irrigation et l'urbanisation. Sur le plan fonctionnel, les mécanismes qui influencent la propagation des maladies sont la perturbation des structures de la chaîne alimentaire, les changements dans les interactions hôte-pathogène et le mélange de pools de gènes d'agents pathogènes, ce qui entraîne une augmentation de la diversité génétique des agents pathogènes (Jones *et al.*, 2013). D'autres études ont montré que la fragmentation des habitats et la perte de la biodiversité correspond à une augmentation de l'abondance et de la diversité des maladies et des agents pathogènes au sein d'une espèce hôte (Allan *et al.*, 2003 ; Gillespie *et al.*, 2005 ; Keesing *et al.*, 2006 ; Salzer *et al.*, 2007 ; Cottontail *et al.*, 2009 ; Young *et al.*, 2014). Plus précisément, l'émergence ou la réémergence de nombreuses maladies zoonotiques, dont la fièvre jaune, la maladie de Lyme, syndrome pulmonaire à hantavirus, encéphalite à virus Nipah, influenza, la rage, le paludisme, la fièvre jaune et la

trypanosomiase humaine africaine ont été liés à des modifications de l'habitat (Jones *et al.*, 2013).

Géographiquement, bon nombre de ces changements environnementaux et humains se produisent dans les pays subsahariens. L'Afrique où les activités humaines liées à la viande de brousse ont été liées à de nombreuses épidémies, notamment le virus Ebola (Leroy *et al.*, 2004), le VIH (Van Heuverswyn & Peeters, 2007) et la variole du singe (Rimoin *et al.*, 2010). La contamination par des agents pathogènes de la viande de brousse peut se produire par la consommation. Toutefois, les principaux risques sont liés à l'exposition aux fluides et aux matières fécales du corps pendant la manipulation et la découpe (Kilonzo *et al.*, 2013 ; Paige *et al.*, 2014).

L'épidémiologie des zoonoses fait intervenir plusieurs composantes dont l'agent zoonotique, un ou plusieurs hôtes, un réservoir et parfois un vecteur (Kilonzo *et al.*, 2013). L'agent zoonotique ou agent étiologique des zoonoses est caractérisé comme un agent transmissible qui n'est pas inféodé à un seul hôte et qui peut provoquer une infection ou une infestation (avec ou sans expression de la maladie clinique) chez au moins deux espèces de vertébrés dont l'Homme. L'hôte est l'être vivant qui héberge dans des conditions naturelles un agent pathogène. Le réservoir peut être défini comme un système écologique dans lequel un agent zoonotique survit indéfiniment. Cela peut non seulement s'appliquer à un vertébré, un invertébré (comme un arthropode) mais également au milieu lui-même (le sol par exemple). Quant au vecteur, il est l'être vivant qui, à l'occasion de relations écologiques, acquiert un agent pathogène sur un hôte vivant et le transmet ensuite à un autre hôte.

Le cycle épidémiologique d'une zoonose fait donc intervenir au moins une espèce animale et l'Homme. Mais il peut parfois être très complexe et inclure, dans un environnement donné, de nombreuses espèces animales réceptives, divers vecteurs essentiels ou potentiels et l'Homme. Face aux récentes crises épidémiologiques au cours de la dernière décennie, les études sur le réseau de commercialisation de gibiers se sont multipliées (Kurpiers *et al.*, 2016). Ces études se sont accentuées sur le potentiel de la viande de brousse comme réservoir de transmission et de propagation d'agents pathogènes. En effet, l'expansion du commerce de viande de brousse a contribué à l'apparition de maladies dites émergentes qui peuvent évoluer et affecter

l'humain à partir des hôtes. C'est le cas de la récente épidémie d'Ebola en Afrique de l'Ouest (Jones *et al.*, 2008 ; Kilonzo *et al.*, 2013). Ces crises peuvent être non seulement mortelles, mais aussi coûteuses. Selon le Programme des Nations Unies pour le développement (PNUD), la fermeture des frontières, la réduction des activités touristiques, la baisse des échanges commerciaux ont entraîné une augmentation de la pauvreté et de l'insécurité alimentaire, en cumulant une perte estimée à plus de 3,6 milliards de dollar américain en 2014 en Afrique de l'Ouest en raison de l'épidémie d'Ebola (PNUD, 2015). Par ailleurs, les risques d'émergence et de réémergence des maladies liées à la faune sauvage ont un enjeu crucial en termes de santé publique, dans la mesure où les 2/3 des maladies infectieuses connues chez l'Homme en Afrique de l'Ouest sont d'origine animale (Brugère-Picoux & Kodjo, 2007). Les études de Zheng *et al.* (2010) et Subramanian (2012) ont révélé que la plupart des maladies émergentes connues chez l'homme jusqu'à ce jour ont été transmises par des primates : fièvres hémorragiques foudroyantes (Ebola), virus de l'immunodéficience humaine et virus T-lymphotropique humain. En réalité, une grande communauté de pathogènes véhiculée par les gibiers, représente une menace importante pour la santé publique (Jobbins *et al.*, 2014). Aussi, les activités humaines accrues au cours des dernières décennies (Kamins *et al.*, 2011) ont amené certaines espèces de mammifères, en particulier les chauves-souris, à devenir péri-domestiques (O'Shea *et al.*, 2011 ; Plowright *et al.*, 2011). Cette péri-domestication fait d'elles des cibles faciles pour la chasse d'où une augmentation des risques de la transmission des zoonoses aux chasseurs.

1.4. Typage moléculaire

1.4.1. Principe général du typage moléculaire des espèces

La première apparition du typage moléculaire dans le monde écologique s'est manifestée par le besoin d'identifier les espèces (Moore *et al.*, 2003). Depuis, c'est l'une des applications les plus courantes et les plus utilisées en écologie moléculaire (Schlegel *et al.*, 2012). Ceci s'explique par la difficulté d'identification des espèces, surtout lorsque nous sommes en présence d'espèces jumelles, d'hybrides ou pire, des espèces sauvages découpées, fumées ou boucanées (Pinto *et al.*, 1992 ; Kumar *et al.*, 2018). Les produits de la faune sauvage

provenant des animaux chassés sont parfois commercialisés sous différentes formes amorphes comme la viande hachée, la peau bronzée, les os et les cornes, les produits en ivoire, etc. (Kumar *et al.*, 2014 ; Nishant *et al.*, 2017). En raison du manque de caractères morphologiques, l'identification devient peu concluante. Par conséquent, afin de reconnaître l'animal pour évaluer la quantité et la qualité des viandes trouvées sur les marchés, le recours au typage moléculaire devient plus qu'une nécessité, un outil incontournable pour l'identification précis et rapide au niveau de l'espèce.

Les deux types de marqueurs les plus couramment utilisés pour ce type d'analyse correspondent aux régions ribosomales, l'ADNr nucléaire, particulièrement l'ITS, région non codante et hautement polymorphe (Jackson *et al.*, 1999 ; Makimura *et al.*, 1999) et l'ADN mitochondrial (COI) et ses variants (Erlandson & Garipey, 2005). L'utilisation de ces régions se justifie par la forte différenciation entre les espèces, le grand nombre de copies par cellule et leur présence dans tous les tissus. Sur cette base, un important projet d'identification microgénomique des espèces animales a été lancé par le chercheur Canadien Paul Herbert (Herbert *et al.*, 2003). Ce projet vise l'élaboration d'amorces d'ADN basées sur le gène mitochondrial du COI, spécifique à chaque espèce, afin d'identifier chacun des animaux de la planète (Wade, 2004). Ces marqueurs ont un degré de polymorphisme intraspécifique limité.

1.4.2. Typage moléculaire spécifique de la viande de brousse

La possibilité d'identifier les produits de la faune, qu'il s'agisse de viande, de peaux ou d'animaux entiers, est très avancée dans sa formalisation par le développement de bases de données de séquences d'ADN utilisant un fragment de gènes normalisés (Ross *et al.*, 2003 ; Ratnasingham & Hebert, 2007). La région 5' de la cytochrome c oxydase I (COI) de l'ADN mitochondrial (ADNmt) a été recommandée comme norme pour l'identification de l'ADN des espèces (Hebert *et al.*, 2003 ; Ivanova *et al.*, 2007). Bien que les fondements philosophiques du typage des espèces à partir des codes-barres de l'ADN aient fait l'objet de nombreuses critiques (Rubinoff *et al.*, 2006 ; Song *et al.*, 2008), son application pour l'identification des espèces n'a guère été contestée (Rubinoff *et al.*, 2006). L'utilisation des données de séquence pour les enquêtes sur les espèces en danger, recueillies sur les marchés commerciaux est

largement rapportée. Bien que la région COI n'ait pas été utilisée comme métrique standard, des études ont utilisé des marqueurs mitochondriaux pour identifier des échantillons au niveau de l'espèce. Yan *et al.* (2005) ont utilisé le gène du cytochrome b (Cyt b) pour identifier les alligators chinois (*Alligator sinensis*), à partir de viande fraîche et partiellement cuite trouvée sur les marchés chinois. Baker et ses collègues ont utilisé des séquences d'ADNmt et des microsatellites pour identifier les espèces de baleines menacées, échantillonnées sur les marchés en Corée et au Japon (Baker *et al.*, 2002). En utilisant des caractères diagnostic du Cyt b, Birstein *et al.* (1998) ont identifié trois espèces d'esturgeons producteurs de caviar et découvert que près du quart des lots de caviar disponibles dans le commerce, vendus à New York étaient mal étiquetés. Marko *et al.* (2004) ont également utilisé des séquences Cyt b pour montrer que 77 % des poissons vendus aux États-Unis et étiquetés comme « vivaneau rouge » sont en réalité d'autres espèces. Martin (1991) et Moura *et al.* (2008) ont utilisé des séquences d'ADNmt, y compris COI, pour identifier les espèces de requins retrouvés dans le commerce, lorsque les caractères morphologiques (par exemple les nageoires, les têtes) étaient équivoques dans le discernement parmi les genres. L'identification des produits de la faune sauvage en danger dans chacun de ces cas, n'aurait pas été possible sans méthodes moléculaires car les vendeurs avaient tout intérêt à dissimuler l'identité de l'espèce vendue. La plupart de ces méthodes moléculaires sont basées sur la réaction de polymérisation en chaîne (PCR) composée de plusieurs étapes.

1.4.3. Typage moléculaire des pathogènes microbiens

L'identification des espèces pathogènes, à la différence de l'étude de la diversité et de la structuration génétique des populations de pathogènes, peut être réalisée soit par hybridation avec une sonde spécifique de l'espèce, soit par séquençage du fragment d'ADN amplifié (amplicon) par un marqueur moléculaire. Plusieurs groupes de marqueurs spécifiques au génome de chaque espèce existent, mais certains marqueurs généralistes transcendent les espèces tout en marquant la spécificité d'espèces grâce à la phylogénétique (Zhang *et al.*, 2019 ; Helmy *et al.*, 2020).

Ainsi, la plupart des études moléculaires publiées à ce jour pour détecter et identifier les pathogènes de façon générale et en particulier les agents zoonotiques, sont basées sur

l'amplification de l'ADN ribosomal 16S (Kaspar *et al.*, 2018, Berry *et al.*, 2020).

Chez les bactéries, il existe trois types d'ARN ribosomaux : les ARN 5S et 23S font partie de la grande sous-unité du ribosome et l'ARN 16S fait partie de la petite sous-unité du ribosome. Les gènes (ADNr 16S, 23S et 5S) qui codent pour les ARN ribosomaux (16S, 23S et 5S) sont organisés en opérons. Le gène qui code pour l'ARN 16S est composé de séquences nucléotidiques particulièrement conservées chez toutes les bactéries connues à ce jour. Ces séquences encadrent des séquences plus variables dont certaines sont des signatures spécifiques d'espèces bactériennes. En localisant des amorces dans les régions conservées (amorces universelles), il est possible d'amplifier par PCR un fragment d'ADN à partir de l'ADN de n'importe quelle bactérie sans avoir d'indication préalable sur l'identité de l'espèce. L'analyse de la séquence du fragment amplifié permettra, après comparaison avec des séquences compilées dans des banques de données (GenBank, BiBi Database, Ribosomal Data Project), d'identifier l'espèce bactérienne. Au cours de ces dernières années, la taxonomie bactérienne a été revue et continue de l'être sur la base du séquençage de l'ADNr 16S (Lalucat *et al.*, 2020). C'est en partie grâce à l'établissement d'une banque de données très fournie et représentant plus de cinq mille espèces bactériennes que la PCR universelle a un intérêt.

Dans certains cas, la séquence du fragment d'ADNr 16S amplifié n'est pas suffisamment discriminante pour permettre l'identification d'espèce (Janda & Abbott, 2007 ; Lavrinienko *et al.*, 2020). Par exemple, *Streptococcus mitis*, *S. oralis* et *S. pneumoniae* ne sont pas distinguables sur la base des séquences ADNr 16S. D'autres gènes, plus discriminants, peuvent alors être amplifiés et séquencés tels que *sodA* pour l'identification des streptocoques et des staphylocoques à coagulase négative (Poyart *et al.*, 2001 ; Kosecka-Strojek *et al.*, 2019), *rpoB* pour les entérobactéries (Greub *et al.*, 2005 ; Rungsirivanich *et al.*, 2019). Par ailleurs, l'amplification suivie du séquençage d'une deuxième cible permet de confirmer le résultat de la PCR ADNr 16S et de se soustraire au mieux du problème des contaminations extérieures (Greub *et al.*, 2005). Nombreuses sont les études qui montrent l'utilité de ces techniques dans la mise en évidence de pathogènes de culture difficile, parfois très rares comme *Bartonella vinsonii* (Müller *et al.*, 2018, Theonest *et al.*, 2019). De nos jours, pour des raisons techniques

et d'interprétation, la PCR universelle est rarement réalisée sur des prélèvements de sang. En revanche, certains gènes peuvent constituer des cibles pour la détection spécifique de certaines espèces bactériennes. L'obtention d'un amplicon signe alors la présence de l'espèce recherchée. Des cibles telles que les gènes codant pour la riboflavine-synthétase, pour des protéines de membranes, pour la protéine de choc thermique Hsp65, etc., peuvent être utilisées pour révéler la présence de *Bartonella* spp., *C. burnetii* et *T. whipplei*.

1.4.4. Réaction de polymérisation en chaîne (PCR)

La réaction de polymérisation en chaîne est une technique permettant l'amplification *in vitro* d'une séquence d'ADN spécifique. La méthode consiste en une répétition de cycles de dénaturation, d'hybridation et d'extension de la chaîne par polymérase (Mullis *et al.*, 1986). La PCR est basée sur un fonctionnement cyclique d'une ADN polymérase thermorésistante (Taq polymérase). Des millions de copies d'un même segment d'ADN sont synthétisés au cours de plusieurs cycles, selon les marqueurs moléculaires utilisés. Chaque cycle est caractérisé par la succession de trois étapes (figure 3) à savoir : la dénaturation de l'ADN par la chaleur, l'appariement par hybridation aux matrices d'ADN simple brin de deux amorces spécifiques, l'élongation à partir des extrémités 3'OH libres des amorces par polymérisation enzymatique de précurseurs désoxyribonucléotidiques. La majorité des techniques de biologie moléculaire utilisée repose sur la réaction de polymérisation en chaîne (PCR).

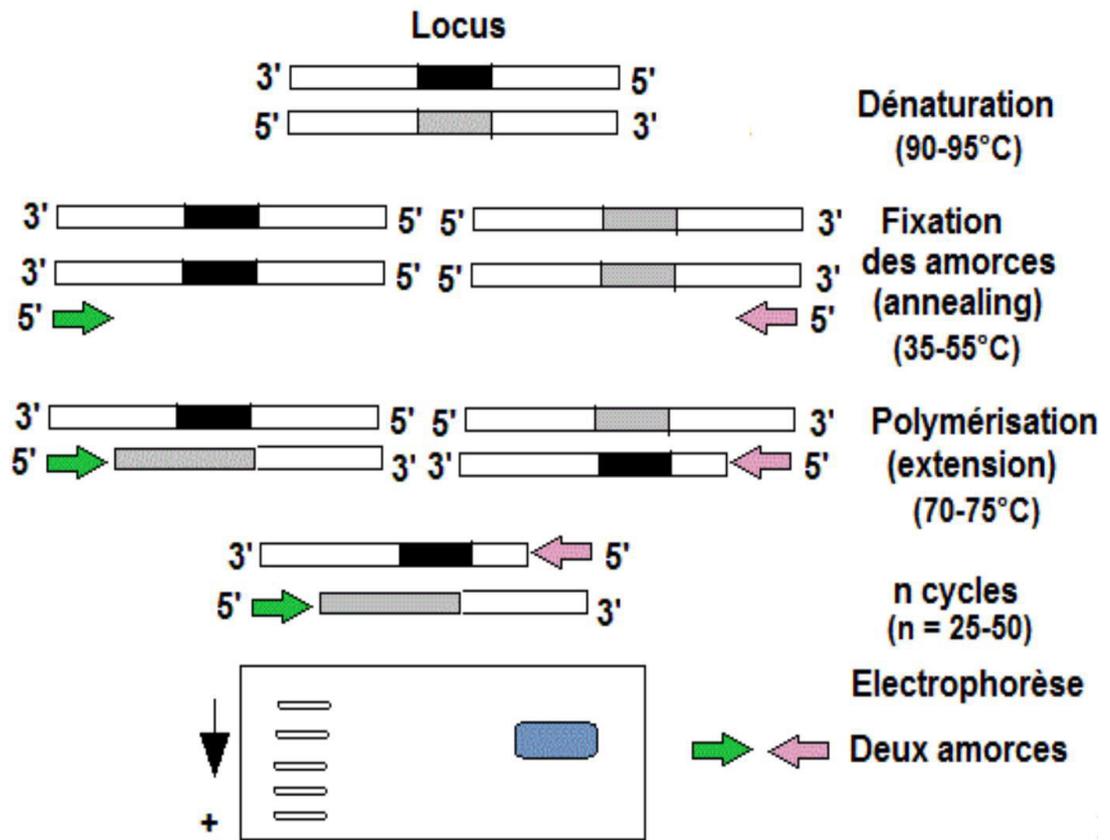


Figure 3: Différentes étapes de la PCR
(Morgante & Olivieri, 1993)

II : MATERIEL ET METHODES

2.1. Sites et points de collecte d'échantillons

Cette étude s'est déroulée dans sept (07) localités : Bonon, Daloa, Gonaté, Issia, Sinfra, Vavoua et Zoukougbeu. Ces localités sont situées dans la partie Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire. Au total, quarante-sept (47) sites de collecte d'échantillons ont été visités, dont neuf (09) à Bonon, neuf (09) à Daloa, quatre (04) à Gonaté, cinq à Issia, sept (07) à Sinfra, huit (08) à Vavoua et cinq (05) à Zoukougbeu (figure 4). Ces points de collecte ont été sélectionnés sur la base de l'approvisionnement régulier en viande de brousse et après obtention de l'assentiment des acteurs de la chaîne, principalement des restauratrices.

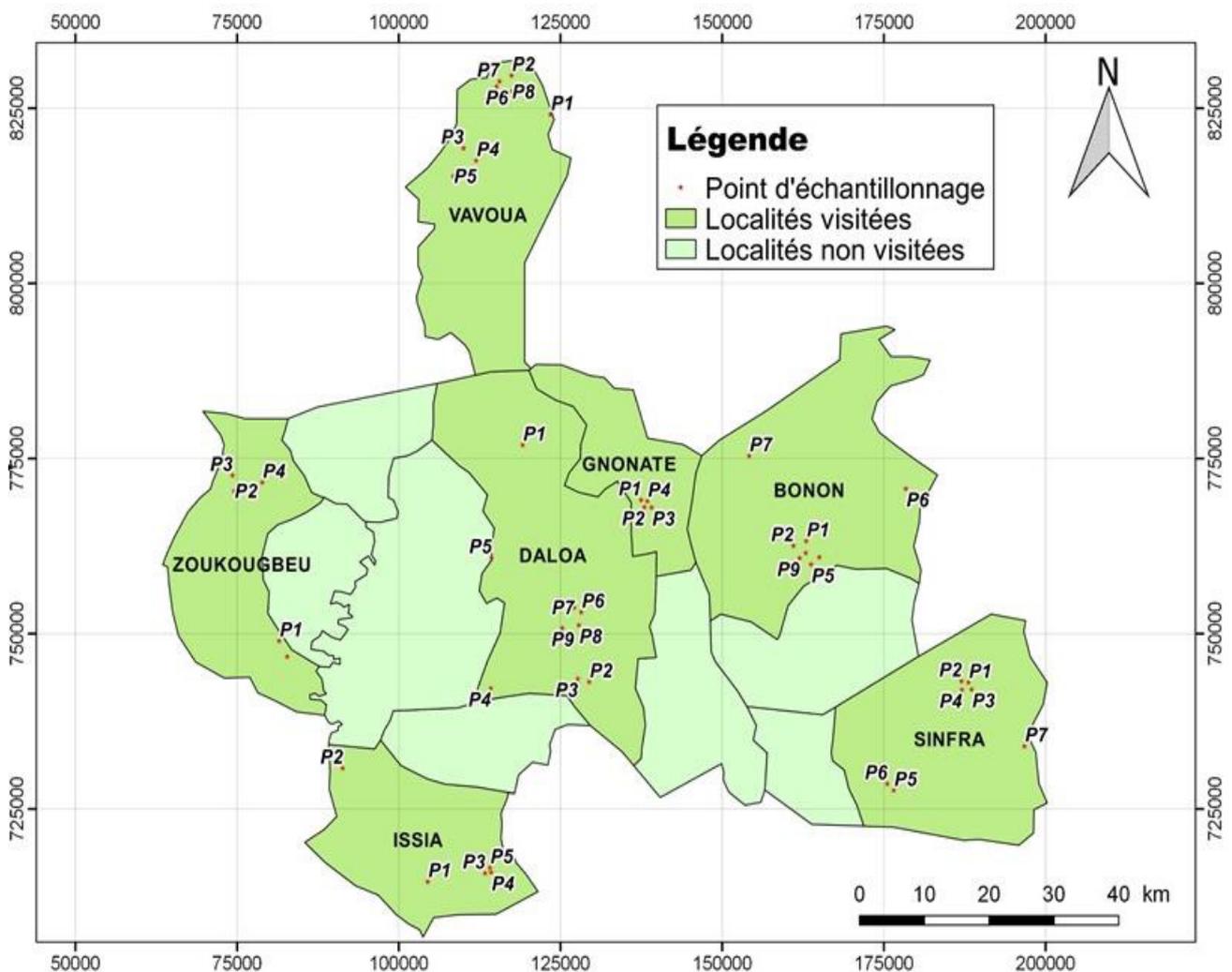


Figure 4: Points de vente de la viande de brousse dans les sept localités visitées du Centre-Ouest de la Côte-d'Ivoire

2.2. Matériel

2.2.1. Matériel biologique

Le matériel biologique de cette étude est constitué d'échantillons d'oreille, de rate, de rein, de langue, de muscle, de sang et des selles, prélevés sur des spécimens de mammifères issus des produits de chasse, disponibles dans les restaurants de la zone d'étude au Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

2.2.2. Matériel technique

2.2.2.1. Matériel d'échantillonnage

Le matériel d'échantillonnage est constitué d'un appareil photographique numérique pour les prises de vues des carcasses d'animaux rencontrés, d'un GPS pour enregistrer les coordonnées géographiques des points d'échantillonnage. Des fiches d'enquête préalablement établies ont été utilisées pour relever des informations portant sur le sexe, l'âge et l'état physiologique de l'animal et sur les outils de chasse utilisés. Le manuel d'identification morphologique des espèces de mammifères dénommé « Guide des mammifères d'Afrique » de Jonathan Kingdon, (2006) a été utilisé pour l'identification morphologique des spécimens rencontrés. Une trousse à dissection et des tubes eppendorf de 1,5 ml ont servi pour le prélèvement des différents tissus d'animaux. Des pipettes pasteur et des tubes héparines ont été utilisés pour le prélèvement du sang des animaux. Un ruban adhésif a permis de noter les codes de chaque échantillon avec un stylo indélébile. Une solution d'alcool de 70 % a été utilisée pour la conservation des échantillons et une glacière contenant de la glace alimentaire pour transporter les échantillons.

2.2.2.2. Matériel de laboratoire

2.2.2.2.1. Matériel d'analyse moléculaire

Un mortier a été utilisé pour écraser les tissus prélevés sur des animaux. Des tube eppendorf, une centrifugeuse réfrigérée à tube Eppendorf, un microscopie optique, des pipettes automatiques P10, P20, P100, P200, P1000 et des cônes à filtres de 10, 20, 100, 200 et 1000 μ L ont été utilisés pour l'extraction de l'ADN.

Le kit d'extraction Blood and Tissue (Qiagen) a été utilisé pour l'extraction de l'ADN total des échantillons. Des réactions de polymérisation en chaîne (PCR) ont été réalisées dans un Thermocycleur (BioRad, Singapour). Les gènes-marqueurs recherchés dans le typage moléculaire des espèces mammaliennes trouvées sont le COI, le Cyt b, l'ADN ribosomal 12S et 16S sens et anti-sens spécifique à chaque gènes ont été utilisés (Tableau II). Le milieu réactionnel utilisé est composé de tampon PCR 10 X contenant du Chlorure de magnésium (MgCl₂), des désoxyribonucléotides triphosphates (dNTPs), de l'eau ultra pure (H₂O), des amorces et la *Taq* polymérase. L'agarose lyophilisé a été utilisé pour la préparation du gel de migration électrophorétique. La solution Tris Borate EDTA (TBE) a été utilisée comme tampon pour l'électrophorèse et comme solvant pour la préparation du gel d'agarose. La solution de Bromure d'éthydiuim (BET) a été utilisé comme agent intercalent nécessaire à la visualisation des fragments d'ADN à l'aide d'un transilluminateur à rayon Ultra-Violet (UV).

Tableau II : Amorces de typage moléculaire des échantillons biologiques collectés

Gene	Amorces	Séquences sens et anti-sens (5'- 3')	Références	Taille de l'amplicon (pb)
COI	COI-R COI-F	TCAGGGTGTCCAAARAAYCA CACAAACCACAAAGAYATYGG	Gaubert <i>et al.</i> , 2015	658
Cyt b	Cyt b-R Cyt b-F	CTCAGAATGATATTTGTCCTCA GATATGAAAAACCATCGTG	Irwin <i>et al.</i> , 1991 Kocher <i>et al.</i> , 1989	402
12 S	12 S-R 12 S-F	GTGACGGGCGGTGTGT GGGATTAGATACCCCACTATGC	Gaubert <i>et al.</i> , 2015	384-430
16 S	16 S-R 16 S-F	AATCGTTGAACAAACGAACC CGCCTGTTTACCAAAAACATC	Gaubert <i>et al.</i> , 2015	510-527
ADNr 16 S	R F	CAGTGTGGCTGGTCATCCTCTC GCAAGTCGAGCGGTAGCACAG	Gaubert <i>et al.</i> , 2015	402

2.2.2.2. Matériel d'isolement et d'identification des espèces de bactéries

Les microorganismes bactériens ont été isolés puis différenciés sur le milieu chromogénique CHROMagar™Orientation. L'identification des espèces bactériennes a nécessité un kit de coloration de Gram d'une part et d'autre part, une galerie classique composée des milieux tels que l'urée, les réactifs de VP, TDA, le réactif d'oxydase, de l'eau oxygénée, l'ONPG, le Bouillon Cœur Cerveille (BCC) et un portoir réduit de Le Minor. Un microscope à écran a été utilisé pour l'observation et la description morphologique des bactéries isolées. Par ailleurs, l'ARN ribosomique 16 S dont les caractéristiques sont consignées dans le tableau II, a été utilisé pour une identification moléculaire des bactéries présentes dans les échantillons de selles des animaux.

2.2.2.3. Matériel d'isolement et d'identification des parasites intestinaux

La recherche des parasites intestinaux présents dans les fèces des animaux a nécessité une solution de NaCl 33 %, un tamis de mailles 45 µm, des lames porte-objet, des lamelles couvre objet et un microscope à écran pour observation cytologique. Le manuel « Planches pour le diagnostic des parasites intestinaux » (OMS, 1994) a été utilisé pour l'identification des parasites.

2.3. Méthodes

2.3.1. Sensibilisation des autorités administratives et acteurs de la filière viande de brousse

Une sensibilisation a été menée dans chacune des localités visitées. Elle avait pour but d'informer les autorités locales (Préfet, Sous-Préfet et Directeur des Eaux et Forêts) et les acteurs de la filière viande de brousse tels que les chasseurs, les intermédiaires, les vendeurs et restaurateurs, de la tenue d'une étude sur les mammifères sauvages dans la filière viande de brousse dans leur localité (Annexes 1 et 2). Les différents acteurs impliqués dans le commerce de la viande de brousse ont été identifiés par un intermédiaire (parents, amis ou connaissances).

2.3.2. Stratégies d'identification des acteurs de la filière et d'échantillonnage des spécimens rencontrés dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire

2.3.2.1. Stratégies d'identification des acteurs de la filière viande de brousse

La technique de la boule de neige qui a pour but de constituer un échantillon non probabiliste a été adoptée (Goodman, 1961 ; Cohen & Arieli, 2011). Cette technique est utilisée pour étudier des phénomènes complexes dont la population de base est difficilement identifiable. Pour se faire, on interroge un premier sous-groupe de la population, qui identifie d'autres membres du groupe, lesquels, interrogés à leur tour, désignent d'autres personnes appartenant à la population et ainsi de suite. Dans cette étude la technique de la boule de neige a été utilisée pour développer une confiance mutuelle entre les enquêteurs et les commerçants. Ces derniers étant très méfiants de voir leur provision de viande de brousse détruite à cause des mesures arrêtées suite à la récente crise d'Ebola qu'a connu l'Afrique de Ouest. Les entretiens avec les commerçants ont été menés en français ou dans les langues locales, notamment le Baoulé, afin d'obtenir des informations sur la filière viande de brousse (l'identification des acteurs de cette filière, les outils de chasse, des connaissances locales sur les espèces et les espèces préférées sur le plan gustatif, etc..) avec des fiches d'enquêtes préétablies (Annexe 3).

2.3.2.2. Stratégie d'échantillonnage de la faune sauvage braconnée

Chaque site identifié a été visité deux fois par jour, de 6h30 à 10h00 et de 16h00 à 18h30 pendant deux semaines afin de déterminer la disponibilité de viande de brousse sur la base de témoignages des acteurs de la filière viande de brousse, au cours d'une phase de sensibilisation. Ces deux heures de visite correspondent aux heures de livraison habituelles des chasseurs ou des fournisseurs. En plus de ces visites régulières, des visites inopinées sont parfois effectuées pour augmenter les efforts d'échantillonnage. Lorsqu'un spécimen est observé, l'identification morphologique de l'espèce est faite sur la base du guide de terrain de Jonathan Kingdon (2007). Dans certains cas, nous nous sommes appuyés sur les connaissances locales pour l'identification. Un questionnaire portant d'une part sur le sexe, l'âge et l'état physiologique et d'autre part, sur le mode de conservation et les précautions prises lors de la manipulation de l'animal a été renseigné (Annexe 4).

2.3.2.3. Collecte d'échantillons

La collecte d'échantillons de viande de brousse a été effectuée sur une période de 8 mois (de septembre 2018 à avril 2019). Elle s'est déroulée dans sept localités du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire (Bonon, Daloa, Gonaté, Issia, Sinfra, Vavoua et Zoukougbeu) et dans 47 points de collecte. L'échantillonnage a consisté à collecter des organes, des tissus et du sang d'animaux frais ou boucanés. Ainsi, à l'aide d'une pince et d'une paire de ciseaux, quelques portions de tissus (oreille, langue, muscle), d'organes (rein, foie et rate) dans les carcasses (frais ou boucanés) ont été prélevés et mis dans des cryotubes contenant de l'éthanol à 70 % et placés dans un bac à glace. Des échantillons de sang (5 mL) et de selles (10 g) ont été prélevés chez tous les spécimens frais. Tous les échantillons prélevés puis conservés ont été acheminés au laboratoire de l'Unité de Recherche en Génétique et Epidémiologie Moléculaire (URGEM) de l'Université Jean Lorougnon Guédé, pour des analyses moléculaires, cytobactériologiques et parasitologiques.

2.3.2.4. Identification des échantillons

Un code d'identification de chaque échantillon a été mis en place (Annexe 5). Ce code comprend comme premier élément la première lettre de la localité, par exemple, la lettre B pour désigner Bonon, le deuxième élément désigne le point d'échantillonnage (P1 pour le point d'échantillonnage numéro 1), ensuite nous avons l'initial de l'animal sur lequel le prélèvement est effectué pour ce point d'échantillonnage affecté du chiffre correspondant au numéro d'ordre de l'espèce rencontré (A1= Agouti 1) et nous terminons par l'initial de type d'organe prélevé (O = oreille). Le même code a été reporté sur les tubes contenant les différents échantillons. Exemple : le code BP1R3Sg décrit un échantillon de sang (Sg) du troisième rat (R3) prélevé dans le premier point d'échantillonnage (P1) de la ville de Bonon (B).

2.3.3. Isolement des parasites intestinaux de la viande de brousse

Les échantillons de fèces ont été analysés par coproscopie après enrichissement avec le liquide de Willis (solution aqueuse de NaCl saturée à 33 % de densité 1,2), par la technique de flottaison telle que décrite par Degbe *et al.* (2018). Cette technique a pour objet de concentrer les éléments parasitaires à partir d'une petite quantité de matière fécale. Son

principe se base sur la densité de la solution de NaCl utilisée et celle des parasites. Elle repose sur l'utilisation de solution dont la densité est supérieure à celle de la plupart des œufs de parasites (Degbe *et al.*, 2018).

Dans un bécher gradué, environ dix (10) g de fèces ont été triturés soigneusement avec une petite quantité d'eau salée saturée à 33 % jusqu'à rendre le mélange homogène.

Le niveau de l'homogénat est ramené à 60 mL par ajout de la solution de NaCl utilisée. La colonne suspension a été ensuite tamisée pour éliminer les gros déchets. Une lamelle a été placée à la surface du liquide sans emprisonner de bulles d'air. Après une trentaine de minutes, la lamelle a été retirée de la surface de la solution et déposée sur une lame porte-objet pour l'observation des éléments parasitaires. Après observation au microscope optique (x10, x40), le manuel « Planches pour le diagnostic des parasites intestinaux » (OMS, 1994) a été utilisé pour l'identification des parasites.

2.3.4. Isolement des bactéries sur le milieu CHROMAgar™ Orientation

La présence de bactéries pathogène a également été recherchée dans les selles de la viande de brousse. Ainsi, dix (10) microlitres d'échantillons de selles préalablement cultivés dans un milieu d'enrichissement, ont étéensemencés à la gélose CHROMAgar™ Orientation par des stries serrées et relâchées, à l'aide d'anses à usage unique. Les milieuxensemencés ont ensuite été incubés à 37 °C, pendant 24 heures, dans une étuve. Le CHROMAgar qui est un milieu chromogène permet une différenciation colorimétrique des agents bactériens présents dans les échantillons de selles. Ainsi, il permet une identification orientée des espèces bactériennes.

2.3.5. Identification des bactéries isolées

2.3.5.1. Identification morphologique : test de Coloration de Gram

Une identification différentielle des souches isolées a été réalisée. La coloration de Gram est le test d'identification différentiel de base en bactériologie (Delarras, 2007). Elle permet de différencier les bactéries à gram négatif (colorées en violet) des bactéries à gram positif (colorées en rose) et d'étudier leur caractère morphologique, notamment la forme (cocci ou bacille). Pour ce faire, une colonie bactérienne pure est étalée sur une lame porte objet. Après séchage à la température ambiante, cette préparation est soumise à l'action de quatre réactifs

permettant des effets de contraste : un premier colorant (le violet de cristal à 0,5 %), un mordant (l'iode de Gram au 1/3 obtenu à partir de l'iode de Lugol) qui complexe le colorant, un différenciateur (différenciateur de Gram) qui est une solution décolorante et enfin, un deuxième colorant (solution de safranine à 1 %).

La lecture est effectuée par observation microscopique à l'objectif X100. Ainsi, les entérobactéries apparaissent sous la forme de bacilles colorés en rose.

2.3.5.2. Identification biochimique

Une identification basée sur les caractères biochimiques de la bactérie a été réalisée en utilisant le système de galerie classique décrit par Le Minor & Richard (1993). C'est un système constitué de plusieurs tests enzymatiques et métaboliques.

2.3.5.2.1. Recherche de cytochrome oxydase

Le test d'oxydase est un test à réaction rapide, utilisé pour la mise en évidence des entérobactéries. Son principe est basé sur l'activité d'oxydoréduction du cytochrome C de la souche bactérienne étudiée. Cette réaction est mise en évidence en utilisant soit une solution d'oxydase soit des disques « Ox » dont la zone réactionnelle est composée de papier buvard imprégné de N, N-diméthyl-1,4-phénylène diamine-dichlorure. Ainsi, une colonie bien isolée, issue d'une culture pure sur la gélose ordinaire (GO) est prélevée à l'aide d'une pipette Pasteur boutonnée. Cette colonie est ensuite déposée sur un disque oxydase placé au préalable sur une lame porte objet. La présence d'une cytochrome-oxydase est traduite par l'apparition d'une coloration violette au bout de 15 secondes. Les entérobactéries sont alors caractérisées par une absence de cytochrome C oxydase et les non entérobactéries par une présence de cytochrome C oxydase.

2.3.5.2.2. Production de la catalase

Ce test métabolique consiste à mettre en évidence la production de la catalase, une enzyme capable de décomposer l'eau oxygénée en oxygène et en eau.

Ainsi, une colonie prélevée de la gélose ordinaire à l'aide d'une pipette Pasteur boutonnée est déposée dans une goutte d'eau oxygénée placée sur une lame porte objet stérile. La présence de catalase est matérialisée par un dégagement de bulles d'air.

2.3.5.2.3. Mise en évidence de la fermentation du lactose et du glucose

Le test de fermentation du lactose et du glucose est réalisé par ensemencement de la gélose Kligler -Hajna, coulée dans des tubes inclinés de sorte à avoir une pente et un culot de 4 cm de hauteur. En effet, une colonie de la bactérie à tester est prélevée, puis étalée à la gélose par un ensemencement par piqûre centrale dans le culot et par des stries sur la pente. Après incubation à 37 °C pendant 24 heures, la fermentation du lactose et du glucose se traduit par une acidification qui fait virer au jaune le rouge de phénol (un indicateur pH) respectivement sur la pente et dans le culot.

La production de gaz et de sulfure d'hydrogène (H₂S) a également été des caractères biochimiques recherchés sur le milieu Kligler-Hajna.

La production de gaz (H₂, CO₂), résultant des fermentations sucrées est traduite par l'apparition de bulles ou par la fragmentation de la gélose. Quant à la production d'H₂S, elle se manifeste dans le culot par l'apparition d'une coloration noire de sulfure de fer qui est due à la réduction du thiosulfate en présence de citrate ferrique.

2.3.5.2.4. Production de l'uréase, de l'indole et de tryptophane désaminase

Le milieu urée-indole, un milieu liquide a été ensemencé en émulsionnant une colonie de la bactérie étudiée dans 1 ml du milieu. Cette suspension bactérienne est ensuite portée en incubation à 37 °C pendant 24 heures. La production de l'uréase est traduite par une forte alcalinisation du milieu, révélée par un virage de l'indicateur de pH (le rouge de phénol) à sa teinte basique (rouge). Cette coloration est en effet due à la présence des ions CO₃²⁻ issus de la dégradation de l'urée par l'uréase.

La production de l'indole est recherchée par la mise en évidence de l'activité enzymatique de la tryptophanase qui hydrolyse le tryptophane en indole et acide pyruvique. Ainsi, 3 gouttes du réactif de Kovac sont ajoutées à la suspension et l'interprétation est effectuée au bout de 10 secondes. La production de l'indole est caractérisée par l'apparition d'un anneau rouge.

2.3.5.2.5. Mise en évidence de la mobilité et de la fermentation du mannitol

La mobilité bactérienne et la fermentation du mannitol sont deux propriétés simultanément mises en évidence sur le milieu mannitol-mobilité. Il s'agit d'un milieu semi-solide coulé

uniquement en culot de 6 à 7 mm de hauteur dans des tubes à essai. En pratique, une colonie bien isolée de la souche bactérienne à tester est prélevée à l'aide d'une anse de platine stérile, puis inoculée à la gélose par un ensemencement par piqûre centrale jusqu'au fond du tube. Le milieu est ensuite incubé à 37 °C pendant 24 heures. La bactérie est dite mobile lorsqu'elle diffuse à partir de la ligne d'ensemencement en créant un trouble du milieu. Elle est dite immobile lorsqu'elle cultive uniquement le long de la strie d'ensemencement. Par ailleurs, la fermentation du mannitol est matérialisée par le virage du milieu du rouge au jaune.

2.3.5.2.6. Utilisation du citrate comme source de carbone

Le citrate de Simmons est un milieu coulé en tube incliné sans formation de culot, utilisé pour mettre en évidence l'utilisation du citrate comme seule source de carbone et d'énergie (Simmons, 1926). Son ensemencement est réalisé par des stries longitudinales à l'anse de platine, à partir d'une culture bactérienne sur milieu solide. Après une incubation à 37 °C pendant 24 heures, le développement de colonies sur la pente du milieu traduit sans équivoque l'aptitude de la bactérie à utiliser le citrate de Simmons comme seule source de carbone et d'énergie pour sa croissance. Ce métabolisme du citrate est traduit par une alcalinisation du milieu, matérialisée par le virage du vert au bleu de l'indicateur.

2.3.5.2.7. Production de la lysine désaminase et de la lyse décarboxylase

La production de la lysine désaminase (LDA) et la lysine décarboxylase (LDC) est mise en évidence à travers une culture bactérienne sur le milieu lysine fer. Ce milieu de culture est coulé en tube incliné de sorte à obtenir un culot de hauteur 3 cm. En observant la même technique d'ensemencement que celle du milieu Kligler-Hajna (ensemencement par piqûre centrale du culot et par strie sur la pente), la gélose estensemencée par un *inoculum* bactérien puis placée en incubation à 37 °C pendant 24 heures. Après incubation, la lecture interprétative est effectuée par observation d'un virage ou non de l'indicateur pH. Ainsi, le virage colorimétrique de la pente du violet au jaune indique la production d'une lysine désaminase (LDA) par la bactérie. Par contre, l'absence de virage du culot caractérise la production d'une lysine décarboxylase.

2.3.6. Typage moléculaire des spécimens de viande de brousse et des pathogènes

2.3.6.1. Extraction d'ADN génomique des spécimens de viande de brousse

L'ADN génomique des spécimens de viande de brousse a été extrait à partir des échantillons de sang, de tissus (oreilles, langue, muscle) ou des organes (rate, reins, foie) à l'aide du kit Qiagen, selon les recommandations du fabricant. Ainsi, 2 grammes d'échantillon de tissus ou d'organes ont été broyés dans un mortier, en présence de 200 µL de tampon de lyse des membranes des cellules nucléées (SLR). Les broyats obtenus ont été transvasés dans des tubes Eppendorf de 1,5 mL et le volume a été ramené à 500 µL par ajout du tampon SLR. Ainsi, 500 µL de broyat et 500 µL d'échantillon de sang ou d'organe, ont été nécessaires pour l'extraction de l'ADN. Cinq cent (500) µL d'eau pure ont été ajoutés au 500 µL de broyats d'organe (ou 500 µL de sang). Ces mélanges ont été homogénéisés à l'aide d'un vortex, puis centrifugés à 6 000 tours par minute (rpm) pendant 3 minutes. Après centrifugation, les tubes ont été vidés de leurs surnageants, le culot récupéré est suspendu puis centrifugé à nouveau à 6 000 rpm pendant 10 secondes. Vingt (20) µL de protéinase K (20 mg/mL) et 150 µL de tampon PBS (1X) ont été ajoutés. La solution obtenue a été homogénéisée et centrifugée à nouveau à 6 000 rpm pendant 10 secondes. Deux cent (200) µL de tampon de lyse (AL) a été ajouté et homogénéisé. Le tout est incubé au bain marie à 56 °C pendant 20 minutes. Après incubation le mélange est centrifugé à nouveau à 6 000 rpm pendant 10 secondes. Un volume de 200 µL d'éthanol absolu (100 %) a été ajouté au mélange, homogénéisé puis centrifugé à 6 000 rpm pendant 10 secondes.

A l'aide de pipette, le contenu des tubes est transféré dans des colonnes posées sur des tubes collecteurs et centrifugé à 13 000 rpm pendant 1 minute. Les colonnes ont été récupérées sur de nouveaux tubes collecteurs et 500 µL de tampon de lavage (AW1) y ont été ajoutés. Après centrifugation à 13 000 rpm pendant 1 minute, les colonnes ont été récupérées sur de nouveaux tubes collecteurs. Cinq cent (500) µL de tampon de lavage (AW2) y ont été ajoutés puis le tout centrifugé à 14 000 rpm pendant 3 minutes. Les tubes collecteurs, vidés de leur contenu ont été replacés sous les colonnes et centrifugés à 14 000 rpm pendant une 1 minute. Les colonnes ont été récupérées sur des tubes Eppendorf de 1,5 ml dans lesquels l'ADN a été élué. Cent (100) µL de tampon d'éluion (AE) ont été ajoutés et incubés à température ambiante pendant 5 minutes puis centrifugés à 14 000 rpm pendant 1 minute. Cette étape a

été reprise une seconde fois afin de recueillir 200 µL d'éluât à la fin de la phase d'extraction. Cet extrait d'ADN ainsi obtenu est conservé à -20 °C pour la suite des analyses moléculaires (Annexe 6).

2.3.6.2. Extraction de l'ADN bactérien à partir des selles d'animaux

L'extraction de l'ADN génomique des bactéries présentes dans les selles a été réalisée selon le protocole utilisant le phénol-chloroforme décrit par Chan & Goodwin (1995). Les quantités des réactifs ont été légèrement modifiées et adaptées aux conditions de ce travail. Ainsi, des cultures bactériennes ont été réalisées dans du bouillon de Luria-Bertani (LB) afin d'éviter la production de polysaccharides par la bactérie qui empêcherait les tampons de lyse d'agir conséquemment sur la membrane. Un litre du milieu a été préparé dans une composition de : 10 g de peptone, 5 g d'extrait de levure et 10 g de NaCl. Ensuite, des aliquots de 1 mL de LB ont été réalisés dans des cryotubes. Ils ont étéensemencés avec une colonie bien isolée sur le milieu gélosé CHROMAgar puis incubés pendant 24 heures à 37 °C.

Après incubation, 350 µL du tampon TE (pH8.0, Tris 50 mM, EDTA 50 mM), 100 µL d'une solution de NaCl (5 M) et 50 µL du détergeant SDS (10 %) ont été ajoutés à la culture bactérienne, puis homogénéisés vigoureusement à l'aide d'un vortex pendant 10 minutes pour chacun des tubes. Après ajout de 10 µL de protéinase K (20 mg/mL) et homogénéisation, les échantillons ont été portés en incubation au bain marie à 37 °C pendant 2 heures.

Les lysats obtenus ont été traités dans un mélange de 500 µL de phénol/chloroforme/alcool isoamylique dans un rapport de 25 : 24 : 1, puis centrifugés à 12 000 g pendant 10 minutes. Un volume de 500 µL du surnageant (phase aqueuse) prélevés ont été traités dans un mélange de 500 µL chloroforme/alcool isoamylique dans un rapport de 24 : 1, puis centrifugés à 12 000 g pendant 10 minutes. A 400 µL du surnageant récupérés dans un tube Eppendorf de 1,5 µL, 300 µL d'une solution d'acétate de sodium (3M) et 500 µL d'isopropanol préalablement placé à -20 °C ont été ajoutés afin de précipiter l'ADN. Ce mélange a été homogénéisé par inversion manuelle et incubé à -20 °C pendant toute une nuit. Après centrifugation à 12 000 g pendant 10 minutes, le culot est suspendu dans 500 µL d'éthanol à 70 % pour un lavage en vue d'éliminer les résidus protéiques. Puis il est centrifugé pendant 15 minutes à 12 000 g. Après cette centrifugation, le surnageant est éliminé, le culot obtenu est soumis à un séchage à la température ambiante, puis re-suspendu dans 100 µL de solution de TE (pH 7.4, Tris 10

mM, EDTA 1 mM). L'extrait d'ADN génomique ainsi obtenu est conservé à -20 °C à des fins d'analyse moléculaire.

2.3.6.3. Evaluation de la qualité et de la quantité de l'ADN extrait

La qualité de l'ADN extrait a été vérifiée par la réalisation d'une électrophorèse sur un gel d'agarose à 1 % sous une tension électrique de 100 volts. A cet effet, 5 µL d'extrait d'ADN ajouté à 3 µL de tampon de charge Promega ont été mélangés puis soumis à la migration électrophorétique. Après 30 minutes de migration, le gel de migration a été placé sous un transilluminateur à rayon ultra-violet (UV) pour la révélation des fragments d'ADN génomique. La concentration de l'ADN génomique a également été déterminée en utilisant le protocole du Qubit dont le principe est basé sur la détermination des densités l'absorbance à 260 et 280 nm de longueur d'onde par étalonnage.

2.3.6.4. Réaction d'amplification par polymérisation en Chaîne (PCR) des gènes recherchés

2.3.6.4.1. Principe de la PCR

La réaction d'amplification par polymérisation en chaîne (PCR) est basée sur l'amplification d'une séquence connue d'ADN utilisant l'activité répétitive d'une ADN polymérase. Cette technique repose sur la capacité qu'a l'ADN polymérase à synthétiser le brin complémentaire de l'ADN qui lui sert de matrice. C'est une technique d'amplification exponentielle d'un fragment d'ADN ou d'ARN dont les différentes étapes sont la dénaturation de l'ADN double brin, l'hybridation des amorces à la séquence cible et l'élongation qui est réalisée par une polymérase (Mullis *et al.*, 1986).

2.3.6.4.2. Préparation du milieu réactionnel

Le mélange réactionnel pour chaque PCR simplex a été préparé à un volume final de 50 µL contenant : 1µl de chaque amorce listée précédemment, concentrée à 10 pmol/µL (Eurogentec), 5µL de tampon PCR à Mg²⁺ (10X), 1,5 µL de MgCl₂ (25 mM), 2,5 µL de dNTPs (200 µM), 0,1 µL de *Taq* polymérase (5U/ µL), et 35,9 µL d'eau ultra pure. Trois (3) µL d'extrait d'ADN génomique à amplifier a été ajouté à ce mélange pour être portés au thermocycleur.

2.3.6.4.3. Conditions d'amplification des gènes

Les conditions d'amplification sont fonction du gène et de la température d'hybridation des amorces. Après la dénaturation initiale, on a une série de 35 cycles pour chaque PCR simplex. Les différentes étapes de la PCR et leurs conditions d'amplification sont consignées dans le Tableau III.

Tableau III : Conditions d'amplification des gènes COI, Cyt b, 12 S, 16 S et ARNr 16 S

Étape de l'amplification	COI, Cyt b et ARN 16S	12S et 16 S	Nombre de cycles
Dénaturation initiale	94°C / 2 min	94°C / 2 min	
Dénaturation	94°C / 30 sec	94°C / 30 sec	} X 35
Hybridation	46°C / 40 sec	48°C / 40 sec	
Elongation	72°C / 1 min 30 sec	72°C / 1 min 30 sec	
Elongation finale	72°C / 10 min	72°C / 10 min	
Conservation	4°C / infini	4°C / infini	

2.3.6.4.4. Préparation du gel d'agarose

Un gel d'agarose de 2 % a été préparé pour la migration des produits d'amplification. Ainsi, dans un erlenmeyer, 2 g de poudre d'agarose ont été homogénéisés avec 100 mL de tampon de migration TBE 0,5 X (pH 8.3, Tris 890 mM, Acide borique 890 mM, EDTA 20 mM). Le mélange a été porté à ébullition à 100 °C sur une plaque chauffante jusqu'à obtention d'un mélange transparent. Après refroidissement, 3 µL de bromure d'éthidium (BET) de concentration 5 mg/mL ont été additionnés et homogénéisés. La solution obtenue a été coulée dans un moule muni de peignes. Le gel a été utilisé après sa solidification pour la migration des fragments d'ADN amplifiés dans une cuve à électrophorèse contenant la solution de TBE concentrée 0,5X.

2.3.6.4.5. Electrophorèse des gènes amplifiés

La révélation des produits d'amplification ou amplicon a été réalisée par électrophorèse sur gel d'agarose 2 %. Cette technique permet de séparer des molécules en fonction de leur taille. La technique de l'électrophorèse sur gel d'agarose est basée sur la séparation des acides nucléiques chargés négativement, sous l'effet d'un champ électrique. Cette séparation s'effectue à travers la matrice du gel d'agarose : les molécules de petites tailles se déplacent plus rapidement et migreront, sur une période de temps donné, plus loin que les molécules de tailles supérieures.

Pour se faire, 3 µL de chaque produit PCR ont été additionnés à 5 µL de tampon de charge 1X (Promega, USA) puis homogénéisés. Ces mélanges ainsi constitués sur du film de paraffine sont déposés dans chaque puits du gel à l'aide d'une micropipette ajustable. Parallèlement aux échantillons à tester, un marqueur de poids moléculaire de 100 paires de bases de gradient a été déposé dans un puits de chaque gel (à raison de 2,5 µL). La migration est réalisée sous une tension électrique de 100 volts pendant 30 minutes dans le tampon TBE (0,5 X). Après migration, le gel a été placé dans un transilluminateur pour la visualisation des bandes correspondant aux fragments de gènes recherchés, sous la lumière à rayons ultra-violet.

Les tailles des bandes obtenues ont été déterminées par lecture à l'aide du marqueur de poids moléculaire de 100 paires de bases. Ainsi, les échantillons pour lesquels la taille de la bande correspond à la taille attendue, sont qualifiés de positifs pour le gène étudié. Ceux pour lesquels la taille de la bande est différente sont qualifiés de négatif. Les résultats de la PCR

sont validés à l'aide d'un témoin négatif, c'est-à-dire un tube sans ADN. Le principe est basé sur le fait qu'aucun produit d'amplification ne devrait apparaître pour le témoin négatif.

2.3.6.4.6. Séquençage des gènes amplifiés

Les gènes COI, Cyt b ainsi que le gène ARNr 16 S, avec un taux de succès d'amplification élevé ont été séquencés et considérés pour l'identification moléculaire des espèces bactériennes présentes dans le microbiote intestinal des animaux sauvages notamment, principalement l'agouti et pour la caractérisation phylogénétique des espèces de viande de brousse rencontrées. Ainsi, les échantillons présentant un bon profil électrophorétique pour ces deux gènes ont été sélectionnés puis transférés à la société BGI TECH SOLUTIONS (HONG-KONG) pour séquençage. Le séquençage a été effectué dans l'automate ABI PRISM 3730 (Applied Biosystems) selon la méthode décrite par Sanger *et al.* (1977). Cette technique repose sur l'incorporation aléatoire par une ADN polymérase des didésoxynucléotides (ddNTP), interrupteurs de chaîne. A la différence des désoxyribonucléotides triphosphates (dNTP), les ddNTP sont caractérisés par la présence d'un groupement hydroxyle (-OH) à l'extrémité 3' du ribose. Cette configuration des ddNTP empêche la formation de la liaison phosphodiester entre le ddNTP incorporé dans la chaîne et le nucléotide en cours de synthèse. L'addition d'un ddNTP occasionne un arrêt de l'allongement de la chaîne par l'ADN polymérase. En plus des quatre dNTP (dCTP, dATP, dGTP, dTTP), des ddNTP (ddATP, ddGTP, ddCTP et ddTTP) sont présents dans le milieu réactionnel. La réaction de séquençage terminée, la taille des fragments obtenus est déterminée par électrophorèse capillaire. Dans cette méthode automatisée, chaque ddNTP est marqué par un fluorochrome différent dont le spectre d'émission est spécifique. Une analyse spectrale permet de différencier les fluorochromes, d'associer la base correspondante et donc de définir la séquence nucléotidique du brin d'ADN séquencé.

2.3.7. Analyse des données

2.3.7.1. Identification des espèces de la faune sauvage braconnée

2.3.7.1.1. Identification morphologique des espèces

L'identification morphologique des espèces observées a été effectuée en se référant aux traits morphologiques décrits dans le manuel de Jonathan Kindon et de l'évidence de leurs habitats

écologiques et sur la base de nos connaissances et celles des acteurs de la filière viande de brousse.

2.3.7.1.2. Identification moléculaire des espèces braconnées

2.3.7.1.2.1. Détermination des taux de succès d'amplification PCR

Le succès d'amplification est défini avec les amplicons présentant le fragment d'ADN caractéristique du gène recherché. Le taux de réussite pour un gène ou un marqueur donné est le pourcentage d'échantillons positifs pour ce marqueur. Il est obtenu par la formule suivante :

$$T_i (\%) = \frac{a_i}{A_i} \times 100 \quad (1)$$

Où

$T_i (\%)$: taux de succès au marqueur i ;

a_i : nombre d'amplicons positifs pour le marqueur i ;

A_i : nombre total échantillons testés pour le marqueur i .

2.3.7.1.2.2. Comparaison des taux de succès d'amplification

Le test d'indépendance du Khi-carré de Pearson a été utilisé pour comparer les taux de succès d'amplification des marqueurs, afin d'établir une relation entre le succès d'amplification PCR et la nature des marqueurs utilisés. Ce test permet de déterminer l'existence ou non d'une relation entre deux caractères qualitatifs au sein d'une population, en comparant les différentes proportions des modalités des caractères. L'hypothèse nulle formulée pour ce test est l'absence de relation entre les deux caractères étudiés. Le test d'indépendance du Khi-carré de Pearson est applicable lorsque les effectifs théoriques sont supérieurs ou égaux à 5.

Le test du Khi-2 est réalisé à partir d'un tableau de contingence en utilisant le logiciel R version 3.6.2.

2.3.7.1.2.3. Nettoyage des séquences d'ADN obtenues

Les données du séquençage sont des séquences génomiques constituées d'un enchaînement de nucléotides. Elles sont représentées par une chaîne de caractères utilisant quatre lettres de l'alphabet (A, C, G et T), représentant les initiales des bases azotées Adénine, Cytosine, Guanine et Thymine respectivement. Ces séquences fournies en fichiers de format ABI ont été nettoyées à l'aide du logiciel Chromas Lite® 2.01 pour les rendre analysables.

Les séquences forward et reverse des gènes ont été assemblées puis corrigées à l'aide du logiciel DNA Baser Assembler 5.15.0 en version d'essai et du logiciel Chromas Lite® 2.01 disponible en accès libre.

2.3.7.1.2.4. Assignment des séquences d'ADN

Pour rappel, les séquences des gènes Cyt b et COI ont été utilisées pour l'identification moléculaire des espèces de mammifères.

Ainsi, les séquences des fragments des gènes cibles (Cyt b, COI) ont été alignées sur des séquences de référence en les soumettant à la base de données génomiques Genbank du National Center for Biotechnology Information (NCBI) à travers son outil BLAST (Basic Local Alignment Search Tool ; <http://www.ncbi.nih.gov>) (Altschul *et al.*, 1990). Cet alignement a pour but de rechercher les zones de forte similarité entre les séquences de cette étude dite « séquence requête » et les séquences existantes dans la base de données publiques (Genbank) pour les gènes étudiés dites « séquences de référence ». Le principe de fonctionnement de BLAST, peut se décomposer en trois étapes (Dardel et Képès, 2002) :

i-la décomposition de la séquence-test en segments de longueur k (k-uplets) chevauchants et la recherche pour chacun d'eux de tous les k-uplets possibles ayant un score d'homologie supérieur à un seuil donné. BLAST constitue ainsi un dictionnaire de tous les k-uplets donnant une homologie locale minimum ;

ii-le balayage de la banque avec le dictionnaire ainsi constitué. Chaque fois que BLAST identifie une coïncidence dans la banque, il tente d'étendre l'homologie en amont et en aval du k-uplet initialement trouvé ;

iii-après extension de l'homologie, il évalue à partir du score obtenu la probabilité que celle-ci soit due au hasard ou plus exactement, son espérance mathématique.

Le programme d'alignement utilisé à cet effet est le programme BLASTn qui permet d'aligner une séquence nucléotidique requête à une séquence nucléotidique de référence.

Pour chaque alignement, un pourcentage d'identité et une valeur de l'espérance correspondant (E-value) sont générées. L'assignation retenue est celle de la séquence codante avec le plus grand pourcentage d'identité correspondant à la plus petite valeur de l'espérance.

2.3.7.1.2.5. Détermination des relations phylogénétiques entre les espèces identifiées

Une classification sous forme d'un dendrogramme a été effectuée, afin d'établir les liens génétiques entre les isolats chez les espèces étudiées. Cette classification est réalisée selon le modèle de Neighbor-Joining sur les séquences du gène mitochondrial Cyt b d'une part et d'autre part, sur les séquences du gène COI. Cette méthode fait l'hypothèse d'une évolution indépendante des différents profils génétiques à une vitesse constante, avec 1 000 répétitions. Le bootstrap des consensus déduit après 1000 répétitions, a été choisi pour représenter l'histoire évolutive des taxa analysés (Felsenstein, 1985). Les spécimens présentant une similarité supérieure ou égale à 99 % sont supposés appartenir à un même taxon. Le pourcentage d'arbres répliqués dans lesquels les taxa associés se sont regroupés dans le test bootstrap (1000 répliqués) est indiqué à côté des branches (Felsenstein, 1985). Les distances d'évolution ont été calculées à l'aide de la méthode Tamura-Nei et sont dans les unités du nombre de substitutions de base par site. Cette analyse a porté sur un échantillon de 39 séquences de nucléotides pour le gène Cyt b et sur 32 échantillons de séquences nucléotidiques pour le gène COI. Les positions premières, deuxième, troisième des codons, ainsi que celles du non codant, ont été incluses. Toutes les positions ambiguës ont été supprimées pour chaque paire de séquences (option de suppression par paire). Il y avait un total de 442 positions dans l'ensemble de données finales. Ces analyses évolutives ont été effectuées en utilisant MEGA X (Kumari *et al.*, 2018).

2.3.7.2. Quantification de la perte de la biodiversité

2.3.7.2.1. Evaluation de la diversité spécifique faunistique mammalienne

2.3.7.2.1.1. Estimation de la richesse spécifique attendue

La richesse spécifique attendue a été estimée à l'aide des méthodes de jackknife d'ordre 1 et jackknife d'ordre 2 (Burnham & Overton, 1979). Elle estime le nombre minimum d'espèces en tenant compte du nombre (n) d'individus échantillonnés. L'estimateur suppose que n est grand et que la probabilité d'observation de chaque espèce est petite. L'estimation de ces paramètres permet d'évaluer l'effort d'échantillonnage de cette étude. Ces estimateurs non paramétriques ont été calculés à l'aide du logiciel R à travers le package Vegan en utilisant la fonction *spectpool* (Oksanen, 2011).

2.3.7.2.1.2. Richesse spécifique de la faune sauvage braconnée

La richesse spécifique (S) définit le nombre d'espèces inventoriées dans une localité. Ce paramètre permet de quantifier le nombre d'espèces recensées par les inventaires faunistiques de la viande de brousse chassée et/ou commercialisée dans les différents restaurants et dans les différentes localités inspectées. Elle est utilisée comme première approche pour caractériser la faune cynégétique mammalienne présente sur les marchés de viande de brousse et dans les restaurants. La richesse spécifique ne pouvant juger ni de l'abondance, ni de la fréquence des espèces inventoriées et ne pouvant rendre compte de la diversité mammalienne chassée et commercialisée sur les marchés locaux, l'estimation de la diversité des espèces a été complétée par l'utilisation d'indices de diversité permettant de traduire la richesse.

2.3.7.2.1.3. Abondance absolue et abondance relative

L'abondance absolue d'une espèce est le nombre d'individus (N) d'une espèce ou d'un groupement taxonomique dans un biotope ou un prélèvement donné. Quant à l'abondance relative, elle définit le pourcentage du nombre d'individus d'une espèce *i* ou d'un groupe taxonomique dans un biotope ou dans un prélèvement donné. Son expression mathématique est :

$$AR (\%) = \frac{n_i}{N} \times 100 \quad (2)$$

Où

AR (%) = Abondance relative ;

n_i = nombre d'individus d'une espèce *i* dans l'échantillon;

N = nombre total d'individus de toutes les espèces dans l'échantillon.

2.3.7.2.1.4. Détermination des indices de diversité spécifique

2.3.7.2.1.4.1. Indice de diversité de Shannon-Weaver (H')

L'indice de Shannon et Weaver (1963) est le plus couramment utilisé et est recommandé par différents auteurs (Gray *et al.*, 1992). Cet indice permet de quantifier la biodiversité en prenant en compte le nombre d'espèces et l'abondance des individus au sein de chacune des espèces.

Il peut prendre en compte tous les individus échantillonnés aléatoirement dans une population indéfiniment large (Piélou, 1975). Dans cette étude, l'indice de Shannon renseigne sur la diversité des espèces braconnées. Ainsi, une localité dominée par une seule espèce chassée aura un coefficient moindre qu'une localité dont toutes les espèces sont codominantes. La valeur de l'indice varie de 0 (une seule espèce, ou bien une espèce dominante très largement toutes les autres) à $\log S$ (lorsque toutes les espèces ont la même abondance). Son utilisation dans cette étude relève de sa simplicité et de son usage très courant en Côte d'Ivoire. Il est calculé par l'expression suivante :

$$H' = - \sum_{i=0}^S [(ni / N) \log_2 (ni / N)] \quad (3)$$

Où,

n_i = nombre d'individus d'une espèce i dans l'échantillon;

N = nombre total d'individus de toutes les espèces dans l'échantillon.

Plus la valeur de l'indice H' est élevée, plus la diversité est grande. Les structures d'abondance relative des espèces déterminent l'équitabilité ou la composante de dominance de la diversité.

2.3.7.2.1.4.2. Indice d'équitabilité

L'indice d'équitabilité (E) (Pielou, 1996), aussi nommé indice de régularité, permet de comparer deux peuplements ayant des richesses spécifiques différentes (Dajoz, 1985). Il rend également compte de la distribution des espèces dans un échantillon.

C'est un paramètre très important pour cette étude dans la mesure où il permet de détecter l'effet de la pression anthropique sur la biodiversité. L'équitabilité est le rapport entre la diversité effective d'une communauté estimée par l'indice de Shannon (H') et sa diversité maximale ($\text{Log}_2 S$). Elle est obtenue par la formule mathématique suivante :

$$E = H' / \text{Log}_2 S \quad (4)$$

Avec : H' = indice de Shannon et S = richesse spécifique.

2.3.7.2.1.4.3. Indice de Simpson et indice de diversité de Simpson

L'indice Simpson a été proposé par Simpson en 1965. Il mesure la probabilité que deux individus choisis au hasard appartiennent à la même espèce. Sa formulation est donnée selon que l'échantillon est infini ou fini :

Pour un échantillon infini, l'indice est donné par

$$\lambda = - \sum_{i=1}^S p_i^2 \quad (5)$$

Pour un échantillon fini, l'indice est donné par

$$L = - \sum_{i=1}^s n_i (n_i - 1) / N(N - 1) \quad (6)$$

Où :

p_i = proportion des individus dans l'espèce i

n_i = nombre d'individus dans l'espèce i

N = nombre total d'individus.

L'indice est inversement proportionnel à la diversité. De ce fait, une autre formulation a été proposée afin d'établir un indice directement représentatif de l'hétérogénéité en retranchant l'indice de Simpson à sa valeur maximale = 1 (Piélu, 1969 ; Pearson et Rosenberg, 1978). Cette nouvelle formulation constitue l'indice de diversité de Simpson :

$$D = 1 - \sum_{i=1}^s n_i (n_i - 1) / N(N - 1) \quad (7)$$

Cet indice varie donc de 0 (diversité minimum) à 1 (diversité maximum).

2.3.7.2.2. Détermination de l'impact du braconnage sur la structure démographique de la faune braconnée

La pression du braconnage sur les espèces sauvages a été évaluée en tenant compte du sexe des spécimens abattus, la catégorie d'âge et l'état physiologique des femelles. Cette évaluation est réalisée en appliquant un modèle linéaire de régression.

2.3.7.2.2.1. Modèle de régression généralisé

Une régression linéaire généralisée, définie selon un modèle à effets mixtes a été effectuée. Dans ce modèle la variable à expliquer est le nombre de gibiers abattus et les variables explicatives sont le sexe de l'animal, la catégorie d'âge et l'outil de capture ou d'abattage

utilisés. Cette analyse cherche à expliquer la variation du nombre d'animaux abattus par ces facteurs. Elle a été réalisée en utilisant le paquet lme4 du logiciel R.

2.3.7.2.2.2. Test t de Student des échantillons indépendants

Le test t de Student des échantillons indépendants est une analyse de variance. Il s'agit d'un test paramétrique, réalisé dans les conditions d'une distribution normale des résidus d'un caractère quantitatif et d'une égalité de variance.

Il permet de mettre en exergue l'effet ou non d'un facteur sur un caractère quantitatif en comparant les moyennes de deux échantillons indépendants, sous l'hypothèse nulle d'égalité de moyennes. Le test t de Student a été appliqué dans cette analyse pour les facteurs catégories d'âge et sexe des animaux. Ce test a été réalisé en utilisant le logiciel R version 3.6.2.

2.3.7.2.2.3. Test d'égalité des proportions

Les proportions d'animaux abattus en fonction des méthodes de chasse employées ont été comparées. Ce test permet de révéler la ou les méthode (s) les plus utilisées. Il fait l'hypothèse d'une égalité des proportions d'animaux abattus par les différentes méthodes de chasse.

Ce test a été réalisé en utilisant le logiciel R version 3.6.2.

2.3.7.2.2.4. Test binomial

Le test binomial a également été réalisé pour comparer la proportion d'animaux femelles gestantes par rapport à celle non gestantes. Ce test permet de d'évaluer la pression du braconnage sur l'état gestationnel des animaux.

2.3.7.2.2.5. Analyse du statut de conservation

2.3.7.2.2.5.1. Au niveau international

Les informations sur les statuts de conservation au niveau international ont été obtenues en utilisant la liste rouge des espèces menacées de l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature (UICN) de 2020 (<http://www.iucnredlist.org>). Cette liste comporte les différentes catégories de classification suivantes :

- Eteint (EX), un taxon est dit *éteint* lorsqu'il ne fait aucun doute que le dernier individu est mort. Les études doivent être faites sur une durée adaptée au cycle et aux formes biologiques du taxon.
- Eteint à l'état sauvage (EW), un taxon est dit *éteint* à l'état sauvage lorsqu'il ne survit qu'en culture, en captivité ou dans le cadre d'une population (ou de populations) naturalisée(s), nettement en dehors de son ancienne aire de répartition. Les études doivent être faites sur une durée adaptée au cycle et aux formes biologiques du taxon.
- Eteinte au niveau régional (RE), un taxon est dit *éteint* au niveau régional lorsqu'il ne fait aucun doute que le dernier individu dans cette région est mort.
- En danger critique (CR), un taxon est dit *en danger critique* lorsque les données disponibles indiquent qu'il est confronté à un risque extrêmement élevé d'extinction à l'état sauvage.
- En danger (EN), un taxon est dit *en danger* lorsque les données disponibles indiquent qu'il est confronté à un risque très élevé d'extinction à l'état sauvage.
- Vulnérable (VU), un taxon est dit *vulnérable* lorsque les données disponibles indiquent qu'il est confronté à un risque élevé d'extinction à l'état sauvage.
- Quasi menacé (NT), un taxon est dit *Quasi menacé* lorsqu'il a été évalué d'après les critères et ne remplit pas, pour l'instant, les critères des catégories *en danger critique*, *en danger* ou *vulnérable* mais qu'il est près de remplir les critères correspondant aux catégories de groupe Menacé.
- Préoccupation mineure (LC), un taxon est dit de *préoccupation mineure* lorsqu'il a été évalué d'après les critères et ne remplit pas les critères des catégories *en danger critique*, *en danger*, *vulnérable* ou *quasi menacé*.
- Données insuffisantes (DD), un taxon entre dans la catégorie *donnée insuffisante* lorsqu'on ne dispose pas d'assez de données pour évaluer directement ou indirectement le risque d'extinction en fonction de sa distribution et/ou de l'état de sa population.
- Non évalué (NE), un taxon est dit *non évalué* lorsqu'il n'a pas encore été confronté aux critères.
- Non applicable (NA) pour les espèces non indigènes.

2.3.7.2.2.5.2. Au niveau national

Nous avons déterminé le statut de conservation au niveau national des espèces rencontrées dans la zone d'étude en nous basant sur les différentes annexes de la CITES (Conservation on International Trade in Endangered Species). Les annexes adoptées par la Côte d'Ivoire sont l'Annexe I, l'Annexe II et l'Annexe III (MINEF, 1999).

Sur l'Annexe I sont listées les espèces intégralement protégées. Celles-ci regroupent les animaux sauvages dont la capture et la chasse (y compris celles de leurs jeunes ou de leurs œufs) sont interdites sauf aux porteurs de permis scientifiques dans les limites et avec les moyens.

L'Annexe II, quant à elle représente les espèces partiellement protégées. Cette Annexe regroupe les animaux dont la chasse et la capture sont autorisées aux titulaires de permis de chasse sportive ou permis de capture dans les limites indiquées aux permis.

Au niveau de l'Annexe III, les espèces animales concernées sont les espèces sauvages dont la chasse est autorisée pour les usagers coutumiers, pour les titulaires de permis de petite chasse et de permis spéciaux sportifs dans les limites des latitudes générales de chasse autorisée par la loi.

2.3.7.2.2.5.3. Au niveau local

Les enquêtes nous ont permis de dresser le statut de conservation locale de la faune cynégétique mammalienne en se basant sur l'estimation des abondances donnée par les acteurs de la filière viande de brousse au cours des enquêtes.

2.3.7.3. Analyse du risque sanitaire

Le risque sanitaire lié à la viande de brousse est mis en évidence par la détection et l'identification des espèces de parasites et de bactéries potentiellement pathogènes, présentes dans les selles des animaux collectés, notamment celles des spécimens de *Thryonomis swinderianus* et la détermination de leur occurrence.

2.3.7.3.1. Identification moléculaire des espèces bactériennes présentes dans les selles d'Animaux sauvages

Le marqueur moléculaire du gène de l'ARNr 16S a été utilisé pour l'identification moléculaire des espèces pathogènes du microbiote intestinal de l'espèce *Thryonomis*

swinderianus. En effet, les produits d'amplification PCR (amplicons) envoyés à la société BGI TECH SOLUTIONS à HONG-KONG ont été séquencés selon la méthode de Sanger et l'analyse des séquences a été réalisée suivant le même principe que celui utilisé pour l'analyse des séquences des gènes COI et Cyt b des espèces de faune sauvage braconnée.

2.3.7.3.2. Détermination de l'occurrence (F) des agents microbiens et parasitaires

L'occurrence d'un micro-organisme est la présence ou l'absence dans un échantillon de selle analysé. Le pourcentage d'occurrence a été calculé afin de mettre en évidence le micro-organisme le plus représenté dans le microbiote intestinal de l'animal considéré. Il convient donc d'énumérer le nombre d'échantillon examinées (n_i) contenant un micro-organisme i détecté. Ce nombre est exprimé en pourcentage du nombre d'échantillons analysés (N_t) selon l'expression suivante :

$$F = \frac{n_i}{N_t} \times 100 \quad (8)$$

2.3.7.3.3. Détermination des relations phylogénétiques entre espèces bactériennes

L'histoire de l'évolution des pathogènes a été déduite en utilisant la méthode UPGMA sur les séquences du gène ARN ribosomique 16 S. Cette méthode fait l'hypothèse d'une évolution indépendante des différents profils génétiques à une vitesse constante, avec 1000 répétitions. L'arbre optimal avec la somme des longueurs de branches = 2,77503562 est montré. Le pourcentage d'arbres répliqués dans lesquels les souches bactériennes associées se sont regroupées dans le bootstrap (1000 répliques) est indiqué à côté des branches.

Les distances évolutives ont été calculées à l'aide de la méthode Jukes-Cantor et sont dans les unités du nombre de substitutions de base par site. Cette analyse a porté sur 13 séquences d'ADN. Les positions de codons incluses étaient les 1^{ère}, 2^{ème} et 3^{ème}. Toutes les positions ambiguës ont été supprimées pour chaque paire de séquences. Il y avait un total de 269 positions dans l'ensemble de données finales. Ces analyses évolutives ont été effectuées dans le logiciel MEGA X.

Les significativités sont observées pour l'ensemble des tests statistiques réalisés lorsque la valeur de la probabilité (p) associée aux tests statistiques est strictement inférieure à 0,05.

III : RESULTATS ET DISCUSSION

3.1. Résultats

3.1.1. Composition taxonomique de la faune cynégétique mammalienne vendue sur les marchés dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire

3.1.1.1. Espèces identifiées à partir des caractères morphologiques

Un total de 352 spécimens de mammifères sauvages a été inventorié auprès des commerçants de viande de brousse et sur les marchés des sept localités visitées au cours de cette étude. A partir de ces 352 spécimens, 18 espèces de mammifères ont été identifiées sur la base des traits morphologiques spécifiques.

Ainsi, l'aulacode ou l'agouti, du nom scientifique *Thryonomys swinderianus*, est un rongeur caractérisé par une taille un peu plus grande que les autres rongeurs, une queue plus longue et le nez moins protubérant, ainsi que de fines rainures moins importantes et des incisives bien développées (Figure 5 a).

L'espèce *Cricetomys gambianus*, communément appelée le rat de Gambie, est caractérisée par un pelage lisse gris brunâtre, une grande abajoue, un dessus gris ou brun, de grandes oreilles nues et la seconde moitié de sa longue queue est blanche (Figure 5 b).

Le spécimen de la figure 5 c, observé à l'état boucané a été identifié comme l'espèce *Heliosciurus* sp, selon les connaissances locales de nos acteurs de la filière Viande de brousse. C'est un écureuil africain aux mâchoires et dents particulièrement robustes.

L'espèce *Xerus erythropus* a également été identifiée (Figure 5 d). Il s'agit d'un écureuil fouisseur encore appelé rat palmiste. Ce rongeur est caractérisé par la couleur du pelage plus clair dans les régions arides et plus sombre dans les zones humides.

Les spécimens de l'espèce *Atherurus africanus* sont de grands rongeurs. Leur corps allongé présente des épines très pointues et épaisses sur le dos, d'autres plus courtes sont observables sur la croupe et la queue de l'animal (Figure 5 e).

De son nom scientifique *Tragelaphus scriptus*, le Guib harnaché communément appelé gazelle dans certaines régions comme en Côte d'Ivoire, est un boviné de grande taille qui varie de 105 à 150 cm, avec une queue pouvant atteindre jusqu' à 25 cm de long chez le mâle (Figure 5 f). Il est distinguable par un corps épais, une tête étroite et des cornes tordues ou en spirale chez les mâles. Sa face inférieure (vers les mamelles) est couverte d'un pelage blanc. On observe

également des taches blanches au dos de son corps et aux oreilles. Les formes occidentales de forêt (harnaché) portent sur les flancs des rayures verticales et horizontales.

Philantomba maxwellii est un Céphalophe dont la taille est comprise entre 63 et 76 cm avec une queue de 12 à 15 cm de long. Cette espèce se caractérise par des dessins anguleux de couleur allant du gris au brun nettement observables sur la tête avec un dessous plus clair (Figure 5 g).

Quant à l'espèce *Cephalophus dorsalis*, il s'agit d'un céphalophe dont le trait morphologique permettant de la distinguer des autres céphalophes est la ligne noire médiane le long du dos et du ventre (Figure 5 h).

Elle est également reconnaissable par une stature épaisse, une robe de couleur brune à jaunâtre et des pattes noires ou brunes sombre. Les spécimens de cette espèce sont un peu plus grands que ceux de *Philantomba maxwellii* avec une taille qui varie entre 70 et 100 cm.

Des spécimens retrouvés en morceaux de viande boucanés ont été attribués à l'espèce *Phacochoerus aethiopicus africanus* (Figure 5 i) selon les connaissances des commerçants. Des espèces de civette et genette ont été également retrouvées.

L'espèce *Civettictis civetta* est caractérisée par un corps et une queue marqués par une série de bandes et tâches, un front clair, un museau blanc et des cercles oculaires noirs. Les poils sont rêches avec une crinière courte allant du front jusqu'au bout de la queue (Figure 5 j). Les latrines fortement parfumées de sécrétions anales sont faciles à repérer.

Les spécimens de *Genetta sp.*, sont des carnivores élancés, filiformes, essentiellement arboricoles avec une fourrure soyeuse, des griffes rétractiles et un pelage tacheté ou moucheté (Figure 5 k). La taille corporelle oscille entre 40 et 55 cm de long avec une queue pouvant atteindre 51 cm de long. Une fourrure assez rêche et une courte crinière est observable à la surface dorsale. La queue annelée et effilée est presque aussi longue que le corps, les taches brun-sombre sont petites et alignées sur le fond au couleur sable, des formes de colorations diverses (rouge ou gris-noir) coexistent (Figure 5 k).

La mangouste des marais (*Atilax paludinosus*) a également été retrouvée au cours de cette étude. Cette espèce de mammifère est caractérisée par une fourrure ébouriffée sur le cou, le corps et la queue. Mais le pelage lisse des pieds est très ras. Les paumes nues aux mains sont dotées de doigts flexibles. Le museau aplati est légèrement retroussé (Figure 5 l).

Galerella sanguinea est une espèce au corps allongé avec des pattes courtes partiellement arboricole de couleur très variable (Figure 6 m).

Cercopithecus petaurista est une espèce de singe caractérisée par une face noire, un nez blanc et une queue bicolore, généralement retrouvée en zone forestière (Figure 5 n).

Une espèce de Pangolin (*Manis tricuspis*) a été retrouvée dans la liste faunistique de cette étude. Elle se caractérise par un corps recouvert de nombreuses écailles fines ressemblant à celles d'une pomme de pin, chacune dotée de trois pointes et d'un coussinet sensitif à l'extrémité distale de la queue. L'espèce *Manis tricuspis* est présentée par la figure 5 o.

Le lièvre à oreille de lapin, du nom scientifique *Lepus microtis* a été retrouvé auprès des restauratrices. Cette espèce, très proche du lapin domestique a été identifiée à travers des traits morphologiques particuliers tels que : un dos de teinte variable du brun-sombre au gri, un dessous entièrement blanc avec un dessin bien défini sur la surface, la nuque est roussâtre et la tâche du front est très dominante (Figure 5 p).

Le Daman d'arbres (*Dendrohyrax dorsalis sylvestris*) figure dans la liste faunistique de cette étude. Il s'agit d'un petit mammifère laineux sans queue de taille allant de 32 à 60 cm et aux doigts émousés. Il présente également une fourrure épaisse sombre et des pattes allongées (Figure 5 q).

Des morceaux de viande boucanés, de par les ailes et l'odorat ont été identifiés comme étant de l'espèce de chauve-Souris (*Eidolon helvum*) par les restauratrices (Figure 5 r).

Afin de confirmer ou infirmer l'identité des espèces de mammifère rencontrées une analyse moléculaire par l'ADN a été réalisée.

3.1.1.2. Espèces identifiées à partir d'outils moléculaires

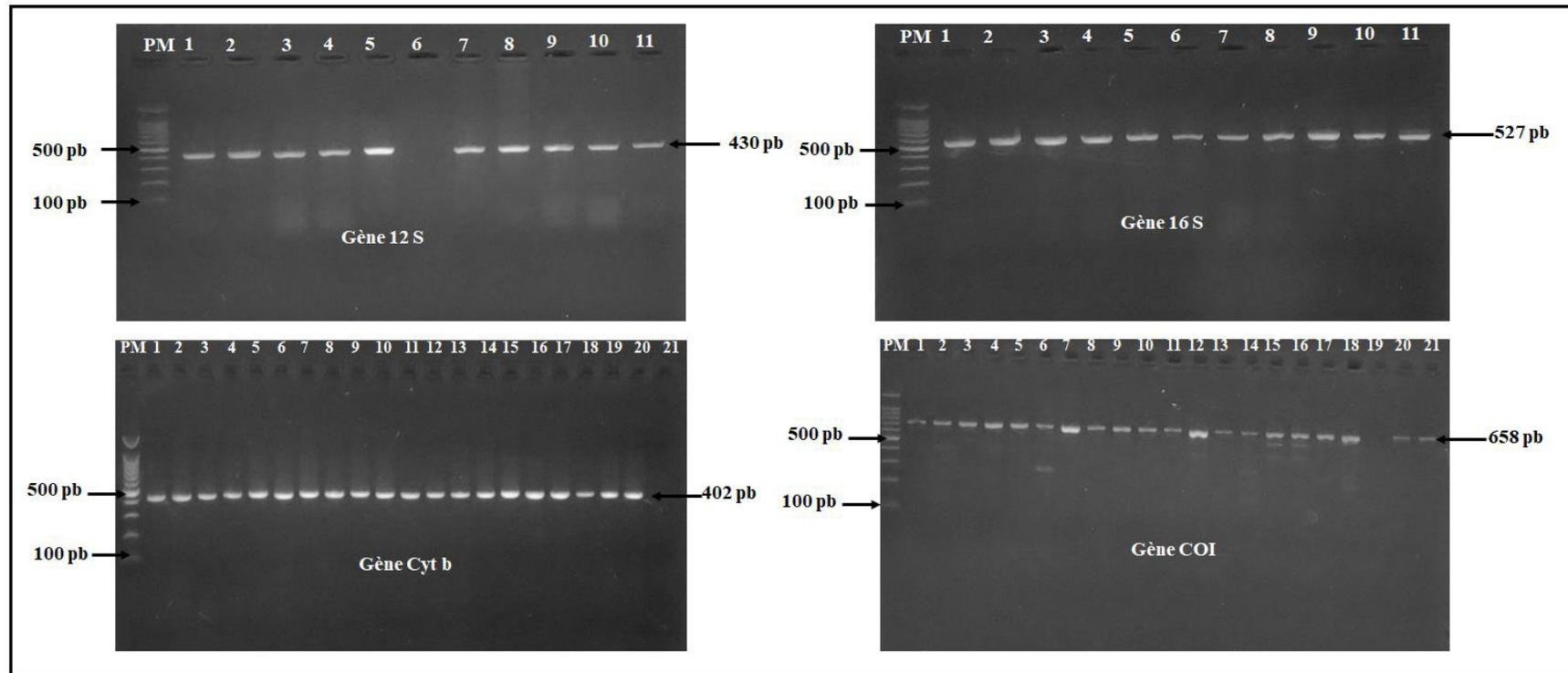
3.1.1.2.1. Typage des espèces mammaliennes sauvages

L'identification moléculaire des espèces mammaliennes sauvage a été réalisée en utilisant quatre gènes mitochondriaux codant pour le Cytochrome b (Cyt b), Cytochrome C oxydase (COI) et les sous unités ribosomiques 12 S et 16 S. Dans la présente étude, les profils électrophorétiques des gènes COI, Cyt b, 12 S et 16 S sont respectivement caractérisés par des allèles de tailles 658, 402, 430 et 527 paires de bases (Figure 6).



Figure 5: Espèces de mammifères sauvages rencontrées dans les localités visitées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire

a ; *Thryonomys swinderianus* - **b** : *Cricetomys gambianus*- **c** : *Funisciurus sp* - **d** : *Xerus erythropus* - **e** : *Atherurus africanus*- **f** : *Tragelaphus scriptus* - **g** : *Philantomba maxwellii* - **h** : *Cephalophus dorsalis*- **i** : *Phacochoerus aethiopicus africanus* - **j** : *Genetta pardina* - **k** : *Civettictis civetta* - **l** : *Galerella sanguinea* - **m** : *Atilax paludinosus* - **n** : *Cercopithecus petaurista*- **o** : *Manis tricuspis*- **p** : *Lepus microtis*- **q** : *Dendrohyrax dorsalis sylvestris* - **r** : *Eidolon helvum*



Fi

Figure 6: Gel d'électrophorèse montrant les produits d'amplification de la PCR, observés avec les marqueurs moléculaires 12 S, 16 S, Cyt b et COI

De la gauche vers la droite : Puits n° 1, PM : marqueur de poids moléculaires 100 paire de bases (100 pb), Gène 12 S: Allèles obtenus avec le marqueur 16 S (Puits n°2 à 5 et n°7 à 11) Témoin négatif (Puits n°6), Gène 16 S (Puits n°2 à 11) ; Gènes Cyt b : Allèles obtenus avec le marqueur Cyt b (Puits n°2 à 21); Gène COI : Allèles obtenus avec le marqueur COI (Puits n°2 à 21) ; pb : paire de bases ; Taille théorique : 12 S = 430 pb ; 16 S = 527 pb ; Cyt b = 402 pb et COI = 658 pb

3.1.1.2.2. Taux de succès d'amplification

Sur l'ensemble des 352 spécimens collectés, 1408 séquences nucléotidiques étaient attendues pour l'ensemble des loci à raison de 352 séquences par locus. Cependant, un taux de succès global d'amplification de 67,47 % (950 séquences) est obtenu au cours de cette étude (Tableau IV). Les résultats obtenus révèlent des taux d'amplification qui varient significativement en fonction des marqueurs utilisés.

Les marqueurs Cytb et COI ont fourni des taux d'amplification les plus élevés, avec respectivement 98,58 % (347 séquences) et 98,30 % (346 séquences). Des taux de succès d'amplification inférieurs à 50 % sont obtenus avec les marqueurs 12 S et 16 S (Tableau IV).

Au niveau spécifique, les résultats de l'amplification PCR ont révélé que 94,44 % des espèces (17/18) morphologiquement identifiées, ont été amplifiées à des taux de succès de 50 à 100 % avec le marqueur Cyt b. Les spécimens de l'espèce *Atilax paludinosus* ont été les seuls à présenter des échecs d'amplification avec ce marqueur (Figure 7). S'agissant du marqueur COI, seize (16) espèces sur 18, soit 88,89 % ont été amplifiées avec des taux de succès allant de 96,65 à 100 %. Pour ce marqueur, aucun spécimen de *Phacochoerus aethiopicus africanus* et d'*Atilax paludinosus* n'a été amplifié (Figure 6). Concernant les marqueurs 16 S et 12 S, les taux de succès d'amplification ont varié de 2,77 % (chez *Xerus erythropus*) à 80 % (chez *Galerella sanguinea*). Les spécimens des espèces *Funisciurus* sp, *Phacochoerus aethiopicus africanus*, *Atilax paludinosus*, *Manis tricuspis* et *Dendrohyrax dorsalis sylvestris* n'ont pas pu être mis en évidence par ces deux marqueurs moléculaires. De plus, les spécimens d'*Eidolon helvum*, chez qui des succès d'amplification sont observés avec les marqueurs Cyt b, COI et 12 S, ont montré des échecs d'amplification avec le marqueur 16 S (Figure 8). Aucun spécimen de *Cephalophus dorsalis* n'a pu être amplifié avec le marqueur 12 S (Figure 8). Pour l'ensemble des quatre marqueurs moléculaires, un échec d'amplification est observé avec les spécimens d'*Atilax paludinosus*.

Par ailleurs, il faut noter que, même les échantillons boucanés ont connu un succès d'amplification PCR.

En effet, 98,37 % (121/123) de viandes boucanées ont été amplifiées avec succès, pour l'ensemble des quatre marqueurs utilisés.

Tableau IV : Taux de réussite de l'amplification des marqueurs moléculaires sur l'ensemble des spécimens collectés dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire

Marqueurs moléculaires	Taux de succès (%)	Nombres de séquences	Test de Khi carré
Cytb	98,58	347	
COI	98,30	346	$X^2 = 615.22$
16 S	36,93	130	$p < 0,001$
12 S	36,07	127	
Taux global	67,47	950	

X^2 : Constante de Khi carré - p : Probabilité associée au test d'indépendance du Khi carré

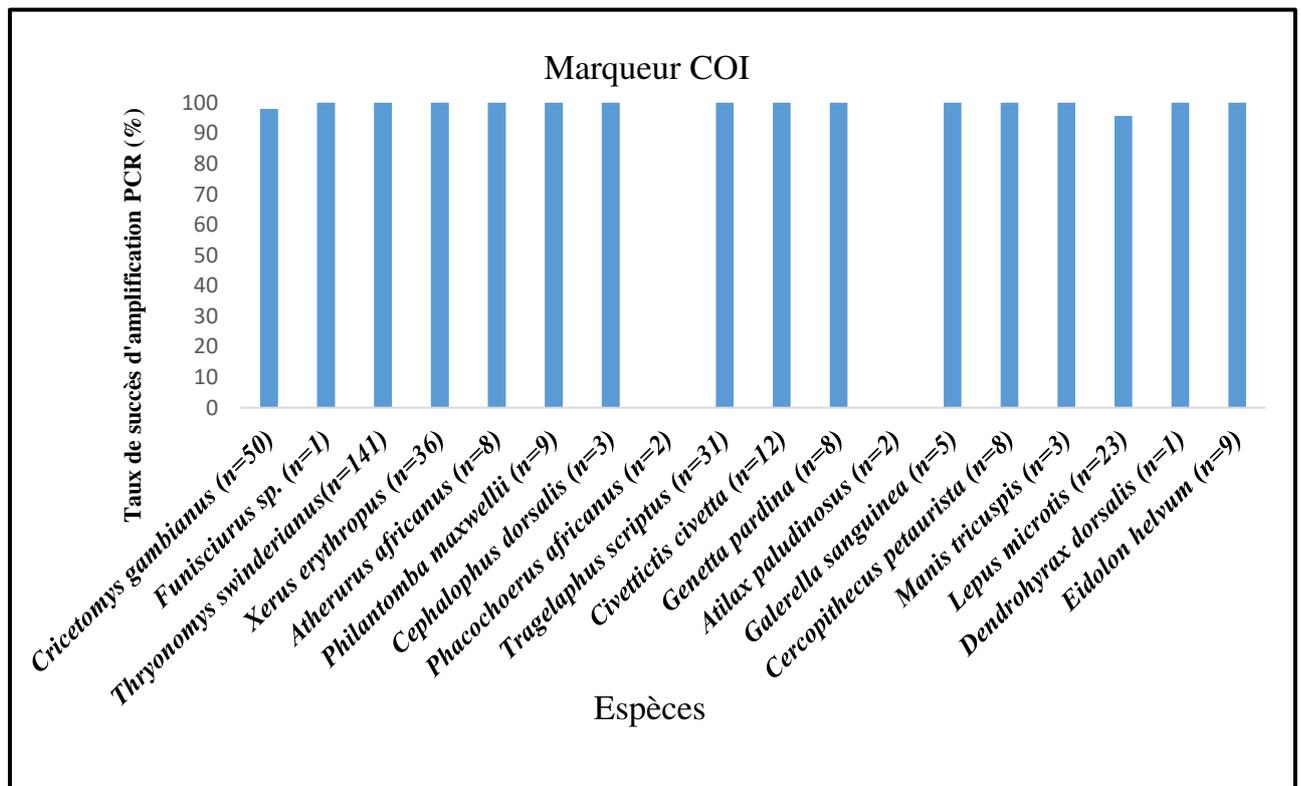
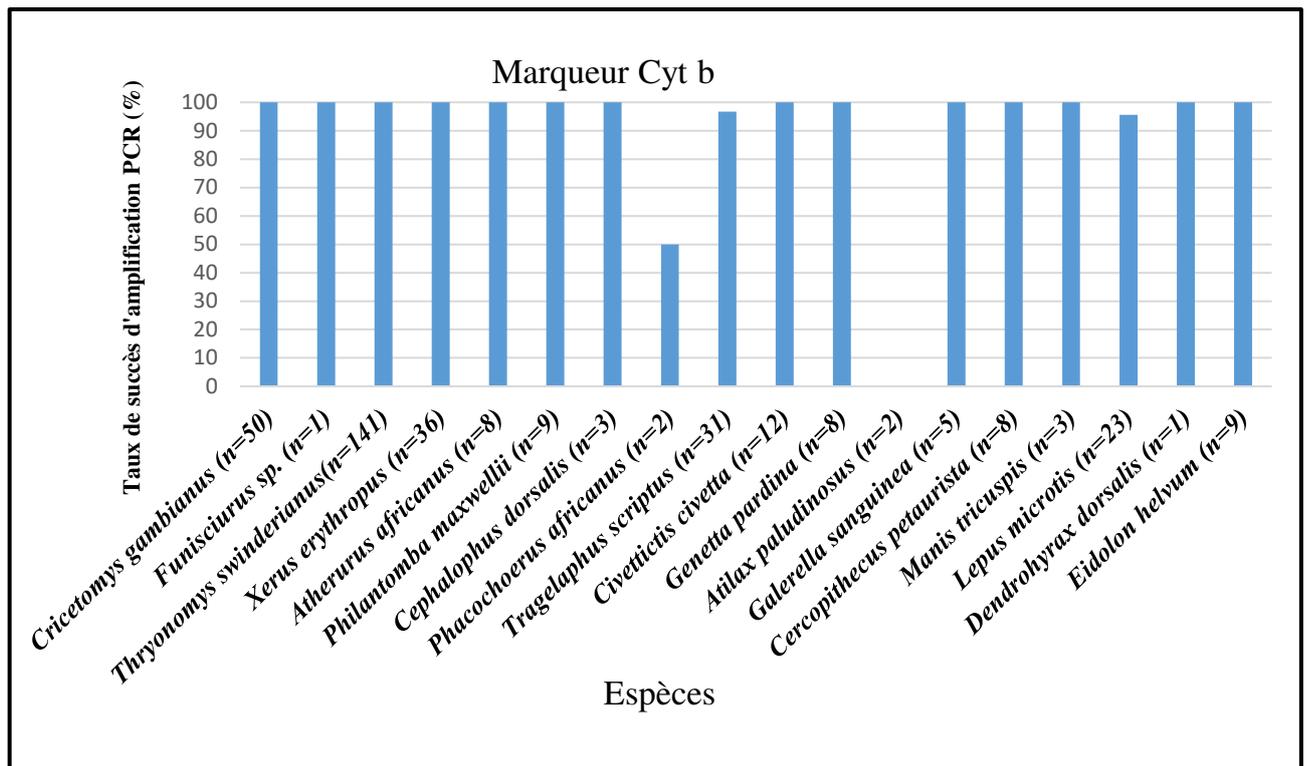


Figure 7: Taux de réussite de la PCR au niveau des espèces par groupes taxonomiques selon les gènes Cyt b et COI

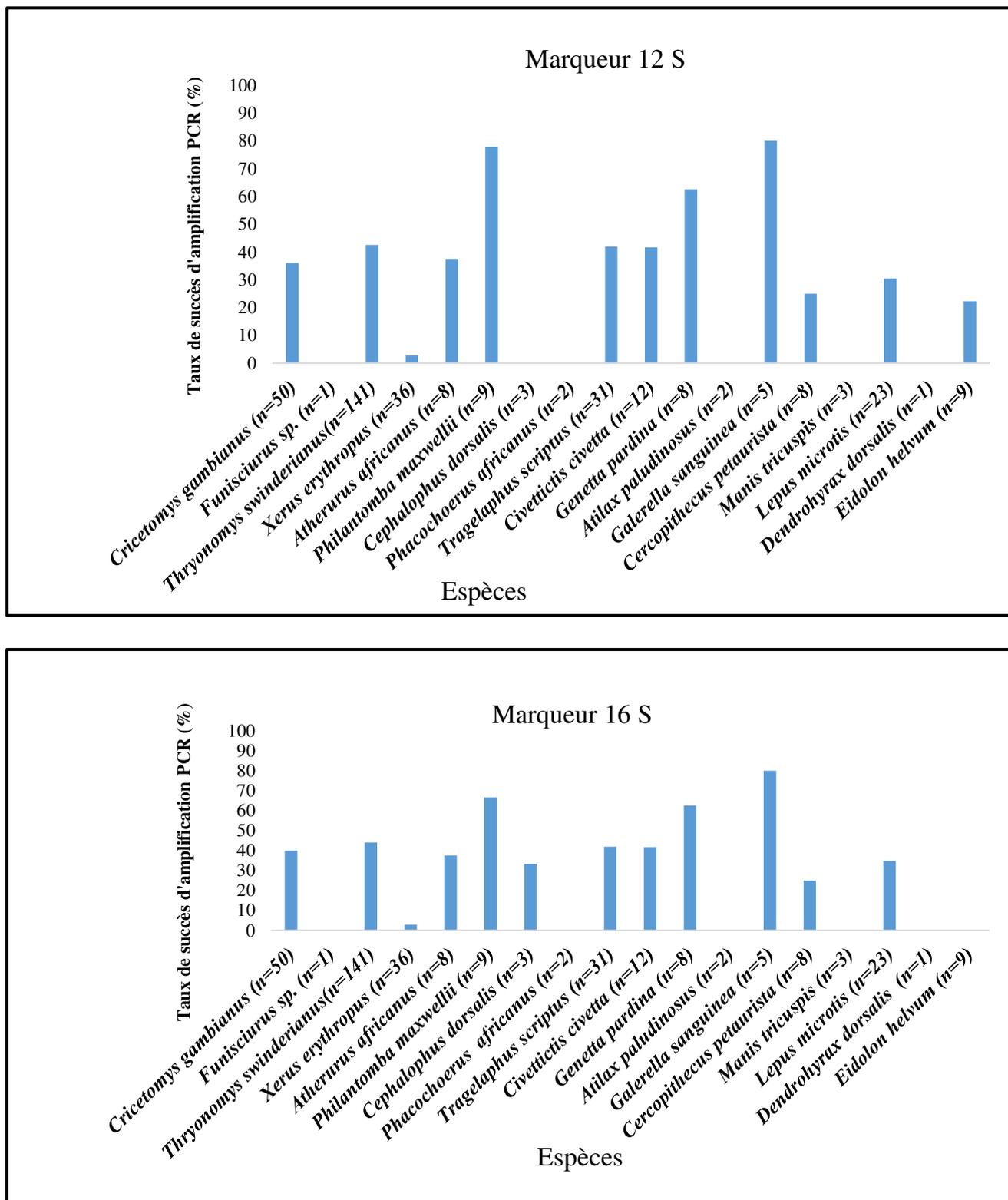


Figure 8: Taux de réussite de la PCR au niveau des espèces par groupes taxonomiques selon les gènes 12 S et 16 S

3.1.1.2.3. Assignment des séquences des gènes amplifiés aux espèces de mammifères.

Des produits PCR (50 échantillons) obtenus à partir des marqueurs Cyt b et COI, présentant un bon profil électrophorétique et remplissant les conditions de séquençage des structures spécialisées ont été sélectionnées à cette fin.

Selon les hypothèses morphologiques, cet échantillon est composé de 17 espèces repartis en huit ordres : l'Ordre des *Rodentia* (05 espèces), Artiodactyles (04 espèces), *Carnivora* (03 espèces), *Primates* (01 espèce), *Pholidota* (01 espèce), *Lagomorpha* (01 espèce), Hyracoïdea (01 espèce), et des *Chiroptera* (01 espèce).

Après alignement des séquences nucléotidiques des gènes Cyt b et COI obtenues sur celles disponibles dans la Genbank NCBI, trois divergences ont été observées.

Ainsi, l'échantillon identifié morphologiquement comme *Heliosciurus* sp, a été assignée à *Funisciurus* sp, avec 84,94 % d'identité pour le gène Cyt b (Tableau V). Le spécimen d'*Artiodactyla* de code VP2PH1C, identifié sur le terrain comme *Phacochoerus aethiopicus africanus*, a été assigné à 100 % d'identité à l'espèce *Tragelaphus scriptus* aux séquences du gène Cyt b . La figure 9 illustre l'alignement de la séquence du gène Cyt b issue de cet échantillon sur la séquence de *Tragelaphus scriptus* disponible dans la Genbank au numéro d'accèsion MH792172.

Le spécimen initialement identifié comme *Dendrohyrax dorsalis sylvestris* a été affecté, après alignement de sa séquence du gène COI à l'espèce *Crossarchus obscurus* avec 98,76 % d'identité.

L'échantillon IP3CS1O collecté à l'état boucané, n'a pas pu être identifié morphologiquement (Inconnu).

Cependant, l'alignement de sa séquence du gène Cyt b a révélé une identité de 99,53 % à l'espèce *Eidolon helvum*. Sur la base de nos connaissances et du guide des mammifères d'Afrique de Jonathan Kingdon, *Cephalophus dorsalis* a été identifié sans ambiguïté. Cependant, l'analyse des séquences nucléotidiques des gènes Cyt b et COI a révélé que ce spécimen est identique à *Cephalophus* sp, avec des taux de similarité de 100 et 99 % respectivement. Pour le reste des spécimens, aucune discordance n'a été observée dans l'identification des espèces.

Le taux de réussite de l'affectation des espèces à partir des séquences de l'ADN des gènes amplifiés a été de 94,12 % pour le gène Cyt b (16 espèces) et de 70,59 % (12 espèces) pour le gène COI, sur les dix-sept (17) espèces considérées (Tableau V).

Tableau V: Attribution taxonomique des échantillons de viande de brousse sur la base de l'ADN en utilisant Megablast via GENBANK

Ordres	Famille	Espèces morphologiquement identifiées	N	Assignation des séquences nucléotidiques des gènes Cyt b et COI			
				Cyt b	% Ident	COI	% Ident
Rodentia	Hystricidae	<i>Atherurus africanus</i>	3	<i>Atherurus africanus</i>	98,75	<i>Atherurus africanus</i>	98,44
Rodentia	Thryomyidae	<i>Thryonomys swinderianus</i>	8	<i>Thryonomys swinderianus</i>	99,5	<i>Thryonomys swinderianus</i>	99,69
Rodentia	Nesomyidae	<i>Cricetomys gambianus</i>	4	<i>Cricetomys gambianus</i>	99,50	<i>Cricetomys gambianus</i>	99,53
Rodentia	Sciuridae	<i>Heliosciurus</i> sp	1	<i>Funisciurus</i> sp	84,94	NA	NA
Rodentia	Sciuridae	<i>Xerus erythropus</i>	4	<i>Xerus erythropus</i>	99,00	<i>Xerus erythropus</i>	98,60
Artiodactyla	Bovidae	<i>Philantomba</i> sp	5	<i>Philantomba maxwellii</i>	100	<i>Philantomba maxwellii</i>	100
Artiodactyla	Bovidae	<i>Cephalophus dorsalis</i>	1	<i>Cephalophus</i> sp	100	<i>Cephalophus</i> sp	99
Artiodactyla	Bovidae	<i>Tragelaphus scriptus</i>	4	<i>Tragelaphus scriptus</i>	100	<i>Tragelaphus scriptus</i>	99,84
Artiodactyla	Suidae	<i>Phacochoerus aethiopicus africanus</i>	1	<i>Tragelaphus scriptus</i>	100	NA	NA
Carnivora	Viverridae	<i>Civettictis civetta</i>	5	<i>Civettictis civetta</i>	100	<i>Civettictis civetta</i>	99,69
Carnivora	Viverridae	Genette sp	3	<i>Genetta pardina</i>	100	<i>Genetta pardina</i>	100
Carnivora	Herpestidae	<i>Galerella sanguinea</i>	2	<i>Galerella sanguinea</i>	94,09	NA	NA
Primates	Cercopithecidae	<i>Cercopithecus petaurista</i>	2	<i>Cercopithecus petaurista</i>	97,65	<i>Cercopithecus petaurista</i>	98,11
Pholidota	Manidae	<i>Manis tricuspis</i>	2	<i>Manis tricuspis</i>	100	<i>Manis tricuspis</i>	99,69
Lagomorpha	Leporidae	<i>Lepus</i> sp	1	<i>Lepus microtis</i>	97,25	<i>Lepus microtis</i>	98,76
Hyracoidea	Procaviidae	<i>Dendrohyrax dorsalis sylvestris</i>	1	NA	NA	<i>Crossarchus obscurus</i>	98,76
Chiroptera	Pteropodidae	<i>Inconnu</i>	3	<i>Eidolon helvum</i>	99,53	NA	NA

% Ident : Pourcentage d'Identité – NA : Non Appliquable

Identité = 100 %		Taille (en bases)
Consensus	TGACCAACATTTCGAAAGTCCACCCACTAATAAAAAATGTAAATAACGCATTTCATTGACC	60
VP2PH1C	TGACCAACATTTCGAAAGTCCACCCACTAATAAAAAATGTAAATAACGCATTTCATTGACC	60
MH792172	TGACCAACATTTCGAAAGTCCACCCACTAATAAAAAATGTAAATAACGCATTTCATTGACC	60
Consensus	TTCCAGCCCCATCAAACATCTCATCATGGTGAAACTTCGGATCTCTCCTAGGGATCTGTC	120
VP2PH1C	TTCCAGCCCCATCAAACATCTCATCATGGTGAAACTTCGGATCTCTCCTAGGGATCTGTC	120
MH792172	TTCCAGCCCCATCAAACATCTCATCATGGTGAAACTTCGGATCTCTCCTAGGGATCTGTC	120
Consensus	TAACCTGCAAAATTCCTACAGGCTTATTCCTAGCCATACACTACACATCAGATACAACAA	180
VP2PH1C	TAACCTGCAAAATTCCTACAGGCTTATTCCTAGCCATACACTACACATCAGATACAACAA	180
MH792172	TAACCTGCAAAATTCCTACAGGCTTATTCCTAGCCATACACTACACATCAGATACAACAA	180
Consensus	CAGCATTCTCCTCTGTCACCCATATCTGTGCGAGATGTGAACTATGGCTGAATTATCCGAT	240
VP2PH1C	CAGCATTCTCCTCTGTCACCCATATCTGTGCGAGATGTGAACTATGGCTGAATTATCCGAT	240
MH792172	CAGCATTCTCCTCTGTCACCCATATCTGTGCGAGATGTGAACTATGGCTGAATTATCCGAT	240
Consensus	ATATACATGCAAACGGAGCTTCAATATTTTTATTTGCTTATATATACACGTAGGACGAG	300
VP2PH1C	ATATACATGCAAACGGAGCTTCAATATTTTTATTTGCTTATATATACACGTAGGACGAG	300
MH792172	ATATACATGCAAACGGAGCTTCAATATTTTTATTTGCTTATATATACACGTAGGACGAG	300
Consensus	GACTATACTACGGATCATAACACTTTCCTAGAAACATGAAACGTAGGAGTAATTCTTCTAT	360
VP2PH1C	GACTATACTACGGATCATAACACTTTCCTAGAAACATGAAACGTAGGAGTAATTCTTCTAT	360
MH792172	GACTATACTACGGATCATAACACTTTCCTAGAAACATGAAACGTAGGAGTAATTCTTCTAT	360
Consensus	TTACAGTAATAGCTACAGCATTTATAGGATATGTACTGCCATGAGGACAAATATCATTCT	420
VP2PH1C	TTACAGTAATAGCTACAGCATTTATAGGATATGTACTGCCATGAGGACAAATATCATTCT	420
MH792172	TTACAGTAATAGCTACAGCATTTATAGGATATGTACTGCCATGAGGACAAATATCATTCT	420
Consensus	GAG	423
VP2PH1C	GAG	423
MH792172	GAG	423

Figure 9: Alignement de la séquence nucléotidique du gène cytochrome b du spécimen étiqueté VP2PH1C (en noir) sur celle de la référence *Tragelaphus scriptus* de numéro d'accèsion MH792172 (en rouge). En bleu : séquence consensus de l'alignement

3.1.1.2.4. Structure taxonomique des espèces mammaliennes braconnées

Les relations phylogénétiques des spécimens sont décrites à travers des dendrogrammes réalisés selon le model Neighbor-Joining sur les séquences des gènes mitochondriaux cytochrome b et COI. Les distances d'évolution ont été calculées selon la méthode de Tamura-Nei en tenant compte du nombre de substitutions de bases par site. Les spécimens présentant une similarité supérieure ou égale à 99 % sont supposés appartenir à un même taxon ou espèces.

Ainsi, en considérant le gène Cyt b, 39 séquences ont été analysées (Figure 10). Les résultats de cette analyse montrent des distances génétiques très étroites entre les spécimens, définis dans 15 unités taxonomiques : *Civettictis civetta* (05 spécimens), *Genetta pardina* (02 spécimens), *Galerella sanguinea* (02 spécimens), *Manis tricuspis* (02 spécimens), *Cercopithecus petaurista* (01 spécimen), *Eidolon helvum* (02 spécimens), *Funiscuirus* sp (01 spécimen), *Atherurus africanus* (02 spécimens), *Xerus erythropus* (03 spécimens), *Philantomba maxwellii* (04 spécimens), *Cephalophus dorsalis* (01 spécimen), *Thryonomys swinderianus* (04 spécimens), *Tragelaphus scriptus* (05 spécimens), *Lepus microtis* (01 spécimen) et *Cricetomys gambianus* (04 spécimens). Le spécimen VP2PH1C, identifié comme étant de l'espèce *Phacochoerus aethiopicus africanus*, s'est retrouvé dans le taxon *Tragelaphus scriptus* et partage une similarité génétique de 81 % avec les autres spécimens de ce taxon.

En considérant le gène COI, 32 séquences ont pu être analysées. L'analyse phylogénétique de ces séquences a permis de définir 13 groupes taxonomiques (Figure 10). Il s'agit de *Philantomba maxwellii* (04 spécimens), *Cephalophus dorsalis* (01 spécimen), *Tragelaphus scriptus* (04 spécimens), *Xerus erythropus* (01 spécimen), *Cricetomys gambianus* (03 spécimens), *Dendrohyrax arboreus* (01 spécimen), *Atherurus africanus* (03 spécimens), *Manis tricuspis* (01 spécimens), *Civettictis civetta* (02 spécimens), *Genetta pardina* (02 spécimens), *Lepus microtis* (01 spécimen), *Thryonomys swinderianus* (08 spécimens) et *Cercopithecus petaurista* (01 spécimen).

Le taxon *Thryonomys swinderianus* (aulacode) a été le plus représenté. Au sein des taxa, l'on note que la similarité génétique n'est pas toujours totale. Ceci atteste de l'existence d'une éventuelle diversité génétique intraspécifique et un bon niveau de résolution des marqueurs Cyt b et COI, dans la discrimination des espèces de mammifères étudiées (Figure 11).

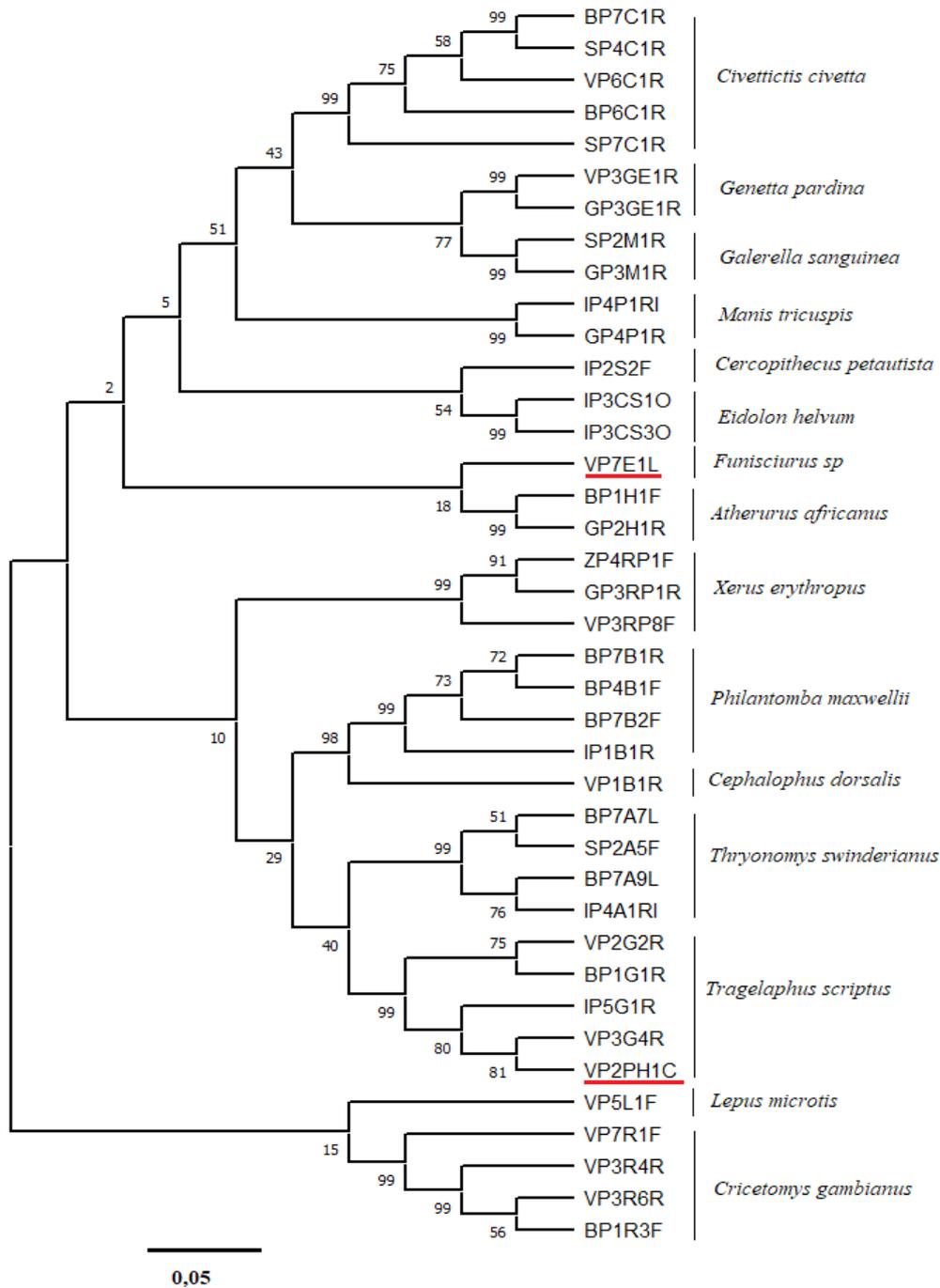


Figure 10: Arbre phylogénique généré selon le modèle Neighbor-Joining sur les séquences du gène mitochondrial Cyt b, montrant la diversité génétique et les relations génétiques entre les espèces de mammifères identifiées dans le Centre-Ouest de la Côte-d'Ivoire

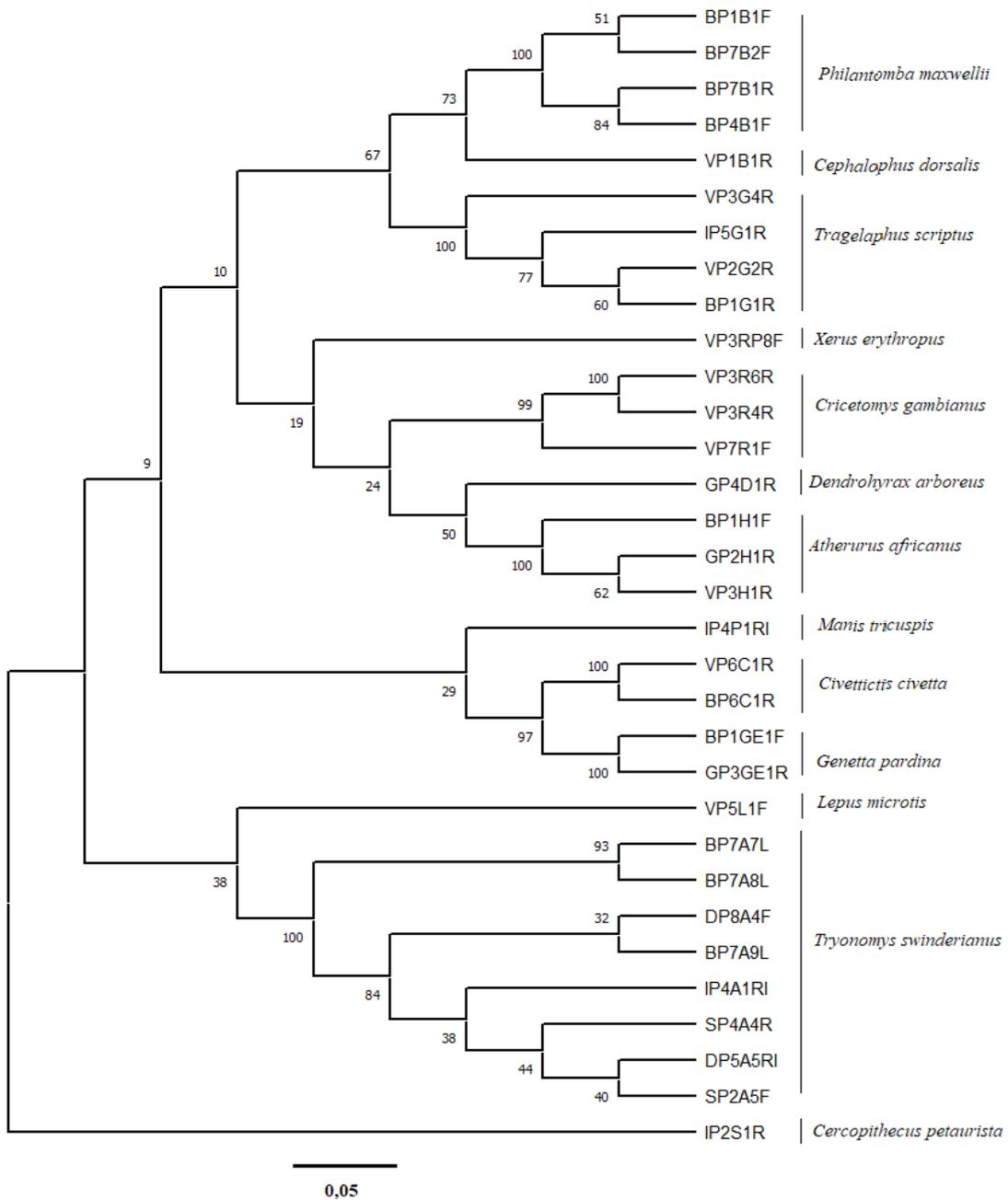


Figure 11: : Arbre phylogénique généré selon le modèle Neighbor-Joining sur les séquences du gène mitochondrial COI, montrant la diversité génétique et les relations génétiques entre les espèces de mammifères identifiées dans le Centre-Ouest de la Côte- d’Ivoire

3.1.2. Biodiversité mammalienne en perte

3.1.2.1. Richesse spécifique attendue

L'effort d'échantillonnage qui met en relation le nombre d'espèces et le nombre d'échantillons analysés est illustré par la figure 12. Au total, 18 espèces ont été inventoriées sur le marché de la viande de brousse à l'issue des campagnes d'échantillonnage réalisées dans sept localités. Les courbes d'accumulation des espèces définies selon les estimateurs de la richesse spécifique considérés, présentent des allures ascendantes qui tendent vers un plateau à la fin de la période d'échantillonnage (Figure 12). La richesse spécifique maximale attendue par les méthodes de Jackknife 1 et Jackknife 2 est estimée à 21 espèces. La richesse spécifique de la faune sauvage mammalienne dans cette étude correspond à 85,71 % (18/21) de la richesse prédite par les estimateurs de Jackknife.

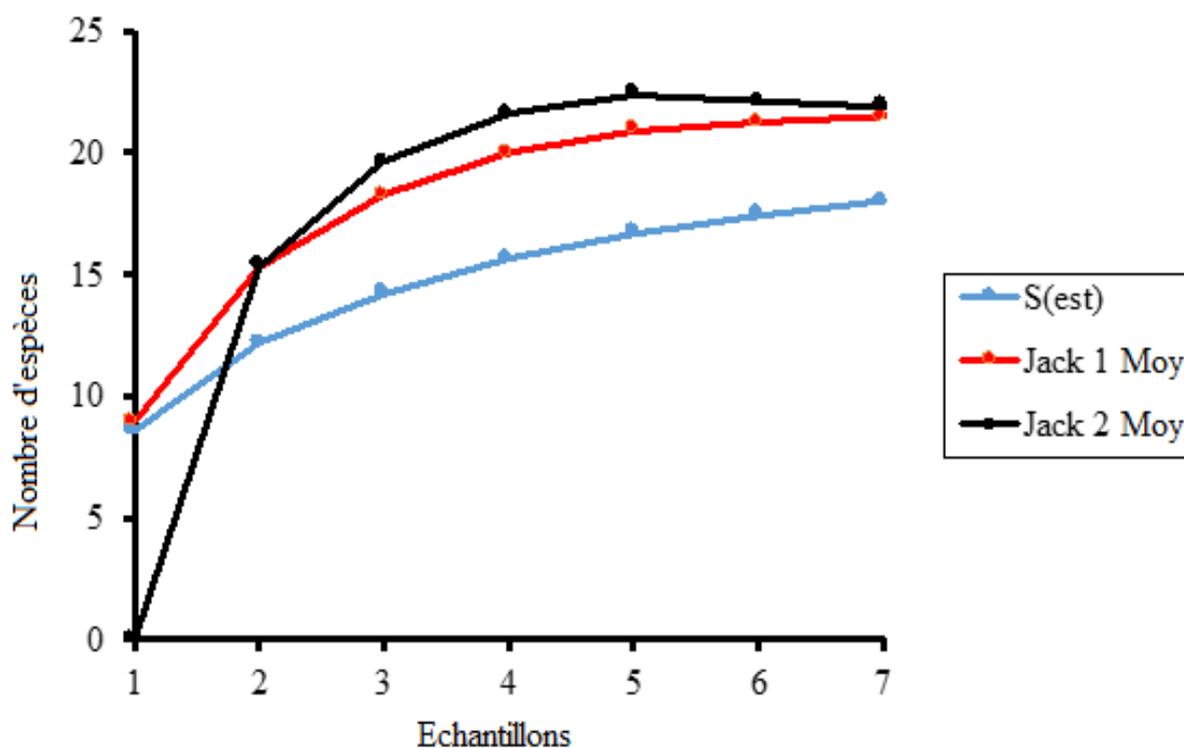


Figure 12: Courbes d'accumulation des espèces de mammifères sauvages rencontrées sur les marchés de viande de brousse dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire à partir des méthodes de Jackknife 1 et Jackknife 2

3.1.2.2. Richesse spécifique de la faune cynégétique mammalienne vendue sur les marchés

Un total de 352 spécimens de mammifères sauvages repartis en huit Ordres et 18 espèces ont été inventoriés auprès des commerçants de viande de brousse et sur les marchés des sept localités visitées (Tableau VI). Les ordres rencontrés sont les suivants : les Rongeurs, Artiodactyles, Carnivores, Primates, Pholidotes, Lagomorphes, Hyracoïdes et les Chiroptères. L'ordre le plus diversifié est celui des Rongeurs avec cinq espèces (*Cricetomys gambianus*, *Funisciurus* sp. *Thryonomys swinderianus*, *Xerus erythropus* et *Atherurus africanus*) représentant 27,78 % de l'ensemble des espèces rencontrées. Cet ordre est suivi de celui des Artiodactyles et des Carnivores avec chacun quatre espèces (22,22 %). Les Primates, Pholidotes, Lagomorphes, Hyracoïdes et les Chiroptères sont représentés chacun par une seule espèce, soit 5,55 % de l'ensemble des espèces.

Relativement à l'abondance des spécimens, les rongeurs ont été plus représentés avec 67,05 % des spécimens collectés soit 236 spécimens (Tableau VI).

Au niveau spécifique, *Thryonomys swinderianus* communément appelée agouti, est l'espèce la plus braconnée (Figure 13) avec 141 spécimens collectés représentant 40,06 % de l'ensemble des spécimens. Elle est la seule espèce que l'on trouve dans toutes les localités visitées et présente une abondance absolue sensiblement égale dans toutes ces localités. Cette espèce est suivie de *Cricetomys gambianus* (50 spécimens collectés ; 14,20 %), toutes deux appartenant à l'ordre des Rongeurs. Les espèces *Funisciurus* sp et *Dendrohyrax dorsalis sylvestris* n'ont été observées qu'une seule fois chacune respectivement à Vavoua et à Gonaté (Figure 14).

Tableau VI: Composition de la faune sauvage mammalienne rencontrée dans les sept localités visitées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

Ordres	Famille	Espèces animales	Localités visitées							Toutes les localités	
			Bonon	Daloo	Gonate	Issia	Sinfra	Vavoua	Zoukougbeu		
Rodentia	Hystricidae	<i>Cricetomys gambianus</i>	9	-	13	-	13	13	2	50	
	Thryonomyidae	<i>Funisciurus</i> sp.	-	-	-	-		1	-	1	
	Nesomyidae	<i>Thryonomys swinderianus</i>	22	26	11	33	22	13	14	141	
	Sciuridae	<i>Xerus erythropus</i>	5	-	7	-	6	16	2	36	
	Sciuridae	<i>Atherurus africanus</i>	1	1	1	1	-	3	1	8	
Artiodactyla	Bovidae	<i>Philantomba maxwellii</i>	5	-	1	2	-	1	-	9	
	Bovidae	<i>Cephalophus dorsalis</i>	-	-	-	-	-	3	-	3	
	Bovidae	<i>Phacochoerus aethiopicus africanus</i>	-	1	-	-	-	1	-	2	
	Suidae	<i>Tragelaphus scriptus</i>	2	3	3	8	-	9	6	31	
	Viverridae	<i>Civettictis civetta</i>	3	1	2	-	4	1	1	12	
Carnivora	Viverridae	<i>Genetta pardina</i>	1	-	4	-	-	3	-	8	
	Herpestidae	<i>Atilax paludinosus</i>	-	-	-	2	-	-	-	2	
	Herpestidae	<i>Galerella sanguinea</i>	-	-	1	-	1	3	-	5	
	Primates	Cercopithecidae	<i>Cercopithecus petaurista</i>	-	4	-	2	-	-	-	8
	Pholidota	Manidae	<i>Manis tricuspis</i>	-	-	1	2	-	-	-	3
Lagomorpha	Leporidae	<i>Lepus microtis</i>	-	-	6	-	6	2	-	23	
Hyracoidea	Procaviidae	<i>Dendrohyrax dorsalis sylvestris</i>	-	-	1	-	-	-	-	1	
Chiroptera	Pteropodidae	<i>Eidolon helvum</i>	-	6	-	3	-	-	-	9	
Total			59	42	51	53	52	69	26	352	

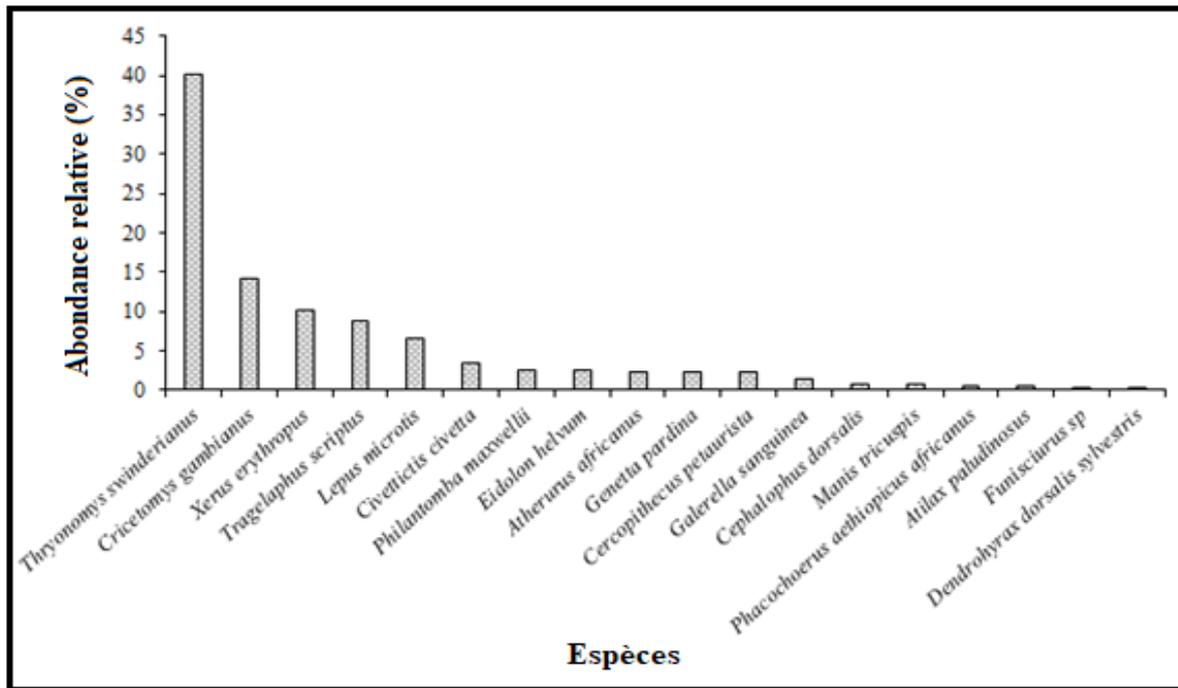


Figure 13: Abondance relative des espèces de viande de brousse rencontrées dans l'ensemble des localités visitées au Centre-Ouest de la Côte- d'Ivoire

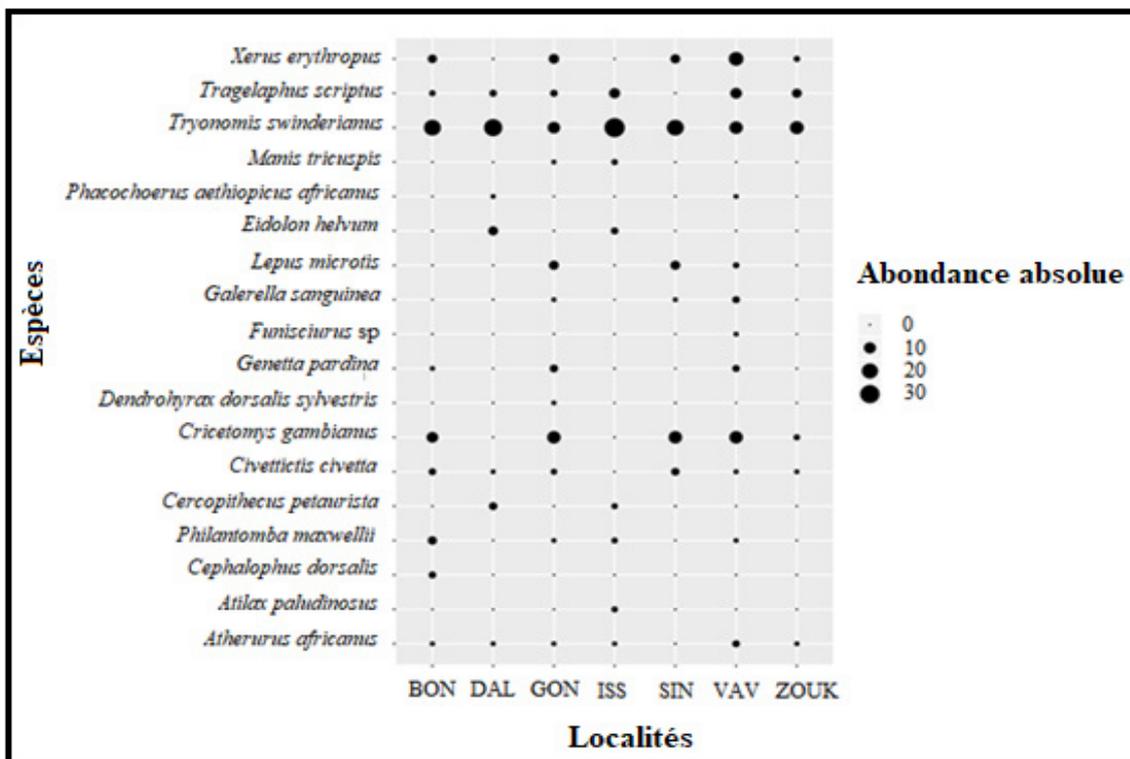


Figure 14: : Abondance absolue des espèces de viande de brousse en fonction des localités visitées au Centre-Ouest de la Côte- d'Ivoire

BON: Bonon, DAL: Daloa, GON: Gonate, ISS: Issia, SIN: Sinfra, VAV: Vavoua, ZOUK: Zoukougbeu

3.1.2.3. Diversité spécifique de la faune cynégétique mammalienne rencontrée sur les marchés

Les valeurs de l'indice de diversité de Shannon (H') obtenues dans cette étude oscillent entre 1,25 et 2,08, avec une valeur moyenne de 2,03 (Tableau VII). La valeur indicielle maximale est obtenue dans la localité de Gonaté ($H'= 2,08$), tandis que la valeur minimale est enregistrée dans la localité de Daloa ($H'= 1,25$). L'indice de diversité de Simpson évolue dans le même sens que celui de Shannon avec des valeurs comprises entre 0,58 (à Daloa et Issia) et 0,84 (Gonaté et Vavoua). Selon ces indices, la diversité spécifique est sensiblement égale dans les différentes localités avec une richesse spécifique qui varie de 6 à 13 espèces. Globalement, les indices de diversité enregistrés montrent une diversité spécifique non négligeable, sensiblement égale dans les différentes localités. Concernant la répartition spatiale des espèces, l'indice d'équitabilité de Pielou global obtenu est de 0,70. Les valeurs de cet indice qui tendent vers 1 dans les localités de Gonaté ($J = 0,84$), Sinfra ($J = 0,83$) et de Vavoua ($J=0,82$), montrent une équitabilité entre les espèces et le nombre d'animaux abattus (Tableau VII).

Tableau VII : Indices de diversité de la faune mammalienne braconnée de brousse dans les localités visitées.

Localités	S	H'	J	SI
Bonon	9	1,74	0,79	0,75
Daloa	7	1,25	0,64	0,58
Gonaté	12	2,08	0,84	0,84
Issia	8	1,31	0,63	0,58
Sinfra	6	1,48	0,83	0,73
Vavoua	13	2,04	0,82	0,84
Zoukougbeu	6	1,32	0,74	0,64
Toutes les localités	18	2,03	0,70	0,78

S : Richesse spécifique, H' : shannon-Weaver, J : Equitabilité, SI : Simpson

3.1.2.4. Impact du braconnage sur la structure démographique de la faune braconnée

La pression d'abattage sur la faune mammalienne sauvage a été mesurée en tenant compte de l'âge, du sexe, du statut gestationnel des animaux abattus et des méthodes de braconnage

utilisées. Le modèle linéaire généralisé dont la régression tente d'expliquer l'abondance des espèces en fonction de l'âge, du sexe de l'animal et de l'outil de chasse utilisés, montre que ces trois facteurs exercent une pression sélective très significative sur l'abondance des mammifères abattus et vendus dans les restaurants (Tableau VIII). En effet, les résultats de l'enquête révèlent que les adultes ont été significativement plus braconnés que les jeunes ($t= 9,5$; $p < 0,001$) avec en moyenne $48,4 \pm 12,8$ adultes abattus contre $1,8 \pm 0,6$ pour les jeunes (Tableau IX). Au niveau du sexe, les animaux mâles ont été significativement les plus braconnés ($t= 3,1$; $p = 0,009$). Le nombre moyen d'animaux mâles braconnés est de $32,7 \pm 10,8$ contre $17,7 \pm$ pour les femelles (Tableau IX).

Les chasseurs locaux utilisaient plusieurs techniques pour tuer les animaux, en occurrence les fusils, les pièges, les chiens et autres moyens non définies. Sur les 352 animaux abattus rencontrés, 277 (78,70 %) ont été abattus au moyen de fusils, 34 (9,66 %) par des pièges, 23 (6,53 %) par des chiens et 18 (5,11 %) par les moyens non définis. Ces taux d'animaux abattus qui varient significativement en fonction des techniques de braconnage employées ($p=0,001$), montrent qu'un grand nombre d'animaux a été abattu au moyen de fusils (Tableau X).

Le taux de femelles non gestantes tuées (106/123, soit 86,18 %) dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire, est significativement plus élevé que celui des femelles gestantes tuées (17 / 123 soit, 13,82%), bien que le nombre de femelles gestantes tuées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire ne soit pas négligeable (test binomial ; $p < .0, 001$) (Figure 14).

Tableau VIII : Effet des facteurs sexe, âge et outils de chasse sur l'abondance des spécimens braconnés dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

Paramètres	Df	Deviance	Resid.Df	Resid.Dev	F value	p value
Sexe	1	12	802,57	997,14	9,6585	0,009058 **
Age	1	12	7591,1	1014,6	89,785	$6389,10^{-07}$ ***
Outils de chasse	3	6336,3	26	1901,1	28,885	$1955,10^{-08}$ ***

Df : Degré de liberté, Resid.Df : Valeur résiduelle du degré de liberté, Resid.Dev : Valeur résiduelle de la déviance, F value : Constance de Fisher, p value : Valeur de la probabilité associée au test

Tableau IX : Impact de la mortalité due au braconnage selon le sexe et l'âge dans les sept localités visitées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

Paramètres	Catégories d'âge				Sexe des animaux			
	Adultes	Juvéniles	<i>t</i>	<i>p</i>	Femelles	Mâles	<i>t</i>	<i>p</i>
Total	339	13			123	229		
Moy abd (\pm sd)	48,4 \pm 12.8	1,8 \pm 0.6	9,5	< 0.001	17,57 \pm	32,71 \pm 10,8	3,10	0,009

T : Constance du test de Fisher, *p* : Valeur de la probabilité associée au test

Tableau X : Prévalence des méthodes utilisées pour chasser la faune pour la viande de brousse dans les sept localités visitées dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

Moyens de chasse	N	%	<i>P</i>
Fusils	277	78,7	
Pièges	34	9,66	0,001
Chiens	23	6,53	
Autres	18	5,11	

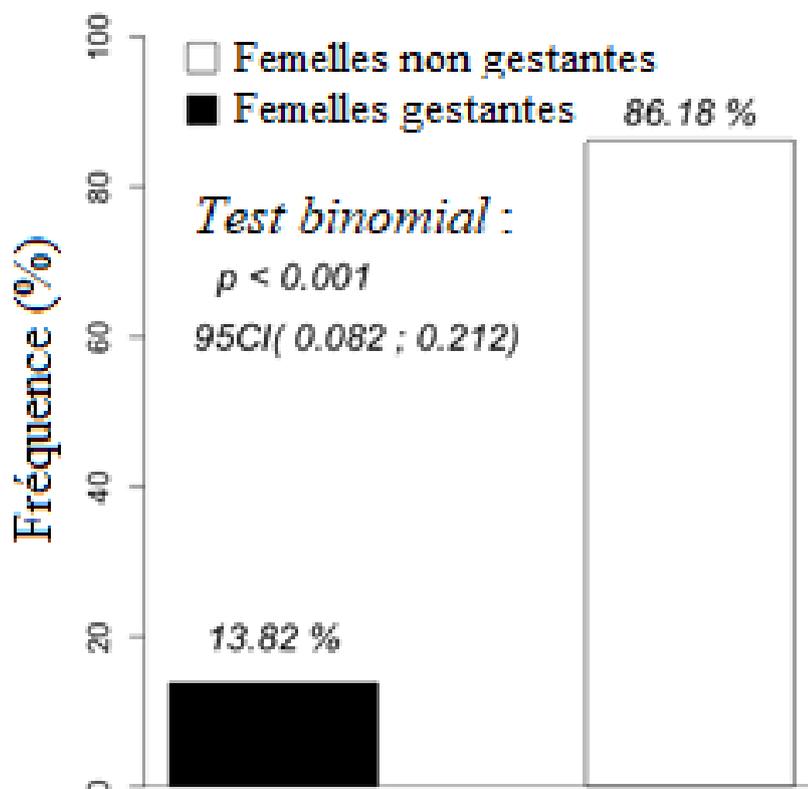


Figure 15: Proportion des femelles gestantes et non gestantes par braconnage dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire

3.1.2.5. Statut de conservation de la faune cynégétique mammalienne

La perte de la biodiversité, appelée aussi déclin de la biodiversité ou érosion de la biodiversité, est une crise écologique qui implique l'extinction d'espèces (végétales ou animales) dans le monde entier, ainsi que la réduction ou la perte locale d'espèces dans un habitat donné, et la disparition d'écosystèmes.

Au regard de la classification internationale, en se basant sur la classification de l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature (UICN), les espèces mammaliennes sauvages rencontrées au cours de cette étude, dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire, sont classées dans trois (03) catégories (Tableau XI) : Il s'agit des catégories : Préoccupation mineure (LC), Quasi-menacée (NT) et En danger (EN). A l'issue de cette enquête, 83,33 % des espèces

identifiées (15/18 espèces) sont classées dans la catégorie LC. Deux espèces (*Eidolon helvum* et *Cephalophus dorsalis*) représentent 11, 11 % des espèces sont inscrites dans la catégorie NT. Une seule espèce, *Manis tricuspis* (5,56 %), est classée dans la catégorie EN. Ces deux dernières catégories d'espèces sont aussi dites à soucis de conservation (Tableau XI).

Au plan national, les espèces sont regroupées dans deux annexes (Annexe II et Annexe III). Sur les dix-huit espèces identifiées, seule l'espèce *Manis tricuspis* (5,56 %) est inscrite dans l'annexe II qui regroupe les espèces partiellement protégées. Les dix-sept (94,44%) autres espèces sont classées dans l'annexe III, regroupant les espèces dont la chasse est possible. (Tableau XI).

Au niveau local, le statut de conservation des espèces rencontrées est évalué selon leur abondance sur la base des informations obtenues auprès des acteurs de la filière viande de brousse. Ainsi, trois catégories sont définies : la catégorie abondante, peu abondante et rare.

Selon ces informations, 12 espèces, soit 66,66 % sont de la catégorie abondante; trois espèces (*Atherurus africanus*, *Atilax paludinosus* et *Cercopithecus petaurista*) sont considérées peu abondantes et trois autres (*Cephalophus dorsalis*, *Manis tricuspis* et *Dendrohyrax dorsalis sylvestris*) représentant 16,6 % des espèces sont rares (Tableau XI).

Tableau XI : Statut de conservation de la faune sauvage mammalienne du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire , au niveau local, national et international.

Ordres	Famille	Espèces de mammifère	Noms communs	Statut de conservation		
				UICN 2020	National	Local
Rodentia	Hystriidae	<i>Cricetomys gambianus</i>	Rat de Gambie	LC	Annexe III	XXX
	Thryomyidae	<i>Funisciurus sp</i>	Ecureuil	LC	Annexe III	XXX
	Nesomyidae	<i>Thryonomys swinderianus</i>	Aulacode (Agouti)	LC	Annexe III	XXX
	Sciuridae	<i>Xerus erythropus</i>	Ecureuil fouisseur (rat palmiste)	LC	Annexe III	XXX
	Sciuridae	<i>Atherurus africanus</i>	Athérure africain (Hérisson)	LC	Annexe III	XX
Artiodactyla	Bovidae	<i>Philantomba maxwellii</i>	Céphalophe de Maxwell	LC	Annexe III	XXX
	Bovidae	<i>Cephalophus dorsalis</i>	Céphalophe à bande dorsale noire	NT	Annexe III	X
	Bovidae	<i>Phacochoerus aethiopicus africanus</i>	Phacochère	LC	Annexe III	XXX
	Suidae	<i>Tragelaphus scriptus</i>	Guib harnaché (gazelle)	LC	Annexe III	XXX
Carnivora	Viverridae	<i>Civettictis civetta</i>	Civette	LC	Annexe III	XXX
	Viverridae	<i>Genetta pardina</i>	Genette pardine	LC	Annexe III	XXX
	Herpestidae	<i>Atilax paludinosus</i>	Mangouste des marais	LC	Annexe III	XX
	Herpestidae	<i>Galerella sanguinea</i>	Mangouste rouge	LC	Annexe III	XXX
Primates	Cercopithecidae	<i>Cercopithecus petaurista</i>	Cercopithèque Pétauriste (singe)	LC	Annexe III	XX
Pholidota	Manidae	<i>Manis tricuspis</i>	Pangolin à écailles tricuspides	EN	Annexe II	X
Lagomorpha	Leporidae	<i>Lepus microtis</i>	Lièvre à oreille de lapin	LC	Annexe III	XXX
Hyracoidea	Procaviidae	<i>Dendrohyrax dorsalis sylvestris</i>	Daman d'arbres	LC	Annexe III	X
Chiroptera	Pteropodidae	<i>Eidolon helvum</i>	Chauve-souris	NT	Annexe III	XXX

LC : préoccupation mineure ; NT : quasi menacé ; EN : En danger ; XXX : Espèce abondante ; XX : Espèce peu abondante ; X : Espèce rare
Annexe II : espèce partiellement protégée ; Annexe III : espèce dont la chasse est autorisée au cas par cas.

3.1.3. Risques sanitaires associés à la consommation de la mammalienne étudiée

3.1.3.1. Risques aux infections parasitaires

Cette étude révèle des risques d'infection auxquels les chasseurs, les commerçants, les intermédiaires et les consommateurs de la viande de brousse sont exposés. L'évaluation du risque sanitaire a été effectuée sur 17 échantillons de selle de *Thryonomis swinderianus* (Agouti). L'analyse de ces échantillons a révélé la présence de quatre types d'œufs de parasites intestinaux. Ce sont : les œufs de *Trichuris trichiura*, *Trichuris leporis*, *Trichostrongylus axei* et de *paraspidodera uncinata*.

Les œufs de *Trichuris* sont en général de forme ovoïde. Les œufs typiques de *Trichuris trichiura* se distinguent par une coque lisse, des protubérances bipolaires bien différenciées et sont unicellulaires (Figure 16 A). Les œufs de *Trichuris leporis* paraissent plus larges et distendus avec un contenu dégénéré. Ces œufs se distinguent de ceux de *Trichuris trichiura* par des protubérances bipolaires pas toujours nettement définies (Figure 16 B). Comme ceux de *Trichuris*, les œufs de *Trichostrongylus axei* sont ovoïdes avec des pôles asymétriques. Leur coque est fine et lisse. Ils renferment une morula, contenant 16 à 32 blastomères (Figure 16 C). Quant aux œufs de *Paraspidodera uncinata*, ils présentent une forme ellipsoïdale avec une coque épaisse et lisse. Ces œufs sont non embryonnés (Figure 16 D).

Sur l'ensemble des 17 échantillons de selles d'Agouti analysés, les œufs de *Trichuris trichiura* ont majoritairement été détectés (7 ; 41,2 %), suivi des œufs de *Trichuris leporis* (5 ; 29,4 %), de *Trichostrongylus axei* (3 ; 17,6 %) et de *paraspidodera uncinata* (2 ; 11,8 %).

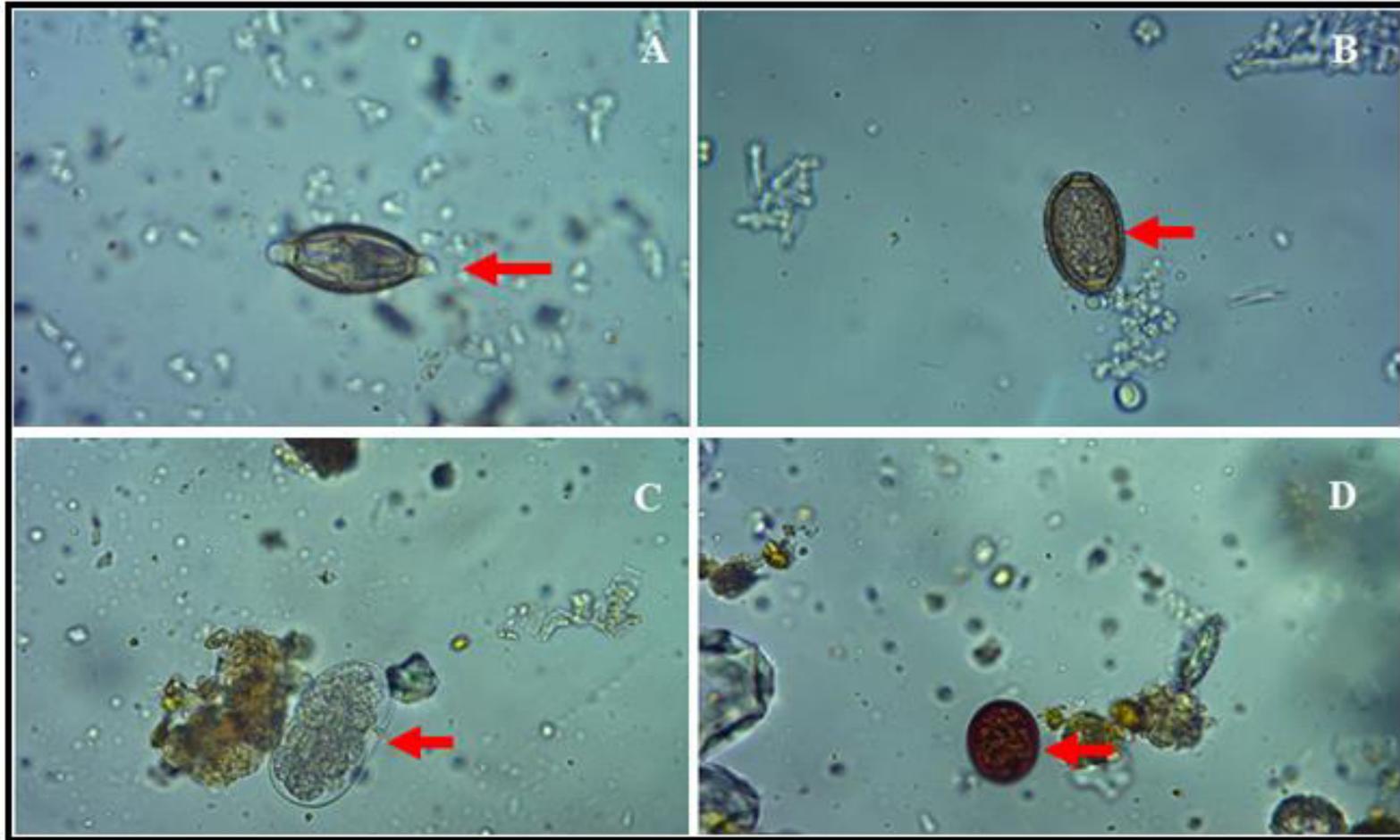


Figure 16: Œufs des parasites isolés des selles de *Thryonomis swinderianus* (Agouti) collectés dans le centre-ouest de la Côte d'Ivoire
A : Œuf de *Trichuris trichiura* ; B : Œuf de *Trichuris leporis* ; C : Œuf de *Trichostrongylus axei* ; D : Œuf de *paraspidodera uncinata*

3.1.3.2. Risques aux infections bactériennes

En plus des parasites intestinaux, l'analyse des échantillons de selles a révélé la présence de bactéries à caractères infectieux. Sur la base des caractéristiques morphologiques et biochimiques, les analyses ont permis de décrire des bactéries Gram négatif à coloration bleu métallique caractérisant le groupe KESC (Figure 17). Ces bactéries appartiennent à la famille des entérobactéries. Des isolats d'*Escherichia coli*, facilement reconnaissables par leur coloration rose, ont également été retrouvés dans la flore bactérienne intestinale des agoutis. Elles sont à Gram négatif. Aussi, l'on y retrouve des infections polymicrobiennes (Figure 17). Afin d'affiner la caractérisation du microbiote intestinal de *Thryonomis swinderianus*, le typage moléculaire de l'ARNr 16 S a été réalisé sur 14 échantillons de selles. Ces ITS sont caractérisés par des fragments d'ADN de 402 paires de bases.

La figure 18 illustre les fragments d'ARNr 16 S amplifié par PCR. Les produits PCR ainsi, obtenus ont été séquencés. A l'issue du séquençage, 13 séquences nucléotidiques ont été obtenues, soit un taux de succès de 92,86 %. L'analyse des séquences du gène ARNr 16 S, en utilisant le programme BLASTn, montrent que les souches bactériennes isolées sont taxonomiquement proches de *Klebsiella* sp, *Enterobacter* sp, *Klebsiella pneumoniae*, *Burkholderia cepacia*, *Neisseria cineria*, *Erwinia endophytica*, *Serratia marcescens* et *Erwinia tasmaniensis* avec des pourcentages d'identité allant de 86,16 à 100 %. Ces espèces sont toutes des entérobactéries. Le tableau XII présente les caractéristiques des séquences obtenues,, après alignement par Megablast, à partir de la base de données NCBI.

La relation phylogénétique des souches bactériennes révèle que le microbiote intestinal de *Thryonomis swinderianus* est composé de deux groupes (groupe A et groupe B) de bactéries (Figure 18). Le groupe A regroupe 61,54 % (n= 8 souches) des souches analysées. Ce groupe est majoritairement composé de souches pathogènes pour l'homme (87,5 % ; en rouge), dont les proches parents sont *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter* sp et *Burkholderia cepacia*. Un isolat du groupe a été identifié comme bactérie non cultivée (en noir). Dans le groupe B, l'on dénombre 5 souches représentant 38,46 % de l'ensemble des souches analysées. Les souches de ce groupe sont génétiquement proches des espèces telles que *Neisseria cineria*, *Erwinia endophytica*, *Klebsiella* sp, *Serratia marcescens* et *Erwinia tasmaniensis*. Les espèces susceptibles de montrer un intérêt en pathologie humaine pour ce groupe sont *Klebsiella* sp et *Serratia marcescens* (Figure 19).

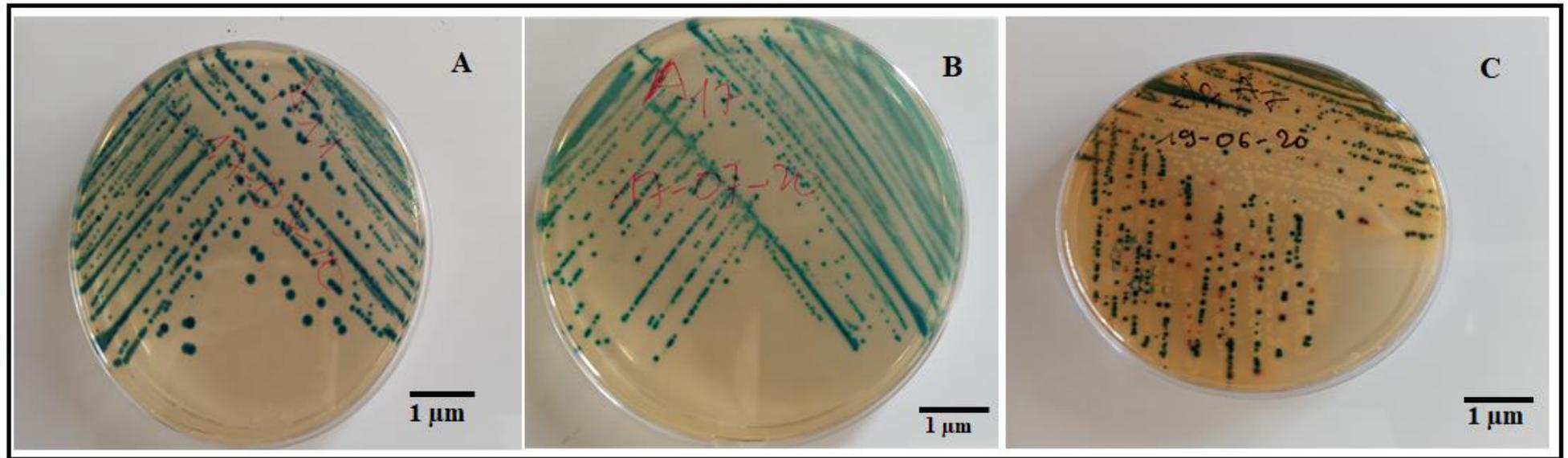


Figure 17: Colonie de bactéries Gram négatif à coloration bleu métallique caractérisant le groupe KESC

KESC : *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Serratia*, *Citrobacter* ; **A et B :** infections monobactériennes au groupe KESC ; **C:** infection polybactérienne

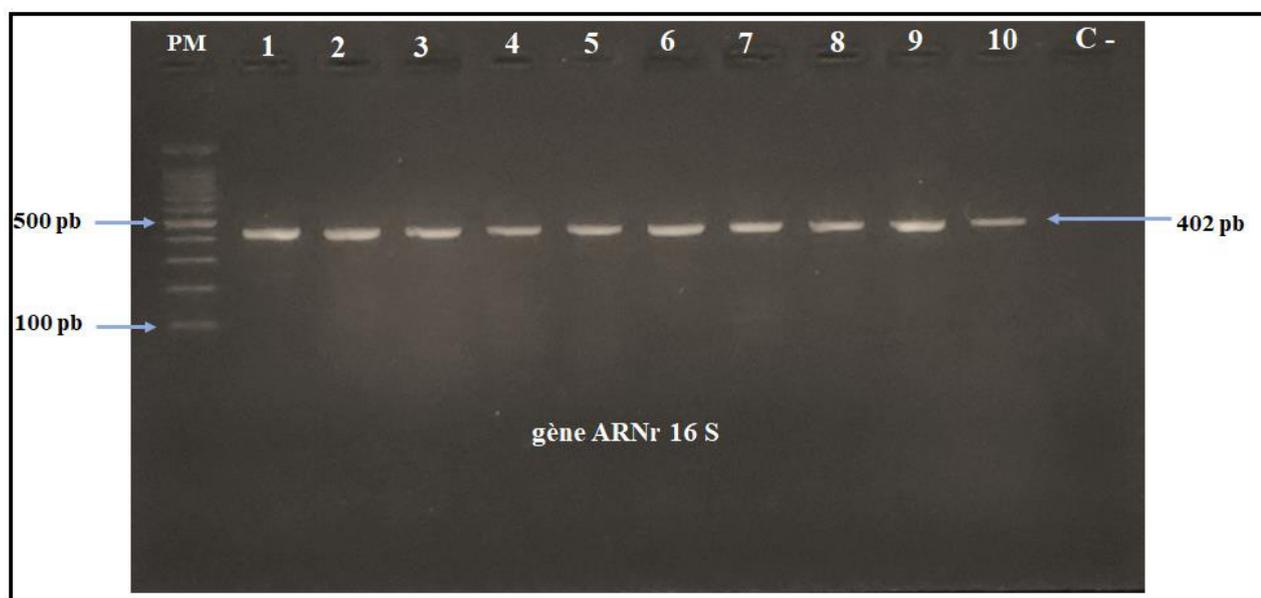


Figure 18: Gel d'électrophorèse montrant les produits d'amplification de la PCR, Observés avec le marqueur ARN 16 S

Tableau XII : Assignment des séquences codantes du gène ARNr 16 S obtenues après alignement sur des séquences de référence de la Genbank, chez la faune mammalienne du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

N°Accession	Isolats	Organismes	Gènes	% Identité	E-value	Long. Séquence (pb)
MT367838	DP1A1S	<i>Erwinia tasmaniensis</i>	ARNr 16 S	98,7	1.10 ⁻¹⁰⁹	232
LT697864.1	DP1A5S	<i>Neisseria cineria</i>	ARNr 16 S	100	3.10 ⁻⁰⁶	218
FN567473.1	DP1A6S	Bacterie non cultivée	ARNr 16 S	100	8,10 ⁻⁰³	245
MH266226.1	DP1A8S	<i>Klebsiella</i> sp	ARNr 16 S	93,78	2,00.10 ⁻⁸⁸	230
GQ471957.1	DP1A11S	<i>Serratia marcescens</i>	ARNr 16 S	100	4,0.10 ⁻¹¹⁰	236
MK775244.1	DP1A13S	<i>Burkholderia cepacia</i>	ARNr 16 S	86,16	7.10 ⁻⁵⁸	237
MN176505.1	DP1A14S	<i>Erwinia endophytica</i>	ARNr 16 S	86,64	6,00.10 ⁻⁴⁴	244
KJ669197.1	B14	<i>Enterobacter</i> sp	ARNr 16 S	100	4,0.10 ⁻¹¹⁵	235
CP018676.1	E1	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	ARNr 16 S	99,56	4,0.10 ⁻¹¹²	230
MT634697.1	E2	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	ARNr 16 S	100	2,0.10 ⁻¹⁰⁷	233
CP034200.2	E3	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	ARNr 16 S	99,13	2,0.10 ⁻¹¹¹	232
DQ185604.1	E4	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	ARNr 16 S	98,51	2,0.10 ⁻⁹³	235
KY079276.1	E5	<i>Enterobacter</i> sp	ARNr 16 S	94,59	2,0.10 ⁻⁰⁴	232

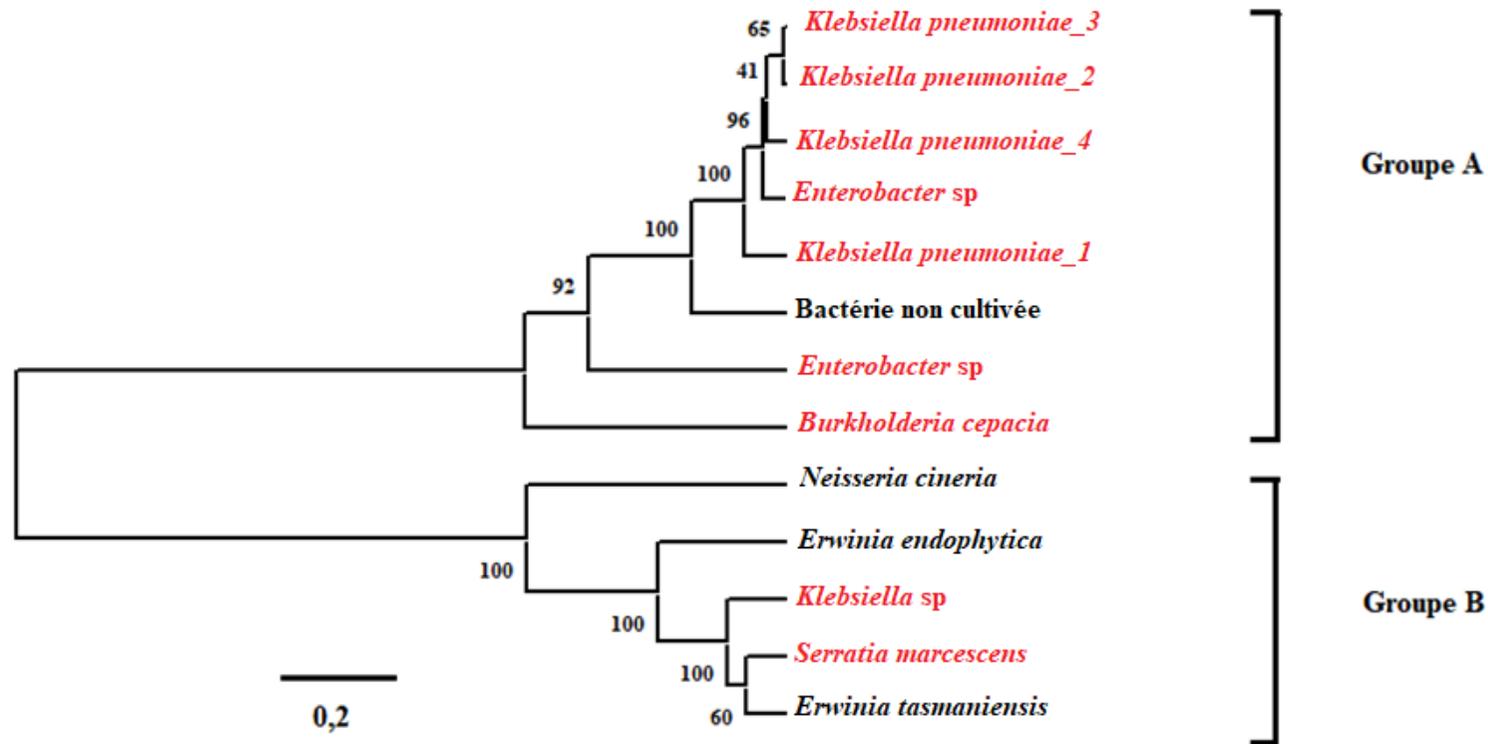


Figure 19: Dendrogramme montrant la relation phylogénétique entre les espèces bactériennes identifiées à partir des séquences du gène ARNr
 En rouge : espèces admises en pathologie humaine ; En noir : espèces non pathogènes pour l'homme ou indéfinie

3.2. Discussion

La chasse illégale, ou le braconnage peut avoir des effets directs sur les populations d'animaux sauvages et des effets indirects sur le fonctionnement, la structure et la composition des écosystèmes dont ils font partie (Nasi *et al.*, 2010). Des preuves des effets de l'appauvrissement existent dans certaines régions d'Afrique où plus de la moitié des mammifères forestiers sont considérés comme étant chassés de manière non durable (Fa *et al.*, 2002, Ripple *et al.*, 2016 ; Wilkie *et al.*, 2019). L'allure ascendante de la courbe d'accumulation des espèces qui tend vers un plateau à la fin de la période d'échantillonnage dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire, atteste que plus d'espèces de mammifères sauvages abattues pourraient être recensées avec un effort d'échantillonnage plus élevé. En outre, les résultats des estimateurs de richesse considérés permettent de déduire qu'avec les sept (07) campagnes d'échantillonnage effectuées, plus de 80 % des espèces de mammifères sont actuellement inventoriées. En effet, les estimateurs Jacknif 1 et Jacknif 2 permettent de prédire une richesse spécifique de 21 espèces contre 18 effectivement observées sur le terrain. Ces résultats indiquent que les méthodes d'échantillonnage utilisées au cours de cette étude seraient satisfaisantes. Cette richesse spécifique est proche de celle obtenue par Gonédélé *et al.* (2017), dans une étude conduite à Dassioko, dans le Sud-Ouest de la Côte d'Ivoire. Ces auteurs ont enregistré une richesse de 17 espèces de mammifères. Cette richesse pourrait être due à la période d'échantillonnage. En effet, la période de Septembre à Avril correspond à la période où le braconnage est le plus pratiqué, contrairement à la période de Mai à Août, période de fortes pluies, consacrée aux activités agricoles. La période de notre enquête, ainsi que les méthodes d'échantillonnages adoptées, sont assez représentatives de la diversité et de l'abondance de la chasse de la viande de brousse dans cette partie de la Côte d'Ivoire. Il apparaît que la faune sauvage communément braconnée et vendue dans les restaurants du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire, est largement composée d'espèces de petits mammifères principalement de l'Ordre des Rongeurs (67,05 % n = 236 spécimens) et dans une moindre mesure de l'Ordre des Lagomorpha (6,53 % ; n = 23 spécimens) comme déjà observé dans d'autres régions de la Côte d'Ivoire (Gonedele *et al.*, 2017). Compte tenu du rôle important des mammifères comme indicateurs clés pour la mesure des impacts anthropiques sur le biote (Ceballos & Ehrlich, 2002 ; Cheyne *et al.*, 2016), et le maintien de la fonctionnalité des écosystèmes par la

dispersion des graines et des fruits, la pollinisation, le recyclage des nutriments et la succession végétale (Davidson *et al.*, 2012 ; Ripple *et al.*, 2015), le braconnage élevé de petites espèces que nous observons témoigne des fortes menaces auxquelles est soumise la faune sauvage de cette partie du pays. En effet, une grande partie de la zone forestière de cette région du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire a été détruite au profit de cultures de rente (café, cacao, hévéa) ou de jachères (Sangne *et al.*, 2015 ; Kouakou *et al.*, 2015) entraînant le prélèvement immédiat de grands mammifères. Le paysage actuel de cette région du pays où sont pratiquées des activités de chasse, est favorable pour la survie des petites espèces (Gonédélé Bi *et al.*, 2017 ; Chabi-Boni *et al.*, 2019). La grande diversité spécifique observée des petits mammifères est en accord avec les études d'Ahmadi *et al.* (2018) qui affirment que les petites espèces sont abattues dans les champs et les jachères à proximité des habitats ruraux alors que les grandes espèces sont abattues dans les réserves et les zones protégées des pays tropicaux, loin des lieux où vivent les chasseurs (Ahmadi *et al.*, 2018). L'espèce la plus souvent braconnée est l'agouti (*Thryonomys swinderianus*), qui représente à elle seule près de la moitié (40,06 %) des animaux sauvages tués et observés dans nos sites d'échantillonnage. Cette espèce est la plus abondante dans tous les sites visités, sauf à Vavoua où l'écureuil fouisseur (*Xerus erythropus*), a été l'espèce la plus rencontrée. Cela confirme les résultats de nos pré-enquêtes qui ont révélé que l'agouti était l'espèce la plus prisée et la plus observée dans le secteur de la viande de brousse, dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire. Ces résultats sont en accord avec les études sur les préférences trophiques de la viande de brousse au Ghana. En effet, l'agouti est l'espèce la plus braconnée et la viande la plus consommée avec une consommation de 73 % dans ce pays (Kuukyi *et al.*, 2014). Cette forte répartition de l'agouti dans tous les sites étudiés pourrait s'expliquer par le fait que la chasse se déroule pour l'essentiel en saison sèche, lorsque les points d'eau sont rares et que seules les rivières et leurs berges attirent les animaux qui viennent s'y abreuver. Conscients de cette situation, les chasseurs de la région ont fait des jachères et des forêts galeries, leurs zones de chasse préférée. Heureusement, les données locales sur la conservation montrent que l'agouti reste abondant en Côte d'Ivoire et ne souffre pas d'extinction. En outre, la recherche est bien avancée pour la domestication des espèces de l'agouti en Afrique de l'Ouest (Falade *et al.*, 2010 ; Ibitoye *et al.*, 2019). Lorsque l'exploitation de la faune sauvage n'est pas contrôlée, comme c'est le cas ici dans cette étude, les conséquences pour les populations animales et la biodiversité sont désastreuses.

La diversité spécifique des mammifères sauvages abattus dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire, traduite par les différentes valeurs des indices, attestent une perte importante de la richesse faunistique sauvage dans cette partie de la Côte d'Ivoire. Ceci, pourrait s'expliquer par la préférence de la viande de brousse par les populations urbaines comparée à la viande domestique (Williamson & Backer, 2017 ; Chabi-Boni *et al.*, 2019). Selon Gonédélé Bi *et al.* (2017), la perte de la biodiversité faunistique sauvage serait liée à une dépendance accrue de nombreux ménages aux ressources de la faune sauvage pour leur subsistance et comme sources de revenus.

Cette étude montre que les populations juvéniles et les femelles gravides ne bénéficient pas d'un traitement préférentiel de la part des chasseurs. Elles sont abattues de la même manière que les adultes et les femelles non gestantes, même si les proportions restent statistiquement non significatives. Ceci a déjà été observé par d'autres auteurs travaillant sur la conservation de la biodiversité de la faune et des ressources cynégétiques en Côte d'Ivoire (Dufour *et al.*, 2015). Les animaux abattus sans distinction de sexe, d'âge ou d'état physiologique, exacerbés par une surexploitation notable empêchant la reconstitution des populations, provoquent l'extinction des espèces. En plus, des préoccupations démographiques concernant les petites populations, la prévalence du braconnage fondée sur l'âge et le sexe peut contraster avec la durabilité des écosystèmes (Corlatti *et al.*, 2019).

Les résultats de cette étude montrent également que le fusil est l'outil de chasse le plus utilisé dans le Centre-Ouest du pays. Ces résultats sont contraires à ceux obtenus près de la Réserve de Dassioko où l'utilisation de collets était la méthode de chasse la plus utilisée (Gonédélé *et al.*, 2017). Ces résultats pourraient s'expliquer par le fait que la crise socio-politique qui a connu le pays a été ressentie surtout dans l'Ouest et le Centre-Ouest du pays. Cela a conduit à la prolifération des fusils de chasse, notamment l'utilisation d'outils de chasse plus modernes. Ces résultats sont conformes à la conclusion de l'atelier sur l'état général de la forêt et de la faune, et les ressources en eau en Côte d'Ivoire (Dufour *et al.*, 2015).

Bien que la majorité des espèces rencontrées soient considérées comme étant peu impactées par la chasse, selon l'UICN et les statuts nationaux et locaux, les espèces Céphalophe à bande dorsale noire (*Cephalophus dorsalis*), le pangolin (*Manis tricuspis*) et la chauve-souris (*Eidolon helvum*) font partie des catégories menacées car les lois sur la chasse ne sont pas respectées. La forte pression de chasse comme constatée dans cette étude, a fait évoluer le

statut de conservation de certaines espèces comme c'est le cas pour *Cephalophus dorsalis*, qui, selon UICN (2014) était classée dans la catégorie des espèces quasi-menacées (Dufour *et al.*, 2015) est actuellement considérée comme une espèce en danger.

L'identification précise des espèces de gibiers présents sur les marchés de viande de brousse est une question cruciale pour les acteurs impliqués dans la conservation de la biodiversité animale et le contrôle des activités liées au commerce de la viande de brousse (Ogden *et al.*, 2009).

En effet, une grande partie de la viande de brousse est vendue sous forme de carcasses ou de morceaux de viande découpée ou boucanée, ce qui rend difficile voire impossible l'identification des espèces. Sous-estimer la diversité des espèces vendues sur les marchés de viande de brousse sous différentes formes a pour conséquence de sous-estimer le nombre et la biomasse des espèces de gibiers impactées par l'activité de chasse et le commerce. La possibilité d'identifier les produits de la faune mammalienne à partir d'outils de génétique moléculaire, en référence à des bases de données génomiques mondiales (Ross *et al.*, 2003 ; Ratnasingham & Hebert, 2007) est une solution innovante dans la quantification du danger que subit la faune sauvage en générale.

Dans cette étude, l'analyse moléculaire utilisant les marqueurs mitochondriaux a permis d'obtenir un taux d'amplification global de 67,47 % avec plus de 90 % de succès d'amplification avec les marqueurs COI et Cytb. Ces résultats sont en accord avec ceux obtenus par Gaubert *et al.* (2015). En effet, pour ces deux marqueurs, ces auteurs ont obtenu un taux de succès de 92,71 %. Des taux d'amplification remarquablement faibles sont obtenus avec les marqueurs 16 S et 12 S. Ces faibles taux pourraient s'expliquer par de nombreux facteurs tels que le nombre de discordances entre les espèces utilisées pour identifier les régions conservées à partir desquelles les amorces ont été conçues, la teneur en GC du gène et la région amplifiée, les dinucléotides dans la région de l'amorce, le degré de conservation des protéines codées, la longueur des amorces et le degré de distance évolutive entre les espèces de cette étude et les espèces souches (Housley *et al.*, 2006 ; Gaubert *et al.*, 2015). Selon Sila-Neto *et al.* (2016), l'une des principales étapes de l'élaboration d'un protocole précis d'analyse génétique est le choix d'un secteur approprié du génome pour l'analyse, qui garantira un diagnostic fiable. Dans le génome mitochondrial des mammifères, le COI et le Cyt b sont des gènes qui évoluent plus lentement en termes de mutations non synonymes, ce qui les rend très appropriés pour le diagnostic des signatures génétiques uniques des espèces (Sila-Neto *et al.*, 2016).

Dans cette étude, 15 espèces de mammifères ont été discriminées avec le gène Cyt b et 12 espèces avec le gène COI. Ces résultats montrent que le gène Cyt b est le plus résolutif. Des études similaires ont montré que le marqueur Cyt b est le plus performant dans l'identification moléculaire des espèces de mammifères (Eaton *et al.*, 2010 ; Olayemi *et al.*, 2012 ; Naidu *et al.*, 2012 ; Gaubert *et al.*, 2014). Toutefois, le marqueur COI, en complémentarité avec le Cyt b, a permis d'identifier certaines espèces à de très fort taux de similarité. Des imprécisions dans l'affectation des espèces ont été observées chez *Cephalophus*.

En effet, *Cephalophus dorsalis* identifiée morphologiquement, a été simplement confirmée pour son appartenance au genre *Cephalophus*. Comme évoqué par Munch *et al.* (2008), cette imprécision pourrait s'expliquer par la faible représentation de la diversité intraspécifique dans la Genbank.

Les divergences observées dans cette étude seraient dues à plusieurs facteurs tels que l'insuffisance de données génomiques sur certaines espèces dans les bases de données publiques qui devraient être actualisées, l'identification erronée des espèces et l'état boucané de certaines espèces étudiées.

Le typage moléculaire s'avère très utile pour résoudre la confusion taxonomique des spécimens boucanés, des espèces cryptiques et corriger des erreurs d'identification sur le terrain. En outre, un ensemble de spécimens boucanés et vendus dans notre zone étude comme étant *Cephalophus dorsalis*, *Phylantomba maxwellii* et *Phacochoerius africanus* sont en réalité des spécimens de *Tragelaphus scriptus* (Guib anarché) selon les informations recueillies auprès de nos acteurs de la filière viande de brousse. Ces informations ont été confirmées par le spécimen sensé être *Phacochoerius africanus*, qui après l'analyse de ses séquences nucléotidiques a été attribué à l'espèce *Tragelaphus scriptus*. Ces observations trouvent leur explication dans les croyances des populations du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire. En effet, le Guib arnaché est perçu comme une espèce toteme pour ces populations car elle serait l'espèce préférentielle pour des pratiques mystiques. Ainsi, les restauratrices, pour augmenter leur marge de revenus, écoulent leur stock au prix d'autres gibiers. Cette assertion est soutenue par les travaux de Gaubert *et al.* (2015). Ces auteurs, dans leur étude ont soupçonné que les commerçants augmentent leurs revenus en vendant des animaux domestiques (porcs) au prix de gibiers sauvages aux musulmans dans le Sud-Ouest du Nigéria. D'autres discordances entre l'identification morphologique et l'identification moléculaire ont également été observées dans cette étude, avec des spécimens boucanés difficilement distinguables à l'œil nu aux espèces

étroitement apparentées. C'est le cas de *Héliosciurus* sp morphologiquement identifiée et *Funisciurus* sp attribuée par ADNmt. Ce résultat pourrait s'expliquer par l'hybridation naturelle entre espèces, le tri incomplet des lignées ou la mauvaise délimitation des frontières entre espèces (Gongora *et al.*, 2011).

Cette étude a révélé un autre cas de divergence ; celui de spécimen non identifié (inconnu) que le marqueur Cyt b a attribué à l'espèce *Eidolon helvum*. Le même cas de figure a été mis en évidence par l'étude d'Olayemi *et al.* (2012) chez *Cricetomys gambianus* avec le gène Cyt b.

L'analyse phylogénétique des séquences de la région de contrôle des gènes mitochondriaux a permis de regrouper avec succès, dans des taxons cibles, les spécimens collectés de viande de brousse.

Par ailleurs, des variants génétiques ont été observés à l'intérieur des taxons obtenus. Cette variabilité serait due à l'origine probable de nombreux taxons qui ont formé les cibles de cette étude ou de l'hybridation de taxons frères. Ces résultats corroborent ceux d'Ekrem *et al.* (2007) qui ont montré par l'analyse phylogénétique, l'existence de taxons non monophylles. Selon ces auteurs, pour évaluer l'ampleur de la variabilité génétique au sein d'une même espèce donnée, il serait judicieux de prélever des échantillons dans une large gamme géographique.

La viande de brousse est une source d'alimentation et de revenus pour de nombreuses populations d'Afrique sub-saharienne (Williamson & Backer, 2017). Cependant, elle peut avoir des effets néfastes sur la santé des populations lorsque la chasse, le transport, les manipulations et la cuisson ne suivent pas les pratiques de sécurité alimentaire (Van Vliet *et al.*, 2017).

Ainsi, l'étude du risque sanitaire à partir de l'analyse des échantillons de selles d'agouti a révélé la présence d'une diversité de microorganismes chez ces animaux notamment, des parasites et des bactéries. Quatre espèces de parasite ont été identifiées. Il s'agit de *Trichuris trichiura*, *Trichuris leporis*, *Trichostrongylus axei* et *paraspidodera uncinata*. Parmi celles-ci, *Trichuris trichiura* et *Trichostrongylus axei*, détectées à des taux de 41,2 % et 17,6 % respectivement, sont des espèces pathogènes pour l'homme.

En Effet, *Trichuris trichiura* est un nématode responsable de la trichocéphalose chez l'Homme. Selon l'OMS, ce parasite infecterait plus d'un milliard de personnes dont 220 millions seraient gravement atteintes parmi lesquelles mille en décèdent chaque année (OMS, 2011). La trichocéphalose est une parasitose cosmopolite, le plus souvent sans aucun symptôme. Dans les pays tropicaux, les régions rurales pauvres en situation de péril fécal,

l'infestation peut être massive et grave, notamment chez les enfants (Sunkara *et al.*, 2018). *Trichostrongylus axei* est un ver parasite intestinal, généralement retrouvé chez des ruminants, des oiseaux et des rongeurs primitifs, dont la répartition est mondiale (Anderson, 2000 ; Audebert & Durette-Desset, 2007). Chez ces hôtes, elle provoque un appétit diminué et une perte de poids progressive. En Afrique, cette espèce est le principal parasite de son genre (Smith, 2018). Des études récemment conduites en Thaïlande ont signalé une infection à l'homme (Phosuk *et al.*, 2013). Les infections humaines semblent coïncider avec un contact étroit avec des animaux infectés (Phosuk *et al.*, 2013). Les humains infectés présentent des maux d'estomac, des ballonnements abdominaux, de la diarrhée et de l'éosinophilie, qui est un trouble sanguin par augmentation des éosinophiles (Lattes *et al.*, 2011 ; Wall *et al.*, 2011). La présence et la diffusion de *Trichuris trichiura* et *Trichostrongylus axei* dans la population des animaux sauvages en général et particulièrement chez l'agouti, constituent un risque sanitaire en cas de contact avec ces animaux. Le caractère zoonotique pour ces deux pathogènes mérite donc une attention particulière. Concernant les espèces *Trichuris leporis* et *paraspidodera uncinata*, bien qu'une infection humaine n'ait jamais été démontrée, elles sont responsables de graves infections chez les animaux. Une forte infestation peut provoquer de l'anorexie, de la diarrhée et une perte de poids associée à un pelage rêche, qui pourrait avoir de conséquences graves sur la survie des animaux, donc une menace pour la biodiversité (Schoeb *et al.*, 2007 ; Bartholds *et al.*, 2016).

Des infections bactériennes dues à des espèces telles que *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter* sp, *Serratia marcescens*, *Burkholderia cepacia*, *Neisseria cineria*, *Erwinia tasmaniensis* et *Erwinia endophytica* ont été détectées. Le profil bactérien obtenu est dominé par des espèces appartenant à la famille des entérobactéries et connues pour leur caractère pathogène chez l'Homme. Il s'agit des espèces du genre *Klebsiella*, *Enterobacter* sp, *Burkholderia cepacia* et *Neisseria cineria*. *Klebsiella pneumoniae* est l'espèce la plus représentée de cette famille avec une occurrence de 38,46 % (chez 5 échantillons sur les 13 séquences analysées). Cette espèce a été médicalement reconnue comme l'un des pathogènes opportunistes les plus importants, causant des infections du système pulmonaire, des voies urinaires, du système circulatoire et des tissus mous, acquises à l'hôpital ou associées aux soins de santé, dans le monde entier (Hou *et al.*, 2015). Par ailleurs, Vincent *et al.* (2010) et Jakobsen *et al.* (2011) ont mis en évidence la présence de souches de *Klebsiella* dans les selles d'animaux domestiques. Cette étude semble être la première à mettre en évidence la présence de *Klebsiella pneumoniae* chez des animaux

sauvages en Côte d'Ivoire. La présence de bactéries pathogènes pour l'homme dans les selles des animaux sauvages montre un caractère zoonotique des infections bactériennes.

La présence de « bactéries non cultivées » dans les selles, révélée par cette étude pourrait s'expliquer par l'absence de données génomiques, ciblant la région codante de la séquence du gène d'ARN ribosomique.

**CONCLUSION, PERSPECTIVES ET
RECOMMANDATIONS**

CONCLUSION

L'étude des animaux sauvages braconnés dans le Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire avait pour objectifs d'identifier les espèces, de la faune cynégétique mammalienne, présentes sur les marchés de viande de brousse et dans les restaurants par typage moléculaire, de quantifier la perte de biodiversité liée au braconnage et d'estimer les risques sanitaires liés à la consommation de viande de brousse.

Cette étude a permis d'identifier sur la base morphologique 18 espèces de mammifères dans les 7 localités visitées du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire. Ces spécimens rencontrés pour certains à l'état boucané ou morcelé, rendant ainsi l'identification difficile voire impossible, ont subi une analyse moléculaire utilisant quatre marqueurs mitochondriaux qui ont permis de confirmer ou d'infirmer l'identité des spécimens rencontrés. Un taux de succès de plus de 90 % d'amplification a été observés avec les marqueurs COI et Cytb sur les quatre utilisés. Ces deux marqueurs sont dans le génome mitochondrial des mammifères, des gènes qui évoluent le plus lentement en termes de mutations non synonymes, ce qui les rend très appropriés pour le diagnostic des signatures génétiques uniques des espèces. L'état des spécimens, frais ou boucané, n'a pas influencé l'amplification. Cette étude montre que le gène Cyt b est le plus performant pour l'identification moléculaire des espèces de mammifères. Toutefois, le marqueur COI, en complémentarité avec le Cyt b permet d'identifier certaines espèces à de très fort taux de similarité, permettant ainsi l'occasion de corriger certaines divergences dans l'identification des espèces.

De plus, l'analyse phylogénétique des séquences de la région de contrôle des gènes mitochondriaux a permis également de regrouper avec succès dans des taxons réels, les spécimens de faune sauvage collectés. Ces spécimens rencontrés après confirmation de leur identité par séquençage, ont été regroupés en huit ordres taxonomiques. L'ordre des Rongeurs est le plus largement représenté et l'agouti *Thryonomys swinderianus* est l'espèce majoritaire. Plus de la moitié des spécimens rencontrés sont des animaux de petites tailles et les prélèvements de chasse sont non sélectifs témoignant ainsi de l'existence d'une pression exercée sur les espèces de cette faune. Les principales causes de la rareté de la faune en Côte d'Ivoire sont la chasse illégale à des fins commerciales. Malgré l'interdiction de la chasse depuis 1974, le braconnage a toujours lieu, au-delà des limites des zones protégées avec des

méthodes diverses, le fusil étant le plus observé pour cette étude. Tous ces moyens et méthodes de chasse ne favorisent pas une gestion durable de la biodiversité de la faune sauvage. Bien que la majorité des espèces rencontrées soient considérées comme étant de moindre vulnérabilité selon l'UICN ainsi que les statuts nationaux et locaux, les espèces *Cephalophus dorsalis*, *Manis tricuspis* et *Eidolon helvum* font partie des catégories menacées et méritent donc une attention particulière.

Cette étude a permis également de mettre en exergue les risques sanitaires liés à la consommation de la viande de brousse à travers les pratiques de la manipulation des animaux sauvages tués et l'analyse des échantillons de selles d'agouti. Elle a montré qu'aucune précaution liée à la manipulation de la viande n'a été observée durant cette campagne et révèle la présence d'une diversité de microorganismes chez ces animaux, notamment, des parasites et des bactéries pathogènes pour l'homme.

L'espèce *Trichuris trichiura*, responsable de la trichocéphalose, une parasitose cosmopolite le plus souvent sans aucun symptôme et classée parmi les maladies tropicales négligées selon l'OMS dans les pays tropicaux, est la plus détectée au niveau des parasites intestinaux.

Le profil bactérien obtenu est dominé par des espèces appartenant à la famille des entérobactéries et connues pour leur caractère pathogène chez l'Homme. *Klebsiella pneumoniae* est l'espèce la plus représentée de cette famille. Cette espèce est médicalement reconnue comme l'un des pathogènes opportunistes les plus importants, causant des infections du système pulmonaire, des voies urinaires, du système circulatoire et des tissus mous, acquises à l'hôpital ou associées aux soins de santé, dans le monde entier. Bien que certains auteurs aient mis en évidence dans leurs études la présence de souches de *Klebsiella* dans les selles d'animaux domestiques, cette étude met en évidence, pour la première fois, la présence de *Klebsiella pneumoniae* chez des animaux sauvages en Côte d'Ivoire. La présence d'agents pathogènes pour l'homme dans les selles des animaux sauvages montre un caractère zoonotique de ces parasites et bactéries.

Pour certaines espèces parasitaires et bactériennes, bien qu'aucune infection humaine n'ait été démontrée, elles sont responsables de graves infections chez les animaux où une forte infestation pourrait cependant provoquer de l'anorexie, de la diarrhée et une perte de poids associée à un pelage rêche, ce qui pourrait avoir de conséquences graves sur les populations animales voire une perte de la biodiversité.

PERSPECTIVES

Dans le but d'approfondir les connaissances sur la diversité de la faune mammalienne braconnée pour une meilleure gestion et conservation de la faune sauvage, il serait bon de :

- mener cette étude à tous les niveaux de l'organisation de la filière viande de brousse dans toutes les régions de la Côte d'Ivoire pour une bonne cartographie des pertes de la biodiversité animale sauvage ;
- élaborer un modèle de suivi épidémiologique auprès des différents acteurs de la filière viande de brousse intégrant les secteurs de la santé publique et de la santé vétérinaire pour une santé unique communément appelé « *One Health* »;
- élaborer un protocole de sécurité sanitaire avec toutes les précautions pour étudier les virus zoonotiques à l'échelle de la région de Daloa et au niveau national ;
- mettre en place une banque de données de séquences génomiques des pathogènes zoonotiques au niveau national.

RECOMMANDATIONS

Il est indéniable que l'état de conservation de la biodiversité des espèces sauvages sera toujours menacé par la chasse illégale. De plus, la présence de bactéries et parasites et virus pathogènes pour l'homme chez les animaux sauvages est une réalité au regard de l'actualité de la maladie à Covid-19.

C'est pourquoi, nous recommandons :

- aux autorités en charge de la gestion et de la conservation de la faune de :
 - couvrir officiellement la chasse par des mesures de contrôle moderne pour une gestion durable de la biodiversité de la faune sauvage ;
 - promouvoir l'élevage et la domestication des animaux sauvages les plus prisés par les populations pour la pérennisation de ces espèces au niveau sauvage ;
 - mener des campagnes de sensibilisation auprès des acteurs de la filière viande de brousse sur les risques sanitaires auxquels ils s'exposent lorsque la chasse, le transport, les manipulations et la cuisson des animaux sauvages ne suivent pas les pratiques de sécurité;

- aux écologistes, biologistes de la conservation, autorités sanitaires et vétérinaires à unir leur force et leurs moyens dans le sens d'une santé unique encore appelé *One Health*.

REFERENCES

-
- Adou D.L. (2012). L'économie de plantation et la dynamique de peuplement dans la région du Haut-Sassandra, Thèse unique de doctorat en géographie, Université Félix Houphouët-Boigny (Abidjan-Cocody, Côte d'Ivoire), 286 p.
- Ahmadi S., Maman S., Zoumenou R., Massougbodji A., Cot M., Glorennec P. & Bodeau-Livinec F. (2018). Hunting Sale and Consumption of Bushmeat Killed by Lead-Based Ammunition in Benin. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 15, 1140.
- Aké-Assi L. (2001). Flore de la Côte-d'Ivoire: catalogue systématique, biogéographie et écologie I *Boissiera*, 57 : 1-396.
- Allan B.F., Keesing F. & Ostfeld R.S. (2003). Effect of forest fragmentation on Lyme disease risk. *Conservation Biology* 17 : 267-272.
- Allen C.D., Macalady A.K., Chenchouni H., Bachelet D., McDowell N., Vennetier, M. & Gonzalez P. (2010). A global overview of drought and heat-induced tree mortality reveals emerging climate change risks for forests. *Forest ecology and management*, 259(4) : 660-684.
- Altschul S.F., Gish W., Miller W., Myers E.W. & Lipman D.J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of molecular biology*, 215(3) : 403-410.
- Alves R.R.N., Feijó A., Barboza R.R.D., Souto W.M.S., Fernandes-Ferreira H., Cordeiro-Estrela P. & Langguth A. (2016). Game mammals of the Caatinga biome. *Ethnobiology and Conservation*, 5 : 1-51.
- Anderson R.C. (2000). Nematode parasites of vertebrates: their development and transmission. 2nd edition, New York, 71(4) : 232-239.
- Ankomah P.K. & Crompton J.L. (1990). Unrealized tourism potential: The case of sub-Saharan Africa. *Tourism Management*, 11(1) : 11-28.
- Ape A. (2006). Recipes for survival: controlling the bushmeat trade. WSPA, London.
- Audebert F., & Durette-Desset M.C. (2007). Do lagomorphs play a relay role in the evolution of the Trichostrongyline nematodes?. *Parasite*, 14(3) : 183-197.
- Baker C.S. (2008). A truer measure of the market: the molecular ecology of fisheries and wildlife trade. *Molecular Ecology*, 17 : 3985-3998.

-
- Baker C.S., Dalebout M.L., Lento G.M. & Funahashi N. (2002). Gray whale products sold in commercial markets along the pacific coast of Japan. *Marine Mammal Science*, 18 : 295-300.
- Barthélémy D, Borie J.M, Couterun P, Bousquet B, Burthey F, Deshayes M, Ellsasser K, Ouedraogo I. & Bedel J. (1988). Parc national de la Marahoué. Etude préalable à un aménagement du parc et de sa zone périphérique. Paris : ENGREF, 124 p.
- Barthold SW, Griffey SM, Percy DH. 2016. Pathology of laboratory rodents and rabbits. 3a ed. Oxford: Blackweel Publishing. 371p.
- Bennett E.L. & Robinson J.G. (2000). Hunting of Wildlife in Tropical Forests: Implications for Biodiversity and Forest Peoples. Global Environment Division, The World Bank, Washington, D.C, 20433, USA, 42p.
- Béné. J.C.K., Kouakou C.V., Bamba K., Zadou D.A. & Kouakou Y.V. (2019). Importances Socioculturelles Et Économiques Des Singes Des Fragments De Forêts Sacrées Pour Les Populations Riveraines De Gbétitapéa, Centre-Ouest De La Côte d'Ivoire. *European Scientific Journal* 15(36) : 344-363.
- Berry S.E., Valdes A.M., Drew D.A., Asnicar F., Mazidi M., Wolf J. Capdevila J., Hadjigeorgiou G., Davies R., AL Khatib H., Bonnett, C., Ganesh S., Bakker E., Hart D., Mangino M., Merino J., Linenberg I., Wyatt P., Ordovas J.M., Gardner C.D., Delahanty L.M., Chan A.T., Segata N., Franks P.W. & Spector T.D. (2020). Human postprandial responses to food and potential for precision nutrition. *Nature Medicine*, 1-10 p.
- Binot A. & Cornelis D. (2004). Synthèse bibliographique du secteur « viande de brousse » au Gabon. Rapport final CIRAD-EMVT n° 04-14. Montpellier, France. *ECONAP/Biodiversité. Animale*. 105p.
- Birstein V.J., Doukakis P., Sorkin B. & DeSalle R. (1998). Population aggregation analysis of three caviar producing species of sturgeons and implications for the species identification of black caviar. *Conservation Biology*, 12 : 766-775.
- Bodeau-Livinec F., Glorennec P., Cot M., Dumas P., Durand S., Massougbojji A., Ayotte P. & Le Bot B. (2016). Elevated Blood Lead Levels in Infants and Mothers in Benin and Potential Sources of Exposure. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 13(3) : 316.

-
- Bouadi K.R. & Tié.Bi R.G.G. (2019). Dynamique des activités humaines et risques de destruction du patrimoine archéologique en Côte d'Ivoire: le cas des zones d'Issia et de Toumodi. *Revue Ivoirienne des Sciences Historiques*, (5) : 8-24.
- Brashares J.S., Golden C.D., Weinbaum K.Z., Barrett C.B. & Okello G.V. (2011). Economic and geographic drivers of wildlife consumption in rural Africa. *Proceedings National Academy of Sciences of USA*, 108 : 13931-13936.
- Brugière D. & Magassouba B. (2009). Pattern and sustainability of the bushmeat trade in the Haut Niger National Park, Republic of Guinea. *African Journal of Ecology*, 47 : 630-639.
- Brugere-Picoux J. & Kodjo A. (2007). News on emerging and resurging zoonoses. *Bulletin de l'academie veterinaire de France*, 160 : 279-288.
- Burnham K.P. & Overton W.S. (1979). Robust estimation of population size when capture probabilities vary among animals. *Ecology*, 60(5) : 927-936.
- Callaway T.R., Carr M.A., Edrington T.S., Anderson R.C. & Nisbet D.J. (2009). Diet, Escherichia coli O157: H7, and cattle: a review after 10 years, *Molecular biology*, 11: 67-80.
- Caspary H.U., Koné I., Prouot C. & De PAW M. (2001). La chasse et la filière viande de brousse dans l'espace Taï, Côte d'Ivoire. *Tropenbos Côte d'Ivoire*, vol. : 188 p.
- Ceballos G. & Ehrlich P.R. (2002). Mammal population losses and the extinction crisis. *Science*, 296(5569) : 904-907.
- Chabi-Boni S.D., Natta A.K., Nago S.G.A. & Mensah G.A. (2019). Diversité des Espèces de Faunes Chassées et Impact sur la Biodiversité Animale (Nord-Ouest du Bénin). *European Scientific Journal*, 15 : 1857-7881.
- Chan J.F. & Goodwin P.H. (1995). Extraction of genomic DNA from extracellular polysaccharide-synthesizing gram-negative bacteria. *BioTechniques*, 18(3) : 418-422.
- Chardon H & Brugere H. (2014). Usage des antibiotiques en élevage et filières viandes. Bercy-PARIS : Centre d'Information des Viandes, 36 p.
- Chardonnet P. (1995). Faune sauvage africaine. La ressource oubliée. Commission européenne, Fondation Internationale pour la Sauvegarde de la Faune, CIRAD-EMVT. Tomes 1 & 2. - Bruxelles, Belgique et Luxembourg, 704 p.

-
- Chaves W.A., Monroe M.C. & Sieving, K. E. (2019). Wild meat trade and consumption in the Central Amazon, Brazil. *Human Ecology*, 47(5) : 733-746.
- Cheyne S.M., Sastramidjaja W.J., Rayadin Y. & Macdonald D.W. (2016). Mammalian communities as indicators of disturbance across Indonesian Borneo. *Global ecology and conservation*, 7 : 157-173.
- Chippaux J.-P. (2006). Les serpents d'Afrique occidentale et centrale. IRD, Paris, 311 p.
- Chirio L. & Lebreton M. (2007). Atlas des reptiles du Cameroun. MNHN/IRD, 686 p.
- Cleaveland S., Haydon D.T. & Taylor L. (2007). Overviews of Pathogen Emergence: Which Pathogens Emerge, When and Why? *Current Topics in Microbiology and Immunology*, 315 : 85-111.
- Cobey S. & Lipsitch M. (2012). Niche and neutral effects of acquired immunity permit coexistence of pneumococcal serotypes. *Science*, 335(6074) : 1376-1380.
- Codjia J.T.C. & Assogbadjo A.E. (2004). Faune sauvage mammalienne et alimentation des populations holli et fon de la forêt classée de la Lama (Sud-Bénin). *Cahiers Agricultures*, 13(4) : 341-347.
- Cohen N. & Arieli T. (2011). Field research in conflict environments: Methodological challenges and snowball sampling. *Journal of Peace Research*, 48(4) : 423-435.
- Connaughton K.P. (1979). Income and employment multipliers for gauging the economic impact of alternative levels of forest service timber harvest in northern California.
- Corlatti L., Sanz-Aguilar A., Tavecchia G., Gugiatti, A., & Pedrotti, L. (2019). Unravelling the sex-and age-specific impact of poaching mortality with multievent modeling. *Frontiers in zoology*, 16(1) : 20 p.
- Cottontail V., Wellinghausen N. & Kalko E. (2009). Habitat fragmentation and haemoparasites in the common fruit bat, *Artibeus jamaicensis* (Phyllostomidae) in a tropical lowland forest in Panamá. *Parasitology* 136 : 1133-1145.
- Covey R. & McGraw W.S. (2014). Monkeys in a West African bushmeat market: implications for cercopithecoid conservation in eastern Liberia. *Tropical Conservation Science*, 7 : 115-125.
- Crhanova M., Hradecka H., Faldynova M., Matulova M., Havlickova H., Sisak F. & Rychlik I. (2011). Immune response of chicken gut to natural colonization by gut microflora

- and to *Salmonella enterica* serovar enteritidis infection. *Infection and immunity*, 79(7) : 2755-2763.
- Cronk, Q., & Ojeda, I. (2008). Bird-pollinated flowers in an evolutionary and molecular context. *Journal of experimental botany*, 59(4) : 715-727.
- Czudek, R. (2001). Utilisation rationnelle de la faune sauvage en Afrique. Moyen de la conservation des ressources naturelles et de leur diversité biologique, de l'amélioration de la sécurité alimentaire et du développement rural. *Document de Travail sur Gestion de la Faune Sauvage (FAO)*. (1): 39p.
- D' Costa. B., Halmos B., Kumar A., Schumer S.T., Huberman M.S., Boggon T.J. & Kobayashi, S. (2007). BIM mediates EGFR tyrosine kinase inhibitor-induced apoptosis in lung cancers with oncogenic EGFR mutations. *PLoS Med*, 4(10), e315.
- Dajoz R. (1985). Répartition géographique et abondance des espèces du genre *Triplax* Herbst (Coléoptères, Erotylidae). *L'Entomologiste (Paris)*, 41(3) : 133-141.
- Dardel F. & Képes F. (2002). Statistiques et séquences. *Bioinformatique, Génomique et post-génomique*. Les éditions de l'école polytechnique 91128 Palaiseau Cedex, (Paris, France).
- Daszak P., Cunningham A.A. & Hyatt A.D. (2000). Emerging infectious diseases of wildlife-threats to biodiversity and human health. *science*, 287(5452) : 443-449.
- Davidson A.D., Detling J.K. & Brown J.H. (2012). Ecological roles and conservation challenges of social, burrowing, herbivorous mammals in the world's grasslands. *Frontiers in Ecology and the Environment* 10 : 477-486.
- Davies R. & Wales A. (2019). Antimicrobial resistance on farms: a review including biosecurity and the potential role of disinfectants in resistance selection. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 18(3) : 753-774.
- De Merode E., Homewood K. & Cowlishaw G. (2004). The value of bushmeat and other wild foods to rural households living in extreme poverty in Democratic Republic of Congo. *Biological Conservation*, 118 : 573-581.
- De Souza M.P., Huang C.P.A., Chee N., & Terry N. (1999). Rhizosphere bacteria enhance the accumulation of selenium and mercury in wetland plants. *Planta*, 209(2) : 259-263.

-
- Dedet V., Chardon H. & Brugère H. (2013). Encéphalopathies spongiformes des ruminants et santé publique. *Centre d'Information des Viandes*, Novembre 2013 (Paris, France), 56p.
- Degbe M., Tete-Benissan A., Maman H., Kulo A., Batawui B., Aklikokou K. & Gbeassor M. (2018). Epidémiologie de la toxoplasmose au Togo: facteurs de risque dans la capitale et ses agglomérations. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 12(1) : 479-490.
- Delarras C. (2007). Microbiologie pratique pour le laboratoire d'analyses ou de contrôle sanitaire. Tome II. Aliments. Produits cosmétiques. Eaux, Produits pharmaceutiques, LAVOISIER, 476 p.
- Dobson C.M. (2003). Protein folding and misfolding. *Nature*, 426(6968) : 884-890.
- Du toit J.T. (1990). Giraffe feeding on acacia flowers: predation or pollinization? *African Journal of Ecology*, 28 : 63-68.
- Ducroquet H., Tillie P., Louchini K. & Gomez-Y-Paloma S. (2017). Les Filières animales et végétales. L'agriculture de la Côte d'Ivoire à la Loupe: état des lieux des filières de productions végétales et animales et revue des politiques agricoles, *Europe*, 28754 : 54-71.
- Dufour S., Béné J.C.K., Dao D. & N'guessan E. (2015). Gestion durable de la faune et des ressources cynégétiques en Côte d'Ivoire. Rapport pour les états généraux de la forêt, de la faune et des ressources en eau, 101 p.
- Eaton M.J., Meyers G.L., Kolokotronis S.O., Leslie M.S., Martin A.P. & Amato G. (2010). Barcoding bushmeat: molecular identification of Central African and South American harvested vertebrates. *Conservation Genetics*, 11(4): 1389-1404.
- Ekrem T., Willassen E., & Stur E. (2007). A comprehensive DNA sequence library is essential for identification with DNA barcodes. *Molecular phylogenetics and evolution*, 43(2) : 530-542.
- Erlandson M. & Garipey T. (2005). Tricks of the trade/Trucs et astuces. Developing species specific PCR primers for insect identification. *Bulletin of the Entomological Society of Canada*, 37(2) : 76-82.
- Fa J.E. & Peres C.A. (2001). Game vertebrate extraction in African and neotropical forests: an intercontinental comparison. In: Reynolds, J.D., Mace, G.M., Redfort, K.H. and

- Robinson, J.G. (eds.) Conservation of exploited species. Cambridge University Press, Cambridge. 203-241 p.
- Fa J.E., Peres C.A. & Meeuwig J. (2002). Bushmeat exploitation in tropical forests: an intercontinental comparison. *Conservation Biology*, 16(1) : 232-237.
- Fa J.E., Currie D. & Meeuwig, J. (2003). Bushmeat and food security in the Congo Basin: linkages between wildlife and people's future. *Environmental Conservation*, 30 : 71-78.
- Fa J.E., Seymour S., Dupain J.E.F., Amin R., Albrechtsen L., & Macdonald, D. (2006). Getting to grips with the magnitude of exploitation: bushmeat in the Cross–Sanaga rivers region, Nigeria and Cameroon. *Biological Conservation*, 129(4) : 497-510.
- Fa J.E., & Brown D. (2009). Impacts of hunting on mammals in African tropical moist forests: a review and synthesis. *Mammal Review*, 39(4) : 231-264.
- Falade L. O., Idahor K. O. & Ayodele I.A. (2010). Survey of domestication process of grass cutter (*Thryonomys swinderianus* T.) in some selected states in southwestern Nigeria. *Journal of Agriculture, Forestry and the Social Sciences*, 8(2) : 49-55.
- Felsenstein J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39 : 783-791.
- Fischer M. H. (1930). Optokineticausgeloste Bewegungs-wahrnehmungen und optokinetischer Nystagmus. *Journal of Psychological Neurology*, 41: 273-308.
- Ford, J. (1971). The role of the trypanosomiasis in African ecology. A study of the tsetse fly problem. *The role of the trypanosomiasis in African ecology*, pp.xiv + 568 pp.
- Gaubert P., Njiokou F., Olayemi A., Pagani P., Dufour S., Danquah E., Nutsuakor M.E.K., Ngua G., Missouf A.D., Tedesco P.A., Dernat R. & Antunes A. (2015). Bushmeat genetics: setting up a reference framework for the DNA typing of African forest bushmeat. *Molecular Ecology Resources*, 15(3) : 633-651.
- Gillespie T.R., Chapman C.A. & Greiner E.C. (2005). Effects of logging on gastrointestinal parasite infections and infection risk in African primates. *Journal of Applied Ecology*, 42(4) : 699-707.
- Gilliver M. A., Bennett M., Begon M., Hazel S.M. & Hart C.A. (1999). Antibiotic resistance found in wild rodents. *Nature*, 401(6750) : 233-234.

-
- Giscard A.A., Gohourou F., Seidou C. & Ang J. (2016). Analyse de la dynamique spatiale des ressources forestières et de ses causes dans la sous-préfecture de Zoukougbeu (Centre-ouest de la Côte d'Ivoire). *Revue Ivoirienne des Sciences Historiques*, 1, 25 p.
- Golden C.D., Fernald L.C.H., Brashares J.S., Rasolofoniaina B.J.R. & Kremen C. (2011). Benefits of wildlife consumption to child nutrition in a biodiversity hotspot. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 108 : 19653-19656.
- Gómez S.J.C. & Morán D. (2016). La situación tributaria en América Latina: raíces y hechos estilizados. *Cuadernos de economía*, 35(67) : 1-37.
- Gonçalves F.M.P., Luís J.C., Tchamba J.J., Cachissapa M.J., Chisingui A.V. (2019). A rapid assessment of hunting and bushmeat trade along the roadside between ve Angolan major towns. *Nature Conservation*, 37 : 151-160.
- Goné Bi Z.B., Kouamé D., Koné I. & Adou Y.C. (2013). Diversité végétale et valeur de conservation pour la Biodiversité du Parc National du Mont Péko, Côte d'Ivoire. *Journal of Applied Biosciences*, 71: 5753-5762.
- Gonédélé B.S., Koné I., Béné J.C.K., Bitty E.A., Yao K.A., Kouassi B.A. & Gaubert P. (2017). Bushmeat hunting around a remnant coastal rainforest in Côte d'Ivoire. *Oryx*, 51(3) : 418-427.
- Gongora J., Cuddahee R.E., Nascimento F.F.D., Palgrave C.J., Lowden S., Ho S.Y., Simond D., Damayanti C.S., White D.J., Tay W.T., Klingel H., Rodrigues-Zarate C.J., Allen K., Moran C. & Randi E. (2011). Rethinking the evolution of extant sub-Saharan African suids (Suidae, Artiodactyla). *Zoologica Scripta*, 40(4): 327-335.
- Goodman L.A. (1961). Snowball sampling. *The annals of mathematical statistics*, pp 148-170.
- Gottdenker NL, Streicker DG, Faust CL, Carroll C. (2014). Anthropogenic land use change and infectious diseases: a review of the evidence. *EcoHealth*, 11(4) : 619-3210.
- Gray J.S., McIntyre A.D., & Stirn J. (1992). Manual of Methods in Aquatic Environment Research: Biological assessment of marine pollution (Vol. 324). Food & Agriculture Org.

-
- Grenfell B.T., Pybus O.G., Gog J.R., Wood J.L., Daly J.M., Mumford J.A. & Holmes E.C. (2004). Unifying the epidemiological and evolutionary dynamics of pathogens. *Science*, 303(5656) : 327-332.
- Greub G., Lepidi H., Rovey C., Casalta J.P., Habib G., Collard F., Fournier P.E. & Raoult, D. (2005). Diagnosis of infectious endocarditis in patients undergoing valve surgery. *The American journal of medicine*, 118(3) : 230-238.
- Guillaumet J.L. & Adjanooun. (1971). La végétation de la Côte d'Ivoire. In Le milieu naturel de la Côte d'Ivoire. Avenard JM, Eldin M, Girard G, Sircoulon J, Touchebeuf P, Guillaumet JL, Adjanooun E et Pernaud A (eds). Mémoires ORSTOM n°50, Paris, France, pp 161-263.
- Haddad N.M., Brudvig L.A., Damschen E.I., Evans D.M., Johnson B.L., Levey D.J. & Wagner S.A. (2014). Potential negative ecological effects of corridors. *Conservation Biology*, 28(5) : 1178-1187.
- Haltenorth T. & Diller H. (1985). Mammifères d'Afrique et de Madagascar. Delachaux et Niestlé, Neuchâtel : 20-28.
- Hawley S.A., Ross F.A., Chevtzoff C., Green K.A., Evans A., Fogarty S. & Hardie D.G. (2010). Use of cells expressing γ subunit variants to identify diverse mechanisms of AMPK activation. *Cell metabolism*, 11(6): 554-565.
- Haydon D.T., Cleaveland S., Taylor L.H. & Laurenson M.K. (2002). Identifying reservoirs of infection: A conceptual and practical challenge. *Emerging infectious diseases*, 8(12) : 1468-1473.
- Hays J.N. (2005). Epidemics and pandemics: their impacts on human history. ABC-CLIO, Santa Barbara.
- Hebert P.D., Ratnasingham, S. & De Waard J.R. (2003). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(suppl_1): S96-S99.
- Helmy Y.A., Fawzy M., Elaswad A., Sobieh A., Kenney S.P. & Shehata A.A. (2020). The COVID-19 pandemic: a comprehensive review of taxonomy, genetics, epidemiology, diagnosis, treatment, and control. *Journal of Clinical Medicine*, 9(4) : 1225 p.

-
- Hjelle B. & Glass G.E. (2000). Outbreak of hantavirus infection in the Four Corners region of the United States in the wake of the 1997–1998 El Nino-Southern Oscillation. *The Journal of Infectious Diseases*, 181(5) : 1569-1573.
- Hou X.H., Song X.Y., Ma X.B., Zhang S Y. & Zhang J.Q. (2015). Molecular characterization of multidrug-resistant *Klebsiella pneumoniae* isolates. *Brazilian Journal of Microbiology*, (AHEAD), 00-00.
- Housley D.J., Zalewski Z.A., Beckett S. E., & Venta P.J. (2006). Design factors that influence PCR amplification success of cross-species primers among 1147 mammalian primer pairs. *BMC genomics*, 7(1), 253p.
- Hughes, N. F. (1992). Ranking of feeding positions by drift-feeding Arctic grayling (*Thymallus arcticus*) in dominance hierarchies. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 49(10): 1994-1998.
- Ibitoye O., Kolejo O. & Akinyemi G. (2019). Burgeoning and domestication of grasscutter (*Thryonomys swinderianus*) in a post-Ebola Era: A reassessment of its prospects and challenges in Nigeria. *World Scientific News*, 130 : 216-237.
- Irwin D.M., Kocher T.D. & Wilson A.C. (1991). Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *Journal of Molecular Evolution*, 32 : 128-144.
- Ivanova N.V., Zemlak T.S., Hanner R.H. & Hebert P.D. (2007). Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes*, 7(4) : 544-548.
- Janda J.M. & Abbott S.L. (2007). 16S rRNA gene sequencing for bacterial identification in the diagnostic laboratory: pluses, perils, and pitfalls. *Journal of clinical microbiology*, 45(9) : 2761-2764.
- Jackson C.J., Barton R.C., & Evans E.G.V. (1999). Species identification and strain differentiation of dermatophyte fungi by analysis of ribosomal-DNA intergenic spacer regions. *Journal of clinical microbiology*, 37(4) : 931-936.
- Jakobsen L., Garneau P., Bruant G., Harel J., Olsen S.S., Porsbo L.J., Hammerum A.M. & Frimodt-Møller, N. (2012). Is *Escherichia coli* urinary tract infection a zoonosis? Proof of direct link with production animals and meat. *European journal of clinical microbiology & infectious diseases*, 31(6) : 1121-1129.

-
- Jobbins S.E., Sanderson C.E. & Alexander K.A. (2014). *Leptospira interrogans* at the human wildlife interface in northern Botswana: a newly identified public health threat. *Zoonoses and public health*, 61(2) : 113-123.
- Jones K.E., Patel N.G., Levy M.A., Storeygard A., Balk D., Gittleman J.L. & Daszak P. (2008). Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451 : 990-993.
- Jones B.A., Grace D., Kock R., Alonso S., Rushton J., Said M.Y., McKeever D. & Pfeiffer, D.U. (2013). Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(21) : 8399-8404.
- Kamins A.O., Restif O., Rowcliffe M., Cunningham A. & Wood J. (2011). Use of bats as bushmeat: implications for human health in Ghana, West Africa. *Ecohealth* 7:102p.
- Karesh W.B. & Noble E. (2009). The Bushmeat Trade: Increased Opportunities for Transmission of Zoonotic Disease. *Mount Sinai Journal of Medicine*, 76(5) : 429-434.
- Kaspar U., Von Lützu A., Schlattmann A., Roesler U., Köck R. & Becker K. (2018). Zoonotic multidrug-resistant microorganisms among small companion animals in Germany. *PLoS One*, 13(12) : e0208364.
- Keesing F., Holt R.D. & Ostfeld R.S. (2006). Effects of species diversity on disease risk. *Ecology letters*, 9(4) : 485-498.
- Keller F. (2012). Rapport d'information sur les nouvelles menaces des maladies infectieuses émergentes. Sénat, 638, 233 p.
- Kemp T.S. (2005). The Origin and Evolution of Mammals. *Oxford University Press*, 315-331.
- Kilonzo C., Stopka T.J. & Chomel B. (2013). Illegal animal and (bush) meat trade associated risk of spread of viral infections. *Viral infections and global change*, p 179-194.
- Kilpatrick A.M. & Randolph S.E. (2012). Drivers, dynamics, and control of emerging vector-borne zoonotic diseases. *The Lancet*, 380(9857): 1946-1955.
- Kingdon J. & Lagen M.J. (1997). The kingdom field guide to African mammals. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 120(4) : 479.
- Kingdon J. (2006). *Guide des mammifères d'Afrique: plus de 300 espèces illustrées*. Delachaux et Niestlé.

-
- Kocher T.D., Thomas W.K., Meyer A., Edwards S.V., Pääbo S., Villablanca F.X., & Wilson A.C. (1989). Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 86 : 6196-6200.
- Koffi K.P., Affian K. & Abé J. (1993). Contribution à l'étude des caractéristiques morphologiques de l'unité littorale de Côte d'Ivoire, Golfe de Guinée. Cas du périmètre littoral de Port-Bouët. *Journal Ivoirien d'Océanologie et de Limnologie*, 2 : 43-52.
- Koffi-Bikpo C.Y. & Kra K.S. (2013). La région du Haut-Sassandra dans la distribution des produits vivriers agricoles en Côte d'Ivoire. *Revue de Géographie Tropicale et d'Environnement*, 2 : 95-103.
- Kone K.H.C., Coulibaly K. & Konan K.S. (2019). Identification de quelques plantes utilisées en médecine ethnovétérinaire à Sinématiali (Nord de la Côte d'Ivoire). *Journal of Applied Biosciences*, 135 : 13766-13774.
- Kosecka-Strojek M., Sabat A.J., Akkerboom V., Becker K., Van Zanten E., Wisselink G., Miedzobrodzki J. & Friedrich A.W. (2019). Development and validation of a reference data set for assigning staphylococcus species based on next-generation sequencing of the 16S-23S rRNA region. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 9 : 278 p.
- Kouakou K.A., Barima Y.S.S., Kouakou A.T.M., Sangne Y.C., Bamba I. & Kouamé N.F. (2015). Diversité végétale post-conflits armés de la Forêt Classée du Haut-Sassandra (Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire). *Journal of Animal & Plant Sciences*. 26(2) : 4058-4071.
- Kouamé, N.F, Tra Bi H.F, Etien T.D & Traoré D. (1998). Végétation et flore de la forêt classée du Haut-Sassandra en Côte-D'Ivoire. *Revue CAMES* 00 : 28-35.
- Kouamé N.G., Ofori-Boateng C., Adum G.B., Gourène G. & Rödel, M.O. (2015). The anuran fauna of a West African urban area. *Amphibian & Reptile Conservation*, 9(2): 1-14.
- Kouassi A.M., Kaba N. & Metongo S. (1995). Land based sources of pollution and environmental quality of the Ebrié lagoon waters. *Marine Pollution Bulletin*, 30 : 295-300.

-
- Kumar N., Maherchandani S., Kashyap S.K., Singh S.V., Sharma S., Chaubey K.K. & Ly, H. (2014). Peste des petits ruminants virus infection of small ruminants: a comprehensive review. *Viruses*, 6(6) : 2287-2327.
- Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C. & Tamura K. (2018). MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, 35(6) : 1547-1549.
- Kumari A., Tanwar S., Tyagi S., Kumar N., Maasberg M. & Choo, K. K. R. (2018). Multimedia big data computing and Internet of Things applications: A taxonomy and process model. *Journal of Network and Computer Applications*, 124 : 169-195.
- Kurpiers L.A., Schulte-Herbrüggen B., Ejotre I. & Reeder D.M. (2016). Bushmeat and emerging infectious diseases: lessons from Africa. In *Problematic Wildlife* Springer, Cham New York. p. 507-551.
- Kuukyi F.S., Amfo-Otu R. & Wiafe E. (2014). Consumer views of bushmeat consumption in two Ghanaian markets. *Applied research journal*, 1(1) : 20-27.
- Lalucat J., Mulet M., Gomila M. & García-Valdés E. (2020). Genomics in Bacterial Taxonomy: Impact on the Genus *Pseudomonas*. *Genes*, 11(2) : 139 p.
- Lattès S., Ferté H., Delaunay P., Depaquit J., Vassallo M., Vittier M., Kokcha S., Coulibaly E. & Marty P. (2011). *Trichostrongylus colubriformis* nematode infections in humans, France. *Emerging Infectious Diseases*, 17(7) : 1301 p.
- Lauginie F. (2007). Conservation de la nature et aires protégées en Côte d'Ivoire. NEI. *Hachette et Afrique Nature*. Abidjan, xx + 668 p.
- Lavrinenko A., Jernfors T., Koskimäki J.J., Pirttilä A.M. & Watts P.C. (2020). Does Intraspecific Variation in rDNA Copy Number Affect Analysis of Microbial Communities?. *Trends in microbiology*. XX: 9 p.
- Le Loeuff P., Marchal E. & Amon Kothias J.B. (1993). Environnement et ressources aquatiques de Côte d'Ivoire. Tome 1. *Le milieu marin*. Editions de l'ORSTOM, Paris, 589 p.
- Le Minor L. & Richard C. (1993). Méthodes de laboratoires pour l'identification des entérobactéries. *Commission des laboratoires de références et d'expertise de l'institut Pasteur*, (Paris, France), 218 p.

-
- Leroy E.M., Rouquet P., Formenty P., Souquiere S., Kilbourne A., Froment J.M., Bermejo M., Smit S., Karesh W., Swanepoel R., Zaki S.R. & Rollin P.E. (2004). Multiple Ebola virus transmission events and rapid decline of central African wildlife. *Science* 303 : 387-390.
- Lévêque C. (1999). Les introductions d'espèces dans les milieux naturels et leurs conséquences. In : Poissons des eaux continentales africaines, Diversité, Ecologie, Utilisation par l'homme (Lévêque C. et D Paugy, eds), Paris : IRD, p. 351-364.
- Liégeois F., Lafay B., Formenty P., Locatelli S., Courgnaud V., Delaporte E. & Peeters M. (2009). Full-length genome characterization of a novel simian immunodeficiency virus lineage (SIVolc) from olive colobus (*Procolobus verus*) and new SIVwrcPbb strains from western red colobus (*Piliocolobus badius badius*) from the Taï forest in Ivory Coast. *Journal of Virology*, 83 : 428-439.
- Lindboe M., Henrichsen E.N., Hogasen H.R. & Bernhoft A. (2012). Lead concentration in meat from lead-killed moose and predicted human exposure using Monte Carlo simulation. *Food Additives & Contaminants*, 1052-1057 p.
- Lloyd-Smith J.O., George D., Pepin K.M., Pitzer V.E., Pulliam J.R., Dobson A.P. & Grenfell, B.T. (2009). Epidemic dynamics at the human-animal interface. *Science*, 326(5958) : 1362-1367.
- Maganga GD, Bourgarel M, Vallo P, Dallo TD, Ngoagouni C, Drexler JF, Drosten C et al (2014). Bat distribution size or shape as determinant of viral richness in African bats. *PLoS One* 9(6), e100172.
- Makimura K., Tamura Y., Mochizuki T., Hasegawa A., Tajiri Y., Hanazawa R. & Yamaguchi H. (1999). Phylogenetic classification and species identification of dermatophyte strains based on DNA sequences of nuclear ribosomal internal transcribed spacer 1 regions. *Journal of clinical microbiology*, 37(4) : 920-924.
- Mallon D.J.P., Corkill J.E., Hazel S.M., Wilson J.S., French N.P., Bennett M. & Hart C.A. (2002). Excretion of vancomycin-resistant enterococci by wild mammals. *Emerging infectious diseases*, 8(6) : 636-638.
- Manges A.R., Labbe A., Loo V.G., Atherton J.K., Behr M.A., Masson L. & Brousseau R. (2010). Comparative metagenomic study of alterations to the intestinal microbiota

- and risk of nosocomial *Clostridium difficile*-associated disease. *Journal of Infectious Diseases*, 202(12) : 1877-1884.
- Margulis L. & Schwartz R. (1988). Five kingdoms. (W. H.) Freeman and Company, New York. 52 p.
- Marko P.B., Lee S.C., Rice A.M., Gramling J.M., Fitzhenry T.M., McAlister J.S. & Moran A.L. (2004). Mislabelling of a depleted reef fish. *Nature*, 430(6997) : 309-310.
- Martin A.P. (1991). Application of mitochondrial DNA sequence analysis to the problem of species identification of sharks. *NOAA Technical Report NMFS*, 115 : 53-59.
- Metcalf B.S., Hosking J., Jeffery A.N., Voss L.D., Henley W. & Wilkin T.J. (2011). Fatness leads to inactivity, but inactivity does not lead to fatness: a longitudinal study in children (EarlyBird 45). *Archives of disease in childhood*, 96(10) : 942-947.
- Mills J.N. & Childs J.E. (1998). Ecologic studies of rodent reservoirs: their relevance for human health. *Emerging infectious diseases*, 4(4) : 529 p.
- Milner-Gulland E.J. & Bennett E.L. (2003). Wild meat: the bigger picture. *Trends in Ecology & Evolution* 18 : 351-357.
- MINAGRI (2010). Ministère de l'agriculture, novembre 2010, annuaire des statistiques agricoles, Abidjan, Direction des statistiques, de la documentation et de l'informatique, 73 p.
- MINEF (1999). Diversité biologique de la Côte d'Ivoire. Rapport de synthèse, Ministère de l'Environnement et de la Forêt. Côte d'Ivoire, 273 p.
- MINEF (2014). Diversité biologique de la Côte d'Ivoire. Cinquième rapport national sur la biodiversité biologique, 106 p.
- MPEER. (2019). CI-Energie, Projet d'électrification rurale de 1 088 localités en Côte d'Ivoire, Octobre 2019, Rapport final du PCGES Réf:NATRA/2019-09/BI 19/PCGES-PROSER, 257 p.
- Monza (de) JP. (1996). L'Atlas pour la conservation des forêts tropicales d'Afrique. UICN, 310 p.
- Moore J.E., Goldsmith C.E., Elborn J.S., Murphy P.G., Gilligan P.H., Fanning S. & Hogg G. (2003). Towards "molecular Esperanto" or the Tower of Babel? (The need for harmonization of techniques for genotyping clinical isolates of *Pseudomonas*

- aeruginosa isolated from patients with cystic fibrosis). *Journal of clinical microbiology*, 41(11) : 5347-5348.
- Mordi A.R. (1989). The future of animal wildlife and its habitat in Botswana. *Environmental Conservation*, 16(2) : 147-156.
- Morens D.M., Folkers G.K. & Fauci A.S. (2008). Emerging infections: a perpetual challenge. *The Lancet infectious diseases*, 8(11) : 710-719.
- Morgante M. & Olivieri A.M. (1993). PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *The plant journal*, 3(1) : 175-182.
- Moura C.J., Harris D. J., Cunha M.R. & Rogers A.D. (2008). DNA barcoding reveals cryptic diversity in marine hydroids (Cnidaria, Hydrozoa) from coastal and deep-sea environments. *Zoologica Scripta*, 37(1) : 93-108.
- Müller A., Soto F., Sepúlveda M., Bittencourt P., Benevenuto J.L., Ikeda P., Machado R.Z. & André M.R. (2018). Bartonella vinsonii subsp. berkhoffii and B. henselae in dogs. *Epidemiology & Infection*, 146(9) : 1202-1204.
- Mullis K., Faloona F., Scharf S., Saiki R.K., Horn G.T. & Erlich, H. (1986). Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. In *Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 51(1) : 263-273.
- Munch K., Boomsma W., Huelsenbeck J.P., Willerslev E. & Nielsen R. (2008). Statistical assignment of DNA sequences using Bayesian phylogenetics. *Systematic Biology*, 57 : 750-757.
- Murdoch W.W., Briggs C.J. & Nisbet R.M. (2003). Consumer-resource dynamics. Princeton, NJ: Princeton University Press, 36 : 456 p.
- Naidu A., Fitak R.R., Munguia-Vega A. & Culver M. (2012). Novel primers for complete mitochondrial cytochrome b gene sequencing in mammals. *Molecular Ecology Resources*, 12 : 191-196.
- Nasi R., Brown D., Wilkie D., Bennett E., Tutin C., van Tol G, Christophersen T. (2008). Conservation and use of wildlife based resources: e bushmeat crisis. CBD Technical Series: 33. Secretariat of the Convention on Biological Diversity, Montreal, Canada and Center for International Forestry Research (CIFOR), Bogor. *Technical Series* No. 33, 50 p.

-
- Nasi R., Christophersen T. & Belair C. (2010). Ending empty forests: management and sustainable use of wildlife in tropical production forests. *ITTO Tropical Forest Update*, 20 : 19-21.
- Nasi, R., Taber. A., & Van Vliet, N. (2011). Empty forests, empty stomachs? Bushmeat and livelihoods in the Congo and Amazon Basins. *International Forestry Review*, 13 : 355-368.
- Nishant K., Vrijesh K.Y., & Ajay K.R. (2017). Wildlife forensic: current techniques and their limitations. *J Forensic Science Criminology*, 5(4) : 402 p.
- Norbert N.K., François K.N., Hauverset A.N., Pierre W.N. & Yao T. (2015). Variations saisonnières des populations de mirides du cacaoyer dans la région du Haut Sassandra en Côte d'Ivoire. *Journal of Animal & Plant Sciences*, 25(1) : 3787-3798.
- O'Shea T.J., Neubaum D.J., Neubaum M.A., Cryan P.M., Ellison L.E., Stanley T.R., Rupprecht C.E., John Pape W. & Bowen R.A. (2011). Bat ecology and public health surveillance for rabies in an urbanizing region of Colorado. *Urban Ecosystems*, 14 : 665-697.
- Ogden R., Dawney N. & McEwing R. (2009). Wildlife DNA forensics—bridging the gap between conservation genetics and law enforcement. *Endangered Species Research*, 9 : 179-195.
- OIE. (2012). Trypanosoma evansi infection (Surra). *Chapter*, 2(17) : 1-14.
- Oksanen J. (2011). Multivariate analysis of ecological communities in R: vegan tutorial. *R package version*, 1(7) : 1-43.
- Olayemi A., Nicolas V., Hulselmans J.A.N., Missoup A.D., Fichet-Calvet E., Amundala D., Dudu A., Dierckx T., Wendelen W., Leirs H. & Verheyen E. (2012). Taxonomy of the African giant pouched rats (Nesomyidae: Cricetomys): molecular and craniometric evidence support an unexpected high species diversity. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 165(3) : 700-719.
- OMS. (2011). Agir pour réduire l'impact mondial des maladies tropicales négligées: premier rapport de l'OMS sur les maladies tropicales négligées.
- OMS. (2014). *Planches pour le diagnostic des parasites intestinaux* ISBN 92 4 254476 0. Genève: Organisation mondiale de la Santé.

-
- Onétié O.Z., Théophile L., Adama C., Derving B., Rosine F.N.G. M., Marc, Y. T. & Aristide A.K. (2016). Apport Du SIG Et De L'analyse Multicritère Dans La Prospection Hydrogéologique Du Socle Précambrien De Gagnoa (Centre-Ouest De La Côte d'Ivoire). *European Scientific Journal*, 12(23): 137-154.
- Ostfeld A., Salomons E., Ormsbee L., Uber J.G., Bros C.M., Kalungi P. & Lansey K. (2012). Battle of the water calibration networks. *Journal of Water Resources Planning and Management*, 138(5) : 523-532.
- Paige S.B., Frost S.D., Gibson M.A., Jones J.H., Shankar A., Switzer W.M. & Goldberg T.L. (2014). Beyond bushmeat: animal contact, injury, and zoonotic disease risk in Western Uganda. *EcoHealth*, 11(4) : 534-543.
- Pearson T.H. & Rosenberg R. (1978). Macrobenthic succession in relation to organic enrichment and pollution of the marine environment. *Oceanography and marine biology annual review*, 16 : 229-311.
- Phosuk I., Intapan P.M., Sanpool O., Janwan P., Thanchomnang T., Sawanyawisuth K. & Maleewong W. (2013). Molecular evidence of *Trichostrongylus colubriformis* and *Trichostrongylus axei* infections in humans from Thailand and Lao PDR. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 89(2) : 376-379.
- Pielou, E.C. (1975). *Ecological diversity*. Wiley, New York.
- Pielou, E. C. (1996). A Clearcut Decision. *Nature Canada*, 25(2) : 21-25.
- Pielou, E. C. (1969). Ecological diversity and its measurement. *An introduction to mathematical ecology*, 221-235.
- Pimm S.L., Jenkins C.N., Abell R., Brooks T.M., Gittleman J.L., Joppa L.N., Raven P.H., Roberts C.M., & Sexton J.O. (2014). The biodiversity of species and their rates of extinction, distribution, and protection. *Science* 344: 6187 p.
- Pinto L.H., Holsinger L.J., & Lamb R.A. (1992). Influenza virus M2 protein has ion channel activity. *cell*, 69(3) : 517-528.
- Plowright R.K., Foley P., Field H.E., Dobson A.P., Foley J.E., Eby P. & Daszak P. (2011). Urban habitua-tion, ecological connectivity and epidemic dampening: the emergence of Hendra virus from fl ying foxes (*Pteropus* spp.). *Proceedings of the Royal Society B Biological Sciences* 278: 3703-3712.

-
- PNUD. (2015). Socio-economic impact of Ebola virus disease in West African countries. www.africa.undp.org/content/dam/rba/docs/Reports/ebola-west-africa.pdf.
- Poyart C., Pellegrini E., Gaillot O., Boumaila C., Baptista M. & Trieu-Cuot P. (2001). Contribution of Mn-cofactored superoxide dismutase (SodA) to the virulence of *Streptococcus agalactiae*. *Infection and immunity*, 69(8) : 5098-5106.
- Pulliam J.R., Epstein J.H., Dushoff J., Rahman S.A., Bunning M., Jamaluddin A.A. & Daszak P. (2012). Agricultural intensification, priming for persistence and the emergence of Nipah virus: a lethal bat-borne zoonosis. *Journal of the Royal Society Interface*, 9(66) : 89-101.
- Ratnasingham S. & Hebert P.D.N. (2007). BOLD: The barcode of life data system. *Molecular Ecology*, 7 : 355-364.
- Relman D. A. (2011). Microbial genomics and infectious diseases. *New England Journal of Medicine*, 365(4) : 347-357.
- RGPH (2014). Recensement Général de la Population et de l'Habitat, Résultats globaux. Secrétariat Technique Permanent du Comité Technique du RGPH, Côte d'Ivoire, 26 p.
- Rimoin A.W., Mulembakani P.M., Johnston S.C., Lloyd Smith J.O., Kisalu N.K., Kinkela T.L., Blumberg S., Thomassen H. A., Pike B.L., Fair J.N., Wolfe N.D., Shongo R.L., Graham B.S., Formenty P., Okitolonda E., Hensley L.E, Meyer H., Wright L.L. & Muyembe J.J. (2010). Major increase in human monkeypox incidence 30 years after smallpox vaccination campaigns cease in the Democratic Republic of Congo. *Proceedings of the National Academy of Sciences U S A* 107: 16262-16267.
- Ripple W.J., Newsome T.M., Wolf C., Dirzo R., Everatt K.T., Galetti M., Hayward M.W., Kerley G.I.H., Levi T., Lindsey P.A., Macdonald D.W., Malhi Y., Painter L.E., Sandom C.J., Terborgh J. & Van Valkenburgh B. (2015). Collapse of the world's largest herbivores. *Science advances*, 1(4): e1400103.
- Ripple, W.J. Thomas M. Newsome, Christopher Wolf, Rodolfo Dirzo, Kristoffer T. Everatt, Mauro Galetti, Matt W. Hayward, Graham I. H. Kerley, Taal Levi, Peter A. Lindsey, David W. Macdonald. (2016). Bushmeat hunting and extinction risk to the world's

- mammals. *Royal Society Open Science* 3(10) : 160498 p.
- Ross H.A., Lento G.M., Dalebout M.L., Goode M., Ewing G., McLaren P., Rodrigo A.G., Lavery S. & Baker C.S. (2003). DNA surveillance: web-based molecular identification of whales, dolphins, and porpoises. *Journal of Heredity*, 94 : 111-114.
- Rubinoff D., Cameron S. & Will K. (2006). A genomic perspective on the shortcomings of mitochondrial DNA for “barcoding” identification. *Journal of Heredity*, 97 : 581-594.
- Rungsirivanich P., Inta A., Tragoolpua Y. & Thongwai N. (2019). Partial rpoB Gene Sequencing Identification and Probiotic Potential of *Floricoccus penangensis* ML061-4 Isolated from Assam Tea (*Camellia sinensis* var. *assamica*). *Scientific reports*, 9(1): 1-12.
- Russell B.C., Torralba A., Murphy K.P. & Freeman W.T. (2008). LabelMe: a database and web-based tool for image annotation. *International journal of computer vision*, 77(1-3) : 157-173.
- Rwego I.B., Isabirye-Basuta G., Gillespie T.R. & Goldberg T.L. (2008). Gastrointestinal bacterial transmission among humans, mountain gorillas, and livestock in Bwindi Impenetrable National Park, Uganda. *Conservation Biology*, 22(6) : 1600-1607.
- Sachan N., & Singh V.P. (2010). Effect of climatic changes on the prevalence of zoonotic diseases. *Veterinary World*, 3(11) : 519 p.
- Salzer J.S., Rwego I.B., Goldberg T.L., Kuhlenschmidt M.S., & Gillespie T.R. (2007). *Giardia* sp. And *Cryptosporidium* sp. infections in primates in fragmented and undisturbed forest in western Uganda. *Journal of Parasitology*, 93(2) : 439-440.
- Sanger F., Nicklen S. & Coulson A.R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the national academy of sciences*, 74(12) : 5463-5467.
- Sangne Y.C., Barima Y.S.S., Bamba I. & N'Doumé A.C.T. (2015). Dynamique forestière post- conflits armés de la Forêt classée du Haut-Sassandra (Côte d’Ivoire). [VertigO] *La revue électronique en sciences de l’environnement*, 15(3) : 18p.
- Savey M. & Dufour B. (2004). *Diversité des zoonoses*. Définitions et conséquences pour la surveillance et la lutte. *Epidémiologie et santé animale*, 46 : 1-16.

-
- Schlegel B.J., Van Dreumel T., Slavić D. & Prescott J.F. (2012). Clostridium perfringens type A fatal acute hemorrhagic gastroenteritis in a dog. *The Canadian veterinary journal*, 53(5) : 555 p.
- Schneitz C. (2005). Competitive exclusion in poultry-30 years of research. *Food control*, 16(8) : 657-667.
- Schoeb T.R., Cartner S.C., Baker R.A. & Gerrity L.W. (2007). Parasites of rabbits. *Flynn's Parasites of Laboratory Animals*, 451-499 p.
- Shannon, C.E. & Wiener W. (1963). The mathematical theory of Communication University. *Urbana: Illinois Press*.
- Silva-Neto A.A., Ferreira P.B., Torres R.A., Texeira R.H.F., Duarte J.M.B., Barbosa A.C., Vargase R.C & Garcia J.E. (2016). Diagnostic Cytochrome b gene profiles for the identification of paca (Cuniculus paca) bushmeat: implications for the monitoring of illegal hunting and wildlife trade. *Brazilian Journal of Biology*, 76(1) : 55-58.
- Simmons J.S. (1926). A culture medium for differentiating organisms of typhoid-colon aerogenes groups and for isolation of certain fungi. *The Journal of Infectious Diseases*, 39(3) : 209-214.
- Simpson, H. E. (1965). The degeneration of the rests of Malassez with age as observed by the apoxestic technique. *The Journal of Periodontology*, 36(4) : 288-291.
- Sirén A. & Machoa J. (2008). Fish, wildlife, and human nutrition in tropical forests: a fat gap?. *Interciencia*, 33(3) : 186-193.
- Smith D.A. (2018). Palaeognathae: Apterygiformes, Casuariiformes, Rheiformes, Struthioniformes; Tinamiformes. In *Pathology of Wildlife and Zoo Animals*, pp. 635-651. Academic Press.
- Sjölund M., Bonnedahl J., Hernandez J., Bengtsson S., Cederbrant G., Pinhassi J. & Olsen B. (2008). Dissemination of multidrug-resistant bacteria into the Arctic. *Emerging infectious diseases*, 14(1), 70 p.
- Song H., Buhay J.E., Whiting M.F. & Crandall A.K. (2008). Many species in one: DNA barcoding overestimates the number of species when nuclear mitochondrial pseudogenes are coamplified. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 105:13486-13491.

- Starkey M. (2004). Commerce and subsistence: the hunting, sale and consumption of bushmeat in Gabon. Dissertation. Doctoral thesis, Departement of Geography, University of Cambridge, Cambridge.
- Stork N.E. (2018). How many species of insects and other terrestrial arthropods are there on Earth?. *Annual review of entomology*, 63 : 31-45.
- Subramanian M. (2012). Zoonotic disease risk and the bushmeat trade: assessing awareness among hunters and traders in Sierra Leone. *EcoHealth*, 9(4) : 471-482.
- Sunkara T., Rawla P., Ofori A. & Gaduputi V. (2018). Fecal microbiota transplant—a new frontier in inflammatory bowel disease. *Journal of inflammation research*, 11, 321 p.
- Taylor L.H., Latham S.M. & Woolhouse M.E. (2001). Risk factors for human disease emergence. *Philosophical Transactions of the Royal Society B Biology Sciences*, 356 : 983-989.
- Theonest N.O., Carter R.W., Amani N., Doherty S.L., Hughson E., Keyyu J.D., Mable B.K., Shirima G.M., Tarimo R., Thomas K.M., Buza J.J., Allan K.J., Halliday J.E.B. & Haydon, D.T. (2019). Molecular detection and genetic characterization of Bartonella species from rodents and their associated ectoparasites from northern Tanzania. *Plos one*, 14(10), e0223667.
- Thiollay J.M. (1985). The birds of Côte d'Ivoire: status and distribution. *Malimbus*, 7: 1-59.
- Toma B. & Thiry E. (2003). Qu'est-ce qu'une maladie émergente. *Epidémiologie et santé animale*, 44 : 1-11.
- Trochain J.-L. (1957). Accord interafricain sur la définition de la végétation de l'Afrique tropicale. *Bulletin de l'Institut des Etudes Centrafric*, 13114: 55-93.
- UICN (2020). The red List of Threatened Species. Version 2020-2 <<http://www.iucnredlist.org>>. Downloaded on 18 may 2020.
- Van Heuverswyn F. & Peeters M. (2007). The origins of HIV and implications for the global epidemic. *Current Infectious Disease Reports* 9 : 338-346.
- Van Vliet N., Nguinguiri J.C., Cornéli, D. & Le Bel S. (2017). Communautés locales et utilisation durable de la faune en Afrique centrale, FAO.249 p, SBN : 978-602-387-054-7, DOI : 10.17528/cifor/006488 Bogor Pdf.
- Vederra A. (1989). In the hall of the mountain king. *Animal kingdom*, 92(3) : 31-43.

-
- Vincent A.L., Lager K.M., Faaberg K.S., Harland M., Zanella E.L., Ciacci-Zanella J.R., Kehrli Jr M.E., Janke B. H. & Klimov A. (2010). Experimental inoculation of pigs with pandemic H1N1 2009 virus and HI cross-reactivity with contemporary swine influenza virus antisera. *Influenza and other respiratory viruses*, 4(2) : 53-60.
- Wade R. (2004). *Governing the market: Economic theory and the role of government in East Asian industrialization*. Princeton University Press.
- Wall E.C., Bhatnagar N., Watson J. & Doherty T. (2011). An unusual case of hypereosinophilia and abdominal pain: an outbreak of *Trichostrongylus* imported from New Zealand. *Journal of travel medicine*, 18(1) : 59-60.
- Wilkie D.S. & Carpenter J.F. (1999). Bushmeat hunting in the Congo Basin: an assessment of impacts and options for mitigation. *Biodiversity and Conservation* 8 : 927-955.
- Wilkie D.S., Wieland M. & Poulsen J.R. (2019). Unsustainable versus sustainable hunting for food in Gabon: modelling short-and long-term gains and losses. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 7 : 357 p.
- Williams N.J., Sherlock C., Jones T.R., Clough H.E., Telfer S.E., Begon M., French N., Hart C.A. & Bennett M. (2011). The prevalence of antimicrobial-resistant *Escherichia coli* in sympatric wild rodents varies by season and host. *Journal of applied microbiology*, 110(4) : 962-970.
- Williamson D. & Bakker L. (2017). The Bushmeat Crisis in West-Africa. An Indicative Overview of the Situation and Perception, 12p: <http://www.fao.org/forestry/13227-0dc169eedbbab4a04cae75af869fdccf.pdf>
- Wolfe N.D., Daszak P., Kilpatrick A.M. & Burke D.S. (2005). Bushmeat Hunting, Deforestation, and Prediction of Zoonotic Disease Emergence. *Emerging Infectious Diseases* 11(12) : 1822-1827.
- Wood K.L., Tenger B., Morf N.V. & Kratzer A. (2014). Report to CITES: CITES-listed species at risk from illegal trafficking in bushmeat; results of a 2012 study in Switzerland's International Airports, 130 p.
- Yan Y., Yang D., Zarnowska E.D., Du Z., Werbel B., Valliere C., Pearce R.A., Thomson J.A. & Zhang S.C. (2005). Directed differentiation of dopaminergic neuronal subtypes from human embryonic stem cells. *Stem cells*, 23(6) : 781-790.

- Young H.S., Dirzo R., Helgen K.M., McCauley D.J., Billeter S.A., Kosoy M.Y., Osikowicz L.M. & Dittmar, K. (2014). Declines in large wildlife increase landscape-level prevalence of rodent-borne disease in Africa. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(19) : 7036-7041.
- Zhang H., Goodfellow I., Metaxas D. & Odena A. (2019). Self-attention generative adversarial networks. In *International Conference on Machine Learning*. PMLR, 2019. pp. 7354-7363.
- Zheng H., Wolfe N.D., Sintasath D.M., Tamoufe U., Lebreton M., Djoko C.F., Dikko J., Pike B.L., Heneine W. & Switzer W.M. (2010). Emergence of a novel and highly divergent HTLV-3 in a primate hunter in Cameroon. *Virology* 401(2) : 137-145.

ANNEXES

Annexe 1 : Autorités administratives rencontrées dans les localités visitées.

Date	Localité	Structure	Noms et Prénoms	Qualité	Contact
05/08/2018	Issia	Préfecture	EHIMAN Félix	chef de cabinet du préfet	78-75-56-93
06/08/2018	Issia	Eaux et forêts	Lt-Col TIECOURA Célestin	chef des eaux et forêts	-
08/08/2018	Gonaté	Sous- préfecture	OUATTARA Issa	Sous- préfet	-
09/08/2018	Gonaté	Eaux et forêts	Lt Djomon Akré Jouhandeau	Responsable faune	08-60-61-99
13/08/2018	Vavoua	Préfecture	TOKPAH Soumahoro	Sécrétaire général	-
14/08/2018	Vavoua	Eaux et forêts	S/Lt AGNINI Bosson Stéphane	Assistant des P.V.A	08-44-97-52
20/08/2018	Zoukougbeu	Préfecture	GNANGBI Diby Victor	Préfet de département	-
20/08/2018	Zoukougbeu	Eaux et forêts	A/C SIKA Anassin B	Agent Eaux et forêts	-

Annexe 2 : Sites et points d'échantillonnage de la viande de brousse dans les sept localités visitées du Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

N°	Date	NOM OU CODE	Localité	Situation géographique	Coordonnées géographiques (UTM)	Type acteur	Contact
1	13/02/2019	P1	Bonon	Agence orange	0692730/00604785	restauratrice	-
2	13/02/2019	P2	Bonon	Hôpital Bonon	0692611/00605302	restauratrice	-
3	13/02/2019	P3	Bonon	Hôpital Bonon	0692685/00604780	restauratrice	-
4	13/02/2019	P4	Bonon	Hôpital Bonon	0692756/00604087	restauratrice	-
5	13/02/2019	P5	Bonon	Gare UTB	0692611/00605302	restauratrice	-
6	14/02/2019	P6	Bonon	Gare UTB	0692663/00604776	restauratrice	-
7	14/02/2019	P7	Bonon	Agence orange	0692666/00604779	restauratrice	66-42-95-90
8	14/02/2019	P8	Bonon	Agence orange	0692666/00604779	restauratrice	-
9	14/02/2019	P9	Bonon	Agence orange	0692666/00604779	restauratrice	-
10	14/10/2018	KOUASSI N'guessan	Daloa	commerce gare utb	?	restauratrice	57-99-49-66
11	14/10/2018	KOUA Ano Gabriel	Daloa	commerce gare utb	?	restaurateur	07-09-36-69
12	14/10/2018	Mme TCHIMOU	Daloa	qt garage	?	restauratrice et intermédiaire	59-31-16-26
13	15/10/2018	KOUADIO Koffi Georges	Daloa	qt garage	?	restauratrice	05-25-40-10
14	15/10/2018	KOUASSI Affoué	Daloa	commerce gare utb	?	restauratrice	58-57-57-90
15	15/10/2018	HOUETON Gisèle	Daloa	ex cinéma	?	restauratrice	08-39-49-38
16	15/10/2018	Kouamé Akissi	Daloa	commerce gare utb	?	restauratrice	44-27-38-36
17	15/10/2018	AHMED	Daloa	qt tazibouo 2	?	Chasseur	04-86-54-00
18	15/10/2018	DAO KANTE	Daloa	qt abattoir 2	?	Chasseur	55-79-26-14

19	20/03/2019	P1 KOUAME Adjoua	Gonaté	Marché	0804373/0764149	restauratrice	09-61-55-12
20	20/03/2019	P2 KOUAKOU Rachelle	Gonaté	Marché	0804373/0764149	restauratrice	77-00-70-82
21	20/03/2019	P3 KOFFI Bénédicte	Gonaté	Pharmacie	0804420/0764205	restauratrice	07-75-60-26
22	20/03/2019	P4 KOUADIO Acket	Gonaté	Marché	0804373/0764149	restaurateur	07-10-14-48
23	09/10/2018	KOUAKOU Yvonne	Issia	qt commerce café-cacao	0766861/0717603	restauratrice	09-48-10-82
24	10/10/2018	KOUAKOU Guilaine	Issia	qt sodeci	0766476/0717460	restauratrice	07-69-87-00
25	10/10/2018	YACHY Kouosso	Issia	gare Gnaboua	0766865/0717612	restauratrice	47-40-04-17
26	10/10/2018	GUEBA Amos	Issia	gare Gnaboua	0766865/0717612	tenancier maquis	75-32-66-13
27	10/10/2018	BROU Agnès	Issia	gare Gnaboua	0766865/0717612	restauratrice	58-16-05-40
28	27/03/2019	P1	Sinfra	Centre-ville		Restauratrice	-
29	27/03/2019	P2	Sinfra	Centre-ville		Restauratrice	-
30	27/03/2019	P3	Sinfra	Centre-ville		Restauratrice	-
31	27/03/2019	P4	Sinfra	Centre-ville		Restauratrice	-
32	28/03/2019	P5	Sinfra	Centre-ville		Restauratrice	-
33	28/03/2019	P6	Sinfra	Centre-ville		Restauratrice	-
34	28/03/2019	P7	Sinfra	Centre-ville		Restauratrice	-
35	16/02/2019	P1: Nacoulman Fulbert	Vavoua	gare burkina	0778247/0816152	Restaurateur - intermédiaire	45-68-92-87
36	16/02/2019	P2: LEGUE THERESE	Vavoua	gare burkina	0778247/0816153	Restauratrice	49-94-22- 64-
37	16/02/2019	P3: Mme Pokou	Vavoua	Pokoukro	0779075/0819471	Restauratrice- intermédiaire	-

38	16/02/2019	P4:YAO DELPHINE	Vavoua	5 étoiles	0778247/0816152	Restauratrice	07-42-93-40
39	16/02/2019	P5: Pokou Loukou Maltide	Vavoua	Gare burkina	0779075/0819471	Restauratrice	56-46-64-29
40	17/02/2019	P6: N'GONIAN AMENAN	Vavoua	Gare burkina	0778073/0816779	Restauratrice	07-06-12-82
41	17/02/2019	P7: Zigbé Madelaine	Vavoua	pokoukro	0779075/0819471	Restauratrice	64-00-92-27
42	17/02/2019	P8:	Vavoua	pokoukro	0779075/0819471	Restauratrice	-
43	25/10/2018	P1 : KOUAME NABLIKI	Zoukougbeu	mokla	0735978/0748150	Restauratrice	47-73-11-97
44	25/10/2018	P2 : KOUAME N'DRI	Zoukougbeu	CGRAE	0736120/0748206	Restauratrice	01-55-61-73
45	26/10/2018	P3 : BROU OLIVIER	Zoukougbeu	Ecole 4 profo	0736649/0748072	Chasseur,	08-04-09-52
46	26/10/2018	P4	Zoukougbeu	RTI	0734349/0748173	restaurateur	-
47	26/10/2018	P5	Zoukougbeu	Gare	0736185/0746081	Restauratrice	-

Annexe 3 : Fiche de Préenquête relative à la filière viande de brousse dans les localités visitées

I- Identification des acteurs de la filière viande de brousse

Nom ou Code chasse :

Date :

Contact :

Localité :

Type d'acteur :

Age : Sexe : masculin :

Nationalité :

Ethnie :

Niveau d'étude :

II- Questionnaire relatif à l'activité viande de brousse (restaurateur, intermédiaire, commerçant)

1- Pourquoi exercez-vous cette activité ?

2- Quelles sont les espèces d'animaux vendues

3- Quelle est l'origine de ces animaux ?

4- Pendant quelle période de l'année vous recevez assez d'animaux ?

5- Quel est le nombre d'espèces reçues et vendue en moyenne par jour ?

6- Quelles sont les espèces les plus vendues ?

7- Pourquoi ? ;

8- Dans quel état recevez-vous les animaux ?

9- Dans quel état les revendez-vous ?

10- Comment sont abattues les espèces que vous recevez ?

11- Quelles sont les précautions prises lors de la manipulation de la viande ?

12- Quelles sont les heures d'approvisionnement et dépeçage des animaux ?

13- Quel est le mode de conservation de la viande de brousse ?

14- Est-ce que vous en gardez pour votre propre consommation ?

15- Que pensez-vous de la viande de Guib harnaché ?

16- Que pensez-vous de l'élevage de ces animaux ?

III- Questionnaire relatif à l'activité de chasse (Chasseur)

1- Pourquoi pratiquez-vous la chasse ?

2- Quels sont les moyens que vous utilisez ?

- 3- Quelles sont vos zones de chasse ?
- 4- Quelles sont les périodes de chasse intense ? Pourquoi ?
- 5- Quelles sont les espèces d'animaux couramment abattues ?
- 6- Combien d'animaux pouvez-vous abattre par jour ?
- 7- Est-ce que vous en capturez vivant (les petits par exemple), qu'est-ce que vous en faites ?
- 8- Toutes les espèces d'animaux sont-elles vendues ?
- 9- Existe-t-il des espèces dont la demande est forte ?
- 10- si oui pourquoi
- 11- Dans quel état vous les vendez?
- 12- Est-ce que vous en gardez pour votre propre consommation ?
- 13- Où se trouvent vos clients ?
- 14- Comment se fait le transport des animaux jusqu'à ces clients ?
- 15- C'est toujours les mêmes ou est-ce que vous les changez ?
- 16- Avez-vous des intermédiaires ?
- 17- Est-ce que certains clients viennent vous trouver là où vous chassez ?
- 18- Que pensez-vous de la viande de Guib harnaché ?
- 19- Que pensez-vous de l'élevage de ces animaux ?

Annexe 5 : Code d'échantillonnage des spécimens de mammifère collectés

localité	point d'échantillonnage	Espèces	type prélèvement	Exemple code	Signification
Z pour Zoukougbeu	P1 point 1	A pour Agouti	O pour oreille	ZP1A1O	Echantillon d'oreille prélevé du premier agouti rencontré chez le premier point d'échantillonnage de Zoukougbeu
D pour Daloa	P2 point 2	G pour Guib harnaché	F pour Foie	DP2G2F	Echantillon de foie prélevé du deuxième guib rencontré chez le deuxième point d'échantillonnage de Daloa
D pour Daloa	P3 point 3	R pour Rat	R pour Rate	DP3R2R	Echantillon de rate prélevé du deuxième rat rencontré chez le troisième point d'échantillonnage de Daloa
I pour Issia	P4 point 4	Rp pour Rat palmiste	Ri pour Rein	IP4Rp2Ri	Echantillon de rein prélevé du deuxième rat palmiste rencontré chez le quatrième point d'échantillonnage d'Issia
I pour Issia	P5 point 5	H pour Athérure (Hérisson)	S pour selle	IP5H1S	Echantillon de selle prélevé du premier athérure africain rencontré chez le cinquième point d'échantillonnage d'Issia
I pour Issia	P3 point 3	Ci pour Civette	Sg pour sang	IP3Ci5Sg	Echantillon de sang prélevé de la cinquième civette rencontrée chez le troisième point d'échantillonnage d'Issia

Annexe 6 : Protocole d'extraction de l'ADN de sang total et/ ou de tissu à partir du kit commercial Quiagen

Sortir les échantillons de sang ou de tissu du congélateur et laisser décongeler à la température ambiante.

Pour les échantillons de tissus, les broyer manuellement en utilisant une tige adaptée et un mortier en y ajoutant 500 µl de tampon SLR (essuyer la tige et le mortier après chaque broyage).

- 1- Dans les tubes de 1,5 ml, recueillir 500 µl de sang ou de broyat de tissu, puis ajouter 500 µl d'eau pure.
- 2- Vortexer 10 secondes pendant 10 min et centrifuger les tubes à 6000 rpm pendant 3 min.
- 3- Vider le surnageant et suspendre à nouveau le culot en vortexant rapidement.
- 4- Ajouter 20 µl de protéinase K puis compléter le volume par ajout de 150 µl de PBS pour un volume total de 200 µl.
- 5- Vortexer et centrifuger 10 secondes pour faire tomber le liquide.
- 6- Ajouter 200 µl de tampon AL dans les tubes.
- 7- Vortexer vigoureusement et incuber à 56°C pendant 20 min au maximum. Après l'incubation, centrifuger pour faire tomber le liquide.
- 8- Ajouter 200 µl d'éthanol absolu 100 %, vortexer et centrifuger pour faire tomber le liquide.
- 9- Transférer à l'aide de pipettes le contenu des tubes dans les colonnes numérotées.
- 10- Centrifuger la totalité à 13000 rpm, 1 min.
- 11- Jeter les collecteurs et récupérer les colonnes dans de nouveaux collecteurs.
- 12- Ajouter 500 µl de tampon AW1 et centrifuger à 13000 rpm, 1 min.
- 13- récupérer à nouveau les colonnes sur de nouveaux collecteurs.
- 14- Ajouter 500 µl de tampon AW2 et centrifuger à 14 000 rpm pendant 3 min.
- 15- Vider les collecteurs, replacer les colonnes et centrifuger à 14000 rpm pendant 1 min.
- 16- Les colonnes sont maintenant posées sur les tubes dans lesquels sera élué l'ADN.
- 17- Ajouter 100 µl de tampon AE et laisser incuber 5 min à température ambiante.
- 18- Centrifuger à 14000 rpm pendant 1 min puis remettre 100 µl de tampon AE dans les colonnes, incuber 5 min à température ambiante.

19- Centrifuger à 14000 rpm pendant 1 min.

20- Récolter 200 μ l d'éluat à la fin de la manipulation dans un tube eppendorff (1,5 ml) correctement marqué et conservé à -20°C

PUBLICATION

Full Length Research Paper

Quantifying poached wildlife mammal species in Center-western region of Côte d'Ivoire

Félix Kouadio Yéboué^{1,2}, Mathurin Koffi^{1*}, Idrissa Sylla¹, Innocent Allepo Abe^{1,3}, Bernardin Ahouty^{1,3}, Martial Kassi N'Djetchi¹, Siriki Simaro¹, Thomas Konan¹, Abiba Sanogo Tidou¹ and Béné Jean-Claude Koffi²

¹Unité de Recherche en Génétique et Epidémiologie Moléculaire (URGEM), Laboratoire de Biodiversité et Gestion durable des Ecosystèmes Tropicaux, UFR Environnement, Université Jean Lorougnon Guédé, BP 150 Daloa, Côte d'Ivoire.

²Unité de recherche en Primatologie, Laboratoire de Biodiversité et Gestion durable des Ecosystèmes Tropicaux, UFR Environnement, Université Jean Lorougnon Guédé, BP 150 Daloa, Côte d'Ivoire.

³Laboratoire De Génétique, UFR Biosciences, Université Félix Houphouët-Boigny, 22 BP 582 Abidjan 22, Côte d'Ivoire.

Received 30 June, 2020; Accepted 12 August, 2020

Poaching or illegal hunting of wildlife for bushmeat is common in Côte d'Ivoire and particularly in center-western regions where it is actually a major income source contrary to traditional livelihood need. In order to assess the threat and impact of illegal bushmeat off take on sustainable biodiversity and conservation of wildlife resources to fill the information gap we examined the quality and quantity of extracted wildlife fauna for bushmeat in these regions from September 2018 to April 2019. Forty-seven bushmeat data collection sites were considered. Data collection was designed to collect information on the species poached, quantity, sex of poached animals, age estimate as well as poaching methods. A total of 352 wildlife mammals corresponding to 8 orders and 18 species was collected from bushmeat traders and markets. The order of rodents comes largely in the lead with more than half of the specimens encountered that is, 67.05% and the grass cutter species, *Thryonomys swinderianus* the most poached and the only one found in all the sites investigated. A significant sex-specific pressure ($p < 0.009$) was noted. Despite 77.78% of the species collected are classified minor concern, it is undeniable that the conservation status of wildlife biodiversity will always be threatened by illegal hunting. It is therefore up to the state authorities to officially cover hunting with clear control measures for the sustainable management of wildlife biodiversity.

Key words: Bushmeat, illegal hunting, poaching, biodiversity, wildlife, harvest, conservation.

INTRODUCTION

Bushmeat, defined as meat and organs derived from wildlife species has always been a source of food for humans living in rural areas in many parts of the world (Milner-Gulland and Bennett, 2003). Today's, consumption

of bushmeat, besides being an important source of protein for rural households, has implications for food security and income generation for millions of people in tropical areas (Nasi et al., 2008). Bushmeat is increasingly

becoming a preferred meat compared to domestic meat for urban populations in many African countries (Codjia and Assogbadjo, 2004; Williamson and Bakker, 2017).

However, current population growth, increased access of hunters to row forests due to expansion of roads, marketing of bushmeat in large urban cities, taste preference and illegal hunting procedure have resulted in hunting and related bushmeat trade activities which negatively impact wildlife worldwide, with serious implications for biodiversity conservation (Chaves et al., 2019; Gonçalves et al., 2019).

In most areas where hunting has been studied, vertebrates represent almost all of the meat of wild animals consumed and traded. By category, mammals are the most common (Pimm et al., 2014). Around the 1990s, it was estimated that more than 5 million tons of wild mammals' meat were consumed each year, including 4.9 million tons in tropical Africa areas (Fa and Peres, 2001). More recent estimates suggest that almost six million tons of wild mammal meat are consumed each year in the neo-tropical and tropical Africa regions (Nasi et al., 2011), with up to 301 species of terrestrial mammals currently threatened with extinction (Ripple et al, 2016).

In Côte d'Ivoire, during decades, biodiversity has been subject to various pressures such as extensive slash-and-burn agriculture, agro-industrial plantations, uncontrolled exploitation of forest products and unauthorized hunting (Goné Bi et al., 2013) although around independence first years, a series of laws aimed at creating national parks, natural reserves and protected forests for biodiversity purpose has been adopted (Monza, 1996). Currently, many households, in both rural and urban areas depend on wildlife resources for their livelihoods and as a source of income with serious impact on biodiversity (Fa and Brown, 2009; Gonédélé et al., 2017). Despite the growing offtake bushmeat leading to biodiversity threatened in Côte d'Ivoire, scientific literature to quantify the importance of the concern are scarce leading to lack of information. The objective of this work is to examine the diversity and quantity of species hunted in Center-western Côte d'Ivoire to raise awareness to policymakers for conservation strategies.

METHODOLOGY

Study area and sampling sites

Bonon, Daloa, Gonaté, Issia, Sinfra, Vavoua and Zoukougbeu are Ivorian cities located in the Central-western part of the country, visited to collect specimen and information on the bushmeat poaching and trade. This area straddles savannah and forest vegetation, surround the Marahoué National Park and numerous

protected forests, with the most important being the Haut-Sassandra protected forest. The climate is shared between a warm and humid equatorial on one hand and a subtropical on other hand. The main activity is agriculture with numerous coffee and cocoa plantations.

Forty-seven sample collection sites were visited, including nine in Bonon, nine in Daloa, four in Gonaté, five in Issia, seven in Sinfra, eight in Vavoua and five in Zoukougbeu (Figure 1) according to the availability of traders.

Data collection

Collection of bushmeat samples was conducted over 8 months' period (September 2018- April 2019) in cities mentioned above in 47 collection sites. The bushmeat sample collectors were introduced to traders to develop mutual confidence. Each site was surveyed two time per day (from 6:30 a.m. to 10:00 a.m. and from 4:00 p.m. to 6:30 p.m.) looking for availability of bushmeat based on testimonials bushmeat traders during a pre-survey phase. These two visits time correspond to the usual delivery times for hunters or suppliers. Unexpected visits are sometimes carried out in addition to regular visits time.

When a bushmeat is found, morphological identification of the species is made based on the field guide of Jonathan Kingdon (Kingdon, 1997). In some cases, we relied on local knowledge for identification. Interviews to traders were conducted either in French or local languages to get information about hunting tools, local knowledge on species, most preferred species etc.

Data analysis

Qualitative and quantitative parameters of illegal hunting species and links between the hunting grounds and the samples were assessed with the following calculations:

(i) The Relative Abundance Index (RAI) with the formula: $RAI (\%) = n_i / N \times 100$

with RAI the relative abundance, n_i the number of individuals of the species considered and N the total number of individuals of all species combined;

(ii) Shannon - Weaver (H') specific diversity index applied to the species killed with the formula:

$$H' = - \sum [(n_i / N) \log_2 (n_i / N)]$$

where H' represented the specific diversity, \sum the sum of the results obtained for each of the species represented, n_i the size of the species i , N the total number of individuals observed with respect to all the species together;

(iii) Simpson Index (S) was calculate with the formula:

$$\lambda = \sum_{i=1}^R p_i^2,$$

and measure the degree of concentration when individuals are classified into subtypes or the probability that two entities taken at random from the dataset of interest represent the same subtype. R the richness is the total number of types in the dataset and p_i the

*Corresponding author. E-mail: m9koffi@yahoo.fr. Tel: +225 09454945.

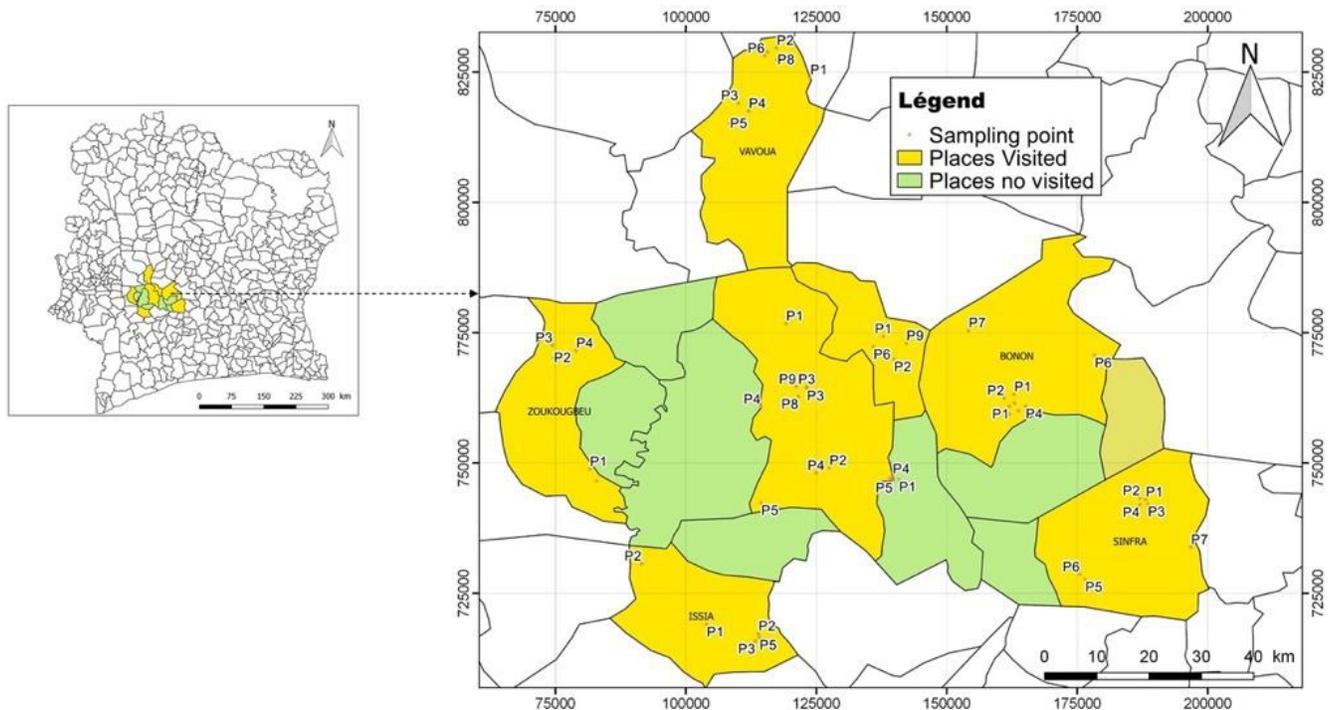


Figure 1. Bushmeat sales outlets in seven cities in the Center-West of Côte d'Ivoire.

arithmetic mean weighted of the proportional abundances of the types of interest.

(iv) Fairness index (J) was used to estimate the distribution of species within the surveys by evaluating the proportion of dominant and dominated species and calculated from the value of H' and the specific richness S with the formula:

$$J = H' / H \text{ max} = H' / \log_2 (S).$$

(v) Poaching pressure on wildlife species was the analysis regarding sex of the species slaughtered, the age group and physiological state of the females using generalized linear mixed effect models (Bolker et al., 2009) with the lme4 package (Bates et al., 2015).

The conservation status was analyzed using local information and that provided by IUCN website (www.iucnredlist.org) (IUCN, 2020).

RESULTS

Diversity and abundance of wildlife poached and trade

A total of 352 wildlife mammals corresponding to 8 orders and 18 species was collected from bushmeat traders and markets of the seven cities visited. The site from Vavoua area provided a greater number of bushmeat (69) corresponding to 13 out of 18 species observed. The order of rodents comes largely in the lead with more than half of the specimens encountered that is, (67.05%). The primate order was represented by one species, *Cercopithecus petaurista*, only found in Daloa and Issia

(Table 1 and Figure 2). At the specific level, the grass cutter species *Thryonomys swinderianus* is the most poached species (141 out of the 352 specimens collected) and the only one found on all the sites investigated. It presents a substantially equal abundance in all the regions visited and is followed by the species *Cricetomys gambianus*, both belonging to the rodent order (Table 1 and Figure 3). Two species *Funisciurus* sp and *Dendrohyrax dorsalis sylvestris* were observed only once each at Vavoua and Gonaté respectively.

The overall Shannon H index observed on all the sites visited is equal to 2.03 with more or less significant differences between the sites. The Gonaté site has the highest H index, while the Daloa site has the lowest H index, reflecting a great disparity in the abundance of species on this site. Regarding the spatial distribution of species, the Global Fairness Index of 0.70 reflects the lack of fairness between the different poached species and their numbers. However, with a fairness index of 0.84, close to 1, Gonaté's site tends towards a fairness between species and number of animals killed (Table 2).

Wildlife slaughter pressure and conservation status

The pressure on wildlife was measured taking into account the age of the animals slaughtered, the gestational status, the poaching method and the sex. Our investigations showed that there is a significant difference ($p < 0.001$) between adults and juveniles poached; adults

Table 1. Order, species and number of wildlife hunted in study site in survey period.

Order	Animal species	Visited localities							Total
		BONON	DALOA	GONATE	ISSIA	SINFRA	VAVOUA	ZOUKOUGBEU	
Rodentia	<i>Cricetomys gambianus</i>	9	-	13	-	13	13	2	50
	<i>Funisciurus</i> sp.	-	-	-	-	-	1	-	1
	<i>Thryonomys swinderianus</i>	22	26	11	33	22	13	14	141
	<i>Xerus erythropus</i>	5	-	7	-	6	16	2	36
	<i>Atherurus africanus</i>	1	1	1	1	-	3	1	8
	<i>Philantomba maxwellii</i>	5	-	1	2	-	1	-	9
	<i>Cephalophus dorsalis</i>	-	-	-	-	-	3	-	3
	<i>Phacochoerus aethiopicus africanus</i>	-	1	-	-	-	1	-	2
Artiodactyla	<i>Tragelaphus scriptus</i>	2	3	3	8	-	9	6	31
	<i>Civettictis civetta</i>	3	1	2	-	4	1	1	12
	<i>Genetta pardina</i>	1	-	4	-	-	3	-	8
	<i>Atilax paludinosus</i>	-	-	-	2	-	-	-	2
Carnivora	<i>Galerella sanguinea</i>	-	-	1	-	1	3	-	5
Primates	<i>Cercopithecus petaurista</i>	-	4	-	2	-	-	-	8
Pholidota	<i>Manis tricuspis</i>	-	-	1	2	-	-	-	3
Lagomorpha	<i>Lepus microtis</i>	-	-	6	-	6	2	-	23
Hyracoidea	<i>Dendrohyrax dorsalis sylvestris</i>	-	-	1	-	-	-	-	1
Chiroptera	<i>Eidolon helvum</i>	-	6	-	3	-	-	-	9
Total		59	42	51	53	52	69	26	352

being the most hunted. However, there is a selective pressure according to sex ($p < 0.009$) with male the most poached animals (Table 3). The most common method used by illegal hunters is the rifle ($p=0.001$) from afar followed by the snares although the later has low cost (Table 4). There are significantly more non-pregnant females killed ($p < 0.001$), although the 13.86% of pregnant females killed is not negligible at all (Figure 4).

This pressure can also be examined by assessing the poached species included in the IUCN red list (Table 5). It appears that 77, 78% of the species collected are classified Least concern (LC) and only 5.55% endangered (EN) and

16.67% classified as almost threatened. At the local level, according to the protection criteria in Côte d'Ivoire, 83.83% of the species are considered to be abundant whereas the Western tree hyrax considered LC by IUCN is found in the category of rare species (Table 5).

DISCUSSION

Illegal hunting or poaching can have direct effects on wildlife populations and indirect effects on the functioning, structure and composition of the ecosystems of which they are part (Nasi et al., 2010). Evidence of the effects of depletion exists

in some African regions where more than half of the forest mammals are considered to be hunted unsustainably (Fa and Peres 2001; Fa et al., 2002).

In this region of Center-West of Côte d'Ivoire which is the subject of our study, the period from September to April corresponds to the period where poaching is most practiced unlike the period from May to August, period of heavy rains, devoted to agricultural activities. The period of our investigation therefore provides a real view of the diversity and abundance of bushmeat harvesting. It appears that the wild fauna commonly poached and sold in restaurants in west-central Côte d'Ivoire is largely made up of small mammal

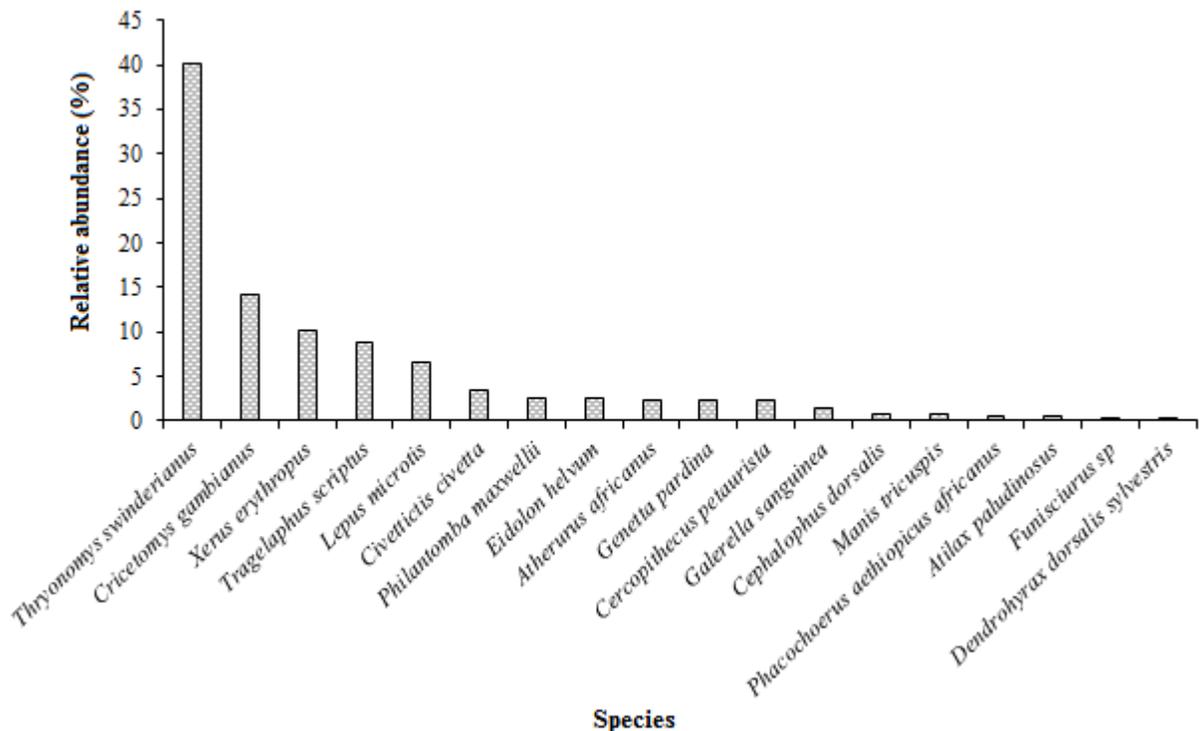


Figure 2. Comparative abundance of bushmeat species in whole area surveyed.

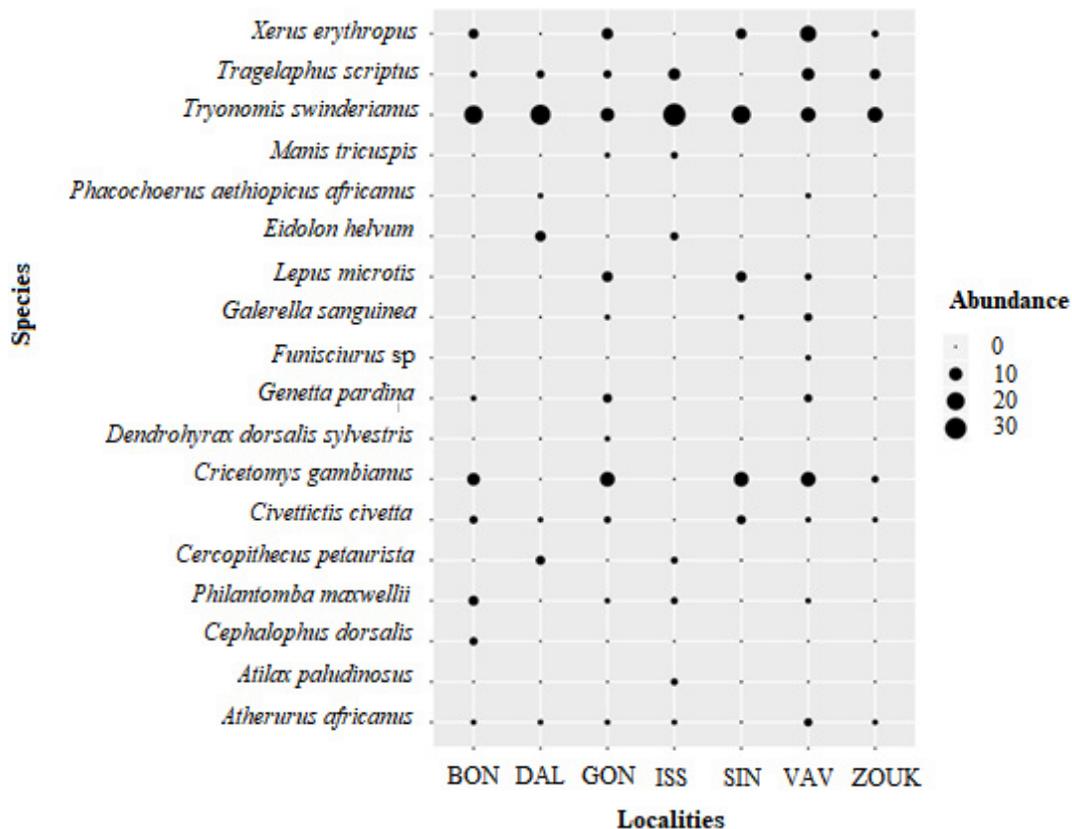


Figure 3. Abundance of bushmeat species traded according to visited localities.

Table 2. Index of diversity of bushmeat in the localities surveyed and throughout the study area.

Index	Localities surveyed							Global
	BON	DAL	GON	ISS	SIN	VAV	ZOUK	
Shannon-Weaver (H')	1.74	1.25	2.08	1.31	1.48	2.04	1.32	2.03
Simpson (SI)	0.75	0.58	0.84	0.58	0.73	0.84	0.64	0.78
Equitability (J)	0.79	0.64	0.84	0.63	0.83	0.82	0.74	0.70
Species richness (S)	9	7	12	8	6	13	6	18

BON: Bonon, DAL: Daloa, GON: Gonate, ISS: Issia, SIN: Sinfra, VAV: Vavoua, ZOUK: Zoukougbeu.

Table 3. Sex- and age-specific impact of poaching mortality in regions surveyed.

Parameter	Age categories				Sex of animals			
	Adults	Juveniles	t	P	Females	Males	t	p
Total	339	13			123	229		
Meanabundance (± sd)	48.4 ±12.8	1.8 ± 0.6	9.5	< 0.001	17.57 ±	32.71± 10.8	3.10	0.009

Table 4. Prevalence of methods used to hunt wildlife for bushmeat in center-western region in Côte d'Ivoire.

	Poaching methods				
	Dogs	Rifles	Snares	Others	P
Number of poached wildlife	23	277	34	18	
(%)	6.53	78.7	9.66	5.11	0.001

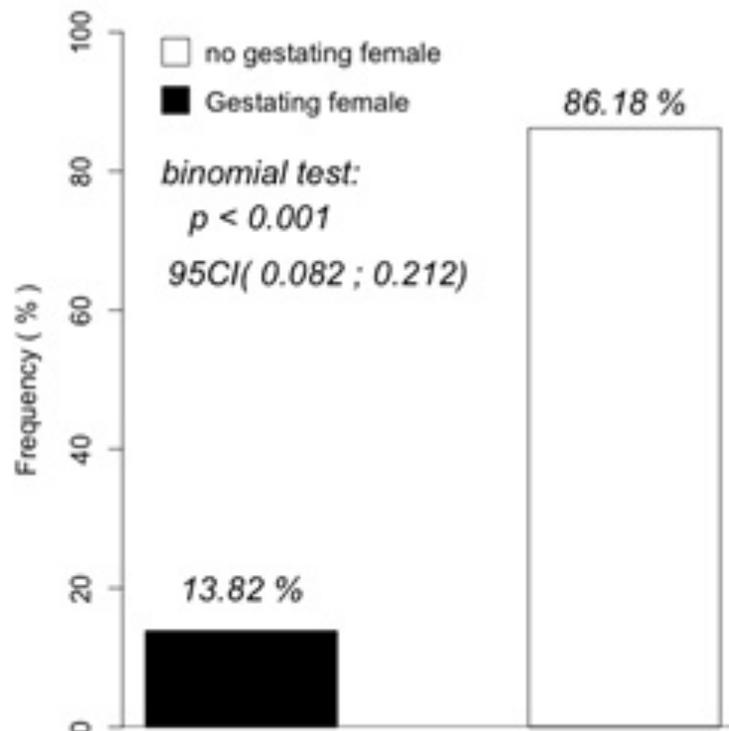


Figure 4. Gestational status of poached females.

Table 5. Wildlife conservation status in Côte d'Ivoire and international level.

Order	Animal species	Common name of species	Conservation status	
			UICN 2020	Local
Rodentia	<i>Cricetomys gambianus</i>	Gambian rat	LC	XXX
	<i>Funisciurus sp</i>	Squirrel	LC	XXX
	<i>Thryonomys swinderianus</i>	Marsh cane rat	LC	XXX
	<i>Xerus erythropus</i>	Striped ground squirrel	LC	XXX
Artiodactyla	<i>Atherurus africanus</i>	African Brush-tailed porcupine	LC	XX
	<i>Philantomba maxwellii</i>	Maxwell's duiker	LC	XXX
	<i>Cephalophus dorsalis</i>	Bay duiker	NT	X
	<i>Phacochoerus aethiopicus africanus</i>	Common warthog	LC	XXX
	<i>Tragelaphus scriptus</i>	Bushbuck	LC	XXX
Carnivora	<i>Civettictis civetta</i>	African civet	LC	XXX
	<i>Genetta pardina</i>	Pardine genet	LC	XXX
	<i>Atilax paludinosus</i>	Marsh mongoose	LC	XX
	<i>Galerella sanguinea</i>	Slender mongoose	LC	XXX
Primates	<i>Cercopithecus petaurista</i>	Spot nosed monkey	NT	XX
Pholidota	<i>Manis tricuspis</i>	White-bellied pangolin	EN	X
Lagomorpha	<i>Lepus microtis</i>	African savanna hare	LC	XXX
Hyracoidea	<i>Dendrohyrax dorsalis sylvestris</i>	Western tree hyrax	LC	X
Chiroptera	<i>Eidolon helvum</i>	African straw-coloured fruit-bat	NT	XXX

LC : Least concern ; NT: Near threatened; EN: Endangered; XXX : Abundant species; XX : Scarce species; X : Rare species.

species mainly from the rodent order (67.05%) and to a lesser extent, from the order of Lagomorpha (6.23%) as already observed in other regions of Côte d'Ivoire (Gonedélé et al., 2017).

Given the important role of mammals as key indicators for measuring anthropogenic impacts on biota (Ceballos and Ehrlich, 2002), and the maintenance and functionality of ecosystems through seed and fruit dispersal, pollination, nutrient recycling, and plant succession (Davidson et al., 2012; Ripple et al., 2015), the large poaching of small species that we observed testifies the strong threats to which the wild fauna of this part of the country is subject. In fact, a large part of the forest area in this region of west-central Côte d'Ivoire has been destroyed in favor of cash crops (coffee, cocoa, hevea) or fallow (Sangne et al., 2015; Kouakou et al., 2015) immediately removing large mammals. The current landscape of this region of the country is ideal for the survival of small species where hunting activities are practiced (Gonedélé Bi et al., 2017; Chabi-Boni et al., 2019). The high specific diversity of small mammals observed is in agreement with the studies of Ahmadi et al which affirm that the small species are slaughtered in fields and fallows close to rural habitats while the large species are slaughtered in reserves and protected areas in tropical countries, far from the places where hunters live (Ahmadi et al., 2018).

The mostly poached species is the grass cutter *T. swinderianus*, which alone represents almost half

(40.06%) of the wild animals killed and observed in our sampling sites. It is the most abundant in all the sites visited, except in Vavoua where the species *Xerus erythropus* was the most encountered. This confirms the results of our pre-surveys which revealed that the grass cutter was the most popular and observed species in the bushmeat sector in the Haut-Sassandra region. These results are in agreement with studies on the trophic preferences of bushmeat in Ghana, where grass cutter was undoubtedly the most popular and consumed meat with 73% of all poached species (Kuukyi et al., 2014). This strong distribution of the grass cutter in all the sites investigated could be explained by the fact that hunting takes place for the most part in the dry season when water points are scarce and only rivers and their banks attract the animals which come there to drink. Aware of this situation, the hunters in the region made fallows and gallery forests, their preferred hunting area. Fortunately, local conservation data show that grass cutter remains abundant in Côte d'Ivoire and does not suffer from extinction. In addition, research is well advanced for the domestication of grass cutter species in West Africa (Falade et al., 2010; Ibitoye et al., 2019). When wildlife harvesting is not controlled, as it is the case here, when it is poached, the consequences for animal populations and biodiversity are disastrous. Indeed, the results of this study show that juvenile populations and pregnant females do not benefit from preferential treatment from hunters. They are slaughtered in the same way as adults

and non-pregnant even if the proportions remain statistically insignificant. This has already been observed by other researchers working on the conservation of wildlife biodiversity and the inventory of wildlife and wildlife resources in Côte d'Ivoire (Dufour et al., 2015). Animals slaughtered without distinction of sex, age or physiological state exacerbated by a noticeable over-exploitation preventing populations from rebuilding causes the extinction of species. In addition to demographic concern on small populations, age and sex-biased poaching prevalence may contrast sustainable ecosystem complexity (Corlatti et al., 2019). Our results also show that the rifle is the most used hunting tool in the center-west of the country. These results are contrary to those obtained near the Dassioko reserve in other part of Côte d'Ivoire where the use of snares was the dominant hunting method (Gonedélé et al., 2017). These results could be explained by the fact that the socio-political crisis that went through the country for ten years was most felt in the west and the center-west of the country. This led to the proliferation of shotguns and demonstrates the use of more modern hunting tools. These results are consistent with the conclusion of General state of the forest workshop on wildlife and water resources in Côte d'Ivoire (Dufour et al., 2015). Although the majority of the species encountered are considered to be of Least Concern according to IUCN and the national and local status, the species *Cephalophus dorsalis* and the pangolin are part of threatened categories because the laws on hunting are not respected.

Conclusion

Eighteen species of mammal were identified in seven localities in the central west of the Côte d'Ivoire. These species belong to eight taxonomic orders. The rodent order is the most widely represented, with the majority of species being the grass cutter *T. swinderianus*. The main cause of the scarcity of wildlife in Côte d'Ivoire is illegal hunting for commercial purposes, because despite the ban of hunting since 1974, poaching still takes place, beyond the limits of protected areas with various methods, the rifle being the most observed for this study. All these means and methods do not promote sustainable management of wildlife biodiversity. It is undeniable that the conservation status of wildlife biodiversity will always be threatened by illegal hunting. It is therefore up to the state authorities and policy-makers to officially cover hunting with clear control measures for the sustainable management of wildlife biodiversity and promote farming of preferred bushmeat. It is only on this basis that hunters will leave illegally to comply with the established rules.

CONFLICT OF INTERESTS

The authors have not declared any conflict of interests.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors sincerely appreciate all the administrative authorities and resource people in charge of the management and conservation of the fauna in the localities visited and also thank all the actors in the bushmeat sector involved in our study for their collaboration and their confidence during our various visits to collect data in their restaurants.

REFERENCES

- Ahmadi S, Maman S, Zoumenou R, Massougbodji A, Cot M, Glorennec P, Bodeau-Livinec F (2018). Hunting, Sale, and Consumption of Bushmeat Killed by Lead-Based Ammunition in Benin. *International Journal of Environmental Research and Public Health* 15:1140.
- Bates D, Maechler M, Bolker B, Walker S (2015). Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. *Journal of Statistical Software* 67(1):1-48.
- Bolker BMME, Brooks CJ, Clark SW, Geange JR, Poulsen MHH, Stevens JS, White S (2009). Generalized linear mixed models: a practical guide for ecology and evolution. *Trends in Ecology and Evolution* 24:127-135.
- Ceballos G, Ehrlich PR (2002). Mammal population losses and the extinction crisis. *Science* 296:904-907.
- Chabi-Boni SD, Natta AK, Nago SGA, Mensah GA (2019). Diversité des Espèces de Faunes Chassées et Impact sur la Biodiversité Animale (Nord-Ouest du Bénin). *European Scientific Journal* 15(9):1857-7881.
- Chaves WA, Monroe MC, Sieving KE (2019). Wild Meat Trade and Consumption in the Central Amazon, Brazil. *Human Ecology* 47:733-746
- Codjia JTC, Assogbadjo AE (2004). Faune sauvage mammalienne et alimentation des populations holli et fon de la forêt classée de la Lama (Sud-Bénin). *Cahiers Agricultures* 13:341-347.
- Corlatti L, Sanz-Aguilar A, Tavecchia G, Gugliatti A, Pedrotti L (2019). Unravelling the sex-and age-specific impact of poaching mortality with multievent modeling. *Frontiers in Zoology* 16:20.
- Davidson AD, Detling JK, Brown JH (2012). Ecological roles and conservation challenges of social, burrowing, herbivorous mammals in the world's grasslands. *Frontiers in Ecology and the Environment* 10:477-486.
- Dufour S, Béné JCK, Dao D, N'Guessan E (2015). Gestion durable de la faune et des ressources cynégétiques en Côte d'Ivoire. Rapport pour les Etats généraux de la forêt, de la faune et des ressources en eau, Abidjan, 101 p.
- Fa JE, Brown D (2009). Impacts of hunting on mammals in African tropical moist forests: a review and synthesis. *Mammal Review* 39(4):231-264.
- Fa JE, Peres CA (2001). Game vertebrate extraction in African and neotropical forests: an intercontinental comparison. In: Reynolds, JD, Mace, GM, Redfort, KH and Robinson, JG (eds.) *Conservation of exploited species*. Cambridge University Press, Cambridge, pp. 203-241.
- Fa JE, Peres C A, Meeuwig J (2002). Bushmeat exploitation in tropical forests: An intercontinental comparison. *Conservation Biology* 16:232-237.
- Falade LO, Idahor KO, Ayodele IA (2010). Survey of domestication process of grass cutter (*Thryonomys swinderianus*) in some selected states in southwestern Nigeria. *Journal of Agriculture, Forestry and the Social Sciences* 8(2):49-55.
- Gonçalves FMP, Luís JC, Tchamba JJ, Cachissapa MJ, Chisingui AV (2019). A rapid assessment of hunting and bushmeat trade along the roadside between five Angolan major towns. *Nature Conservation* 37:151-160.
- Goné Bi ZB, Kouamé D, Koné I, Adou YC (2013). Diversité végétale et valeur de conservation pour la Biodiversité du Parc National du Mont Péko, Côte d'Ivoire. *Journal of Applied Biosciences* 71:5753-5762.
- Gonédélé BS, Koné I, Béné JCK, Bitty EA, Yao KA, Kouassi BA, Gaubert P (2017). Bushmeat hunting around a remnant coastal

- rainforest in Côte d'Ivoire. *Oryx* 51(3):418-427.
- Ibitoye O, Kolejo O, Akinyemi G (2019). Burgeoning and Domestication of Grass cutter (*Thryonomys swinderianus*) in a Post-Ebola Era: A Reassessment of its Prospects and Challenges in Nigeria. *World Scientific News* 130:216-237.
- IUCN (2020). IUCN Red List of threatened species. www.iucnredlist.org.
- Kingdon J (1997). *The Kingdon field guide to African mammals*. San Diego: Academic Press. California, USA 476 p.
- Kouakou AK, Yao SSB, Akoua TM (2015). Diversité végétale post-conflits armés de la Forêt Classée du Haut-Sassandra (Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire). *Journal of Animal and Plant Sciences* 26(2):4058-4071.
- Kuukyi FS, Amfo-Otu R, Wiafe E (2014). Consumer views of bushmeat consumption in two Ghanaian markets. *Applied Research* 1(1):20-27.
- Milner-Gulland, EJ, Bennett EL (2003). Wild meat: the bigger picture. *Trends in Ecology and Evolution* 18:351-357.
- Monza JP (1996). *L'Atlas pour la conservation des forêts tropicales d'Afrique*. UICN 310 p.
- Nasi R, Brown D, Wilkie D, Bennett E, Tutin C, van Tol G, Christophersen T (2008). Conservation and use of wildlife based resources: e bushmeat crisis. CBD Technical Series: 33. Secretariat of the Convention on Biological Diversity, Montreal, Canada and Center for International Forestry Research (CIFOR), Bogor. Technical Series 50 p.
- Nasi R, Christophersen T, Belair C (2010). Ending empty forests: management and sustainable use of wildlife in tropical production forests. *ITTO Tropical Forest Update* 20:19-21.
- Nasi R, Taber A, van Vliet N (2011). Empty forests, empty stomachs? Bushmeat and livelihoods in the Congo and Amazon Basins. *International Forestry Review* 13(3):355-68.
- Pimm SL, Jenkins CN, Abell R, Brooks TM, Gittleman JL, Joppa LN, Raven PH, Roberts CM, Sexton JO (2014). The biodiversity of species and their rates of extinction, distribution, and protection. *Science* 344(6187):1246752.
- Ripple WJ, Newsome TM, Wolf C, Dirzo R, Everatt KT, Galetti M, Hayward MW, Kerley GIH, Levi T, Lindsey PA, Macdonald DW, Malhi Y, Painter LE, Sandom CJ, Terborgh J, Van Valkenburgh B (2015). Collapse of the world's largest herbivores. *Science Advances* 1(4):1400103.
- Ripple WJ, Abernethy K, Betts MG, Chapron G, Dirzo R, Galetti M, Levi T, Lindsey PA, Macdonald DW, Machovina B, Newsome TM, Peres CA, Wallach AD, Wolf C, Young H (2016). Bushmeat hunting and extinction risk to the world's mammals. *Royal Society Open Science* 3:160498.
- Sangne C, Barima Y, Bamba I, N'Doumé C (2015). Dynamique forestière post-conflits armés de la Forêt classée du Haut-Sassandra (Côte d'Ivoire). *VertigO, La Revue Electronique en Sciences de L'environnement* 15(3).
- Williamson D, Bakker L (2017). The Bushmeat Crisis in West-Africa. An Indicative Overview of the Situation and Perception 12 p.

RESUME

La faune sauvage consommée ou viande de brousse, est une source importante de protéines pour de nombreux ménages ruraux des zones tropicales d'Afrique. Toutefois, l'urbanisation, la commercialisation de la viande de brousse dans les grandes villes, la préférence gustative et la chasse illégale ont entraîné un impact négatif sur la faune sauvage en général et celle des mammifères en particulier avec de graves implications pour la conservation de la biodiversité. Outre le préjudice lié à l'exploitation anarchique et abusive de la faune sauvage, des problèmes de santé publique liés à la consommation de la viande de brousse subsistent. La possibilité d'identifier les produits de la faune ainsi que les pathogènes liés à ces produits de la faune dans le district du Sassandra-Marahoué, à partir d'outils de génétique moléculaire en référence à des bases de données génomiques mondiales est une innovation dans la quantification du danger que subit la faune mammalienne mais également les risques infectieux zoonotiques. Cette étude vise à (1) identifier les espèces de la faune cynégétique mammalienne présentes sur les marchés de viande de brousse et dans les restaurants par typage moléculaire, à (2) quantifier la perte de biodiversité liée au braconnage et à (3) estimer les risques sanitaires liés à la consommation de viande de brousse. La méthodologie utilisée a consisté à mener des enquêtes auprès des populations riveraines des sept localités visitées pour avoir une idée générale sur les espèces commercialisées et la création d'un réseau de viande de brousse. Des collectes d'échantillons ont été menées pour le typage moléculaire des spécimens de la viande de brousse et des pathogènes. Au terme de cette étude, 352 échantillons ont été collectés. Le typage moléculaire utilisant quatre marqueurs d'ADN a permis d'obtenir plus de 90 % de succès d'amplification avec les marqueurs COI et Cyt b, et aidé à identifier les espèces de spécimens boucanés ou découpés pour lesquels l'identification morphologique n'était plus possible. Dix-huit espèces de mammifères appartenant à huit ordres taxonomiques ont été identifiées. L'ordre des rongeurs est le plus largement représenté et *Thryonomys swinderianus* communément appelé agouti est l'espèce majoritaire. Les prélèvements de chasse sont non sélectifs et le fusil, l'outil de chasse le plus observé. L'étude du risque sanitaire à partir de l'analyse des échantillons de selles d'agouti a révélé la présence d'une diversité de parasites et de bactéries pathogènes pour l'homme chez ces animaux. L'espèce *Trichuris trichiura* est l'espèce parasitaire la plus détectée au niveau des parasites intestinaux. Le profil bactérien obtenu est dominé par des espèces appartenant à la famille des entérobactéries notamment l'espèce *Klebsiella pneumoniae* qui est la plus prévalente dans les échantillons analysés. La présence d'agents pathogènes pour l'homme dans les selles des animaux sauvages montre un caractère zoonotique des infections parasitaires et bactériennes et le risque infectieux potentiel encouru par la consommation de la viande de brousse.

Mots-clés : Faune Cynégétique mammalienne, Viande de brousse, Typage moléculaire, Risque sanitaire, Centre-Ouest de la Côte d'Ivoire.

ABSTRACT

Eaten wildlife, commonly known as bushmeat, is an important source of protein for many rural households in tropical Africa. However, urbanization, bushmeat trade in large cities, taste preference and poaching have resulted in a negative impact on wildlife in general and that of mammals in particular with serious implications for the conservation of the biodiversity. In addition to the harm linked to the anarchic and abusive exploitation of wildlife, public health problems linked to the consumption of bushmeat remain an important concern. The possibility of identifying the products of fauna as well as the pathogens linked to these products in the Sassandra-Marahoué district, from molecular genetics tools with references to global genomic databases is an innovation in quantifying the danger to mammalian fauna as well as zoonotic infectious risks. This study aims to (1) identify the species, mammalian hunting fauna, encountered in bushmeat markets and restaurants by molecular typing, to (2) quantify the loss of biodiversity linked to poaching and (3) estimate the health risks associated with the consumption of bushmeat. The methodology used consisted of conducting surveys among the riparian populations of seven localities visited to get a general idea of traded species based on a bushmeat network. Sample collections were conducted for molecular typing of bushmeat and pathogen specimens. As results, 352 samples were collected. Molecular typing using four DNA markers yielded over 90 % amplification success with COI and Cyt b markers, and helped identify species of smoked or cut specimens for which morphological identification was no more possible. Eighteen species of mammals belonging to eight taxonomic orders have been identified. The rodent order is the most widely represented and *Thryonomys swinderianus* commonly called agouti is the major species observed. Hunting is non-selective regarding sex and the rifle is the most widely observed hunting tool. The study of the health risk from the analysis of agouti stool samples revealed the presence of a variety of parasites and bacteria pathogenic to humans in these animals. The species *Trichuris trichiura* is the most parasitic species detected in the microbiome. Bacterial profile obtained is dominated by species belonging to the Enterobacteriaceae family, in particular the species *Klebsiella pneumoniae*, which is the most prevalent in the samples analyzed. The presence of pathogens for humans in the intestinal microbiome of wild animals shows a zoonotic nature of these parasitic and bacterial infections and the potential infectious risk incurred by the consumption of bushmeat.

Keywords: Mammalian wildlife, Bushmeat, Molecular typing, Health risk, Center-West of Côte d'Ivoire.